**TAMANHO DA AMOSTRA PARA SELEÇÃO RECORRENTE
COM PROGÊNIES S_1 EM MILHO**

ROGÉRIO DE MELO COSTA PINTO

Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA Jr.

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

Junho de 1996

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - Campus "Luiz de Queiroz"/USP

Pinto, Rogério de Melo Costa

Tamanho da amostra para seleção recorrente com progênes S₁ em milho /
Rogério de Melo Costa Pinto. - - Piracicaba, 1996.
92 p. : il.

Dissertação (mestrado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz,
1996.
Bibliografia.

1. Milho - Melhoramento 2. Milho - Progênie - Seleção recorrente I. Título

CDD 633.15

**TAMANHO DA AMOSTRA PARA SELEÇÃO RECORRENTE
COM PROGÊNIES S₁ EM MILHO**

Rogério de Melo Costa Pinto

Aprovado em 03/07/1996

Comissão julgadora

Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior	ESALQ/USP
---	-----------

Prof. Dr. Isaías Olívio Geraldi	ESALQ/USP
---------------------------------	-----------

Prof. Dr. José Djair Vendramin	ESALQ/USP
--------------------------------	-----------

.....
Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior

**Aos meus pais Sílvia e Nilza
e aos meus irmãos Eduardo e Rodrigo,**

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Jr., pela orientação e apoio durante todo o trabalho.

Aos professores do Departamento de Genética da ESALQ/USP, pelo apoio e ensinamentos.

Ao amigo Nelson Fonseca Jr., pelo auxílio nas análises estatísticas.

Aos amigos Francisco Pinheiro Lima Neto, Ismael Cardoso e Vera Quecini. pelo auxílio prestado na realização deste trabalho.

Ao amigo Manoel Xavier dos Santos, pela amizade e incentivo.

Aos amigos Daniel Furtado, Cláudio Takeda e Augusto F. Garcia, pelo auxílio e esclarecimentos.

Aos companheiros de república José Baldin, Pedro, Luís e Miguel, pela amizade e companheirismo em todos os momentos.

Aos amigos e colegas do curso de pós-graduação do Departamento de Genética da ESALQ/USP, pela amizade e companheirismo.

Aos funcionários do Departamento de Genética da ESALQ/USP, em especial Antônio Juscelino, Alfredo de Araújo, e Ariberto Soares de Oliveira, pela amizade e auxílio na condução dos experimentos.

Às bibliotecárias Silvana e Aparecida Elizabeth, pelo auxílio e amizade.

À Luciana Santos Rodrigues, pelo estímulo e amor.

Ao CNPq, pelo apoio financeiro.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	vii
SUMMARY	ix
1. INTRODUÇÃO	01
2. REVISÃO DE LITERATURA	03
2.1 Tamanho de amostras	03
2.2 Seleção recorrente com progênies S_1	10
2.3 Estimativa de parâmetros genéticos	13
2.3.1 Componentes da variância	13
2.3.2 Resposta esperada à seleção	16
2.3.3 Correlação entre caracteres	19
3. MATERIAL E MÉTODOS	22
3.1 Caracterização das populações	22
3.2 Execução experimental	22
3.3 Caracteres avaliados	23
3.4 Análises estatístico-genéticas	24
3.4.1 Análises de variância	25
3.4.2 Estimativas dos componentes da variância e parâmetros afins	27
3.4.3 Análises de covariância e correlações	32
3.4.4 Resposta esperada à seleção	34
3.4.5 Critérios para se determinar o tamanho da amostra	35
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	36
4.1 Peso de espigas (PE)	36
4.2 Altura da planta (AP)	40
4.3 Altura da espiga (AE)	43
4.4 Posição relativa da espiga (EP)	45

4.5 Índice de espigas (IE)	48
4.6 Correlação entre caracteres	50
4.7 Análise geral	54
5. CONCLUSÕES	58
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	60
TABELAS	66
FIGURAS	87

TAMANHO DA AMOSTRA PARA SELEÇÃO RECORRENTE COM PROGÊNIES S_1 EM MILHO

Autor: ROGÉRIO DE MELO COSTA PINTO

Orientador: PROF. Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA Jr.

RESUMO:

A determinação do número de progênies utilizadas em programas de melhoramento de milho é de grande importância, pois estas devem ser representativas da população. Porém, pouca atenção tem sido dada para o problema da amostragem. Geralmente são amostrados certo número de progênies, sem a certeza de que esta amostra seja representativa da população que está sendo estudada.

O presente trabalho teve por objetivo, determinar o tamanho adequado da amostra em duas populações de milho, para ser utilizada em programas de seleção recorrente com progênies S_1 . Os experimentos foram conduzidos em dois locais (fazendas Areão e Caterpillar, em Piracicaba) no ano agrícola de 93/94. Foram avaliadas 400 progênies S_1 , sendo 200 da população BR-105 e 200 da população BR-106. As progênies foram avaliadas em quatro experimentos em látice 10x10, contendo 100 destas por experimento. As 200 progênies de cada população foram divididas em grupos de 25 progênies. Os tamanhos amostrais foram: 25, 50, 75, 100, 125, 150, 175 e 200 progênies. Para cada tamanho de amostra, foram estimados parâmetros genéticos para os caracteres peso de espigas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (EP) e índice de espigas (IE). Baseando-se na estabilidade

dos componentes da variância, no coeficiente de herdabilidade e no intervalo de confiança destas estimativas, foram determinados os tamanhos ideais da amostra.

Verifica-se que o tamanho ideal da amostra para os caracteres PE, AP, AE, IE e EP foram, respectivamente: 175, 125, 125, 175 e 200 progênies S_1 , na população BR-105; e para a população BR-106 foram: 175, 125, 125, 175 e 175 progênies S_1 , respectivamente. Observou-se que o tamanho ideal da amostra, não diferiu entre as duas populações, sendo que apenas para o caráter EP o tamanho adequado da amostra na população BR-106 foi um pouco menor. Baseando-se nestes resultados e nas condições experimentais utilizadas, conclui-se que em programas de melhoramento, seriam necessárias 200 progênies S_1 para representar as populações.

SAMPLE SIZE OF S_1 PROGENIES FOR RECURRENT SELECTION IN MAIZE

Author : ROGÉRIO DE MELO COSTA PINTO

Adviser : PROF. DR. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA Jr.

SUMMARY :

Sample size of progenies has great importance in maize breeding programs, because progenies would represent its base population. Hence, progenies sampling must be carefully considered. In general, researchers sample a certain number of plants without assuring that they represent the population that is being evaluated.

This research was aimed to evaluate the suitable size for sampling, allowing that the sample can represent the populations of maize studied. S_1 progenies of BR-105 and BR-106 populations were used. The experiments were carried out in two locations (Areão and Caterpillar farms, in Piracicaba) during 93/94 growing season. Four hundred S_1 progenies were evaluated, where 200 S_1 progenies were from BR-105 and 200 from BR-106 populations. The progenies were evaluated in four lattice 10x10 experiments, with 100 progenies per experiment. Two hundred progenies of each population were divided in groups of 25 progenies. The sampling sizes used were: 25, 50, 75, 100, 125, 150, 175 and 200 progenies. Genetic parameters of the following traits were estimated: ear weight (EW), plant height (PH), ear height (EH), ear placement (EP) and prolificacy (P). Suitable

sampling sizes were determined based on genetic variance, heritability and confidence intervals of those estimates.

It was observed that the suitable sampling sizes for EW, PH, EH, P and EP were: 175, 125, 125, 175 and 200 S_1 progenies for BR-105 population; and 175, 125, 125, 175 and 175 S_1 progenies for BR-106 population, respectively. The suitable sampling size did not differ for both populations, being the suitable sampling size for EP in BR-106 population a little lower. Thus, in the experimental conditions used, two hundred S_1 progenies would be used as adequate sample size for maize breeding programs.

1. INTRODUÇÃO

Em programas de melhoramento os pesquisadores estão sempre se deparando com a questão do número de progênies que serão usadas para avaliação, seleção e recombinação. Para representar adequadamente uma população de milho é necessário que os parâmetros sejam estimados com a maior precisão possível e, para isto, o tamanho da amostra deve ser adequado.

A seleção recorrente é um dos métodos utilizados no melhoramento do milho, e a utilização de progênies S_1 é amplamente difundida entre os melhoristas. A determinação do número de progênies S_1 utilizadas na seleção recorrente é importante, pois estas progênies serão usadas para os ciclos seletivos e a partir destas é que serão obtidas informações sobre o material que está sendo avaliado. Entretanto, segundo Marquez-Sanchez (1972), são poucos os trabalhos sobre o número de progênies necessárias para representar as populações de milho.

Um tamanho adequado da amostra é necessário para que as populações possam manter suas características genéticas. Verifica-se que com o aumento no tamanho da amostra as estimativas dos parâmetros genéticos tornam-se mais precisas, mas é necessário determinar um tamanho adequado para economizar tempo e dinheiro. Quando a amostragem é pequena, pode ocorrer a perda de genes ou a fixação de alelos indesejáveis e quando a amostragem é grande, os recursos são utilizados de maneira inadequada (Falconer, 1981).

O presente trabalho teve como objetivo, determinar o tamanho adequado da amostra em duas populações de milho, para ser utilizada em programas de seleção recorrente com progênies S_1 . O tamanho adequado da amostra foi determinado pela precisão e estabilidade das estimativas dos parâmetros genéticos, como variâncias genéticas, coeficientes de herdabilidade e correlações genéticas, bem como os respectivos intervalos de confiança. Portanto, o tamanho adequado da amostra será aquele em que ocorre uma estabilidade dos parâmetros genéticos e uma menor amplitude do intervalo de confiança.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Tamanho de amostras

Poucas pesquisas têm sido realizadas, no sentido de se determinar o número de progênies na cultura do milho, para estudos genéticos. A maior parte dos estudos referem-se ao tamanho e forma da parcela, mas raramente levam-se em conta o tamanho da amostra.

Em variedades de polinização livre, entre os tipos mais extremos existe uma grande variabilidade genética. Para representar adequadamente uma população é necessário que seus parâmetros sejam estimados com a maior precisão possível, de acordo com as facilidades disponíveis e com a variabilidade existente nas diferentes populações. Portanto, as amostras devem ter um tamanho adequado para representar as populações (Marquez-Sanchez & Hallauer, 1970a).

Na determinação do tamanho adequado da amostra deve-se considerar o número efetivo populacional (N_e), ou seja, o número de plantas geneticamente diferentes que compõem uma amostra e que efetivamente participam para formar a próxima geração (Falconer, 1981). Os diferentes tipos de progênies necessitam de diferentes tamanhos de amostras, uma vez que cada tipo de progênies tem seu N_e característico. Os números efetivos para uma progênie de meios irmãos, irmãos germanos e S_1 , são 4, 2 e 1 respectivamente. Portanto, o número de progênies S_1 obtidas de uma população deverá ser maior

que de irmãos germanos e meios irmãos, uma vez que uma progênie S_1 representa apenas uma planta da população.

Deve-se levar em consideração que o tamanho adequado da amostra para uma população não pode ser extrapolado para todas as populações. Isto não é um problema de precisão estatística, mas é devido a estrutura genética das populações. Se uma população possui uma ampla heterogeneidade genética e o tamanho adequado da amostra desta população for utilizado para uma população mais homogênea, o tamanho da amostra será maior que o necessário. Porém, se a população for geneticamente mais homogênea, o tamanho amostral seria insuficiente para representar devidamente as populações mais heterogêneas. No primeiro caso estariam desperdiçando área, recursos humanos e econômicos, os quais, devido aos problemas de limitação que atravessam as instituições de pesquisa, não é justificável; e no segundo caso, as conclusões experimentais seriam afetadas pela insuficiência do tamanho amostral usado para cada tipo de população (Marquez-Sanchez, 1972).

O tamanho da amostra para manutenção das coleções em bancos de germoplasmas também é de grande importância, uma vez que as propriedades genéticas de cada coleção devem ser mantidas. Como o que se mantém são amostras destas coleções, estas devem ser adequadas para preservar as propriedades genéticas de cada coleção, evitando-se perdas de alelos e de complexos gênicos. Amostras pequenas podem levar a descaracterização de coleções e amostras muito grandes podem inviabilizar a manutenção adequada de todas as coleções (Souza Jr., 1995).

As estimativas de parâmetros genéticos em populações de milho são úteis para um efetivo programa de melhoramento visando características herdadas quantitativamente (Marquez-Sanchez & Hallauer, 1970 a). As estimativas obtidas, entretanto, geralmente não

concordam com o esperado, sendo verificado que algum critério de avaliação não foi completamente satisfeito. Foi verificado por alguns pesquisadores, ocorrência de estimativas negativas dos componentes da variância genética (Goodman, 1965; Lindsey et al., 1962 e Lima Neto, 1994), sendo que uma das causas pode ter sido erro na amostragem. Nota-se, portanto, a importância de um tamanho adequado de amostra.

Vários estudos já foram realizados para se estimar parâmetros genéticos em populações de milho. Observa-se que o número de progênies é bastante variado. Alguns trabalhos mostram que o tamanho da amostra variou de 50 progênies (Lima & Paterniani, 1977) a 1000 progênies (Miranda Filho, 1977; Miranda Filho, 1978 e Sampaio, 1986). Entretanto, são poucos os trabalhos que indicam o tamanho ideal da amostra. Segundo 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, evitando assim, redução drástica na variância genética. Esse número poderá ser reduzido nos ciclos posteriores, porém não deverá ser muito inferior a 300.

Marquez-Sanchez (1972), estudando o tamanho ideal da amostra (número de plantas por parcela) para representar populações de milho, utilizou seis populações heterogêneas. Foram utilizados quatro tamanhos de amostra: 8, 16, 24 e 32 plantas por parcela. Aplicando o método da curvatura máxima, e baseando-se no coeficiente de variação e erro padrão da média, observou-se que para quatro repetições, o tamanho adequado foi um pouco menor de oito plantas por parcela. Entretanto, para se obter uma estimativa com níveis de precisão mais aceitáveis, são necessárias dezessete plantas por parcela e seis repetições.

Para determinar o tamanho adequado da amostra pelo método da curvatura máxima, Dias (1978) utilizou quatro grupos de cultivares de milho (híbridos simples, híbridos duplos, variedades e compostos). Os caracteres estudados foram peso de 50 grãos, peso de espiga e altura de planta. Foram utilizados doze tamanhos amostrais: 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 55 e 60 plantas por subparcela. Determinou-se o tamanho adequado da amostra para cada caráter, em cada grupo individual e no total dos quatro grupos de cultivares. Os tamanhos amostrais ideais foram de 13, 15 e 5 plantas por subparcela, para os caracteres peso de 50 grãos, peso de espiga e altura de planta, respectivamente. O autor observou que para os três caracteres estudados, o tamanho da amostra (número de plantas), praticamente não variou entre os grupos de cultivares, ou seja, o tamanho da amostra para peso de 50 grãos, peso de espiga e altura de planta, manteve-se constante para os quatro grupos de cultivares. Entretanto, o tamanho amostral variou com o caráter estudado, tendo a altura da planta, apresentado o menor valor (Dias, 1978).

Baker & Curnow (1969) estudaram diferentes tamanhos efetivos de populações de milho e concluíram que com uma intensidade de seleção de 10%, num programa de seleção recorrente, o tamanho efetivo da população de 30 a 45 progênies seria um tamanho razoável para atingir o objetivo a curto ou a longo prazo na seleção de plantas. Os autores também relataram, que estudos teóricos indicam que são necessárias no mínimo 20 a 30 progênies para recombinação, mas números maiores são desejáveis.

Marques-Sanchez e Hallauer (1970 a, b) fizeram um estudo para verificar a influência do tamanho da amostra para se estimar a variância genética utilizando a população de milho Iowa Synthetic BB (Syn BB). Foi utilizado como esquema de cruzamento o

delineamento I (Comstock & Robinson, 1948)¹, sendo cada macho cruzado com cada 12 a 15 fêmeas por fileira. As primeiras 10 polinizações com cada um dos 64 machos constituíram o material experimental. Os 64 machos foram distribuídos ao acaso dentro de oito conjuntos; desta forma, cada conjunto continha oito famílias de meios irmãos ou oitenta progênies de irmãos germanos. Foram computados também os dados para 2, 4, 6, 8 e 10 fêmeas por macho para cada experimento. As estimativas foram obtidas para diferentes números de machos cruzados com um número constante de fêmeas e para diferentes números de fêmeas cruzadas com cada macho. Foram obtidos dados para altura da espiga (cm), altura da planta (cm), número de espigas por fileira, comprimento da espiga (cm), diâmetro da espiga (cm), diâmetro do colmo e da espiga (cm), profundidade do grão (cm), peso de 300 grãos (g), data do florescimento feminino e produção, sendo este último o caráter de maior importância. Os componentes da variância genética (σ_A^2, σ_D^2) e os desvios padrão foram calculados para cada tamanho de amostra. Foram obtidas algumas estimativas negativas dos componentes da variância; e isto foi atribuído a duas causas: a) uma amostragem insuficiente da população pode resultar em estimativas com grande desvio padrão; se as estimativas são zero ou um valor positivo pequeno, o intervalo de confiança pode apresentar estimativas negativas; b) cruzamentos de um determinado conjunto de fêmeas com cada macho poderia reduzir a variação genética entre fêmeas dentro de machos e subestimar a variância dominante. Estimativas negativas da variância dominante têm sido freqüentemente obtidas do esquema de cruzamento Desenho I, e isto ocorre quando a estimativa da variância de machos (σ_m^2) é

¹ Comstock, R. E. & Robinson, H. F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics*, v.4, p. 254-266, 1948.

maior que a variância de fêmeas dentro de machos ($\sigma_{f/m}^2$). Se uma amostragem insuficiente é usada, a diferença ($\sigma_{f/m}^2 - \sigma_m^2$), a qual serve para estimar a variância dominante, pode ser positiva ou negativa. Com o objetivo de verificar a precisão das estimativas para os vários tamanhos de amostras, foram feitos gráficos com os desvios padrão dos componentes da variância. Foi observada uma redução na variância do coeficiente de correlação intraclasse (macho ou fêmea) quando o número de fêmeas por macho foi mudado de dois para quatro. Estes mesmos resultados foram observados para a variância aditiva e dominante. O tamanho ideal da amostra foi baseado na estabilização das estimativas dos componentes da variância genética, no erro padrão dos componentes da variância genética e no coeficiente de correlação intraclasse para machos e fêmeas. Os pesquisadores concluíram que deveriam ser usadas 6 a 8 fêmeas por macho e no mínimo 48 machos para se estimar parâmetros genéticos para a produção. A estabilização dos componentes da variância genética não foi conseguida apenas com o aumento do número de fêmeas para um constante conjunto de machos. Observaram que as estimativas de 16 machos, cada um cruzado com 10 fêmeas, foi semelhante àquelas para 32 machos e cada um cruzado com 6 fêmeas. Isto mostra que uma amostra de aproximadamente 200 plantas desta população, seriam suficientes para se estimar parâmetros genéticos.

Lima Neto (1994) realizou um estudo com 100 progênies intrapopulacionais de meios irmãos e 100 progênies intrapopulacionais de irmãos germanos, ambas da população de milho ESALQ-PB 4, com o objetivo de determinar o tamanho adequado da amostra para representar a população. As 200 progênies foram divididas em quatro experimentos e em dois locais, sendo que cada

experimento continha 25 progênies de meios irmãos e 25 progênies de irmãos germanos. Foram avaliados os caracteres peso de espigas por planta (g), altura da planta (cm), altura da espiga (cm), posição relativa da espiga (Altura da espiga/altura da planta) e índice de espigas (estande). Foram estimados os parâmetros variância genética entre progênies, variância das interações entre progênies e locais, variância do erro experimental, variância fenotípica entre médias de progênies, herdabilidade ao nível de média de progênies e o erro associado aos respectivos parâmetros. O tamanho adequado da amostra foi determinado com base nos diversos parâmetros, mas principalmente em função da magnitude do erro associado ao parâmetro de maior importância, que é a variância genética entre progênies. O tamanho adequado da amostra é determinado quando observa-se a estabilidade da variância genética, como também o menor valor possível para o erro associado. Nota-se que devido ao pequeno tamanho da amostra ocorreu grande variação nas estimativas, aparecendo inclusive, estimativas negativas dos componentes da variância. Observa-se também, que com o aumento no tamanho da amostra ocorre redução dos erros associados às estimativas e estabilização das estimativas da variância. O autor concluiu que para ambos os tipos de progênies, os tamanhos de 75 e de 100 progênies foram satisfatórios para estimar parâmetros genéticos. Para todos os caracteres avaliados, amostras muito pequenas não apresentam estimativas inteiramente confiáveis, tanto para as progênies de meios irmãos como para as progênies de irmãos germanos, em virtude de altos erros associados às estimativas.

Omolo & Russel (1971) propagaram através de polinização manual controlada 500, 200, 80, 32 e 18 plantas da variedade Krug por cinco gerações sucessivas. Os autores queriam determinar qual o tamanho necessário para a população se manter,

sem causar mudanças genéticas significativas. Observaram significativa queda na produção com o decréscimo no tamanho da amostra, e concluíram que uma amostra de 200 plantas seria adequada para manter a variabilidade da população.

2.2. Seleção recorrente com progênies S_1

O principal objetivo dos melhoristas de planta é conseguir selecionar o genótipo superior dentro de uma população. Entretanto, deve-se usar técnicas experimentais que permitam uma identificação e a avaliação do genótipo, em menor tempo e com um custo mínimo.

A seleção recorrente é um método de grande importância em programas de melhoramento de milho, e pode ser definida como a seleção sistemática de indivíduos desejáveis de uma população, seguido de recombinação dos indivíduos selecionados para formar a nova população (Fehr, 1987). A seleção recorrente tem como objetivo aumentar a frequência de alelos favoráveis em uma população e manter uma adequada variabilidade genética.

Segundo Fehr (1987) e Pandey & Gardner (1992), a seleção recorrente pode ser conduzida para melhoramento interpopulacional ou intrapopulacional. Dentro de cada sistema, existe uma unidade de avaliação e uma unidade de seleção.

Alguns pesquisadores têm apresentado modificações para os diferentes métodos de seleção recorrente. Souza Jr. (1987) descreveu um novo esquema de seleção recorrente recíproca com progênies de meios irmãos obtidas alternadamente de linhagens S_0 e S_1 de milho (RRSHSS $_0$ S $_1$), e relata a sua eficiência quando comparado com seleção recorrente recíproca de irmãos germanos (RRSFS) e com seleção recorrente recíproca de meios irmãos com plantas prolíficas

(RRSHSPP). Os dados da eficiência relativa (ER) mostraram que RRS_{HSS}S₁ foi 45% mais eficiente que RRSFS e 68% mais que RRS_HSPP considerando o ciclo normal; e considerando o ciclo mínimo foi 93% mais eficiente que RRSFS e cerca de 68% mais eficiente que RRS_HSPP.

Dhillon & Khehra (1989) sugeriram um método de seleção recorrente S₁ modificado para ser usado em milho, com o objetivo de reduzir o número de anos para completar o ciclo de seleção. No método proposto as fases de avaliação e recombinação foram combinadas. Esta modificação permite completar um ciclo de seleção em apenas duas épocas de plantio, entretanto, deve-se usar viveiros fora de época.

Dhillon (1991) propôs dois novos esquemas de seleção recorrente intrapopulacional, sendo que estes envolvem ciclos alternados de seleção S₁ e seleção espiga por fileira modificado MER (ARS-S1MER), e seleção de S₁ e seleção de meios irmãos (HS). Observou-se que os novos esquemas têm ganhos genéticos esperados maiores por ano, quando comparados a outros métodos. A superioridade em relação a métodos massal, irmãos germanos, meios irmãos e espiga por fileira modificado oscilou entre 74 e 256%.

Wright (1980), estudando alguns esquemas de seleção, verificou que a utilização de progênies S₁ pode ser o método mais efetivo para caracteres de baixa herdabilidade. A seleção recorrente utilizando-se estas progênies, pode ser superior aos métodos baseados em famílias de irmãos germanos, meios irmãos e massal, devido a maior porção de variância genética aditiva liberada por este tipo de progênie. Odhiambo & Compton (1989) verificaram que a resposta para seleção utilizando progênies S₁ foi superior à seleção recorrente com irmãos germanos nas populações NSB e NSSS.

Um aspecto que deve ser observado é que as populações de espécies alógamas contêm alelos deletérios em frequências elevadas. Portanto, em programas de seleção recorrente devem ser utilizadas, pelo menos para recombinação, progênies endógamas para reduzir a carga genética das populações (Souza Jr., 1988).

Comparando-se progênies S_1 *per se* e testecrosses, foi verificado que testecrosses foi mais efetivo para aumentar a heterose. Entretanto, a seleção de progênies S_1 promove um incremento mais significativo da produção (Genter, 1973). Duclos & Crane (1968) avaliaram linhagens e seus testecrosses em dois ciclos de seleção recorrente. No primeiro ciclo de seleção, o testecross foi superior as linhagens S_1 selecionadas, embora não significativo. Entretanto, no segundo ciclo, os resultados foram opostos. Os autores acreditam que essa diferença seja devido à interação genótipo x ambiente.

Grombacher et al. (1989) indicam que seleção recorrente em milho, baseada em avaliações de progênies S_1 , tem sido usado para melhorar a resistência do milho para alguns tipos de insetos. Visando aumentar a frequência de alelos favoráveis para resistência à doença em milho, Nyhus et al. (1989) utilizaram a seleção recorrente baseada na avaliação de progênies S_1 , em dois sintéticos (BSAA e BSBB). Observou-se que houve um aumento nos níveis de resistência, reduzindo portanto, as perdas na produção de grãos em ambas as populações.

2.3. Estimativa de parâmetros genéticos

2.3.1. Componentes da variância

No processo de seleção, o melhorista deve decidir qual população é mais favorável para seus propósitos. Entretanto, propriedades intrínsecas da população só podem ser avaliadas através de parâmetros genéticos. Os principais parâmetros são: performance da população *per se* e em cruzamentos, média, variância genética, coeficientes de herdabilidade e correlações genéticas entre características mais importantes.

Tanto nas médias quanto nas variâncias é importante reconhecer que proporção da estimativa obtida tem causa genética, e que proporção tem causa não genética, sendo que esta última, na maioria das vezes, atua contra os interesses do melhorista. Ainda é importante identificar na fração genética, quais as proporções que podem ser atribuídas a fatores gênicos aditivos, dominantes e epistáticos. A avaliação da importância destes fatores está intimamente relacionada com os objetivos do programa de melhoramento. A variância genética para meios irmãos (σ_{GM}^2) é:

$\sigma_{GM}^2 = \frac{1}{4} \sigma_A^2$; para irmãos germanos (σ_{IG}^2) é: $\sigma_{IG}^2 = \frac{1}{2} \sigma_A^2 + \frac{1}{4} \sigma_D^2$; para

progênes S₁ ($\sigma_{G_{S_1}}^2$) é: $\sigma_{G_{S_1}}^2 = \sigma_A^2 + \frac{1}{4} \sigma_D^2 + D_1 + \frac{1}{8} D_2$, e para progênes S₂

($\sigma_{G_{S_2}}^2$) é: $\sigma_{G_{S_2}}^2 = \frac{3}{2} \sigma_A^2 + \frac{1}{8} \sigma_D^2 + \frac{5}{2} D_1 + \frac{9}{16} D_2 + \frac{1}{16} H$; onde:

σ_A^2 : variância genética aditiva;

σ_D^2 : variância genética dominante;

D₁: covariância entre os efeitos médios dos alelos com os efeitos de dominância dos homozigotos;

D₂: variância dos efeitos de dominância dos homozigotos

H: depressão por endogamia elevada ao quadrado.

Os parâmetros D_1 e D_2 são funções da endogamia, isto é, são funções da probabilidade da existência de indivíduos endogâmicos na população, e somente D_1 pode ser negativo uma vez que é uma covariância entre os efeitos aditivos e de dominância dos homozigotos. Observa-se entre as famílias endogâmicas (S_1 ou S_2), que a variância genética aditiva é maior que entre famílias de irmãos germanos (IG) e meios irmãos (MI), contribuindo assim, para um maior avanço genético quando comparado com seleção de IG e MI (Souza Jr., 1989).

Walters et al.(1991a) utilizaram 200 progênes S_1 com o objetivo de comparar a performance e a quantidade de variação genética presente em linhagens S_1 e testecrosses, nas populações de milho BSSCo; BSSS(R) C_9 ; S_2 BS13(S) C_3 ; e BSSS(R) C_9 X BS13(S) C_3 (C_3 X C_9), sendo 50 progênes de cada população. Os testecrosses foram realizados utilizando-se linhagens S_1 para diferentes testadores, B73 e Mo17. A variância genética em (g/planta)² para produção de grãos em BSSSCo foi de 95,84, para BS13(S) C_3 foi de 59,49; para BSSS(R) C_9 foi de 76,01 e para C_3 X C_9 foi de 56,18. Os testecrosses para produção de grãos em g/planta, Co x B73, C_3 x B73, C_9 x B73, (C_3 X C_9).x B73, Co x Mo17, C_3 x Mo17, C_9 x Mo17 e (C_3 X C_9).x Mo17, tiveram as seguintes estimativas da variância genética: 125,59; 23,13; 56,18; 79,32; 125,59; 191,69; 89,23; e 115,67, respectivamente.

Lonnquist & Castro (1967) fizeram um estudo para verificar efeitos genéticos intrapopulacionais utilizando 169 progênes S_1 , derivadas de uma população F_2 do sintético Krug III. Foram avaliadas progênes S_1 *per se* com alta produção e baixa produção (HS_1 e LS_1), S_1 cruzada com a população parental para alta e baixa produção (HUTX e LUTX), e S_1 cruzada com outra população para alta e baixa produção (HRTX e LRTX). Entre os parâmetros genéticos

calculados, as variâncias genéticas aditivas para produção, em $(\text{g/planta})^2$ foram: 366,80 para HS_1 ; 360,9 para LS_1 ; 201,2 para HUTX; 126,9 para LUTX; 183,38 para HRTX e 360,9 para LRTX.

Mulamba et al. (1983), estudando diferentes métodos de seleção recorrente em uma população de milho (Krug), estimaram alguns parâmetros genéticos. Para produção de grãos em $(\text{g/planta})^2$, utilizando-se 400 progênies S_1 *per se*, a variância fenotípica foi de 211,07; a variância genética foi de 177,28; a variância da interação genótipo x ambiente foi de 82,66; e a variância ambiental foi de 961,78; para a altura da espiga em $(\text{cm/planta})^2$ a variância fenotípica foi de 101,8; a variância genética foi de 92,8; a variância da interação genótipo x ambiente foi de -0,7, e a variância ambiental foi de 37,4. Para índice de espigas (estande), a variância fenotípica foi de 20×10^{-3} ; a variância genética foi de $2,0 \times 10^{-3}$, a variância da interação genótipo x ambiente foi de 20×10^{-3} e a variância ambiental foi de 30×10^{-3} .

Grombacher et al. (1989) estudaram o efeito da seleção recorrente em dois sintéticos de milho BS1 e BS9. As avaliações foram feitas utilizando-se 30 progênies S_1 de cada um dos três ciclos: ciclo original Co, BS1(SR) C_3 (resistente à podridão do colmo), e BS1(MS) C_3 (resistente ao acamamento); e 50 progênies S_1 de cada ciclo, BS9Co e BS9(CB) C_4 (resistente a broca do grão). Para a produção de grãos em $(\text{g/planta})^2$, a variância genética foi de 91,60 para BS1Co; 597,12 para BS1(SR) C_3 ; 368,53 para BS1(MS) C_3 ; 286,64 para BS9Co; 364,55 para BS9(CB) C_4 .

Goulas & Lonquist (1976) estimaram parâmetros genéticos a partir de um composto formado por três linhagens de milho (W64A, W182E e A635). Foram estimados alguns parâmetros genéticos para o ciclo zero (Co) e ciclo 1 (C_1). Para o Co, a variância fenotípica, em $(\text{g/planta})^2$, foi de 279,00 entre famílias de meios

irmãos e 495,00 para progênies S_1 ; para o C_1 , foi 109,00 e 263,00, para meios irmãos e S_1 respectivamente. A variância genética para o Co entre famílias de meios irmãos foi 134,00 e 405,00 para progênies S_1 . Para o C_1 , foi 61,00 e 218,00 para meios irmãos e S_1 , respectivamente.

Moro (1982) realizou um estudo para verificar o efeito da intensidade de seleção no melhoramento. Para tanto, foram utilizadas 200 progênies S_1 da população CMS 05, das quais 100 progênies foram avaliadas na população original (Co) e 100 progênies no primeiro ciclo de seleção (C_1). Dessa forma, de cada ciclo, foram avaliados três tipos de progênies: S_1 *per se* (S_1), S_1 cruzadas com a população original (T05) e S_1 cruzadas com uma população contrastante (T12). Foram calculados alguns parâmetros genéticos, entre eles, a variância genética entre progênies. O experimento foi avaliado em dois locais (Sete Lagoas e Jardinópolis). Para a produção de grãos em $(g/planta)^2$, em Sete Lagoas, a variância genética entre progênies foi a seguinte: $S_1Co = 50,29$; $S_1C_1 = 103,99$; $T05Co = 34,61$; $T05 C_1 = 41,12$; $T12Co = 69,82$ e $T12 C_1 = 69,82$. Para a produção de grãos em Jardinópolis, a variância genética em $(g/planta)^2$ foi a seguinte: $S_1Co = 165,38$; $S_1C_1 = 136,09$; $T05Co = 52,51$; $T05 C_1 = 39,34$; $T12Co = 53,40$ e $T12 C_1 = 46,30$.

2.3.2. Resposta esperada à seleção

As técnicas de genética quantitativa permitem estimar o progresso a ser obtido aplicando um certo processo de seleção. As expressões do progresso esperado permitem comparar diferentes processos de seleção, o que dificilmente se faz na prática. Assim, o melhorista tem condições de julgar, com base em critérios

essencialmente objetivos e técnicos, que método deve ser o mais eficiente nas condições de seu trabalho. Permite, ainda, saber quanta variação genética é explorada aplicando um certo esquema. Isto é fundamental para o melhorista, porque esta é a variação que passa para a próxima geração (Vencovsky, 1987).

Conforme apresentado por Souza Jr. (1989), ao compararem-se as expressões dos progressos esperados com seleção entre progênies S_1 e S_2 , verifica-se que com progênies S_2 ocorre um aumento de 50% na variância genética aditiva e de 150% em D_1 , em relação a progênies S_1 . Como o componente D_1 é negativo quando a frequência dos alelos favoráveis ($\bar{p}$) é inferior a 0,5, a utilização de progênies S_2 em populações pouco melhoradas pode proporcionar progressos inferiores àqueles que seriam obtidos com progênies S_1 . Portanto, a utilização de progênies S_2 para a seleção recorrente em lugar de progênies S_1 , deve levar em consideração a magnitude e sinal do componente D_1 .

Tanner & Smith (1987), estudando dois métodos de seleção recorrente, utilizaram famílias de meios irmãos e progênies S_1 , originadas da cultivar Krug Yellow Dent. Para cada método foram utilizadas 100 famílias, as quais foram avaliadas em experimentos separados. Foi verificado que do ciclo 0 até 4, o ganho genético por ciclo para produção de grãos foi maior em progênies S_1 que famílias de meios irmãos. O tamanho finito da população afetou o ganho com a seleção em ambos os métodos, sendo que o efeito da deriva genética foi maior em S_1 . Foi calculado também o coeficiente de herdabilidade (h^2) para produção de grãos, para os oito ciclos de seleção. A h^2 variou de 54% a 90% para progênies S_1 e 39% a 75% para famílias de meios irmãos.

Segundo Lamkey & Hallauer (1987), estimativas de herdabilidade permitem aos melhoristas calcular o progresso

esperado com seleção relacionado com fontes de germoplasmas, bem como o processo de melhoramento usado para melhorar germoplasmas e a quantidade de testes com este material genético. Estes pesquisadores compararam as estimativas dos coeficientes de herdabilidade e outros parâmetros genéticos para a produção de grãos em milho, em sete métodos de seleção recorrente. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade foram: 68,0% para irmãos germanos; 58,5% para meios irmãos; 79,8% para S_1 ; 77,3% para S_2 ; 53,3% para testecross com testador de base restrita; 62,7% para testecross com testador de base ampla e 54,9% para progênie de meios irmãos interpopulacionais.

Burton et al. (1971) realizaram um estudo com o objetivo de avaliar dois métodos de seleção recorrente utilizando a população de milho BSK. Foram avaliados quatro ciclos de seleção recorrente, sendo que para o primeiro método utilizaram-se linhagens S_1 *per se* BSK(S) e para o segundo método, as linhagens S_1 foram cruzadas com um testador BSK(HT). Os autores mostraram que a avaliação com base na performance de progênie S_1 *per se*, foram mais eficientes na identificação de genótipos superiores do que a avaliação com testecrosses. Acredita-se que os genes deletérios foram mascarados pelo genótipo testador na avaliação com testecross, e uma menor quantidade de genes deletérios foi eliminada, quando comparado com S_1 *per se*. Os autores observaram também que a média de produção e a capacidade geral de combinação da população BSK melhorou em ambos os métodos para os quatro ciclos de seleção, sendo que a seleção de S_1 *per se* foi mais efetiva. Foi calculado o coeficiente de herdabilidade para os quatro ciclos em ambos os métodos. Para BSK(S) a herdabilidade do ciclo 1 até o ciclo quatro foi, respectivamente: 81%, 83%, 79%, 84%. Para BSK(HT) foi: 75%, 32%, 42% e 59%.

Sullivan & Kannenberg (1987) avaliaram a eficiência de dois métodos de melhoramento intrapopulacional em milho: Progenies S₁ (S) e seleção de espiga por fileira modificada (ME). Foram utilizadas quatro populações de polinização aberta, Afton (A), Schindelmeiser (S), Gelber Badisher Lannais (G), e Northwestern Dent (N). Foram avaliados vários caracteres, sendo que o principal foi índice rendimento de grãos/porcentagem de unidade de grão (PI). A seleção S resultou em aumentos significativos na média de PI de 13%, 12% e 19% por ciclo nas populações A, G e N, respectivamente. Considerando a seleção ME, somente a população A apresentou uma resposta para PI. A resposta média de A foi de 4,9% por ano para a seleção ME e 6,5% por ano (13% por ciclo) para a seleção S.

2.3.3. Correlação entre caracteres

O estudo de correlações entre caracteres é evidentemente importante, pois em programas de melhoramento deve-se aprimorar o material não para caracteres isolados, mas para um conjunto deles simultaneamente. A seleção de progênies geralmente é baseada em mais de uma característica. Além da produção, o melhorista deve se preocupar com maturidade, estabilidade, resistência a pragas e doenças, etc. (Vencovsky, 1987).

A correlação que pode ser diretamente mensurada a partir de medidas de dois caracteres, em certo número de indivíduos da população, é a fenotípica. Esta correlação tem causas genéticas e ambientais, porém só as genéticas envolvem uma associação de natureza herdável, podendo, por conseguinte, ser utilizada na orientação de programas de melhoramento. Assim, em estudos genéticos é indispensável distinguir e quantificar o grau de

associação genética e ambiental entre os caracteres. A causa da correlação genética é, principalmente, a pleiotropia. Ligações gênicas são causas transitórias, especialmente em populações derivadas de cruzamento entre linhagens divergentes (Falconer, 1981).

Walters et al. (1991b) relataram que linhagens S_1 da população BSSS mostraram correlações significativas entre características agronômicas e produção de grãos. Foram avaliados os ciclos Co , C_3 , C_9 e $C_3 \times C_9$. A correlação entre altura da planta e produção para linhagens S_1 per se, nos quatro ciclos avaliados foram, respectivamente: 0,31; 0,45; 0,25 e 0,36. As correlações entre altura da espiga e produção foram: 0,31; 0,62; 0,28 e 0,30 para os quatro ciclos respectivamente.

Estudando o efeito da seleção recorrente nos sintéticos de milho BS1 e BS9, Grombacher et al. (1989) calcularam o coeficiente de correlação fenotípica para algumas características. A correlação entre produção e altura da espiga foi significativa para BS1(SR) C_3 ($r=0,84$); para BS1(MS) C_3 ($r=0,63$); para BS9 Co ($r=0,58$); e para BS9(CB) C_4 ($r=0,46$).

A correlação entre progênies S_1 e testecrosses em diversas condições ambientais, mostrou que progênies S_1 têm uma performance mais definida e mais consistente sob diferentes ambientes, do que os testecrosses (Genter & Alexander, 1962).

Lima & Paterniani (1977), utilizando 50 progênies de meios irmãos da população ESALQ-VD-2-MI-HSII, estimaram a correlação genética entre os caracteres produção de grãos (PG), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE). Os valores para as correlações genéticas entre PG x AP, PG x AE e AP x AE foram: - 0,23, -0,10 e 0,76, respectivamente.

Souza Jr. et al. (1980) estimaram correlações genéticas entre os caracteres peso de grãos (PG), índice de espigas (IE), altura

da planta (AP), altura da espiga (AE) e posição relativa da espiga (AE/AP), a partir de 100 progênies de meios irmãos da população Suwan. Para PG observou-se estar positivamente correlacionado com IE (0,94) e com AP (0,28), mas negativamente correlacionado com AE (-0,03) e com AE/AP (-0,28). A correlação entre IE x AP foi de 0,65, entre IE x AE de 0,16 e entre IE x AE/AP foi de -0,03. A correlação entre AE/AP x AE foi de 0,79, e entre AE/AP x AP foi de 0,32, indicando que a posição relativa da espiga deve ser mais influenciada pela altura da espiga do que pela altura da planta. A correlação entre AP x AE foi de 0,74.

Hallauer & Miranda Filho (1981), a partir de dados registrados na literatura, estimaram a média das correlações genéticas para alguns caracteres na cultura do milho. As correlações genéticas entre produção de grãos (PG), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE) foram as seguintes: PG x AP foi de 0,26, para PG x AE foi de 0,31 e para AP x AE foi de 0,81. Os autores mostraram que as correlações genéticas entre produção e características da planta e da espiga, foram de baixa magnitude.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Caracterização das populações

Para a realização do presente trabalho foram utilizadas as populações de milho BR-105 e BR-106. A população BR-105 possui porte baixo, ciclo precoce, grãos alaranjados duros, e baixa depressão por endogamia. Originalmente foi denominada de Suwan, tendo sido obtida na Tailândia. No Brasil já foi submetida a cinco ciclos de seleção com progênies de irmãos-germanos no Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (EMBRAPA). A população BR-106 possui porte baixo, ciclo precoce e grãos amarelo dentados, segregando em baixa frequência para grãos brancos. Foi obtida pelo intercruzamento das variedades tardias de porte alto formando um composto: Centalmex, Composto Dentado e Maya. Posteriormente este composto foi intercruzado com o BR-108 (Tuxpeño-1) de ciclo precoce e porte baixo. Após duas gerações de recombinação, seguiram-se três ciclos de seleção para redução da altura da planta e espiga (Souza Jr. et al., 1993).

3.2. Execução experimental

O presente trabalho foi conduzido nas fazendas experimentais Areão e Caterpillar da ESALQ-USP, no ano agrícola de

1993/94. A partir de 2000 plantas de cada população, 500 foram autofecundadas e posteriormente no laboratório, 200 progênies S_1 de cada população foram obtidas de forma aleatória. Foram avaliadas um total de 400 progênies S_1 , sendo 200 da população BR-105 e 200 da população BR-106.

As progênies foram divididas em 4 experimentos em látice 10 x 10, contendo 100 progênies por experimento. Cada experimento foi repetido nos dois locais e com três repetições por local. As parcelas foram constituídas por fileiras de quatro metros, utilizando-se o espaçamento de 90 centímetros entre fileiras. As plantas dentro da parcela foram espaçadas entre si por 20 centímetros, contendo 20 plantas em cada parcela, resultando em uma densidade de 55.000 plantas/ha.

3.3. Caracteres avaliados

Foram avaliados alguns caracteres de interesse agrônômico, os quais serão descritos a seguir:

- Peso de espigas (PE): as espigas de cada parcela foram colhidas, e encaminhadas ao galpão onde efetuou-se a pesagem. As espigas foram pesadas sem palha, obtendo-se o peso de espigas em gramas/parcela, tendo sido estes transformados em gramas/planta.

- Altura da planta (AP): foram amostradas cinco plantas aleatoriamente em cada parcela e posteriormente obteve-se a média entre os cinco valores. A altura da planta corresponde à distância em centímetros, da superfície do solo até a inserção da última folha.

- Altura da espiga (AE): foram amostradas cinco plantas aleatoriamente em cada parcela e posteriormente obteve-se a média

entre os cinco valores. A altura da espiga corresponde à distância em centímetros, da superfície do solo até o ponto de inserção da espiga mais alta.

- Posição relativa da espiga (EP): corresponde ao quociente, em cada parcela, entre a altura média da espiga e a altura média da planta.

- Índice de espigas (IE): o índice de espigas representa a prolificidade de cada parcela, sendo obtido através do quociente entre o número de espigas por parcela e o número de plantas por parcela (estande).

Devido a problemas experimentais, os dados relativos à AP, AE e EP foram coletados apenas na fazenda Caterpillar.

3.4. Análises estatístico-genéticas

As 200 progênies de cada população foram obtidas de forma aleatória, e estas foram divididas em grupos de 25 progênies para a realização das análises estatístico-genéticas.

Primeiramente foram feitas análises individuais para os grupos de 25 progênies. Foram feitas análises de 1 a 25, de 26 a 50, de 51 a 75, de 76 a 100, de 101 a 125, de 126 a 150, de 151 a 175, e de 176 a 200 progênies. Estas análises individuais foram feitas para os experimentos instalados na fazenda Areão e na fazenda Caterpillar. Posteriormente, foram realizadas análises de variância conjunta, onde se reuniram os experimentos plantados nos dois locais. Foram feitas análises conjuntas entre as 25 primeiras progênies do experimento plantado na fazenda Areão e as 25 primeiras progênies do experimento plantado na fazenda Caterpillar, obtendo-se desse modo a análise conjunta de 1 a 25. O mesmo

procedimento foi utilizado até se obter a análise conjunta das progênies de número 176 a 200.

Após as análises conjuntas, realizou-se o agrupamento das progênies. Na análise agrupada, as progênies foram reunidas de 1 a 50, de 1 a 75, de 1 a 100, de 1 a 125, de 1 a 150, de 1 a 175, e de 1 a 200. Todas estas análises mencionadas anteriormente, foram feitas para os caracteres PE e IE, tanto para a população BR-105 como para a população BR-106. Para os parâmetros AP, AE e EP, não foi possível fazer análise conjunta, pois, estes dados foram coletados apenas em um local. Foram feitas apenas as análises agrupadas de 25 em 25 progênies até o total de 200 progênies.

As progênies foram agrupadas para permitir a estimativa de parâmetros genéticos não só para 25 progênies , mas também para 50, 75, 100, 125, 150, 175 e 200.

3.4.1. Análises de variância

Devido à análise de variância em látice não dar eficiência, realizou-se análise de variância segundo o delineamento em blocos casualizados. Para o caráter peso de espigas (PE) foram feitas correções do estande com base no estande médio através do método da covariância (Vencovsky & Barriga, 1992), onde um grau de liberdade do resíduo é subtraído em função dessas correções. Todos os efeitos, com exceção da média geral, foram considerados aleatórios, sendo adotado o seguinte modelo matemático para as análises individuais:

$$Y_{ij} = \mu + p_i + b_j + e_{ij} ,$$

onde:

Y_{ij} : total da progênie i, na repetição j;

μ : média geral do experimento;

$$E(\mu) = \mu \text{ e } E(\mu^2) = \mu^2 \quad (E = \text{esperança matemática});$$

p_i : efeito da progênie i; onde $i = 1, 2, \dots, p$;

$$E(p_i) = 0 \text{ e } E(p_i^2) = \sigma_p^2$$

b_j : efeito da repetição j; onde $j = 1, 2, \dots, r$;

$$E(b_j) = 0 \text{ e } E(b_j^2) = \sigma_b^2$$

e_{ij} : erro associado à progênie i da repetição j, sendo que $e_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma_e^2)$;

$$E(e_{ij}) = 0 \text{ e } E(e_{ij}^2) = \sigma_e^2$$

onde:

σ_p^2 : variância genética entre progênies;

σ_b^2 : variância ambiental entre blocos;

σ_e^2 : variância do erro ambiental entre parcelas.

Para as análises de variância conjunta foi adotado o seguinte modelo matemático:

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

onde:

Y_{ijk} : total da progênie i, na repetição j, do local k;

μ : média geral do experimento;

$$E(\mu) = \mu \text{ e } E(\mu^2) = \mu^2 \quad (E = \text{esperança matemática});$$

p_i : efeito da progênie i ; onde $i = 1, 2, \dots, p$;

$$E(p_i) = 0 \text{ e } E(p_i^2) = \sigma_p^2$$

b_j : efeito da repetição j ; no local k , onde $j = 1, 2, \dots, r$;

$$E(b_j) = 0 \text{ e } E(b_j^2) = \sigma_b^2$$

l_k : efeito do local k ; onde $k = 1, 2$;

$$E(l_k) = 0 \text{ e } E(l_k^2) = \sigma_l^2$$

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

$$E(pl) = 0 \text{ e } E(pl^2) = \sigma_{pl}^2$$

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

$$E(e_{ij}) = 0 \text{ e } E(e_{ij}^2) = \sigma_e^2$$

O esquema da análise de variância conjunta relativa às 25 progênies pode ser visualizado na Tabela 1 e 3. O esquema das análises referentes ao agrupamento das progênies de 25 em 25, até atingir as 200 progênies, são mostrados na Tabela 2 e 4. Para peso de espigas foi retirado um grau de liberdade na análise individual para a correção do estande, portanto na análise conjunta de 1 a 25 progênies são retirados 2 graus de liberdade do erro. No esquema apresentado na Tabela 1 o grau de liberdade do erro é de 96. Para peso de espigas seria 94.

3.4.2. Estimativas dos componentes da variância e parâmetros afins

As estimativas dos componentes de variância foram obtidas de acordo com as esperanças matemáticas apresentadas nas

Tabelas 1 a 4. Obtiveram-se as estimativas da variância genética entre progênies (σ_p^2), variância da interação entre progênies e locais (σ_{pl}^2), variância do resíduo entre parcelas (σ_e^2), e da variância fenotípica entre médias de progênies (σ_F^2). Foram estimados também os coeficientes de herdabilidade entre médias de progênies (h_x^2). Para os parâmetros AP, AE e EP, não foi possível estimar a variância da interação entre progênies e locais (σ_{pl}^2), devido à coleta de dados em apenas um local.

As estimativas foram obtidas através das seguintes expressões:

$$\sigma_p^2 = \frac{(QM_p - QM_{pl})}{rl}$$

$$\sigma_{pl}^2 = \frac{(QM_{pl} - QM_e)}{r}$$

$$\sigma_e^2 = QM_e$$

$$\sigma_F^2 = \frac{QM_p}{rl}$$

$$h_x^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_F^2}$$

onde:

QM_p : quadrado médio entre progênies;

Qm_{pl} : quadrado médio das interações entre progênies e locais;

QM_e : quadrado médio do erro;

r : número de repetições por local;

l : número de locais utilizados em cada experimento.

Foram estimados, também, os coeficientes de variação experimental (CVe) e os coeficientes de variação genética (CVg), em porcentagem. As estimativas foram obtidas através das seguintes expressões:

$$CVe (\%) = \left(\frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{x}} \right) \times 100$$

$$CVg (\%) = \left(\frac{\sqrt{\sigma_p^2}}{\bar{x}} \right) \times 100$$

onde $\bar{x}$ refere-se à média geral.

Foram estimados os intervalos de confiança para os componentes da variância (Barbin, 1993) e os coeficientes de herdabilidade ao nível de média de progênies (Knapp et al., 1985), de acordo com as seguintes expressões:

- Intervalo de confiança (IC) para a variância do erro:

$$IC = p \left[\frac{f\sigma_e^2}{\mu_2} \leq \sigma_e^2 \leq \frac{f\sigma_e^2}{\mu_1} \right] = 0,95$$

onde:

σ_e^2 : variância do resíduo;

μ_1 : qui-quadrado (f ; 0,025);
 μ_2 : qui-quadrado (f ;0,975);
 f : graus de liberdade do erro.

- Intervalo de confiança para a variância fenotípica entre média de progênes:

$$IC = p \left[\frac{f\sigma_F^2}{\mu_2} \leq \sigma_F^2 \leq \frac{f\sigma_F^2}{\mu_1} \right] = 0,95$$

onde:

σ_F^2 : variância fenotípica entre média de progênes;

μ_1 : qui-quadrado (f ; 0,025);

μ_2 : qui-quadrado (f ;0,975);

f : graus de liberdade de progênes.

- Intervalo de confiança para a variância genética entre progênes:

$$IC = p \left[\frac{nt\sigma_p^2}{\chi_{nt;0,975}^2} \leq \sigma_p^2 \leq \frac{nt\sigma_p^2}{\chi_{nt;0,025}^2} \right] = 0,95$$

onde:

σ_p^2 : variância genética entre progênes;

χ^2 : qui-quadrado tabelado;

nt : graus de liberdade para o cálculo do qui-quadrado.

Os graus de liberdade para o cálculo do qui-quadrado foram calculados utilizando-se a fórmula de Satterthwaite citado por Barbin (1993).

$$nt = \frac{(QM_p - QM_{pl})^2}{\frac{(QM_p)^2}{f_1} + \frac{(QM_{pl})^2}{f_2}}$$

onde:

QM_p : quadrado médio de progênies;

QM_{pl} : quadrado médio da interação entre progênies x locais;

f_1 : graus de liberdade de progênies;

f_2 : graus de liberdade da interação entre progênies x locais.

- Intervalo de confiança para a variância da interação entre progênies e locais:

$$IC = p \left[\frac{nt\sigma_{pl}^2}{\chi_{nt;0,975}^2} \leq \sigma_{pl}^2 \leq \frac{nt\sigma_{pl}^2}{\chi_{nt;0,025}^2} \right] = 0,95$$

onde:

σ_{pl}^2 : variância das interações entre progênies e locais;

χ^2 : qui-quadrado tabelado.

$$nt = \frac{(QM_{pl} - QM_e)^2}{\frac{(QM_{pl})^2}{f_1} + \frac{(QM_e)^2}{f_2}}$$

onde:

QM_{pl} : quadrado médio da interação entre progênies x locais;

QM_e : quadrado médio do erro ambiental;

f_1 : graus de liberdade da interação entre progênies x locais;

f_2 : graus de liberdade do erro.

- Intervalo de confiança para o coeficiente de herdabilidade:

$$p \left\{ 1 - \left[\left(\frac{QM_p}{QM_{pl}} \right) F_{1-\frac{\alpha}{2}} ; gl_p, gl_{pl} \right]^{-1} \leq h^2 \leq 1 - \left[\left(\frac{QM_p}{QM_{pl}} \right) F_{\frac{\alpha}{2}} ; gl_p, gl_{pl} \right]^{-1} \right\} = 0,95$$

onde:

QM_p : quadrado médio de progênies;

QM_{pl} : quadrado médio da interação entre progênies x locais;

gl_p : grau de liberdade de progênies;

gl_{pl} : grau de liberdade da interação entre progênies e locais;

F : valor da tabela de F ;

$\frac{\alpha}{2}$: 0,025;

$1-\frac{\alpha}{2}$: 0,975;

α : nível de probabilidade.

Todos os parâmetros mencionados acima foram calculados para 25, 50, 75, 100, 125, 150, 175 e 200 progênies.

3.4.3. Análises de covariância e correlações

As correlações foram obtidas a partir das análises de variâncias e covariâncias. Foram obtidas estimativas de correlações para todos os caracteres avaliados e para os diferentes tamanhos de amostras, sendo que as variâncias e covariâncias foram estimadas a partir da análise agrupada das progênies.

Segundo o método descrito por Vencovsky & Barriga (1992), tomando-se como exemplo dois caracteres (x e y), foi feita

inicialmente uma análise de variância individual para cada caráter e posteriormente uma análise de variância para a soma dos dois ($z = x + y$). Este procedimento foi utilizado para cada tamanho de amostra (25, 50, 75, 100, 125, 150, 175 e 200 progênies). As análises de variância referentes à soma dos dois caracteres foi realizada do mesmo modo que as análises individuais. A partir destas análises foram calculados os produtos médios para a obtenção das estimativas das covariâncias. Os produtos médios foram obtidos através das seguintes expressões:

$$PM_{pxy} = \left(\frac{1}{2}\right) (QM_{pz} - QM_{px} - QM_{py})$$

$$PM_{exy} = \left(\frac{1}{2}\right) (QM_{ez} - QM_{ex} - QM_{ey})$$

onde:

QM_{pz} : quadrado médio entre progênies de $x + y$;

QM_{px} : quadrado médio entre progênies para o caráter x ;

QM_{py} : quadrado médio entre progênies para o caráter y ;

QM_{ez} : quadrado médio do erro de $x + y$;

QM_{ex} : quadrado médio do erro para o caráter x ;

QM_{ey} : quadrado médio do erro para o caráter y ;

PM_{pxy} : produto médio entre progênies entre os caracteres x e y ;

PM_{exy} : produto médio do erro entre os caracteres x e y .

A covariância genética entre progênies foi estimada através da seguinte expressão:

$$COV_{G(xy)} = \frac{(PM_{pxy} - PM_{exy})}{r}$$

onde:

$COV_{G(xy)}$: covariância genética entre progênies;

r: repetições.

Obtidas as estimativas da covariância, foi estimado o coeficiente de correlação genética pela seguinte expressão:

$$r_{p(xy)} = \frac{COVG(xy)}{(\sigma_{px} \cdot \sigma_{py})}$$

onde:

$r_{p(xy)}$: coeficiente de correlação genética;

σ_{px} : desvio padrão entre progênies relativo ao caráter x ;

σ_{py} : desvio padrão entre progênies relativo ao caráter y .

As covariâncias e as correlações foram estimadas para todos os tamanhos de amostras (25, 50, 75, 100, 125, 150, 175 e 200).

Para o cálculo da correlação entre PE x IE, foi utilizada a interação entre progênies x locais, pois somente para estes caracteres foi possível coletar dados nos dois locais.

3.4.4. Resposta esperada à seleção

A resposta esperada à seleção foi obtida para todos os tamanhos de amostras, de acordo com as seguintes expressões (Vencovsky & Barriga, 1992):

$$R_s = k \cdot \left(\frac{\sigma_p^2}{\sigma_F^2} \right),$$

em que k é o diferencial de seleção em unidades de desvio padrão, podendo ser obtido em tabelas apropriadas. Foi considerada uma intensidade de seleção de 10%, cujo valor de k corresponde a 1,75. Em termos percentuais, tem-se:

$$R_s(\%) = \left(\frac{R_s}{\bar{x}} \right) \cdot 100,$$

onde $\bar{x}$ refere-se à média geral das progênies.

3.4.5. Critérios para se determinar o tamanho da amostra

O critério utilizado para se determinar o tamanho da amostra, foi baseado na estimativa da herdabilidade, na variância genética entre progênies e no intervalo de confiança. O intervalo de confiança foi estimado para todos os parâmetros, com exceção da resposta à seleção. A medida em que aumenta o tamanho da amostra verifica-se que ocorre estabilidade da variância genética, bem como a redução da amplitude do intervalo de confiança. O tamanho ideal da amostra é verificado quando a variância genética torna-se estável, juntamente com redução da amplitude do intervalo de confiança. Para uma melhor visualização estes dados foram plotados em gráficos (Figuras 1 a 5), os quais auxiliam na determinação do tamanho ideal da amostra.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram apresentados somente os esquemas das análises de variâncias para os diferentes tamanhos de amostra (Tabelas 1 a 4). Para melhor acompanhamento, os resultados e discussão serão feitos primeiramente para cada caráter, e posteriormente uma análise geral.

4.1. Peso de espigas (PE)

Os valores do coeficiente de variação ambiental (C_{Ve}), coeficientes de variação genética (C_{Vg}), ambos em porcentagem, e a média das progênies ($\bar{x}$) para cada tamanho de amostra, são apresentados na Tabela 5 para a população BR-105 e na Tabela 6 para a população BR-106. Para peso de espigas o C_{Ve} variou de 19,16 a 20,72; na população BR-105. Para progênies S₁ da população BR-106, o C_{Ve} variou de 20,20 a 20,93. O C_{Ve} para a população BR-106 foi mais estável que para a população BR-105, na qual ocorreu um pequeno aumento no C_{Ve} com o aumento da amostra. Observa-se na população BR-105, que a média sofreu um decréscimo com o aumento no tamanho da amostra. Devido ao fato do C_{Ve} ser obtido através do quociente entre a variância do resíduo e a média, este apresentou um comportamento contrário.

O CVg variou de 14,51 a 17,17 para a população BR-105; e de 10,65 a 12,96 na população BR-106. Verifica-se que para a população BR-106, o CVg apresentou um pequeno acréscimo com o aumento no tamanho da amostra. Verifica-se também um pequeno decréscimo na média com o aumento no tamanho da amostra. Como o CVe e o CVg são obtidos através do quociente entre duas variáveis, estes parâmetros apresentam-se mais estáveis.

As médias das progênies S_1 da população BR-105 apresentaram uma amplitude de 94,29 a 100,56 g/planta (5,35 ton/ha), e para a população BR-106, foi de 115,22 a 117,63 g/planta (6,40 ton/ha). Observa-se que a média da população BR-105 foi um pouco menor e teve uma maior amplitude, e, também em ambas as populações, o aumento no tamanho da amostra acarretou um pequeno decréscimo na média.

Os quadrados médios relativos às progênies, às interações entre progênies e locais e aos erros experimentais estão apresentados nas Tabelas 7 e 8, para as populações BR-105 e BR-106, respectivamente. As estimativas da variância genética entre progênies, variância das interações entre progênies e locais, variância do erro experimental, variância fenotípica entre médias de progênies, ambas em $(\text{g/planta})^2$, herdabilidade ao nível de médias de progênies e seus respectivos intervalos de confiança, assim como a resposta esperada à seleção entre progênies em g/planta, tanto em valor absoluto como em porcentagem, estão apresentados nas Tabelas 11 e 12.

A variância genética entre progênies, na população BR-105, apresentou uma pequena oscilação entre os diversos tamanhos de amostras. O maior valor encontrado foi de 262,43 (100 progênies); e o menor valor encontrado foi de 191,17 (75 progênies). Observa-se que quanto menor o tamanho da amostra, maior o intervalo de

confiança. Com 25 progênies o intervalo de confiança foi de 130,20 a 689,97, apresentando uma amplitude (LS - LI) de 559,77. Nota-se que o maior e o menor valor da variância foi observado em amostras de tamanho pequeno, sendo que as estimativas da variância poderiam apresentar qualquer valor dentro do intervalo de confiança. Nota-se também, que as amplitudes dos intervalos de confiança vão ficando menores com o aumento no tamanho da amostra, confirmando assim, a importância de se obter uma amostra de tamanho adequado (Figura 1). Para a população BR-106, ocorreu um pequeno acréscimo na variância genética entre progênies à medida que se aumenta o tamanho da amostra. O maior valor encontrado foi de 227,98 (175 progênies) e o menor valor foi de 157,22 (25 progênies). Novamente observa-se que ocorrem variações quando o tamanho da amostra é pequeno. Quando se utilizam poucas progênies, a amplitude do intervalo de confiança é bastante alta. Os intervalos de confiança também foram menores com o aumento no tamanho da amostra, e estes resultados são apresentados na Figura 1. O valor médio entre os oito tamanhos amostrais, foi de 221,81 para a população BR-105, e 190,24 para a população BR-106. Estes valores assemelham-se aos valores encontrados por Mulamba et al. (1983) e Goulas e Lonquist (1976), porém, foram inferiores aos valores encontrados por Sullivan e Kannenberg (1987) e Grombacher et al. (1989).

A variância da interação entre progênies e locais variou com os tamanhos de amostras em ambas as populações, apresentando na população BR-106, um aumento quando utilizaram-se 50 progênies. Para a população BR-105 não foi possível calcular o limite superior do intervalo de confiança quando utilizaram-se 25 e 50 progênies (Tabela 11). Isto ocorreu porque o grau de liberdade para calcular o qui-quadrado (nt) foi pequeno, com isso, o valor do qui-quadrado para o limite superior foi muito baixo (0,001 e 0,050 para 25

e 50 progênies, respectivamente). Quando estes qui-quadrados são aplicados na fórmula, os valores do limite superior são extremamente elevados. Do mesmo modo que na população BR-105, na população BR-106 não foi possível calcular o limite superior do intervalo de confiança para 25, 50, 75 e 100 progênies, devido ao baixo valor de qui-quadrado (Tabela 12).

A variância do resíduo foi mais alta que a variância entre progênies em ambas as populações, entretanto foram bastante estáveis. Na população BR-105, observa-se uma amplitude de 333,37 (75 progênies) a 390,70 (25 progênies). Na população BR-106, as estimativas foram mais altas que na população BR-105. A variância do erro apresentou uma amplitude de 542,12 (50 progênies) a 605,10 (100 progênies). Estes resultados confirmam o efeito do pequeno tamanho da amostra, mostrando que tanto o maior valor quanto o menor valor foram observados nas amostras com pequeno número de progênies. A média dos oito valores estimados foi de 370,05 para a população BR-105 e 574,37 para a população BR-106; os quais foram inferiores aos valores encontrados por Mulamba et al. (1983).

A variância fenotípica entre médias de progênies apresenta-se bastante estável em ambas as populações. A população BR-105 apresenta amplitude de 278,46 (200 progênies) a 339,18 (100 progênies). Observa-se que houve decréscimo com o aumento no tamanho da amostra. A população BR-106 apresenta amplitude de 266,96 (25 progênies) a 338,44 (175 progênies). Na população BR-106, ocorreu o inverso, ou seja, ocorreu acréscimo na variância fenotípica com o aumento do tamanho da amostra. Observa-se em ambas as populações que quando se usa um tamanho de amostra pequeno, a amplitude do intervalo de confiança é grande e este vai reduzindo com o aumento no tamanho da amostra, observa-se assim, que as amostras pequenas não representam as populações. O valor

médio entre as oito estimativas foi de 305,98 para a população BR-105 e de 309,62 para a população BR-106. Estes valores foram semelhantes aos encontrados por Goulas e Lonnquist (1976), porém, inferiores aos valores encontrados por Mulamba et al. (1983).

Os coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de progênes foram estáveis nas duas populações, sendo que na população BR-105 as estimativas foram superiores. Como o coeficiente de herdabilidade é obtido pelo quociente entre duas variáveis, este se apresenta mais estável. Nota-se em ambas as populações, que as amplitudes dos intervalos de confiança são menores, mesmo quando o tamanho da amostra é pequeno. Pode ser observado na Figura 1, que nas duas populações houve um decréscimo no intervalo de confiança à medida que aumenta o tamanho da amostra. Os valores oscilaram entre 69,08% e 74,78%, na população BR-105, e entre 55,04% a 67,36% na população BR-106. Estes valores concordam com os valores do coeficiente de herdabilidade observados por Grombacher et al. (1989), Dillon e Khehra (1989), Tanner e Smith (1987).

A resposta esperada com a seleção foi superior na população BR-105, variando de 21,34% a 26,44%; e de 14,31% a 18,63% na população BR-106. Nota-se em ambas as populações, que quando se aumenta o tamanho da amostra, os valores tornam-se mais estáveis. Portanto, percebe-se que para se fazer uma seleção eficiente, o tamanho da amostra deve representar toda a população.

4.2. Altura da planta (AP)

Nas Tabelas 5 e 6 estão apresentados os valores do coeficiente de variação ambiental (C_{Ve}), coeficiente de variação

genética (CVg), ambos em porcentagem, e a média das progênes ($\bar{x}$) para cada tamanho de amostra, para as populações BR-105 e BR-106. O CVe para altura da planta apresentou uma amplitude de 6,94 a 7,91, relativo às progênes S_1 da população BR-105. Na população BR-106 o CVe variou de 7,65 a 8,10. Nota-se que o CVe foi estável nas duas populações, sendo um pouco menor para a população BR-105. Em ambas as populações, verifica-se que o CVe decresce com o aumento no tamanho da amostra.

O CVg apresentou uma amplitude de 4,28 a 5,00 para as progênes S_1 da população BR-105; e uma amplitude de 4,81 a 6,34 para a população BR-106. Observa-se, que em ambas as populações, o CVg permaneceu estável com o aumento no tamanho da amostra.

A média das progênes S_1 da população BR-105 oscilou entre 201,36 a 214,60 cm/planta, e para a população BR-106 ficou entre 195,37 a 200,90 cm/planta. Verifica-se que a média da população BR-105 foi um pouco maior, e que ocorreu um pequeno decréscimo da média com o aumento no tamanho da amostra. Resultado semelhante foi observado para o caráter peso de espigas.

Os quadrados médios relativo às progênes e aos erros experimentais, para ambas as populações, são encontrados nas Tabelas 9 e 10. As estimativas da variância genética entre progênes, variância do erro experimental, variância fenotípica entre médias de progênes, ambas em $(\text{cm/planta})^2$, herdabilidade ao nível de média de progênes e seus respectivos intervalos de confiança, assim como a resposta esperada com a seleção entre progênes, em cm/planta, tanto em valor absoluto como em porcentagem, são encontrados nas Tabelas 13 e 14.

A variância genética entre progênes apresentou-se estável tanto na população BR-105 como na população BR-106. Na

população BR-105 a variância oscilou entre 83,38 a 113,73, sendo este último, o maior valor encontrado (25 progênes). Na população BR-106 o maior valor encontrado foi de 157,27 (25 progênes) e o menor valor foi de 91,13 (150 progênes). Observa-se que os maiores valores foram encontrados quando utilizaram-se 25 progênes. A amplitude do intervalo de confiança também é maior para 25 progênes, e esta amplitude vai reduzindo com o aumento no tamanho da amostra. O valor médio entre as estimativas foi de 93,36 para a população BR-105 e 103,46 para a população BR-106. Estes valores foram plotados em gráficos, os quais podem ser vistos na Figura 2.

A variância do erro experimental foi superior à variância genética nas duas populações. Verifica-se em ambas as populações, que a variância do erro decresceu com o aumento do número de progênes. O intervalo de confiança teve um decréscimo significativo com o aumento no tamanho da amostra. Na população BR-105 a variância do erro apresentou amplitude de 197,59 (200 progênes) a 284,23 (25 progênes). Na população BR-106 variou de 228,03 (150 progênes) a 275,48 (50 progênes). A média dos oito valores foi de 232,175 para a população BR-105 e 242,95 para a população BR-106.

A variância fenotípica entre médias de progênes encontra-se bastante estável, e em ambas as populações ocorre um decréscimo com o aumento do tamanho da amostra. Na população BR-105 observa-se amplitude de 159,59 (125 progênes) a 208,47 (25 progênes). Na população BR-106 nota-se amplitude de 167,14 (150 progênes) a 242,75 (25 progênes). O intervalo de confiança é maior quando se usam 25 progênes e vai diminuindo com o aumento no tamanho da amostra.

Os coeficientes de herdabilidade foram semelhantes nas duas populações, sendo que na população BR-105, houve um pequeno acréscimo com o aumento no tamanho da amostra. Os

valores oscilaram de 48,89% a 58,74% na população BR-105 e 53,88% a 64,79% na população BR-106. A amplitude dos intervalos de confiança foi pequena nos diversos tamanhos de amostra. Entretanto, com o aumento no tamanho da amostra ocorreu uma redução do intervalo de confiança.

A resposta esperada com a seleção foi semelhante nas duas populações, variando de 5,24% a 6,47% na população BR-105; e de 5,98% a 8,94% na população BR-106. Observa-se em ambas as populações, que os valores tornam-se mais estáveis com o aumento no tamanho da amostra.

4.3. Altura da espiga (AE)

Os valores do coeficiente de variação ambiental (CVe), coeficiente de variação genética (CVg), ambos em porcentagem, e as médias das progênies ($\bar{x}$) para cada tamanho de amostra e para as populações BR-105 e BR-106, são mostrados nas Tabelas 5 e 6.

Para altura da espiga o CVe apresentou amplitude de 9,43 a 10,26, relativo às progênies S_1 da população BR-105. Para a população BR-106, o CVe teve amplitude de 8,83 a 9,59. Em ambas as populações observa-se um pequeno decréscimo no CVe com o aumento no tamanho da amostra. O CVg oscilou de 6,45 a 8,50 para as progênies S_1 da população BR-105; e de 5,49 a 6,76 para as progênies S_1 da população BR-106. Verifica-se que os valores foram bem próximos nas duas populações, e também bastante estáveis.

As médias das progênies S_1 da população BR-105 apresentaram amplitude de 113,31 a 114,92 cm/planta, e para a população BR-106, foi de 110,58 a 113,92 cm/planta. Verifica-se que

na população BR-105 houve um pequeno acréscimo na média com o aumento do número de progênies, entretanto, na população BR-106 ocorreu exatamente o contrário.

Os quadrados médios relativo às progênies e aos erros experimentais, para ambas as populações, são encontrados nas Tabelas 9 e 10. As estimativas da variância genética entre progênies, variância do erro experimental, variância fenotípica entre médias de progênies, ambas em (cm/planta)², herdabilidade ao nível de médias de progênies e seus respectivos intervalos de confiança, e da resposta esperada com a seleção entre progênies, em cm/planta, tanto em valor absoluto como em porcentagem, são encontrados nas Tabelas 15 e 16.

A variância genética entre progênies apresentou amplitude de 53,13 (125 progênies) a 93,47 (25 progênies) para a população BR-105. Na população BR-106, a variância genética apresentou amplitude de 39,02 (50 progênies) a 57,50 (25 progênies). Nota-se que as maiores variações ocorreram com amostras pequenas. Verifica-se que em ambas as populações, a variância genética permaneceu relativamente estável. O valor médio das oito estimativas foi de 64,21 na população BR-105 e 49,26 na população BR-106. Estes valores foram inferiores aos valores encontrados por Mulamba et al. (1983). Observa-se que o intervalo de confiança vai diminuindo com o aumento do número de progênies (Figura 3).

A variância do erro experimental foi superior à variância genética tanto na população BR-105 como na população BR-106. Verifica-se que em ambas as populações, a variância do erro decresceu com o aumento no tamanho da amostra, bem como a amplitude do intervalo de confiança. Na população BR-105 a variância do erro apresentou uma amplitude de 115,93 a 138,89, e de 95,37 a 118,83 na população BR-106. A média das oito estimativas foi de

123,94 para a população BR-105 e 107,71 para a população BR-106. Nota-se que a variância do erro foi superior na população BR-105.

A variância fenotípica entre médias de progênies apresenta-se estável em ambas as populações, sendo que na população BR-106 ocorreu um pequeno decréscimo com o aumento do tamanho da amostra. Na população BR-105 apresenta amplitude de 96,05 (125 progênies) a 138,89 (25 progênies). A população BR-106 apresenta amplitude de 77,81 (200 progênies) a 94,79 (25 progênies). O valor médio das oito estimativas foi de 105,52 na população BR-105 e 85,16 na população BR-106. Estes valores foram semelhantes aos encontrados por Mulamba et al. (1983).

Os coeficientes de herdabilidade foram semelhantes nas duas populações, e também bastante estáveis. Ocorreu apenas uma pequena redução quando utilizaram-se 125 progênies na população BR-105, e 50 progênies na população BR-106. Os valores oscilaram entre 55,31% a 67,29% na população BR-105 e de 49,91% a 60,66% na população BR-106. A amplitude do intervalo de confiança reduziu com o aumento no tamanho da amostra, indicando que com amostras maiores as estimativas são mais precisas. Estes resultados podem ser melhor observados na Figura 3.

A resposta esperada com a seleção foi um pouco superior na população BR-105, variando de 8,34% a 12,02%; e de 6,78% a 9,22% na população BR-106. As estimativas foram mais estáveis com o aumento no tamanho da amostra.

4.4. Posição relativa da espiga (EP)

Os valores do coeficiente de variação ambiental (CVe), coeficiente de variação genética (CVg), ambos em porcentagem, e as

médias das progênies ($\bar{x}$) para cada tamanho de amostra, são apresentados na Tabela 3 para a população BR-105 e na Tabela 6 para a população BR-106. O CVe para posição relativa da espiga apresentou uma amplitude de 4,96 a 6,03, relativo às progênies S_1 da população BR-105. Na população BR-106 o CVe variou de 5,19 a 6,18. Observa-se que o CVe permanece constante nas duas populações, ocorrendo um pequeno acréscimo na população BR-106, quando se utilizam 175 e 200 progênies. O CVg apresentou amplitude de 2,43 a 3,47 para a população BR-105 e amplitude de 1,36 a 2,03 para a população BR-106. Observa-se, que em ambas as populações, o CVg permanece estável com o aumento no tamanho da amostra. As médias das progênies S_1 da população BR-105 oscilaram entre 0,52 a 0,57. Entretanto, na população BR-106 a média permaneceu constante para os diferentes tamanhos de amostra, cujo valor foi de 0,56.

Os quadrados médios relativo às progênies e aos erros experimentais, para ambas as populações, são encontrados nas Tabelas 9 e 10. As estimativas da variância genética entre progênies, variância do erro experimental, variância fenotípica entre médias de progênies, herdabilidade ao nível de média de progênies e os respectivos intervalos de confiança, e da resposta esperada com a seleção entre progênies, tanto em valor absoluto como em porcentagem, são encontrados nas Tabelas 19 e 20.

A variância genética para a posição relativa da espiga oscilou com os tamanhos amostrais nas duas populações. Observa-se que em ambas as populações houve queda quando utilizaram-se 125 progênies (Figura 5). Na população BR-105 as estimativas foram maiores, variando de $1,72 \times 10^{-4}$ (125 progênies) a $3,96 \times 10^{-4}$ (200 progênies). Nota-se que com o aumento no tamanho da amostra,

houve aumento na estimativa da variância. Na população BR-106 o maior valor encontrado foi de $1,29 \times 10^{-4}$ (75 progênies) e o menor valor foi de $0,60 \times 10^{-4}$ (25 e 125 progênies). A amplitude do intervalo de confiança foi bastante instável nas duas populações, uma vez que apresenta-se bastante alto quando se utilizam 25 progênies. Para a população BR-106 não foi possível calcular o limite superior do intervalo de confiança para 25 progênies. Estes resultados são mostrados na Figura 5.

A variância do erro experimental foi superior à variância genética nas duas populações. Observa-se que em ambas ocorreu aumento na variância do erro quando se utiliza maior número de progênies. Na população BR-105 a variância do erro apresenta amplitude de 6,93 a 10,98. Na população BR-106 variou de 8,66 a 12,25.

A variância fenotípica entre médias de progênies apresentou amplitude de $4,46 \times 10^{-4}$ (50 progênies) a $7,53 \times 10^{-4}$ (200 progênies) na população BR-105. Na população BR-106 a variância fenotípica oscilou entre $3,20 \times 10^{-4}$ (25 progênies) a $5,10 \times 10^{-4}$ (200 progênies). Percebe-se que em ambas as populações, a variância fenotípica aumentou com o tamanho da amostra.

O coeficiente de herdabilidade foi superior na população BR-105, entretanto, em ambas as populações ocorreu decréscimo quando utilizaram-se 125 progênies (Figura 5). Os valores oscilaram entre 32,91% a 52,55% na população BR-105 e de 13,94% a 49,01% na população BR-106. Na população BR-106 a amplitude do intervalo de confiança foi superior à população BR-105. O limite inferior do intervalo de confiança foi negativo para a maioria dos tamanhos de amostras, com exceção da amostra com 100 progênies.

A resposta esperada com a seleção foi pequena nas duas populações, variando de 0,02% a 0,04% na população BR-105; e de 0,01% a 0,02% na população BR-106.

4.5. Índice de espigas (IE)

Os valores do coeficiente de variação ambiental (C_{Ve}), do coeficiente de variação genética (C_{Vg}), ambos em %, e as médias das progênes ($\bar{x}$) para cada tamanho de amostra e para ambas as populações, são encontrados nas Tabelas 5 e 6. O C_{Ve} para índice de espigas apresentou amplitude de 17,70 a 19,61 para a população BR-105, e de 17,77 a 19,36 na população BR-106. Observa-se que para a população BR-105 o C_{Ve} apresentou pequeno acréscimo com o aumento no tamanho da amostra. Verifica-se que o C_{Ve} foi relativamente estável nas duas populações. O C_{Vg} apresentou amplitude de 8,37 a 11,02 para a população BR-105, e amplitude de 6,55 a 8,74 para a população BR-106.

As médias das progênes S_1 da população BR-105 apresentam amplitude de 0,86 a 0,91; e na população BR-106, amplitude de 0,89 a 0,92. As médias dos diferentes tamanhos de amostras foram semelhantes nas duas populações e mantiveram-se constantes com o aumento no tamanho da amostra.

Os quadrados médios relativo às progênes, às interações entre progênes e locais e aos erros experimentais são encontrados nas Tabelas 7 e 8. As estimativas da variância genética entre progênes, variância das interações entre progênes e locais, variância do erro experimental, variância fenotípica entre médias de progênes, herdabilidade ao nível de média de progênes e os

respectivos intervalos de confiança, e da resposta esperada com a seleção, tanto em valor absoluto como em porcentagem da média, são encontrados nas Tabelas 17 e 18 para as populações BR-105 e BR-106 respectivamente.

A variância genética entre progênies na população BR-105, apresentou amplitude de $5,77 \times 10^{-3}$ (25 progênies) a $9,43 \times 10^{-3}$ (125 progênies). Na população BR-106, oscilou entre $3,50 \times 10^{-3}$ (25 progênies) a $6,43 \times 10^{-3}$ (150 progênies). A amplitude do intervalo de confiança reduziu com o aumento no tamanho da amostra. Com 25 progênies não foi possível determinar o limite superior do intervalo de confiança na população BR-105, devido ao baixo valor do qui-quadrado. O valor médio entre as oito estimativas foi de $8,23 \times 10^{-3}$ na população BR-105 e $5,54 \times 10^{-3}$ na população BR-106. Em ambas as populações, as variâncias foram estáveis, sendo que para a população BR-105, o valor médio das estimativas da variância genética entre progênies foi maior. Estes valores foram um pouco inferiores aos encontrados por Mulamba et al. (1983).

A variância das interações entre progênies e locais apresentou variação na população BR-106. Verifica-se que as estimativas foram negativas para 75 e 100 progênies, com valores de -0,41 e -0,24, respectivamente. Estes valores negativos indicam que o tamanho da amostra não representa a população. Estimativas negativas de variâncias também foram encontradas por alguns pesquisadores (Goodman, 1965; Lindsey et al., 1962; Lima Neto, 1994 e Marquez-Sanchez & Hallauer, 1970 a,b). Nota-se também, que as estimativas foram inferiores na população BR-106. Na população BR-105 ocorreu decréscimo nas estimativas com o aumento no tamanho da amostra, sendo que para a população BR-106 aconteceu justamente o contrário. Na população BR-106 não foi possível calcular o limite superior do intervalo de confiança quando utilizaram-se 25,

50, 75, 100, 125 e 150 progênies. Isto ocorreu devido aos baixos valores de qui-quadrado.

A variância do erro experimental foi semelhante nas duas populações, oscilando entre $24,95 \times 10^{-3}$ a $32,16 \times 10^{-3}$ na população BR-105; e entre $25,71 \times 10^{-3}$ a $31,17 \times 10^{-3}$ na população BR-106. Nas duas populações verifica-se que ocorreu um pequeno acréscimo na variância do erro, com o aumento no tamanho da amostra.

A variância fenotípica entre médias de progênies permaneceu estável nas duas populações, sendo maior na população BR-105. O valor médio das oito estimativas foi de $16,28 \times 10^{-3}$ na população BR-105 e de $11,04 \times 10^{-3}$ na população BR-106. Estes valores foram inferiores aos observados por Mulamba et al. (1983), que foi de $22,50 \times 10^{-3}$.

O coeficiente de herdabilidade apresentou amplitude de 39,12% a 57,42% na população BR-105 e de 40,79% a 56,37% na população BR-106. Verifica-se que o coeficiente de herdabilidade permaneceu estável nas duas populações, sofrendo pequena redução na população BR-106 a partir de 150 progênies. Na população BR-105, o intervalo de confiança apresentou estimativas negativas quando utilizaram-se 25 progênies.

A resposta esperada com a seleção foi pequena em ambas as populações, sendo um pouco maior na população BR-105. Apresentou uma amplitude de 0,29% a 0,44% na população BR-105 e uma amplitude de 0,23% a 0,35% na população BR-106.

4.6 Correlação entre caracteres

Os valores dos coeficientes de correlação genética entre os caracteres estudados são encontrados nas Tabelas 25 (população

BR-105) e 26 (população BR-106). Os valores dos produtos médios entre progênies e dos produtos médios do erro, são encontrados nas Tabelas 21 a 24, para as populações BR-105 e BR-106.

A correlação genética entre PE x AP apresentou-se mais estável na população BR-106, variando de 0,06 a 0,37. Na população BR-105, apresentou uma amplitude de -0,19 a 0,27. Estes resultados foram semelhantes aos resultados encontrados por Walters et al. (1981), Lima & Paterniani (1977), Souza Jr. et al. (1980) e Hallauer & Miranda Filho (1981). Percebe-se em ambas as populações, que quando se utilizam amostras pequenas, os valores oscilam bastante. Porém, com o aumento no tamanho da amostra as estimativas vão se estabilizando. Em ambas as populações nota-se que a partir de 150 progênies, os valores das estimativas são bem próximos.

Os valores encontrados para a correlação genética entre PE x AE tiveram um comportamento semelhante à correlação PE x AP, ou seja, ficaram mais estáveis com o aumento no tamanho da amostra. Na população BR-106 os valores foram mais estáveis e também superiores aos da população BR-105. Na população BR-105 oscilou entre -0,24 a 0,22; e na população BR-106 oscilou entre 0,25 a 0,47. Os valores encontrados na população BR-106 estão próximos dos valores encontrados por Walters et al. (1981), Lima & Paterniani (1977), Souza Jr. et al. (1980) e Hallauer & Miranda Filho (1981).

A correlação genética entre PE x EP apresentou maior variação. O caráter EP é bastante variável, sendo que suas estimativas oscilaram bastante. Na população BR-105 os valores foram baixos, e nota-se relativa estabilização com o aumento no tamanho da amostra. Observa-se que com 25 progênies o valor da correlação foi de -0,36 e com 200 progênies foi de -0,03. Estes valores foram semelhantes ao encontrado por Sousa Júnior et al. (1980). Na população BR-106 a correlação foi maior, porém quando

utilizaram-se 25 progênies, ocorreu aumento no valor da correlação. Verifica-se a importância do tamanho da amostra, pois se utilizar uma amostra de tamanho pequeno, certamente estará ocorrendo um erro nas estimativas.

Os valores encontrados para a correlação genética entre PE x IE foram de alta magnitude em ambas as populações, indicando uma alta correlação entre o peso de espigas e o índice de espigas. Na população BR-106, quando utilizaram-se 50 e 75 progênies, os valores foram elevados. Resultado semelhante foi encontrado por Souza Jr. et al. (1980) e por Lima Neto (1994) nas progênies de meios irmãos. Os valores foram estáveis, sendo que esta estabilidade aumenta com o tamanho da amostra.

Os caracteres altura da planta e altura da espiga apresentam alta correlação. Valores semelhantes foram encontrados por Lima Neto (1994), Lima & Paterniani (1977), Souza Jr. et al. (1980) e Hallauer & Miranda Filho (1981). Na população BR-105, observa-se amplitude de 0,89 a 1,01. O valor de 1,01 foi encontrado para 25 progênies, devido ao pequeno tamanho da amostra. Na população BR-106 a correlação variou de 0,92 a 0,99. O valor de 0,99 foi encontrado quando utilizaram-se 25 progênies. Nota-se, que se o tamanho da amostra não é adequado, as estimativas não são corretas.

A correlação AP x EP apresentou-se bastante variável. Na população BR-105, apresentou valor de 1,10 com 25 progênies e 0,39 com 200 progênies. Verifica-se que até 100 progênies as estimativas foram elevadas, e a partir de 150 progênies estas estimativas se estabilizaram. Na população BR-106 os valores foram mais discrepantes, pois variou de 3,87 com 25 progênies e 0,06 com 50 progênies. Observa-se que com poucas progênies os valores são

bastante variados e com o aumento no tamanho da amostra ocorre uma estabilidade.

As estimativas encontradas para a correlação AP x IE mostram-se variáveis nas duas populações. Na população BR-105 os dois caracteres se correlacionaram negativamente. Observa-se na população BR-106, que a partir de 100 progênies, a correlação apresenta-se mais estável.

A correlação entre AE x EP foi de alta magnitude nas duas populações. Novamente observa-se o efeito do pequeno tamanho da amostra. Na população BR-105, quando utilizaram-se 25 progênies, a correlação foi de 1,03; e para a população BR-106 foi de 4,75. Nota-se que aparecem valores absurdos, quando a amostra não é adequada, e os pesquisadores devem estar atentos, pois o sucesso em programas de melhoramento depende da precisão experimental.

Semelhante á correlação AP x IE, a correlação AE x IE também apresentou estimativas negativas na população BR-105. Em ambas as populações houve gradativa queda, à medida em que aumentava o tamanho da amostra. Resultado semelhante foi encontrado por Lima Neto (1994), aparecendo inclusive correlações negativas.

A correlação EP x IE apresentou-se bastante variável nas duas populações. Na população BR-106 ocorreu um salto na correlação quando utilizaram-se 25 progênies. Na população BR-105 os valores se correlacionaram negativamente. Nota-se que em todas as correlações envolvendo o caráter EP, os valores das correlações foram bastante variáveis.

4.7. Análise geral

Observa-se que a variância genética entre progênies apresenta algumas variações com os diversos tamanhos de amostra, tendo o caráter posição relativa da espiga (EP) um efeito mais pronunciado. Estes resultados são mostrados nas figuras 1 a 5, e observa-se que com o aumento no tamanho da amostra as variâncias se estabilizaram. Nota-se também, que o intervalo de confiança é extremamente grande quando o tamanho da amostra é pequeno, sendo que a estimativa da variância pode estar em qualquer ponto dentro deste intervalo. Para todos os caracteres e em ambas as populações, o intervalo de confiança vai diminuindo com o aumento no tamanho da amostra.

A variância da interação entre progênies x locais só foi possível de ser calculada para os caracteres PE e IE. Para o caráter índice de espigas (IE), ocorreram algumas estimativas negativas na população BR-106. Para 75 e 100 progênies, tanto as estimativas quanto os intervalos de confiança apresentaram-se negativos, mostrando que a variância também pode ser negativa, pois ela está dentro deste intervalo. Estimativas negativas dos componentes da variância genética também foram encontrados por Goodman, 1965, Lindsey et al. 1962; Lima Neto, 1994 e Marquez-Sanchez & Hallauer, 1970a,b. Lima Neto (1994) encontrou estimativas negativas nas amostras de 25, 50, 75 e 100 progênies. Segundo Marquez-Sanchez & Hallauer (1970a,b), uma das causas das estimativas negativas é uma amostragem insuficiente e isto resulta em maior desvio padrão; indicando que se as estimativas são zero ou um valor positivo pequeno, o intervalo de confiança pode apresentar estimativas negativas. Deve-se considerar também que as estimativas negativas

dos componentes da variância podem ter ocorrido devido a problemas de experimentação.

Com relação a variância do erro experimental, percebe-se que esta foi superior às outras estimativas nos diversos caracteres avaliados, e em ambas as populações. Resultado semelhante foi encontrado por Lima Neto (1994), tanto para progênies de meios irmãos quanto para as progênies de irmãos germanos. Nota-se que as estimativas vão se estabilizando com o aumento no tamanho da amostra.

A variância fenotípica apresentou pequena variação com os diversos tamanhos de amostra. Para o caráter altura da planta (AP) houve pequeno decréscimo com o aumento no tamanho da amostra, sendo que para a posição relativa da espiga ocorreu pequeno acréscimo. Este resultado foi observado em ambas as populações.

O coeficiente de herdabilidade permaneceu estável para a maioria dos caracteres, sofrendo maior variação para a posição relativa da espiga (EP). Como o coeficiente de herdabilidade é obtido através do quociente entre duas variâncias, este tende a ser mais estável. Estes resultados são mostrados nas Figuras 1 a 5. O coeficiente de herdabilidade é um parâmetro de grande importância no melhoramento, e foi um dos parâmetros utilizados para se determinar o tamanho ótimo da amostra.

Apesar de as estimativas dos parâmetros apresentarem certa estabilidade, deve-se considerar os intervalos de confiança. Por exemplo, para peso de espigas na população BR-105 a variância genética entre progênies é 253,21 com intervalo de confiança entre 130,20 a 689,97 para 25 progênies e de 192,36 com intervalo de confiança entre 145,02 a 267,47 para 200 progênies. Portanto, a estimativa da variância pode estar em qualquer destes valores dentro do intervalo. Observa-se nas Figuras 1 a 5 uma significativa redução

no intervalo de confiança com o aumento no tamanho da amostra. O intervalo de confiança é calculado em função das variâncias e dos graus de liberdade. Nota-se que as estimativas da variância são relativamente estáveis, sendo que os graus de liberdade têm maior influência na amplitude do intervalo de confiança. Portanto, quanto maior o número de progênies, maior será o grau de liberdade e menor será o intervalo de confiança, resultando em estimativas mais precisas. Dessa forma, amostras de tamanho adequado apresentam estimativas mais precisas e com menor intervalo de confiança. O critério para se determinar o número de progênies S_1 que se constitui na amostra adequada deve considerar este aspecto.

Nota-se que o tamanho adequado da amostra é essencial nos programas de melhoramento de milho, visto que amostras inadequadas podem levar à conclusões errôneas. Quando a amostra é pequena ocorre uma grande variação nas estimativas, desde valores elevados até valores negativos. Nas correlações genéticas observa-se que com poucas progênies ocorreram valores absurdos (tabelas 25 e 26). De acordo com o que foi apresentado por Marquez-Sanchez (1972), Souza Jr. (1995), Lima Neto (1994) e Marquez-Sanchez & Hallauer (1970ab), amostras pequenas não representam a população e com isso levam a uma descaracterização das populações, fixação de alelos indesejáveis ou perdas de alelos e de complexos gênicos. Amostras muito grandes levam a uma utilização inadequada dos recursos disponíveis e podem inviabilizar a manutenção das coleções em bancos de germoplasmas. Observa-se na literatura que os tamanhos de amostras variam desde 50 progênies até 1000 progênies, mostrando uma grande variação no tamanho da amostra.

Outro ponto a ser observado é com relação ao tipo de progênie, ou seja, as progênies apresentam seu número efetivo (N_e) característico. Como as progênies de meios irmãos e irmãos

germanos apresentam Ne inferiores às progênies S_1 , certamente o número de plantas necessárias para representar cada tipo de progênie é diferente. Segundo Lima Neto (1994), o número de progênies de meios irmãos e irmãos germanos necessárias para representar a população de milho ESALQ-PB 4 está entre 75 e 100 progênies. Este aspecto é importante porque dependendo do número de populações e de recursos disponíveis, pode-se plantar alternadamente as progênies a cada ano ou utilizar progênies de meios irmãos ou irmãos germanos, que precisariam de uma menor área para conduzir os experimentos.

A utilização de parâmetros genéticos e seus respectivos intervalos de confiança foi uma maneira para se determinar o tamanho adequado da amostra, sendo que a amostra de tamanho adequado é aquela que apresenta menor intervalo de confiança, bem como estabilidade das estimativas da variância.

Em programas de melhoramento de milho o caráter de maior importância é a produtividade, visto que é um caráter complexo e de baixa herdabilidade. Dessa forma, o tamanho adequado da amostra deve ser determinado principalmente para este caráter, pois se o número de progênies é suficiente para este caráter, certamente será para os demais. Se o objetivo é apenas estimar parâmetros, o número de progênies pode variar. Para estimar parâmetros apenas para altura da planta, certamente o número de progênies necessárias será inferior ao caráter peso de espigas. No presente trabalho observou-se para o caráter de maior importância, peso de espigas (produção), que nas condições experimentais 200 progênies S_1 seriam suficientes para representar ambas as populações e com níveis de precisão confiáveis

5. CONCLUSÕES

Com base nos resultados obtidos pode-se concluir que:

- Os diversos parâmetros estudados, para todos os caracteres e em ambas as populações, tornam-se mais estáveis com o aumento do tamanho da amostra. Em todos os caracteres estudados, ocorreu redução no intervalo de confiança com o aumento do tamanho da amostra.

- Para os caracteres peso de espigas (PE) e índice de espigas (IE), observa-se estabilidade nas estimativas e nos intervalos de confiança quando se utilizam 175 progênies S_1 . Estes resultados foram observados tanto para a população BR-105 como para a população BR-106, indicando que uma amostra de 175 progênies parece ser adequada para representar as populações.

- Para os caracteres altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), nota-se estabilidade nas estimativas e nos intervalos de confiança quando se utilizam 125 progênies S_1 . Estes resultados foram observados para ambas as populações, indicando que uma amostra de 125 progênies apresenta tamanho adequado.

- Para o caráter posição relativa da espiga (EP), verifica-se que o tamanho adequado da amostra foi diferente para as duas

populações. O tamanho adequado da amostra foi de 200 progênies S_1 para a população BR-105 e 175 progênies S_1 para a população BR-106.

- As correlações envolvendo os caracteres PE, AP, AE, e IE, mantiveram-se relativamente estáveis entre os diversos tamanhos de amostras, sendo que esta estabilidade aumentou com o tamanho da amostra. Entretanto, as correlações que envolvem o caráter EP mostram-se bastante variáveis. Estes resultados foram observados para ambas as populações.

- Para se conduzir um programa de melhoramento de milho e baseando-se no caráter de maior importância que é peso de espigas (produção), 200 progênies seriam suficientes em ambas as populações.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BAKER, L. H. & CURNOW, R. N. Choice of population size and use of variation between replicate populations in plant breeding selection programs. **Crop Science**, v.9, p. 555-60, Sep./Oct., 1969.
- BARBIN, D. Variância de Estimativas de Componentes de Variância. In:----- **Componentes de Variância**. Piracicaba: ESALQ/USP, Departamento de Estatística, 1993. p. 39-48.
- BURTON, J. W.; PENNY, L. H.; HALLAUER, A. R.; EBERHART, S. A. Evaluation of synthetic populations developed from a maize variety (BSK) by two methods of recurrent selection. **Crop Science**, v.11, p. 361-65, May/ June, 1971.
- DHILLON, B. S. Alternate recurrent selection of S_1 and half-sib families for intrapopulation improvement. **Maydica**, v.36, n.1, p. 45-8, 1991.
- DHILLON, B. S.; KHEHRA, A. S. Modified S_1 recurrent selection in maize improvement. **Crop Science**, v.29, p. 226-28, Jan./Feb., 1989.
- DIAS, J. F. S. O tamanho da amostra para estudo dos caracteres peso de 50 grãos, peso de espiga e altura da planta em quatro grupos de cultivares de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1978. 80 p. Dissertação (MS) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

DUCLOS, L. A.; CRANE, P. L. Comparative performance of top crosses and S_1 progeny for improving populations of corn (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v.8, p. 191-94, Mar./Apr., 1968.

FALCONER, D. S. **Introdução a genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1981. 279p.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan, 1987. v.1, 536p.

GENTER, C. F. Comparison of S_1 test cross evaluation after two cycles of recurrent selection in maize. **Crop Science**, v.13, p. 524-27, Sep. /Oct., 1973.

GENTER, C. F.; ALEXANDER, M. W. Comparative performance of S_1 progenies and test-crosses of corn. **Crop Science**, v.2, p. 516-19, Nov. /Dec., 1962.

GOODMAN, M. M. Estimates of genetic variance in adapted and exotic populations of maize. **Crop Science**, v.4, p. 87-90, 1965.

GOULAS, A. G.; LONNQUIST, J. H. Combined half-sib and S_1 family selection in maize composite population. **Crop Science**, v.16, p. 461-64, July/Aug., 1976.

GROMBACHER, A. W.; RUSSEL, W. A.; GUTHRIE, W. D. Effects of recurrent selection in two maize synthetics on agronomic trait of S_1 lines. **Maydica**, v.34, n.4, p. 343-52, Apr., 1989.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press, 1981. 468p.

KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, M. W. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, v.25, p. 192-94, Jan./Feb., 1985.

LAMKEY, K. R.; HALLAUER, A. R. Heritability estimated from recurrent selection experiments in maize. **Maydica**, v.32, n.1, p. 61-78, July., 1987.

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**. n.11, p. 82-3, 1977.

LIMA NETO, F. P. Tamanhos de amostras para a estimação de parâmetros genéticos em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1994. 81 p. Dissertação (M.S.) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

LINDSEY, M. F.; LONNQUIST, J. H.; GARDNER, O. C. Estimates of genetic variance in open-pollinated varieties of Corn Belt corn. **Crop Science**, v.2, p. 105-8, 1962.

LONNQUIST, J. H.; CASTRO, M. G. Relation of intrapopulation genetic effects to performance of S_1 lines of maize. **Crop Science**, v.7, p. 361-4, July/Aug., 1967.

MARQUEZ-SANCHEZ, F. Tamaño de muestra para representar poblaciones de maiz. **Agrociencia**, série B, n.8, p. 163-77, 1972.

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**, v.10, n.4, p. 357-61, July/Aug., 1970 a.

MARQUEZ-SANCHEZ, F.; HALLAUER, A. R. Influence of sample size on the estimation of genetic variance in a synthetic variety of maize. II. plant and ear characters. **Iowa State Journal Science**, v.44, p. 423-36, May, 1970 b.

MIRANDA FILHO, J. B. Avaliação de famílias de meios irmãos na população ESALQ-PB 1. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, n.11, p. 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**, n.12, p. 116-21, 1978.

MORO, J. R. Efeito da alta intensidade de seleção no melhoramento de milho. Piracicaba, 1982, 59 p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

MULAMBA, N. N.; HALLAUER, A. R.; SMITH, O. S. Recurrent selection for grain yield in a maize population. **Crop Science**, v.23, p. 536-40, May/June, 1983.

NYHUS, K. A.; RUSSEL, W. A.; GUTHRIE, W. D. Changes in agronomic traits associated with recurrent selection in two maize synthetics. **Crop Science**, v.29, p. 269-75, Mar./Apr., 1989.

ODHIAMBO, M. O.; COMPTON, W. A. Five cycles of replicated S_1 vs reciprocal full-sib index selection in maize. **Crop Science**, v.29, p. 314-19, Mar./Apr., 1989.

OMOLO, E.; RUSSEL, W. A. Genetic effects of population size in the reproduction of two heterogeneous maize populations. **Iowa State Journal Science**, v.45, p. 499-512, 1971.

PANDEY, S.; GARDNER, C. O. Recurrent selection for population, variety, and hybrid improvement in tropical maize. **Advances in Agronomy**, v.48, p. 81-7, 1992.

PATERNIANI, E. Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no melhoramento do milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1968. p.92 (Cátedra - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

- 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. p.105 Dissertação (M.S.) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- SOUZA JÚNIOR., C. L.; GERALDI, I. O.; ZINSLY, J. R. Corelações genéticas e fenotípicas entre seis caracteres da produção de milho (*Zea mays* L.) Suwan. **Relatório Científico do Departamento de Genética da ESALQ**, n.14, p. 146-52, 1980.
- SOUZA JÚNIOR, C. L. Reciprocal recurrent selection with half-sib progenies obtained alternately from non-inbred (S_0) and inbred (S_1) plants in maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, v.32, n.1, p. 19-31, 1987.
- SOUZA JÚNIOR, C. L. **Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba: FEALQ, 1989. 139 p.
- SOUZA JÚNIOR, C. L. Variâncias genéticas interpopulacionais e suas relações com a obtenção e seleção de híbridos. Piracicaba, 1988. 141p. Tese (Livre Docência) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- 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**, v.28, n.4, p. 473-9, Apr., 1993.
- SOUZA JÚNIOR, C. L. **Manutenção de coleções de bancos de germoplasmas**., Piracicaba, ESALQ/Dep. Genética, 1995. 28p. (Publicação didática).

- SULLIVAN, J. A.; KANNENBERG, L. W. Comparison of S_1 and modified ear-to-row recurrent selection in four maize population. I. Effects on population means and variances. **Crop science**, v.27, p. 1161-6, Nov./Dec., 1987.
- TANNER, A. H.; SMITH, O. S. Comparison of half-sib and S_1 recurrent selection in the Krug Yellow Dent maize populations. **Crop Science**, v.27, p. 509-13, May/June, 1987.
- VENCOVSKY, R. Herança Quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e Produção do Milho**, 2^a edição Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.I, p. 135-214.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto, SBG, 1992. 486p.
- WALTERS, S. P.; RUSSELL, W. A.; LAMKEY, K. R. Performance and genetic variance among S_1 lines and test-crosses of Iowa Stiff Stalk Synthetic maize. **Crop Science**, v.31, p. 76-80, Jan./Feb., 1991 a.
- WALTERS, S. P.; RUSSELL, W. A.; LAMKEY, K. R. Comparisons of phenotypic correlations among S_1 lines and their test-crosses, from Iowa Stiff Stalk populations of maize. **Maydica**, v.36, n.1, p. 39-44, June, 1991 b.
- WRIGHT, A. J. The expected efficiencies of half-sib, test cross and S_1 progeny testing methods in single population improvement. **Heredity**, v.45, n.3, p. 361-76, June, 1980.

Tabelas

Tabela 1. Quadro da análise da variância, apresentando as fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), quadrados médios (QM) e as esperanças do quadrado médio [E(QM)], referente à 25 progênies para os caracteres peso de espigas (PE) e índice de espigas (IE).

FV	GL	QM	E (QM)
LOCAIS	1	-	-
REPETIÇÕES /LOCAIS	4	-	-
PROGÊNIES	24	QM_p	$\sigma_e^2 + r\sigma_{pi}^2 + r\sigma_p^2$
PROGÊNIES X LOCAIS	24	QM_{pi}	$\sigma_e^2 + r\sigma_{pi}^2$
ERRO MÉDIO	96	QM_e	σ_e^2

* Para peso de espigas foi retirado um grau de liberdade na análise individual (ver material e métodos).

Tabela 2. Quadro da análise da variância, apresentando as fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), quadrados médios (QM) e as esperanças do quadrado médio [E(QM)], referente à 50, 75, 100, 125, 150, 175 e 200 progênies para os caracteres peso de espigas (PE) e índice de espigas (IE).

FV	GL							QM	E (QM)
	50	75	100	125	150	175	200		
EXPERIMENTO	1	2	3	4	5	6	7	-	-
REPETIÇÕES /LOCAIS/EXP.	8	12	16	20	24	28	32	-	-
LOCAIS/EXPERIMENTO	2	3	4	5	6	7	8	-	-
PROGÊNIES/EXP.	48	72	96	120	144	168	192	QM_p	$\sigma_e^2 + r\sigma_{pi}^2 + r\sigma_p^2$
PROGÊNIES X LOCAIS/EXP.	48	72	96	120	144	168	192	QM_{pi}	$\sigma_e^2 + r\sigma_{pi}^2$
ERRO MÉDIO	192	288	384	480	576	672	768	QM_e	σ_e^2

* Para peso de espigas foi retirado um grau de liberdade na análise individual (ver material e métodos).

Tabela 3. Quadro da análise da variância, apresentando as fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), quadrados médios (QM) e as esperanças do quadrado médio [E(QM)], referente à 25 progênies para os caracteres altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e posição relativa da espiga (EP).

FV	GL	QM	E (QM)
REPETIÇÕES	2	-	-
PROGÊNIES	24	QM _p	$\sigma_e^2 + r \sigma_p^2$
ERRO MÉDIO	48	QM _e	σ_e^2

Tabela 4. Quadro da análise da variância, apresentando as fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), quadrados médios (QM) e as esperanças do quadrado médio [E(QM)], referente à 50, 75, 100, 125, 150, 175 e 200 progênies para os caracteres altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e posição relativa da espiga (EP).

FV	GL						E (QM)	
	50	75	100	125	150	175	200	
EXPERIMENTO	1	2	3	4	5	6	7	-
REPETIÇÕES/EXP.	4	6	8	10	12	14	16	-
PROGÊNIES/EXP.	48	72	96	120	144	168	192	$\sigma_e^2 + r \sigma_p^2$
ERRO MÉDIO	96	144	192	240	288	336	384	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 (EP) e índice de espiga (IE), relativos às progênes S1's da população BR-105.

Caracteres	Número de progênes									
	25	50	75	100	125	150	175	200		
PE (g/planta)	CVe	19,65	19,18	19,16	19,77	20,48	20,57	20,72	20,63	
	CVg	15,82	15,08	14,51	17,17	15,80	15,70	15,05	14,69	
	$\bar{X}$	100,56	98,82	95,26	94,29	94,44	95,44	95,28	94,37	
AP (cm/planta)	CVe	7,91	7,57	7,26	7,30	7,04	6,94	7,04	6,98	
	CVg	5,00	4,28	4,32	4,41	4,48	4,79	4,79	4,80	
	$\bar{X}$	212,92	213,32	214,60	214,27	208,62	206,15	203,41	201,36	
AE (cm/planta)	CVe	10,26	9,80	9,43	9,78	9,98	9,74	9,58	9,46	
	CVg	8,50	6,77	6,93	6,97	6,41	6,58	6,85	6,95	
	$\bar{X}$	113,72	113,31	114,13	113,64	113,68	114,50	114,73	114,92	
EP	CVe	5,42	5,11	4,96	5,13	6,03	5,93	5,85	5,71	
	CVg	3,23	2,67	2,88	3,00	2,43	3,07	3,40	3,47	
	$\bar{X}$	0,53	0,53	0,53	0,52	0,54	0,55	0,56	0,57	
IE	CVe	18,66	17,70	18,78	19,50	20,07	19,61	19,50	19,27	
	CVg	8,37	10,45	10,68	11,02	10,85	10,06	9,78	9,41	
	$\bar{X}$	0,90	0,89	0,88	0,86	0,89	0,90	0,90	0,91	

Tabela 7. Valores dos quadrados médios das progênies (QMP), dos quadrados médios das interações (QMPL), e dos quadrados médios dos erros (QME), para os caracteres peso de espigas (PE) e índice de espigas (IE), relativos à progênies S₁ da população BR-105.

Nº Progênies	Peso de Espigas (g/planta) ²			Índice de Espigas		
	QMP	QMPL	QME	QMP x 10 ⁻²	QMPL x 10 ⁻²	QME x 10 ⁻²
25	2031,40**	512,13 n.s.	390,70	8,86**	5,39*	2,83
50	1796,27**	462,73 n.s.	359,57	9,18**	3,91*	2,49
75	1624,80**	477,78*	333,37	10,68**	5,31**	2,75
100	2035,09**	460,51*	347,66	10,29**	4,74**	2,87
125	1900,15**	563,98**	374,23	10,86**	5,21**	3,21
150	1878,06**	530,12**	385,77	9,82**	4,86**	2,57
175	1750,75**	516,43**	389,92	9,33**	4,55**	2,67
200	1670,76**	516,55**	379,15	9,14**	4,65**	2,69

* P < 0,05; ** P < 0,01, n.s.: não significativo.

Tabela 8. Valores dos quadrados médios das progênies (QMP), dos quadrados médios das interações (QMPL), e dos quadrados médios dos erros (QME), para os caracteres peso de espigas (PE) e índice de espigas (IE), relativos à progênies S₁ da população BR-106.

Nº Progênies	Peso de Espigas (g/planta) ²			Índice de Espigas		
	QMP	QMPL	QME	QMP x 10 ⁻²	QMPL x 10 ⁻²	QME x 10 ⁻²
25	1601,80**	658,44 n.s.	571,23	5,11**	3,01 n.s.	2,57
50	1971,50**	886,24**	542,12	6,65**	3,16 n.s.	2,83
75	1841,02**	720,24 n.s.	598,52	6,38**	2,78 n.s.	2,91
100	1781,43**	708,10 n.s.	605,10	6,51**	3,04 n.s.	3,12
125	1704,90**	710,69 n.s.	589,44	6,96**	3,24 n.s.	3,11
150	1971,25**	691,30 n.s.	569,06	7,22**	3,35 n.s.	3,05
175	2030,67**	662,75 n.s.	560,40	7,21**	3,65*	3,00
200	1959,16**	691,77*	559,13	6,94**	4,11*	3,07

* P < 0,05; ** P < 0,01, n.s.: não significativo.

Tabela 9. Valores dos quadrados médios das progênies (QMP), e dos quadrados médios dos erros (QME), para os caracteres altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), e posição relativa da espiga (EP), relativos à progênies da população BR-105.

Nº Progênies	Altura de Planta (cm/planta) ²		Altura de Espiga (cm/planta) ²		Pos. da Espiga	
	QMP	QME	QMP	QME	QMP x 10 ⁻³	QME x 10 ⁻³
25	625,42**	284,23	416,68**	136,26	1,70**	0,80
50	511,58*	261,44	300,05**	123,41	1,30*	0,70
75	502,16**	243,37	303,93**	115,93	1,30**	0,60
100	512,89**	244,67	312,27**	123,55	1,40**	0,70
125	478,78**	215,96	288,17**	128,77	1,60*	1,10
150	497,75**	204,75	295,06**	124,51	1,90**	1,10
175	490,55**	205,38	306,50**	120,82	2,20**	1,10
200	478,95**	197,59	309,94**	118,29	2,20**	1,10

* P < 0,05; ** P < 0,01, n.s.: não significativo.

Tabela 10. Valores dos quadrados médios das progênies (QMP), e dos quadrados médios dos erros (QME), para os caracteres altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), e posição relativa da espiga (EP), relativos à progênies da população BR-106.

Nº Progênies	Altura de Planta (cm/planta) ²		Altura de Espiga (cm/planta) ²		Pos. da Espiga	
	QMP	QME	QMP	QME	QMP x 10 ⁻³	QME x 10 ⁻³
25	728,25**	256,41	284,38**	111,86	0,90 n.s.	0,90
50	555,87*	275,48	234,50*	117,44	1,20*	0,80
75	548,52**	236,43	270,19**	107,38	1,30*	0,90
100	525,70**	241,17	263,43**	118,93	1,30*	0,90
125	518,43**	239,08	261,37**	110,35	1,30 n.s.	1,10
150	501,43**	228,03	250,60**	103,00	1,40*	1,10
175	527,97**	234,73	246,17**	97,44	1,50*	1,20
200	520,59**	232,30	233,43**	95,37	1,50*	1,20

* P < 0,05; ** P < 0,01, n.s.: não significativo.

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 ambiental entre parcelas (σ_e^2), variância fenotípica entre média de progênies (σ_F^2), coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênies ($h_{\bar{x}}^2$), e a resposta esperada à seleção (Rs), para o caráter peso de espigas (PE), relativas às progênies S1 da população BR-105. Variâncias em (g/planta)², herdabilidade em % e Rs em g/planta e em percentual.

Parâmetros		Número de progênies							
		25	50	75	100	125	150	175	200
σ_p^2	LI*	130,20	136,69	124,37	185,99	157,83	164,81	153,55	145,02
	Estimativas	253,21	222,25	191,17	262,43	222,69	224,65	205,72	192,36
	LS*	689,97	423,50	331,22	398,22	337,92	324,39	289,99	267,47
	LS - LI	559,77	286,81	206,85	212,23	180,09	159,58	136,44	122,45
σ_{PL}^2	LI	8,05	9,32	19,98	14,65	32,52	22,76	19,95	23,54
	Estimativas	40,47	34,38	48,13	37,61	63,24	48,11	42,17	45,79
	LS	-	-	233,39	226,24	172,32	160,34	140,54	124,77
	LS - LI	-	-	213,41	211,59	139,80	137,58	120,59	101,23
σ_e^2	LI	299,28	296,67	284,52	302,86	330,64	344,42	350,99	343,56
	Estimativas	390,70	359,58	333,37	347,66	374,23	385,77	389,92	379,15
	LS	531,73	444,97	396,04	403,24	427,09	435,07	435,74	420,59
	LS - LI	232,45	148,30	111,52	100,38	96,45	90,65	84,75	77,03
σ_F^2	LI	206,42	208,19	200,28	260,49	249,67	251,64	238,21	230,18
	Estimativas	338,56	299,38	270,80	339,18	316,69	313,01	291,79	278,46
	LS	655,22	467,25	386,64	460,01	415,00	400,04	365,82	343,77
	LS - LI	448,80	259,06	186,36	199,52	165,33	148,40	127,61	113,59
$h_{\bar{x}}^2$	LI	42,78	54,33	53,15	66,16	55,61	60,82	60,04	58,12
	Estimativas	74,78	74,23	70,59	77,37	70,31	71,77	70,50	69,08
	LS	88,89	85,46	81,54	84,86	79,28	79,66	78,22	76,72
	LS - LI	46,11	31,13	28,39	18,70	23,67	18,84	18,18	18,60
RS		24,08	22,47	20,32	24,93	21,89	22,22	21,07	20,17
		23,94%	22,74%	21,34%	26,44%	23,18%	23,28%	22,12%	21,37%

*LI é o limite inferior do intervalo de confiança, e LS é o limite superior.

Tabela 12. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênieis (σ_p^2), variância das interações entre progênieis e locais (σ_{pL}^2), variância do erro ambiental entre parcelas (σ_e^2), variância fenotípica entre média de progênieis (σ_F^2), coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênieis (h_x^2), e a resposta esperada à seleção (Rs), para o caráter peso de espigas (PE), relativas às progênieis SI da população BR-106. Variâncias em (g/planta)², herdabilidade em % e Rs em g/planta e em percentual.

Parâmetros	Número de progênieis									
	25	50	75	100	125	150	175	200		
σ_p^2	LI*	68,73	92,95	112,83	114,27	109,01	151,18	167,60	155,91	
	Estimativas	157,22	180,76	186,79	178,95	165,70	213,31	227,98	211,23	
	LS*	651,24	492,55	367,55	319,73	281,95	323,68	328,24	302,43	
σ_{pL}^2	LS - LI	582,51	399,60	254,60	205,46	172,94	172,50	160,64	146,52	
	LI	3,65	50,14	10,99	9,30	12,97	14,63	10,95	18,36	
	Estimativas	29,06	114,70	40,57	34,33	40,41	40,77	34,11	44,21	
σ_e^2	LS	-	-	-	-	561,77	336,66	474,19	214,38	
	LS - LI	-	-	-	-	548,80	322,03	463,24	196,02	
	LI	437,56	447,28	510,82	527,13	520,78	508,07	504,45	506,65	
σ_F^2	Estimativas	571,23	542,12	598,52	605,10	589,44	569,06	560,40	559,13	
	LS	777,43	670,85	711,03	701,84	672,70	641,78	626,25	620,24	
	LS - LI	339,87	223,57	200,21	174,71	151,92	133,71	121,80	113,59	
h_x^2	LI	162,76	228,50	226,92	228,07	224,02	264,13	276,30	269,91	
	Estimativas	266,96	328,58	306,83	296,97	284,15	328,54	338,44	326,52	
	LS	516,65	512,82	438,08	402,77	372,36	419,89	424,30	403,11	
Rs	LS - LI	353,89	284,32	211,16	174,70	148,34	155,76	148,00	133,20	
	LI	6,72	20,31	37,67	40,55	40,28	51,31	55,79	53,10	
	Estimativas	58,89	55,04	60,87	60,26	58,31	64,92	67,36	64,69	
	LS	81,88	74,64	75,44	73,42	70,90	74,73	75,90	73,41	
	LS - LI	75,16	54,33	37,77	32,87	30,62	23,42	20,11	20,31	
		16,84	17,45	18,66	18,17	17,20	20,59	21,68	20,45	
		14,31%	15,14%	15,91%	15,46%	14,79%	17,72%	18,63%	17,60%	

*LI é o limite inferior do intervalo de confiança, e LS é o limite superior.

Tabela 13. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênes (σ_p^2), variância do erro ambiental entre parcelas (σ_e^2), variância fenotípica entre média de progênes (σ_F^2), coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênes ($h_{\bar{x}}^2$), e a resposta esperada à seleção (Rs), para o caráter altura da planta (AP), relativas às progênes S1 da população BR-105. Variâncias em (cm/planta)², herdabilidade em % e Rs em cm/planta e em percentual.

Parâmetros	Número de progênes									
	25	50	75	100	125	150	175	200		
σ_p^2	LI*	47,22	40,70	48,57	54,00	56,99	66,66	66,96	67,72	
	Estimativas	113,73	83,38	86,26	89,40	87,60	97,66	95,05	93,78	
	LS*	551,51	256,79	193,86	175,91	151,77	156,78	145,51	138,50	
σ_e^2	LS - LI	504,29	216,09	145,29	121,91	94,78	90,12	78,55	70,78	
	LI	197,66	200,78	195,66	202,26	181,99	175,03	177,54	172,37	
	Estimativas	284,23	261,44	243,37	244,68	215,96	204,75	205,38	197,59	
σ_F^2	LS	443,60	354,58	311,04	302,07	260,47	242,78	240,35	228,81	
	LS - LI	245,94	153,80	115,38	99,81	78,48	67,75	62,81	56,44	
	LI	127,10	118,58	123,79	131,29	125,82	133,38	133,49	131,97	
$h_{\bar{x}}^2$	Estimativas	208,47	170,52	167,38	170,96	159,59	165,91	163,51	159,65	
	LS	403,46	266,13	238,98	231,86	209,13	212,04	204,99	197,09	
	LS - LI	276,36	147,55	115,19	100,57	83,31	78,66	71,50	65,12	
Rs	LI	11,66	17,89	28,49	33,11	38,93	43,69	45,87	47,53	
	Estimativas	54,55	48,89	51,53	52,29	54,89	58,86	58,13	58,74	
	LS	78,49	69,47	68,04	66,66	67,22	68,08	67,99	67,89	
	LS - LI	66,83	51,58	39,55	33,55	28,29	24,39	22,12	20,36	
		13,78	11,17	11,66	11,96	12,13	13,26	13,01	12,98	
		6,47%	5,24%	5,44%	5,58%	5,81%	6,43%	6,39%	6,45%	

*LI é o limite inferior do intervalo de confiança, e LS é o limite superior.

Tabela 14. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênies (σ_p^2), variância do erro ambiental entre parcelas (σ_e^2), variância fenotípica entre média de progênies (σ_F^2), coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênies ($h_{\bar{x}}^2$), e a resposta esperada à seleção (Rs), para o caráter altura da planta (AP), relativas às progênies S1 da população BR-106. Variâncias em (cm/planta)², herdabilidade em % e Rs em cm/planta e em percentual.

Parâmetros		Número de progênies							
		25	50	75	100	125	150	175	200
σ_p^2	LJ*	74,41	46,90	61,57	58,33	59,84	61,15	67,73	67,90
	Estimativas	157,27	93,46	104,02	94,84	93,11	91,13	97,74	96,09
	LS*	524,15	269,43	212,43	180,72	164,57	150,25	153,35	146,44
	LS - LJ	449,74	222,53	150,86	122,39	104,73	89,10	85,62	78,54
σ_e^2	LJ	178,31	211,57	190,08	199,36	201,47	194,93	202,92	202,65
	Estimativas	256,41	275,48	236,43	241,17	239,08	228,03	234,73	232,30
	LS	400,18	373,62	302,17	297,74	288,36	270,39	274,69	269,00
	LS - LJ	221,87	162,05	112,09	98,38	86,89	75,46	71,77	66,35
σ_F^2	LJ	148,00	128,85	135,22	134,57	136,24	134,37	143,68	143,45
	Estimativas	242,75	185,29	182,84	175,23	172,81	167,14	175,99	173,53
	LS	469,80	289,18	261,05	237,66	226,45	213,61	220,64	214,23
	LS - LJ	321,80	160,33	125,83	103,09	90,21	79,24	76,96	70,78
$h_{\bar{x}}^2$	LJ	31,56	20,38	36,39	35,68	37,57	40,00	42,46	43,24
	Estimativas	64,79	50,44	56,89	54,12	53,88	54,52	55,54	55,37
	LS	83,34	70,39	71,57	67,94	66,49	65,99	65,97	65,27
	LS - LJ	51,78	50,01	35,18	32,26	28,92	25,99	23,51	22,03
RS		17,66	12,01	13,46	12,54	12,39	12,33	12,89	12,76
		8,94%	5,98%	6,71%	6,27%	6,25%	6,25%	6,56%	6,53%

*LJ é o limite inferior do intervalo de confiança, e LS é o limite superior.

Tabela 15. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênie (σ_p^2), variância do erro ambiental entre parcelas (σ_e^2), variância fenotípica entre média de progênie (σ_F^2), coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênie ($h_{\bar{x}}^2$), e a resposta esperada à seleção (Rs), para o caráter altura da espiga (AE), relativas às progênie S1 da população BR-105. Variâncias em (cm/planta)², herdabilidade em % e Rs em cm/planta e em percentual.

Parâmetros		Número de progênie							
		25	50	75	100	125	150	175	200
σ_p^2	LI*	45,63	32,13	38,54	40,68	34,56	38,96	44,23	46,86
	Estimativas	93,47	58,88	62,66	62,90	53,13	56,85	61,89	63,88
	LS*	287,86	141,04	119,40	110,04	92,05	90,71	92,77	92,24
	LS - LI	242,23	108,91	80,86	69,36	57,49	51,75	48,54	45,38
σ_e^2	LI	94,76	94,78	93,20	102,13	108,51	106,43	104,44	103,19
	Estimativas	136,26	123,41	115,93	123,55	128,77	124,51	120,82	118,29
	LS	212,66	167,37	148,16	152,53	155,31	147,64	141,39	136,98
	LS - LI	117,90	72,59	54,96	50,40	46,80	41,21	36,95	33,79
σ_F^2	LI	84,68	69,55	74,92	79,94	75,72	79,07	83,41	85,40
	Estimativas	138,89	100,01	101,31	104,09	96,05	98,35	102,17	103,31
	LS	268,79	156,09	144,65	141,17	125,86	125,69	128,09	127,54
	LS - LI	184,11	86,54	69,73	61,23	50,14	46,62	44,68	42,14
$h_{\bar{x}}^2$	LI	36,43	33,92	43,71	44,53	37,35	44,33	49,04	51,46
	Estimativas	67,29	58,87	61,85	60,43	55,31	57,80	60,58	61,83
	LS	84,53	75,43	74,84	72,35	68,77	68,44	69,86	70,29
	LS - LI	48,10	41,51	31,13	27,82	31,42	24,11	20,82	18,83
Rs		13,88	10,30	10,89	10,79	9,48	10,03	10,71	10,99
		12,20%	9,09%	9,54%	9,49%	8,34%	8,76%	9,34%	9,57%

*LI é o limite inferior do intervalo de confiança, e LS é o limite superior.

Tabela 16. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênes (σ_p^2), variância do erro ambiental entre parcelas (σ_e^2), variância fenotípica entre média de progênes (σ_F^2), coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênes ($h_{\bar{x}}^2$), e a resposta esperada à seleção (Rs), para o caráter altura da espiga (AE), relativas às progênes S1 da população BR-106. Variâncias em (cm/planta)², herdabilidade em % e Rs em cm/planta e em percentual.

Parâmetros	Número de progênes									
	25	50	75	100	125	150	175	200		
σ_p^2	LI*	26,23	19,23	33,08	29,88	33,46	33,96	35,43	33,31	
	Estimativas	57,50	39,02	54,26	48,19	50,34	49,19	49,57	46,02	
	LS*	211,04	120,17	105,01	90,50	84,26	77,59	74,30	67,73	
σ_e^2	LS - LI	184,81	100,94	71,93	60,62	50,80	43,63	38,87	34,42	
	LI	82,66	90,19	86,33	98,23	92,99	88,05	84,23	83,19	
	Estimativas	111,86	117,44	107,38	118,83	110,35	103,00	97,44	95,37	
σ_F^2	LS	185,51	159,28	137,24	146,70	133,09	122,13	114,03	110,44	
	LS - LI	102,85	69,09	50,91	48,47	40,10	34,08	29,80	27,25	
	LI	57,79	54,35	66,60	67,43	68,68	67,15	66,98	64,32	
$h_{\bar{x}}^2$	Estimativas	94,79	78,16	90,06	87,81	87,12	83,53	82,05	77,81	
	LS	183,45	121,98	128,58	119,09	114,16	106,75	102,86	96,06	
	LS - LI	125,66	67,63	61,98	51,66	45,48	39,60	35,88	31,74	
R_s	LI	23,54	19,54	41,36	36,70	42,84	45,78	48,82	48,04	
	Estimativas	60,66	49,91	60,25	54,89	57,77	58,89	60,41	59,14	
	LS	81,38	70,08	73,79	68,45	69,32	69,26	69,73	68,20	
R_s	LS - LI	57,84	50,54	32,43	31,75	26,48	23,48	20,91	20,16	
		10,33	7,72	10,01	9,00	9,44	9,42	9,57	9,13	
		9,22%	6,78%	8,78%	7,92%	8,39%	8,42%	8,62%	8,25%	

*LI é o limite inferior do intervalo de confiança, e LS é o limite superior.

Tabela 17. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênieis (σ_p^2), variância das interações entre progênieis e locais (σ_{PL}^2), variância do erro ambiental entre parcelas (σ_e^2), variância fenotípica entre média de progênieis (σ_F^2), coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênieis (h_x^2), e a resposta esperada à seleção (Rs), para o caráter índice de espigas (IE), relativas às progênieis S1 da população BR-105. Herdabilidade em % e Rs em números absolutos e em percentual.

Parâmetros	Número de progênieis									
	25	50	75	100	125	150	175	200		
$\sigma_p^2 \times 10^{-3}$	LI*	1,56	4,62	4,79	5,59	5,85	5,23	4,97		
	Estimativas	5,77	8,79	8,94	9,25	9,43	8,26	7,48		
	LS*	-	22,81	22,23	18,20	17,71	14,93	12,52		
$\sigma_{PL}^2 \times 10^{-3}$	LS - LI	-	18,19	17,44	12,21	11,86	9,69	8,31		
	LI	3,33	1,96	4,65	3,32	4,20	3,71	2,91		
	Estimativas	8,54	4,72	8,53	6,20	6,63	5,82	4,70		
$\sigma_e^2 \times 10^{-3}$	LS	51,37	22,89	20,43	15,42	11,98	10,40	8,82		
	LS - LI	48,04	20,93	15,78	12,1	7,78	6,69	5,91		
	LI	21,68	20,58	23,47	25,08	28,41	27,84	28,23		
$\sigma_F^2 \times 10^{-3}$	Estimativas	28,30	24,95	27,50	28,79	32,16	31,18	31,36		
	LS	38,51	30,87	32,67	33,39	36,70	35,16	35,04		
	LS - LI	16,83	10,29	9,2	8,31	8,29	7,32	6,81		
h_x^2	LI	9,00	10,64	13,16	13,17	14,27	13,16	12,68		
	Estimativas	14,77	15,31	17,80	17,15	18,11	16,37	15,54		
	LS	28,58	23,89	25,41	23,26	23,73	20,92	19,48		
h_x^2	LS - LI	19,58	13,25	12,25	10,09	9,46	7,76	6,80		
	LI	-38,05	24,49	20,79	31,11	31,27	31,29	33,94		
	Estimativas	39,12	57,42	50,26	53,93	52,07	50,47	51,24		
Rs	LS	73,19	75,97	68,79	69,19	66,51	64,35	63,99		
	LS - LI	111,24	51,48	48,00	38,08	35,24	33,06	30,05		
	LI	2,63	3,93	3,71	3,78	3,88	3,57	3,53		
		0,29%	0,44%	0,42%	0,43%	0,43%	0,39%	0,37%		

*LI é o limite inferior do intervalo de confiança, e LS é o limite superior.

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 ambiental entre parcelas (σ_e^2), variância fenotípica entre média de progênies (σ_F^2), coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênies ($h_{\bar{x}}^2$), e a resposta esperada à seleção (Rs), para o caráter índice de espigas (IE), relativas às progênies S1 da população BR-106. Herdabilidade em % e Rs em números absolutos e em percentual.

Parâmetros	Número de progênies									
	25	50	75	100	125	150	175	200		
$\sigma_p^2 \times 10^{-3}$	LI*	1,12	2,92	3,46	3,45	3,89	4,20	3,83	2,84	
	Estimativas	3,50	5,82	5,99	5,77	6,19	6,43	5,93	4,71	
	LS*	48,65	16,78	12,78	11,56	11,32	11,04	10,37	9,27	
$\sigma_{pL}^2 \times 10^{-3}$	LS - LI	47,53	13,86	9,32	8,11	7,43	6,84	6,54	6,43	
	LI	0,20	0,14	-0,03	-0,02	0,04	0,19	0,77	1,73	
	Estimativas	1,48	1,09	-0,41	-0,24	0,44	1,02	2,15	3,46	
$\sigma_e^2 \times 10^{-3}$	LS	-	-	-	-	-	-	17,75	9,97	
	LS - LI	-	-	-	-	-	-	16,98	8,24	
$\sigma_F^2 \times 10^{-3}$	LI	19,69	23,33	24,84	27,15	27,46	27,21	27,01	27,80	
	Estimativas	25,71	28,28	29,11	31,17	31,08	30,48	30,01	30,68	
	LS	34,99	34,99	34,58	36,15	35,47	34,37	33,53	34,03	
$h_{\bar{x}}^2$	LS - LI	15,03	11,66	9,74	9,00	8,01	7,16	6,52	6,23	
	LI	5,20	7,71	7,86	8,32	9,14	9,67	9,80	9,55	
	Estimativas	8,53	11,09	10,64	10,84	11,59	12,03	12,01	11,56	
$h_{\bar{x}}^2$	LS	16,51	17,31	15,19	14,70	15,19	15,37	15,05	14,27	
	LS - LI	11,31	9,6	7,33	6,38	6,05	5,70	5,25	4,72	
Rs	LI	33,67	15,76	30,58	30,16	33,31	35,59	31,43	21,35	
	Estimativas	41,08	52,55	56,37	53,23	53,39	53,51	49,40	40,79	
	LS	74,04	73,19	72,65	68,77	67,51	66,57	62,63	55,41	
Rs	LS - LI	40,37	57,43	42,07	38,61	34,20	30,98	31,20	34,06	
		2,09	3,06	3,21	3,06	3,18	3,24	2,99	2,42	
		0,23%	0,34%	0,35%	0,34%	0,34%	0,35%	0,32%	0,26%	

*LI é o limite inferior do intervalo de confiança, e LS é o limite superior.

Tabela 19. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênie (σ_p^2), variância do erro ambiental entre parcelas (σ_e^2), variância fenotípica entre média de progênie (σ_F^2), coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênie ($h_{\bar{x}}^2$), e a resposta esperada à seleção (Rs), para o caráter posição relativa da espiga (EP), relativas às progênie S1 da população BR-105. Herdabilidade em % e Rs em números absolutos e em percentual.

Parâmetros	Número de progênie									
	25	50	75	100	125	150	175	200		
$\sigma_p^2 \times 10^{-4}$	LI*	1,23	0,95	1,36	1,49	0,81	1,74	2,46	2,69	
	Estimativas	2,97	2,01	2,35	2,52	1,72	2,92	3,70	3,96	
	LS*	14,40	6,69	5,01	5,14	5,73	5,85	6,19	6,39	
$\sigma_e^2 \times 10^{-4}$	LS - LI	13,17	5,74	3,65	3,65	4,92	4,11	3,73	3,70	
	LI	5,81	5,64	5,57	6,10	9,12	9,34	9,49	9,36	
	Estimativas	8,36	7,35	6,93	7,38	10,83	10,93	10,98	10,73	
$\sigma_F^2 \times 10^{-4}$	LS	13,05	9,97	8,85	9,11	13,06	12,96	12,85	12,42	
	LS - LI	7,24	4,33	3,28	3,01	3,94	3,62	3,36	3,06	
	LI	3,51	3,10	3,44	3,82	4,24	5,27	6,01	6,22	
$h_{\bar{x}}^2$	Estimativas	5,76	4,46	4,66	4,98	5,38	6,56	7,37	7,53	
	LS	11,15	6,96	6,65	6,75	7,05	8,38	9,24	9,29	
	LS - LI	7,64	3,86	3,21	2,93	2,81	3,11	3,23	3,07	
$Rs \times 10^{-4}$	LI	8,52	13,49	31,90	29,89	6,92	23,62	35,36	36,41	
	Estimativas	51,64	45,09	50,43	50,64	32,91	44,51	50,31	52,55	
	LS	77,73	67,84	69,56	65,06	50,04	56,72	61,77	61,08	
	LS - LI	69,21	54,35	37,66	36,17	43,12	33,10	26,41	24,67	
		2,16	1,66	1,90	1,97	1,29	1,99	2,38	2,52	
		0,04%	0,03%	0,03%	0,04%	0,02%	0,03%	0,04%	0,04%	

*LI é o limite inferior do intervalo de confiança, e LS é o limite superior.

Tabela 20. Estimativas dos parâmetros variância genética entre progênie (σ_p^2), variância do erro ambiental entre parcelas (σ_e^2), variância fenotípica entre média de progênie (σ_F^2), coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênie ($h_{\bar{x}}^2$), e a resposta esperada à seleção (Rs), para o caráter posição relativa da espiga (EP), relativas às progênie SI da população BR-106. Herdabilidade em % e Rs em números absolutos e em percentual.

Parâmetros	Número de progênie									
	25	50	75	100	125	150	175	200		
$\sigma_p^2 \times 10^{-4}$	LI*	0,47	0,50	0,49	0,16	0,51	0,35	0,42		
	Estimativas	0,60	1,33	1,29	1,14	1,32	0,96	1,01		
	LS*	-	10,98	7,76	4,72	7,94	5,41	4,89		
$\sigma_e^2 \times 10^{-4}$	LS - LI	-	10,51	7,26	4,23	7,43	5,06	4,47		
	LI	6,67	6,65	7,41	8,23	9,44	10,54	10,68		
	Estimativas	9,59	8,66	9,22	9,96	11,20	12,19	12,25		
	LS	14,96	11,74	11,78	12,29	13,51	14,26	14,18		
$\sigma_F^2 \times 10^{-4}$	LS - LI	8,29	5,09	4,37	4,06	4,07	3,61	3,72		
	LI	1,95	2,93	3,23	3,43	3,41	3,97	4,21		
	Estimativas	3,20	4,21	4,37	4,47	4,33	4,95	5,10		
	LS	6,19	6,57	6,24	6,06	5,67	6,32	6,29		
$h_{\bar{x}}^2$	LS - LI	4,24	3,64	3,01	2,63	2,26	2,35	2,2		
	LI	-94,38	-7,11	-2,15	2,93	-14,55	-3,65	-1,75		
	Estimativas	49,01	31,52	29,67	25,71	13,94	26,65	19,96		
	LS	52,68	60,18	54,34	51,62	38,51	41,24	37,74		
Rs x 10 ⁻⁴	LS - LI	147,06	67,29	56,49	48,69	53,06	44,89	39,49		
		0,58	1,13	1,08	0,94	1,04	0,75	0,78		
		0,01%	0,02%	0,02%	0,01%	0,02%	0,01%	0,01%		

*LI é o limite inferior do intervalo de confiança, e LS é o limite superior.

Tabela 21. Valores dos produtos médios entre progênes (PMP) e dos produtos médios do erro (PMe), relativo às progênes S₁ da população BR-105.

Nº progênes	PE x IE		PE x AP		PE x AE		PE x EP (x10 ⁻²)		AP x IE (x10 ⁻²)	
	PMP	PMe	PMP	PMe	PMP	PMe	PMP	PMe	PMP	PMe
25	8,60	1,35	-162,86	-31,25	-167,42	-25,34	-41,85	-3,49	-151,85	-14,46
50	6,72	1,38	13,05	17,89	-49,03	0,68	-27,76	-4,18	-53,23	-3,58
75	8,16	1,39	28,61	23,95	-15,79	8,35	-15,47	-2,03	-100,02	10,37
100	8,50	1,50	145,39	24,92	95,59	17,55	6,96	2,47	-59,26	11,26
125	9,10	1,62	174,75	26,97	113,01	20,08	7,94	2,96	-1,47	12,16
150	8,13	1,62	179,23	34,71	102,06	28,97	0,38	5,18	-41,17	12,32
175	7,75	1,74	176,64	45,38	86,04	33,84	-6,09	4,00	-22,32	16,83
200	7,48	1,74	165,79	45,94	95,32	35,07	1,04	4,33	-31,50	18,79

Tabela 22. Valores dos produtos médios entre progênes (PMP) e dos produtos médios do erro (PMe), relativo às progênes S₁ da população BR-105

Nº progênes	AP x AE		AP x EP (x10 ⁻²)		AE x IE (x10 ⁻²)		AE x EP (x10 ⁻²)		IE x EP (x10 ⁻³)	
	PMP	PMe	PMP	PMe	PMP	PMe	PMP	PMe	PMP	PMe
25	483,42	168,43	68,78	7,78	-161,70	4,28	73,52	21,72	-4,07	0,39
50	362,11	156,05	42,08	8,10	-93,34	-2,26	50,52	19,36	-3,23	-0,17
75	358,95	145,47	42,99	7,85	-109,90	7,15	52,71	18,50	-2,84	-0,32
100	366,71	150,59	44,13	10,02	-65,33	7,42	55,06	20,73	-1,78	-0,14
125	333,55	137,38	34,32	10,50	-36,87	6,58	51,28	27,19	-2,11	-0,08
150	335,41	130,48	27,60	9,18	-53,20	12,96	53,71	26,53	-1,66	0,25
175	334,99	127,77	28,23	6,73	-40,09	15,41	58,86	25,06	-1,49	0,21
200	332,87	124,24	29,33	6,49	-26,72	18,09	60,52	24,42	-0,46	0,28

Tabela 23. Valores dos produtos médios entre progênes (PMP) e dos produtos médios do erro (PMe), relativo às progênes S₁ da população BR-106.

Nº progênes	PE x IE		PE x AP		PE x AE		PE x EP (x10 ⁻²)		AP x IE	
	PMP	PMe	PMP	PMe	PMP	PMe	PMP	PMe	PMP	PMe
25	4,34	0,95	50,98	23,97	117,06	-13,23	37,67	-13,40	4,87	-46,04
50	6,29	1,16	226,77	34,85	161,96	3,64	13,17	-7,90	100,68	-36,16
75	5,85	1,67	197,16	55,26	145,91	23,77	14,94	-3,52	108,41	-16,65
100	5,40	1,93	135,04	55,69	112,75	21,05	17,10	-5,35	94,14	2,47
125	5,56	2,03	121,26	50,70	103,62	21,17	15,75	-3,49	70,59	3,42
150	6,01	2,02	163,22	39,34	128,27	15,62	16,48	-2,86	66,01	-3,35
175	6,62	2,05	191,47	54,24	137,27	19,32	12,69	-5,58	73,23	11,13
200	6,89	2,01	197,26	44,82	129,69	18,89	8,15	-3,42	71,35	18,02

Tabela 24. Valores dos produtos médios entre progênes (PMP) e dos produtos médios do erro (PMe), relativo às progênes S₁ da população BR-106

Nº progênes	AP x AE		AP x EP (x10 ⁻²)		AE x IE (x10 ⁻²)		AE x EP (x10 ⁻²)		IE x EP (x10 ⁻³)	
	PMP	PMe	PMP	PMe	PMP	PMe	PMP	PMe	PMP	PMe
25	425,54	142,76	5,84	0,06	56,39	-38,39	21,82	17,53	2,62	-0,79
50	321,33	153,96	2,13	0,19	80,57	-30,63	25,97	16,47	1,12	-0,61
75	350,27	132,56	20,25	0,56	85,18	-16,99	36,81	17,64	1,13	-0,49
100	337,13	141,10	20,44	3,50	83,15	-10,89	37,41	20,87	1,46	-0,71
125	333,88	129,48	20,52	-2,28	68,72	-1,66	36,87	19,81	1,35	-0,23
150	313,84	120,52	14,71	-3,93	70,73	-5,85	37,05	18,42	1,63	-0,21
175	316,94	114,15	8,84	-9,44	61,05	-3,02	34,05	17,51	0,90	-0,50
200	303,18	111,85	3,70	-10,22	56,63	-1,16	31,49	17,06	0,76	-0,62

Tabela 25. Estimativas dos coeficientes de correlação genética (r_p) entre os caracteres peso de espigas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (EP) e índice de espigas (IE), relativas às progênes S₁ da população BR-105.

	N ^o prog.	AP	AE	EP	IE
PE	25	-0,19	-0,24	-0,36	0,86
	50	-0,01	-0,12	-0,32	0,83
	75	0,01	-0,06	-0,17	0,82
	100	0,22	0,17	0,05	0,79
	125	0,27	0,22	0,06	0,78
	150	0,26	0,17	-0,05	0,75
	175	0,24	0,12	-0,09	0,76
	200	0,23	0,14	-0,03	0,73
AP	25		1,01	1,10	-0,56
	50		0,98	0,87	-0,20
	75		0,97	0,82	-0,38
	100		0,96	0,76	-0,24
	125		0,96	0,64	-0,05
	150		0,92	0,36	-0,20
	175		0,90	0,38	-0,17
	200		0,89	0,39	-0,24
AE	25			1,03	-0,42
	50			0,95	-0,32
	75			0,94	-0,31
	100			0,91	-0,20
	125			0,83	-0,12
	150			0,70	-0,19
	175			0,74	-0,16
	200			0,76	-0,13
EP	25				-0,63
	50				-0,58
	75				-0,38
	100				-0,25
	125				-0,31
	150				-0,24
	175				-0,20
	200				-0,08

Tabela 26. Estimativas dos coeficientes de correlação genética (r_p) entre os caracteres peso de espigas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), posição relativa da espiga (EP) e índice de espigas (IE), relativas às progênies S_1 da população BR-106.

	N ^o prog.	AP	AE	EP	IE
PE	25	0,06	0,44	*	0,90
	50	0,37	0,47	0,34	1,05
	75	0,28	0,33	0,32	1,01
	100	0,17	0,28	0,44	0,91
	125	0,15	0,25	0,52	0,87
	150	0,25	0,31	0,32	0,82
	175	0,26	0,31	0,34	0,83
	200	0,29	0,30	0,21	0,86
AP	25		0,99	3,87	0,21
	50		0,92	0,06	0,50
	75		0,96	0,56	0,47
	100		0,96	0,54	0,36
	125		0,99	1,01	0,25
	150		0,96	0,56	0,25
	175		0,97	0,63	0,22
	200		0,95	0,47	0,21
AE	25			4,75	0,43
	50			0,44	0,66
	75			0,76	0,56
	100			0,74	0,57
	125			1,03	0,39
	150			0,77	0,39
	175			0,80	0,30
	200			0,70	0,27
EP	25				*
	50				0,55
	75				0,58
	100				0,85
	125				0,79
	150				0,57
	175				0,47
	200				0,43

* Valores superiores a 10,00.

Figuras

Figura 1. Estimativas da variância genética entre progênes e da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes S_1 da população BR-105 (A e B) e da população BR-106 (C e D), para o caráter peso de espiga.

Figura 2. Estimativas da variância genética entre progênes e da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes S1 da população BR-105 (A e B) e da população BR-106 (C e D), para o caráter altura da planta.

Figura 3. Estimativas da variância genética entre progênes e da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênes S_1 da população BR-105 (A e B) e da população BR-106 (C e D), para o caráter altura da espiga.

Figura 4. Estimativas da variância genética entre progênies e da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênies S1 da população BR-105 (A e B) e da população BR-106 (C e D), para o caráter posição relativa da espiga.

Figura 5. Estimativas da variância genética entre progênies e da herdabilidade ao nível de médias, relativas às progênies S_1 da população BR-105 (A e B) e da população BR-106 (C e D), para o caráter índice de espigas.