

ESTIMATIVA DO NÚMERO APROPRIADO DE PROGÊNIES S_1 PARA A SELEÇÃO RECORRENTE EM MILHO¹

ROGÉRIO DE MELO COSTA PINTO², FRANCISCO PINHEIRO LIMA NETO² e CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR³

RESUMO - O objetivo deste trabalho foi determinar o número desejável de progênies S_1 para avaliação em programas de seleção recorrente em milho (*Zea mays* L.). Foram avaliadas, em blocos casualizados, em dois locais e três repetições por local, 200 progênies das populações BR-105 e BR-106. As 200 progênies de cada população foram divididas ao acaso em grupos de 25, sendo que os tamanhos amostrais foram de 25 até 200 progênies. Em cada amostra, as variâncias genética e fenotípica, o coeficiente de herdabilidade e os respectivos intervalos de confiança foram estimados quanto aos caracteres peso de espigas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e prolificidade (PR). Verificou-se que com o aumento do número de progênies avaliadas, a amplitude dos intervalos de confiança dos parâmetros estimados decresceram, em relação aos caracteres avaliados em ambas as populações. As estimativas dos parâmetros e os intervalos de confiança da análise de peso de espiga, estabilizaram-se ao redor de 175-200 progênies, em ambas as populações. Quanto a AP, AE e PR, os parâmetros estimados se estabilizaram em torno de 125, 125 e 175 progênies, respectivamente, em ambas as populações. Assim, conclui-se que em programas de seleção recorrente, no mínimo 200 progênies poderiam ser usadas, independentemente do tipo de população.

Termos para indexação: *Zea mays*, tamanho da amostra, variância genética, herdabilidade.

ESTIMATES OF THE NUMBER OF S_1 PROGENIES FOR RECURRENT SELECTION IN MAIZE

ABSTRACT - This research aimed to estimate the appropriate number of S_1 progenies that should be used in recurrent selection programs in maize (*Zea mays* L.). Two-hundred S_1 progenies from BR-105 and BR-106 maize populations were evaluated in two environments in randomized complete blocks designs with three replications per environment. The progenies from each population were random split in groups of twenty-five progenies, supplying sample sizes from twenty-five to two-hundred progenies. For each sample, genetic and phenotypic variances, coefficients of heritability as well as their respective confidence intervals were estimated for the following traits: ear weight (EW), plant height (PH), ear height (EH) and prolificacy (PR). As the number of progenies increased, the width of the confidence intervals of the estimated parameters decreased for all traits evaluated and for both populations. For the main trait, ear weight, the estimates of the genetic and phenotypic variances, the coefficients of heritability and the confidence intervals stabilized around 175-200 progenies for both populations. For the other traits, PH, EH, and PR the estimated parameters stabilized around 125, 125, and 175 progenies, respectively, for both populations. Hence, for recurrent selection programs, at least 200 S_1 progenies should be used regardless of the genetic type of the population.

Index terms: *Zea mays*, sample size, genetic variance, heritability.

¹ Aceito para publicação em 12 de agosto de 1999.

² Eng. Agrôn., M.Sc., Doutorando, ESALQ-USP, Caixa Postal 83, CEP 13400-970 Piracicaba, SP. E-mail: rmcpinto@carpa.ciagri.usp.br

³ Eng. Agrôn., Ph.D., Dep. de Genética, ESALQ-USP. E-mail: clsousa@carpa.ciagri.usp.br

INTRODUÇÃO

A seleção recorrente é um método importante em programas de melhoramento de milho, podendo ser definida como a seleção sistemática de indivíduos desejáveis de uma população, seguida pela

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, mantendo também a variabilidade genética. A determinação do número apropriado de progênies S_1 que deverão ser utilizadas na etapa de avaliação em programas de seleção recorrente é importante, já que fornecerão as informações sobre o material que está sendo analisado. Amostras muito pequenas podem apresentar problemas de representatividade, e até acarretar a perda de alelos favoráveis ou a fixação de alelos indesejáveis (Falconer, 1989); por outro lado, amostras muito grandes podem gerar problemas com a experimentação e custos desnecessários.

Inúmeros trabalhos com seleção recorrente utilizando progênies S_1 foram relatados na literatura, porém não há informações sobre o número adequado de progênies para avaliação. Números empregados por alguns autores variam de 30 (Sullivan & Kannenberg, 1987; Grombacher et al., 1989) a 600 progênies (Goulas & Lonnquist, 1976).

Em programas de seleção recorrente, a amostra de progênies retirada da população sob seleção deve representar a sua variabilidade genética. Assim, para a escolha do número mínimo adequado de progênies, a estabilidade das estimativas dos parâmetros genéticos, os quais caracterizam a população, e a amplitude dos intervalos de confiança devem ser consideradas em diversos tamanhos amostrais. Deve-se levar em consideração também que as diferentes populações podem apresentar diferentes estruturas genéticas e assim, o número de progênies a serem avaliadas em cada população poderia variar. O objetivo deste trabalho foi determinar o número apropriado de progênies S_1 que devem ser utilizadas nas etapas de avaliação e de seleção em programas de seleção recorrente, em duas populações de milho.

MATERIAL E MÉTODOS

Para a realização do presente trabalho foram utilizadas as populações de milho BR-105 e BR-106. Ambas as populações foram produzidas pela Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), sendo que a população BR-105 é precoce e apresenta grãos duros alaranjados e porte baixo da planta e da espiga,

enquanto a população BR-106 apresenta porte normal e ciclo semi-tardio e grãos amarelos dentados. A população BR-106 foi derivada do inter cruzamento de três populações (Centralmex, Composto Dentado e Maya), seguido pelo cruzamento com BR-108, de ciclo precoce e baixa altura de planta, e, posteriormente, por três gerações de recombinação. A população BR-105 foi originalmente denominada de Suwan, tendo sido obtida na Tailândia e derivada de um programa de seleção recorrente S_1 , no qual foi praticada alta intensidade de seleção. É considerada, portanto, um sintético. O cruzamento entre as duas populações apresenta alta heterose, sendo, por isso, alocadas em grupos heteróticos distintos (Naspolini Filho et al., 1981; Souza Júnior et al., 1993). Em maio de 1993, as duas populações foram semeadas em lotes contíguos, com cerca de 2.000 plantas em cada lote, em espaçamento de 0,90 m entre as linhas e de 0,20 m entre as plantas dentro das linhas. Por ocasião do florescimento, 500 plantas de cada população foram autofecundadas, e, posteriormente, 200 progênies S_1 de cada população foram selecionadas de forma aleatória, para avaliação.

No ano agrícola 1993/94, em Piracicaba, SP, as 400 progênies foram avaliadas em blocos casualizados. Cada experimento foi instalado em dois locais (Areião e Caterpillar), com três repetições por local. As parcelas foram constituídas por fileiras de quatro metros, espaçadas entre si por 0,90 m, apresentando um espaçamento, entre as plantas, de 0,20 m, com um total de 20 plantas por parcela (55.000 plantas por hectare) após o desbaste.

Os caracteres analisados foram o peso de espigas (PE) despalhadas, em g/planta, a altura da planta (AP), em cm/planta, a altura da espiga (AE), em cm/planta e a prolificidade (PR). Após a colheita, as espigas de cada parcela, acondicionadas em sacos de malha, foram deixadas por uma semana em local seco e ventilado, para uniformização da umidade. Assim, quando pesadas, todas as parcelas estavam com o mesmo teor de umidade e, com isso, não houve necessidade de correção quanto a esse fator. O peso de espigas foi obtido pelo total de espigas despalhadas de cada parcela, em gramas, corrigido para o estande médio do experimento. A altura da planta e a altura da espiga foram tomadas, em centímetros, como médias entre cinco plantas competitivas medidas ao acaso em cada parcela. A prolificidade foi calculada pelo número de espigas produzidas por parcela dividido pelo número de plantas da parcela.

As 200 progênies de cada população foram divididas em grupos de 25 progênies. Para cada grupo de 25 progênies, portanto, foi realizada uma análise de variância conjunta, em relação a PE e PR, reunindo-se os dois locais. Em seguida, as análises conjuntas foram sucessivamente

agrupadas por meio do somatório das somas dos quadrados e dos graus de liberdade das respectivas fontes de variação. Os parâmetros genéticos foram então estimados para oito tamanhos amostrais: 25, 50, 75, 100, 125, 150, 175 e 200 progênies. Para AP e AE, entretanto, não foram realizadas análises conjuntas, pois os dados referentes a tais caracteres foram obtidos em apenas um local. As análises individuais foram também agrupadas, gerando igualmente os oito tamanhos amostrais mencionados. Procedeu-se da mesma forma para se realizarem as análises de covariância entre os caracteres avaliados.

Obtiveram-se, para cada amostra (25, 50, 75, 100, 125, 150, 175 e 200 progênies), a partir das esperanças dos quadrados médios das análises de variância, a variância genética de progênies (σ_p^2) e a herdabilidade ao nível de médias (h_x^2), de acordo com as seguintes expressões (Vencovsky & Barriga, 1992): $\sigma_p^2 = (QM_P - QM_{PL})/jk$ e $h_x^2 = \sigma_p^2 / \sigma_F^2$, em que QM_P , QM_{PL} , j , k e σ_F^2 referem-se, respectivamente, ao quadrado médio das progênies, ao quadrado médio das interações entre progênies e locais, ao número de repetições por local, ao número de locais dos experimentos e à variância fenotípica de médias de progênies.

Das análises de covariância entre caracteres foram também estimadas as covariâncias genéticas entre pares de caracteres, igualando-se os valores dos produtos médios às suas respectivas esperanças. Então, $COV_{P(x,y)} = (PM_{P_{x,y}} - PM_{PL_{x,y}})/jk$, em que $COV_{P(x,y)}$ é a covariância genética entre os caracteres x e y , $PM_{P_{x,y}}$ e $PM_{PL_{x,y}}$ são o produto médio das progênies e o produto médio das interações progênies x locais, e j e k se referem ao número de repetições e ao número de locais, respectivamente. Em seguida, foram estimados os coeficientes de correlação genética, $r_p = COV_{P(x,y)} / (\sigma_{P_X} \sigma_{P_Y})$, entre os pares de caracteres referentes a todos os tamanhos das amostras.

Foram também estimados os intervalos de confiança (IC) (95 % de probabilidade) quanto às variâncias genéticas de progênies e os coeficientes de herdabilidade (Knapp et al., 1985, 1987), para cada tamanho amostral, onde:

$IC(\hat{\sigma}_p^2): P[(QM_{PL}/jk) x_3 \leq \hat{\sigma}_p^2 \leq (QM_{PL}/jk) x_4] = 0,95$, onde $x_3 = (F - F_1)/F_1 + (F_2/F)(1 - F_2/F_1)$ e $x_4 = (F - F_3)/F_3 + (F_4/F)(1 - F_4/F_3)$, em que $F = QM_P/QM_{PL}$, $F_1 = F(\alpha/2):GL_{P,\infty}$, $F_2 = F(\alpha/2):GL_P$, GL_{PL} , $F_3 = F(1 - \alpha/2):GL_P$, ∞ e $F_4 = F(1 - \alpha/2):GL_P, GL_{PL}$. Nas expressões, F é o valor obtido pela divisão dos quadrados médios especificados, e F_1 , F_2 , F_3 e F_4 são valores tabelados obtidos do nível de probabilidade e dos graus de liberdade especificados, e

$IC(\hat{h}_x^2): P[1 - (1/x_1) \leq \hat{h}_x^2 \leq 1 - (1/x_2)] = 0,95$, onde $x_1 = (QM_P/QM_{PL}) F_{(0,975):GL_P, GL_{PL}}$ e $x_2 = (QM_P/QM_{PL}) F_{(0,025):GL_P, GL_{PL}}$, em que F é o valor tabelado em um nível especificado de probabilidade com relação aos números de graus de liberdade das progênies (GL_P) e das interações progênies x locais (GL_{PL}).

Para AP e AE, nas expressões do cálculo da σ_p^2 e dos intervalos de confiança, os termos QM_{PL} , jk e GL_{PL} foram substituídos, respectivamente, pelo quadrado médio do erro experimental (QM_E), por j e por GL_E (número de graus de liberdade do erro experimental), porque para os dois caracteres mencionados não foram realizadas análises conjuntas. As correlações envolvendo os caracteres AP e AE foram obtidas, portanto, para apenas um local, utilizando-se, para todos os caracteres, as análises de variância e de covariância individuais. Nas análises de covariância individuais, os termos $PM_{P_{x,y}}$ e jk foram substituídos, respectivamente, pelos termos $PM_{E_{xy}}$ e j , em que $PM_{E_{xy}}$ é o produto médio do erro experimental.

Com base na estabilidade das estimativas da variância genética e do coeficiente de herdabilidade, bem como na redução dos intervalos de confiança associados a tais estimativas, os tamanhos amostrais ideais foram determinados. O caráter peso de espigas (PE) foi considerado como prioritário na determinação do número apropriado de progênies, em virtude, obviamente, da sua maior importância nos programas de melhoramento.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Considerando-se a amostra de 200 progênies, as médias referentes ao peso de espigas despalhadas foram 94,37 g/planta (4.718,50 kg/ha) e 116,20 g/planta (5.810 kg/ha), para as populações BR-105 e BR-106, respectivamente. Para a altura da planta, os valores foram 201,36 cm/planta e 195,37 cm/planta. Para a altura da espiga, 114,92 cm/planta e 110,58 cm/planta. Para a prolificidade, os valores foram 0,91 espigas/planta e 0,92 espigas/planta (Tabelas 1 e 2). Os coeficientes de variação experimental para a amostra de 200 progênies foram 20,63% e 20,34%, para o peso de espigas, nas populações BR-105 e BR-106, respectivamente; isto mostra que os experimentos apresentaram precisão aceitável para os padrões de experimentação agrícola (Tabela 1). Observa-se, com relação ao caráter peso de espigas, que as médias da população BR-106 foram superiores às da população BR-105, indicando, assim, que a população BR-106 é mais produtiva.

TABELA 1. Quadrados médios das progênes (QM_p), quadrados médios das interações entre progênes e locais (QM_{PL}), médias e coeficientes de variação experimental (CV_e), para o peso de espigas e a prolificidade.

Número de progênes	BR-105				BR-106			
	QM _p	QM _{PL}	Médias	CV _e (%)	QM _p	QM _{PL}	Médias	CV _e (%)
Peso de espigas (g/planta)								
25	2031,40**	512,13 ^{ns}	100,56	19,65	1601,80**	658,44 ^{ns}	117,63	20,31
50	1796,27**	462,73 ^{ns}	98,82	19,18	1971,50**	886,24**	115,22	20,20
75	1624,80**	477,78*	95,26	19,16	1841,02**	720,24 ^{ns}	117,29	20,85
100	2035,09**	460,51*	94,29	19,77	1781,43**	708,10 ^{ns}	117,50	20,93
125	1900,15**	563,98**	94,44	20,48	1704,90**	710,69 ^{ns}	116,26	20,88
150	1878,06**	530,12**	95,44	20,57	1971,25**	691,30 ^{ns}	116,19	20,53
175	1750,75**	516,43**	95,28	20,72	2030,67**	662,75 ^{ns}	116,42	20,33
200	1670,76**	516,55**	94,37	20,63	1959,16**	691,77*	116,20	20,34
Prolificidade (espigas/planta) ¹								
25	8,86**	5,39*	0,90	18,66	5,11**	3,01 ^{ns}	0,90	17,77
50	9,18**	3,91*	0,89	17,70	6,65**	3,16 ^{ns}	0,89	18,81
75	10,68**	5,31**	0,88	18,78	6,38**	2,78 ^{ns}	0,91	18,72
100	10,29**	4,74**	0,86	19,50	6,51**	3,04 ^{ns}	0,91	19,36
125	10,86**	5,21**	0,89	20,07	6,96**	3,24 ^{ns}	0,91	19,16
150	9,82**	4,86**	0,90	19,61	7,22**	3,35 ^{ns}	0,91	19,08
175	9,33**	4,55**	0,90	19,50	7,21**	3,65*	0,91	18,83
200	9,14**	4,65**	0,91	19,27	6,94**	4,11*	0,92	18,95

¹ Valores dos quadrados médios multiplicados por 10⁻².

^{ns}, * e ** Não-significativo e significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

TABELA 2. Quadrados médios das progênes (QM_p), quadrados médios do erro experimental (QM_E), médias e coeficientes de variação experimental (CV_e), para a altura da planta e a altura da espiga.

Número de progênes	BR-105				BR-106			
	QM _p	QM _E	Médias	CV _e (%)	QM _p	QM _E	Médias	CV _e (%)
Altura da planta (cm/planta)								
25	625,42**	284,23	212,92	7,91	728,25**	256,41	197,60	8,10
50	511,58*	261,44	213,32	7,57	555,87*	275,48	200,90	8,26
75	502,16**	243,37	214,60	7,26	548,52**	236,43	200,47	7,67
100	512,89**	244,67	214,27	7,30	525,70**	241,17	199,97	7,76
125	478,78**	215,96	208,62	7,04	518,43**	239,08	198,14	7,80
150	497,75**	204,75	206,15	6,94	501,43**	228,03	197,26	7,65
175	490,55**	205,38	203,41	7,04	527,97**	234,73	196,38	7,80
200	478,95**	197,59	201,36	6,98	520,59**	232,30	195,37	7,80
Altura da espiga (cm/planta)								
25	416,68**	136,26	113,72	10,26	284,38**	111,86	112,10	9,43
50	300,05**	123,41	113,31	9,80	234,50*	117,44	113,76	9,52
75	303,93**	115,93	114,13	9,43	270,19**	107,38	113,92	9,09
100	312,27**	123,55	113,64	9,78	263,43**	118,93	113,56	9,59
125	288,17**	128,77	113,68	9,98	261,37**	110,35	112,40	9,34
150	295,06**	124,51	114,50	9,74	250,60**	103,00	111,81	9,07
175	306,50**	120,82	114,73	9,58	246,17**	97,44	111,10	8,88
200	309,94**	118,29	114,92	9,46	233,43**	95,37	110,58	8,83

* e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

O peso de espigas foi discutido com mais detalhes por ser o caráter mais complexo e com menores valores para o coeficiente de herdabilidade (Ramalho, 1977; Souza Júnior & Miranda Filho, 1989), e portanto, determinou o tamanho da amostra.

As análises de variância apresentaram significância em todas as amostras avaliadas e nas duas populações. Os quadrados médios das interações foram, na maioria das vezes, significativos na população BR-105, e não-significativos na população BR-106 (Tabela 1).

As estimativas da variância genética das progênies da população BR-105 variaram de 253,21 a 192,36 (g/planta)², enquanto o coeficiente de herdabilidade variou de 74,78 % a 69,08 %. Verificou-se que o intervalo de confiança das estimativas se reduz à medida que aumenta o tamanho da amostra. Assim, para 25 progênies, o intervalo de confiança referente à variância genética variou de 91,15 a 601,02, apresentando amplitude de 509,88, enquanto, em 200 progênies, o intervalo variou de 111,94 a 301,76, apresentando amplitude de 189,82. Para o coeficiente de herdabilidade, os intervalos foram de 42,78 a 88,89 e de 58,12 a 76,72, para as amostras de 25 e de 200 progênies, respectivamente (Tabela 3).

Para as progênies da população BR-106, as estimativas da variância genética variaram de 157,22 a 211,23 (g/planta)² e os intervalos de confiança de 12,06 a 432,82 e de 117,76 a 339,14, enquanto os coeficientes de herdabilidade variaram de 58,89% (6,72 a 81,88) a 64,69% (53,10 a 73,41), para as amostras de 25 e de 200 progênies, respectivamente (Tabela 4). Da mesma forma como ocorreu com a população BR-105, os intervalos de confiança das estimativas das variâncias genéticas e dos coeficientes de herdabilidade diminuíram com o aumento do tamanho da amostra. Intervalos de confiança menores indicam que as estimativas dos parâmetros genéticos são mais precisas, ou seja, o parâmetro estimado representa com razoável precisão o parâmetro da população em estudo. As estimativas da variância genética podem assumir qualquer valor dentro do intervalo de confiança, e portanto, intervalos de confiança muito grandes acarretam pouca precisão na obtenção das estimativas. Assim, considera-se que tamanhos amostrais adequados são aqueles cujas estimativas dos parâmetros populacionais apresentam intervalos de confiança menores.

Logo, para o caráter peso de espigas, verifica-se que, para a população BR-105, a amplitude do intervalo de confiança da variância genética praticamente não se altera entre os tamanhos amostrais de 175 e de 200 progênies, ou seja, 205,23 e 189,82, respectivamente, indicando que ocorreu uma estabilização da amostragem entre os maiores tamanhos amostrais, e que um tamanho mínimo de 175 progênies S_1 poderia compor efetivamente a amostra a ser utilizada. Percebe-se que os limites inferiores e superiores dos intervalos de confiança das duas maiores amostras já se sobrepõem. O mesmo aspecto pode ser verificado com as estimativas dos coeficientes de herdabilidade.

Para a população BR-106, o peso de espigas também praticamente não se alterou em termos de magnitude de variância genética, de coeficiente de herdabilidade e dos respectivos intervalos de confiança entre as amostras com 175 e com 200 progênies. Apesar de as duas populações apresentarem diferentes estruturas genéticas, o número mínimo de progênies S_1 para representar a variabilidade genética é o mesmo para ambas, o que sugere que a estrutura genética da população parece não ser um fator relevante, nesse caso, em relação ao número de progênies S_1 que devem ser utilizadas nas etapas de avaliação e de seleção em programas de seleção recorrente.

Observa-se, ainda, que, com o acréscimo do número de progênies avaliadas, ocorreu uma tendência de estabilização das médias nas duas populações (Tabelas 1 e 2). As médias estimadas representam a média da população, portanto, também são um parâmetro genético. Assim, com uma amostra adequada, a média das progênies S_1 deve representar a média da população com uma geração de autofecundação. Se houver alguma diferença, será devida provavelmente a um problema de amostragem.

Assim, para a produtividade, aqui representada pelo caráter peso de espigas despalhadas, o tamanho mínimo de progênies S_1 a ser considerado, tanto para a população BR-105 como para a população BR-106, seria uma amostra de 200 progênies, pois seria aquele tamanho amostral em que a variabilidade genética da população estaria sendo amostrada com razoável precisão, evitando a perda de alelos favoráveis e/ou a fixação de alelos desfavoráveis.

TABELA 3. Estimativas da variância genética de progênies ($\hat{\sigma}_p^2$) e do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênies (\hat{h}_x^2), com os respectivos intervalos de confiança associados, relativas à população BR-105.

Número de progênies	$\hat{\sigma}_p^2$				\hat{h}_x^2			
	Estimativas	Limite inferior	Limite superior	Amplitude	Estimativas	Limite inferior	Limite superior	Amplitude
Peso de espigas (g/planta)								
25	253,21	91,15	601,02	509,88	74,78	42,78	88,89	46,11
50	222,25	106,18	423,49	317,30	74,23	54,33	85,46	31,13
75	191,17	96,03	340,86	244,82	70,59	53,15	81,54	28,39
100	262,43	151,03	428,85	277,81	77,37	66,16	84,86	18,70
125	222,69	123,28	366,05	242,76	70,31	55,61	79,28	23,67
150	224,65	129,53	358,25	228,71	71,77	60,82	79,66	18,84
175	205,72	119,44	324,67	205,23	70,50	60,04	78,22	18,18
200	192,36	111,94	301,76	189,82	69,08	58,12	76,72	18,60
Prolificidade (espigas/planta) ¹								
25	5,77	-4,08	21,17	25,25	39,12	-38,05	73,19	111,24
50	8,79	2,51	19,12	16,61	57,42	24,49	75,97	51,48
75	8,94	2,50	18,83	16,33	50,26	20,79	68,79	48,00
100	9,25	3,60	17,67	14,07	53,93	31,11	69,19	38,08
125	9,43	3,81	17,58	13,77	52,07	31,27	66,51	35,24
150	8,26	3,44	15,19	11,75	50,47	31,29	64,35	33,06
175	7,96	3,54	14,23	10,69	51,24	33,94	63,99	30,05
200	7,48	3,30	13,37	10,07	49,11	32,43	61,69	29,26
Altura da planta (cm/planta)								
25	113,73	14,61	328,12	313,51	54,55	11,66	78,49	66,83
50	83,38	19,13	197,69	178,56	48,89	17,89	69,47	51,58
75	86,26	30,43	177,94	147,51	51,53	28,49	68,04	39,55
100	89,40	36,48	172,15	135,67	52,29	33,11	66,66	33,55
125	87,60	40,37	158,66	118,28	54,89	38,93	67,22	28,29
150	97,66	49,75	167,32	117,57	58,86	43,69	68,08	24,39
175	95,05	49,28	160,43	111,15	58,13	45,87	67,99	22,12
200	93,78	49,99	155,26	105,26	58,74	47,53	67,89	20,36
Altura da espiga (cm/planta)								
25	93,47	29,85	236,03	206,18	67,29	36,43	84,53	48,10
50	58,88	21,26	125,91	104,65	58,87	33,92	75,43	41,51
75	62,66	28,41	118,29	89,87	61,85	43,71	74,84	31,13
100	62,90	30,08	113,50	83,42	60,43	44,53	72,35	27,82
125	53,13	24,67	95,91	71,24	55,31	37,35	68,77	31,42
150	56,85	28,55	98,09	69,55	57,80	44,33	68,44	24,11
175	61,89	33,03	102,86	69,83	60,58	49,04	69,86	20,82
200	63,88	35,20	103,83	68,63	61,83	51,46	70,29	18,83

¹ Estimativas da variância genética multiplicadas por 10^{-3} .

TABELA 4. Estimativas da variância genética de progênies ($\hat{\sigma}_p^2$) e do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênies (\hat{h}_x^2), com os respectivos intervalos de confiança associados, relativas à população BR-106.

Número de progênies	$\hat{\sigma}_p^2$				\hat{h}_x^2			
	Estimativas	Limite inferior	Limite superior	Amplitude	Estimativas	Limite inferior	Limite superior	Amplitude
Peso de espigas (g/planta)								
25	157,22	12,06	432,82	420,76	58,89	6,72	81,88	75,16
50	180,76	44,94	403,20	358,25	55,04	20,31	74,64	54,33
75	186,79	77,61	356,74	279,13	60,87	37,67	75,44	37,77
100	178,95	81,14	324,63	243,49	60,26	40,55	73,42	32,87
125	165,70	77,23	294,07	216,84	58,31	40,28	70,90	30,62
150	213,31	114,27	353,25	238,98	64,92	51,31	74,73	23,42
175	227,98	128,41	365,76	237,35	67,36	55,79	75,90	20,11
200	211,23	117,76	339,14	221,37	64,69	53,10	73,41	20,31
Prolificidade (espigas/planta) ¹								
25	3,50	-2,07	12,36	14,43	41,08	33,67	74,04	40,37
50	5,82	1,18	13,32	12,14	52,55	15,76	73,19	57,43
75	5,99	2,19	11,89	9,70	56,37	30,58	72,65	42,07
100	5,77	2,20	11,11	8,90	53,23	30,16	68,77	38,61
125	6,19	2,60	11,43	8,83	53,39	33,31	67,51	34,20
150	6,43	2,88	11,55	8,67	53,51	35,59	66,57	30,98
175	5,93	2,53	10,77	8,24	49,40	31,43	62,63	31,20
200	4,71	1,64	9,14	7,51	40,79	21,35	55,41	34,06
Altura da planta (cm/planta)								
25	157,27	45,36	406,52	361,16	64,79	31,56	83,34	51,78
50	93,46	23,67	217,67	193,99	50,44	20,38	70,39	50,01
75	104,02	42,59	204,30	161,72	56,89	36,39	71,57	35,18
100	94,84	40,35	179,74	139,39	54,12	35,68	67,94	32,26
125	93,11	42,13	169,99	127,85	53,88	37,57	66,49	28,92
150	91,13	43,59	160,98	117,39	54,52	40,00	65,99	25,99
175	97,74	48,97	167,87	118,90	55,54	42,46	65,97	23,51
200	96,09	49,17	162,57	113,40	55,37	43,24	65,27	22,03
Altura da espiga (cm/planta)								
25	57,50	13,29	154,89	141,60	60,66	23,54	81,38	57,84
50	39,02	9,57	91,42	81,84	49,91	19,54	70,08	50,54
75	54,26	23,88	103,70	79,82	60,25	41,36	73,79	32,43
100	48,19	20,81	90,73	69,91	54,89	36,70	68,45	31,75
125	50,34	24,33	89,22	64,88	57,77	42,84	69,32	26,48
150	49,19	25,07	84,27	59,19	58,89	45,78	69,26	23,48
175	49,57	26,41	82,47	56,06	60,41	48,82	69,73	20,91
200	46,02	24,64	76,00	51,35	59,14	48,04	68,20	20,16

¹ Estimativas da variância genética multiplicadas por 10⁻³.

Resultados semelhantes foram encontrados por Marquez-Sanchez & Hallauer (1970a, 1970b), que, estudando a influência do tamanho da amostra para se estimar a variância genética na população de milho Iowa Synthetic BB (Syn BB), concluíram que uma amostra de aproximadamente 200 plantas seria suficiente para estimar parâmetros genéticos. O mesmo foi encontrado por Omolo & Russel (1971), que, estudando o tamanho necessário para a população se manter estável sem causar mudanças genéticas significativas, observaram queda na produção, com o decréscimo no tamanho da amostra, e concluíram que uma amostra de 200 plantas seria adequada para manter a variabilidade genética.

Quanto à altura da planta, na população BR-105, as estimativas da variância genética variaram de 113,73 a 93,78 (cm/planta)², enquanto o coeficiente de herdabilidade variou de 54,55 % a 58,74 %. Quanto à altura da espiga, também na população BR-105, as estimativas da variância genética oscilaram entre 93,47 e 63,88 (cm/planta)², ao passo que o coeficiente de herdabilidade variou de 67,29 % a 61,83 %. Para os dois caracteres, a amplitude dos intervalos de confiança da variância genética foi diminuindo da amostra de 25 progênies à amostra de 200 progênies, passando de 313,51 a 105,26, para a altura da planta, e de 206,18 a 68,63, para a altura da espiga. Para o coeficiente de herdabilidade, os intervalos de confiança variaram de 11,66 a 78,49, para 25 progênies, e de 47,53 a 67,89, para 200 progênies, na altura da planta. Na altura da espiga, os intervalos do coeficiente de herdabilidade variaram de 36,43 a 84,53 e de 51,46 a 70,29, para 25 e 200 progênies, respectivamente. Quanto aos dois caracteres, observa-se, portanto, que a amplitude do intervalo de confiança, tanto da variância genética quanto do coeficiente de herdabilidade, praticamente não variou a partir da amostra de 125 progênies (Tabela 3).

Para a população BR-106, as estimativas da variância genética para o caráter altura da planta variaram de 157,27 a 96,09 (cm/planta)², e os intervalos de confiança, de 45,36 a 406,52 e de 49,17 a 162,57, enquanto os coeficientes de herdabilidade variaram de 64,79% (31,56 a 83,34) a 55,37% (43,24 a 65,27), para as amostras de 25 e de 200 progênies, respectivamente. Quanto à altura da espiga, as estimativas da variância genética variaram de 57,50 a

46,02 (cm/planta)² e os intervalos de confiança, de 13,29 a 154,89 e de 24,64 a 76,00, ao passo que os coeficientes de herdabilidade variaram de 60,66% (23,54 a 81,38) a 59,14% (48,04 a 68,20), nas amostras de 25 e de 200 progênies, respectivamente (Tabela 4). Quanto aos dois caracteres, observa-se que, com amostras pequenas, a amplitude do intervalo de confiança, tanto da variância genética quanto do coeficiente de herdabilidade, foi muito alta, ao passo que, com o aumento do número de progênies, os intervalos de confiança foram diminuindo, tornando-se estáveis a partir da amostra de 125 progênies, tal qual na população BR-105.

Quanto ao caráter prolificidade, as estimativas da variância genética na população BR-105 variaram de $5,77 \times 10^{-3}$ a $7,48 \times 10^{-3}$, enquanto o coeficiente de herdabilidade variou de 39,12% a 49,11%. Verifica-se que o intervalo de confiança das estimativas se reduz gradativamente com o aumento do número de progênies avaliadas. Assim, para 25 progênies, o intervalo de confiança da variância genética variou de -4,08 a 21,17, enquanto, para 200 progênies, o intervalo variou de 3,30 a 13,37. Quanto ao coeficiente de herdabilidade, os intervalos foram de -38,05 a 73,19 e de 32,43 a 61,69, nas amostras de 25 e de 200 progênies, respectivamente (Tabela 3).

Na população BR-106, as estimativas da variância genética variaram de $3,50 \times 10^{-3}$ a $4,71 \times 10^{-3}$ e os intervalos de confiança de -2,07 a 12,36 e de 1,64 a 9,14, enquanto os coeficientes de herdabilidade variaram de 41,08% (33,67 a 74,04) a 40,79% (21,35 a 55,41), nas amostras de 25 e de 200 progênies, respectivamente (Tabela 4). Tal qual ocorreu na população BR-105, os intervalos de confiança das estimativas da variância genética e do coeficiente de herdabilidade decresceram com o aumento do tamanho da amostra. Observa-se, nas duas populações, que o limite inferior do intervalo de confiança da variância genética da amostra de 25 progênies foi negativo, indicando que a estimativa da variância genética de progênies obtida em uma amostra pequena poderia, portanto, expressar um valor negativo. Nas duas populações, a amplitude do intervalo de confiança tanto da variância genética quanto do coeficiente de herdabilidade, praticamente não variou a partir da amostra de 175 progênies.

As correlações genéticas envolvendo o caráter peso de espigas e os caracteres altura da planta e altura da espiga se elevaram gradativamente na população BR-105, com o aumento do número de progênies avaliadas, estabilizando-se apenas com as amostras maiores, ao passo que, na população BR-106, apresentaram acentuada oscilação entre as amostras menores, estabilizando-se também nas amostras superiores, ou seja, naquelas contendo maior número de progênies. As correlações entre o peso de espigas e a prolificidade foram de alta magnitude nas duas populações, revelando, portanto, elevada associação entre os dois caracteres. Verifica-se, ainda, que as estimativas tornaram-se mais estáveis à medida que o número de progênies avaliadas aumentou. As estimativas da correlação entre a altura da planta e a altura da espiga foram também altas, comprovando, assim, que há forte associação entre os dois caracteres. As amostras pequenas apresentaram valores muito elevados, principalmente na população BR-105. Em tal população, a estimativa referente a 25 progênies (a menor amostra) foi, inclusive, ligeiramente superior a 1. Embora não tenha havido muita variação entre as estimativas na população BR-106, é possível observar, nos dois materiais, que os coeficientes de correlação se estabilizaram nas amostras contendo maior número de progênies. As correlações entre a prolificidade e os caracteres altura da planta e altura da espiga, embora negativas na população BR-105 e positivas na população BR-106, revelaram a mesma tendência observada nas demais correlações, ou seja, as estimativas também se estabilizaram nas amostras maiores. As correlações genéticas entre os caracteres analisados ilustram, portanto, a importância da determinação do tamanho apropriado da amostra, pois amostras maiores devem apresentar estimativas mais precisas, enquanto amostras menores podem acarretar a obtenção de estimativas incorretas ou pouco confiáveis (Tabela 5).

Em todos os caracteres analisados, a variância genética de progênies e a herdabilidade ao nível de médias comportaram-se de maneira similar. Os parâmetros oscilaram mais nas amostras pequenas, enquanto, nas amostras maiores, as estimativas se estabilizaram. Nota-se, também, que os intervalos de confiança associados eram muito elevados nas amos-

tras pequenas, ao passo que, com o aumento do número de progênies avaliadas, as amplitudes diminuíam consideravelmente, não apresentando praticamente nenhuma variação nas amostras maiores. Como o intervalo de confiança é calculado em fun-

TABELA 5. Coeficientes de correlação genética entre os caracteres peso de espigas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e prolificidade (PR), para os tamanhos amostrais avaliados, relativos à população BR-105 (acima da diagonal) e à população BR-106 (abaixo da diagonal).

Caráter	Número de progênies	PE	AP	AE	PR
PE	25		-0,19	-0,24	0,86
	50		-0,01	-0,12	0,83
	75		0,01	-0,06	0,82
	100		0,22	0,17	0,79
	125		0,27	0,22	0,78
	150		0,26	0,17	0,75
	175		0,24	0,12	0,76
	200		0,23	0,14	0,73
AP	25	0,06		1,01	-0,56
	50	0,37		0,98	-0,20
	75	0,28		0,97	-0,38
	100	0,17		0,96	-0,24
	125	0,15		0,96	-0,05
	150	0,25		0,92	-0,20
	175	0,26		0,90	-0,17
	200	0,29		0,89	-0,24
AE	25	0,44	0,99		-0,42
	50	0,47	0,92		-0,32
	75	0,33	0,96		-0,31
	100	0,28	0,96		-0,20
	125	0,25	0,99		-0,12
	150	0,31	0,96		-0,19
	175	0,31	0,97		-0,16
	200	0,30	0,95		-0,13
PR	25	0,90	0,21	0,43	
	50	1,05	0,50	0,66	
	75	1,01	0,47	0,56	
	100	0,91	0,36	0,57	
	125	0,87	0,25	0,39	
	150	0,82	0,25	0,39	
	175	0,83	0,22	0,30	
	200	0,86	0,21	0,27	

ção dos quadrados médios e dos graus de liberdade das fontes de variação das análises de variância, percebe-se que, quanto mais altos os números dos graus de liberdade, menor será a amplitude encontrada. A amplitude do intervalo de confiança expressa a precisão de uma estimativa e revela os limites dentro dos quais os parâmetros genéticos estimados a partir de uma amostra de igual tamanho deverão estar localizados. Assim, quanto menor a amplitude do intervalo de confiança, ou seja, quanto maior a proximidade entre o limite inferior e o limite superior do intervalo, mais confiável será a estimativa obtida do parâmetro. Como a variância genética e o coeficiente de herdabilidade são parâmetros importantes no melhoramento de plantas, uma amostra adequada seria aquela que fornecesse estimativas realmente representativas, com um alto nível de precisão, do material que está sendo analisado.

Um programa de melhoramento empregando progênies S_1 requer, teoricamente, amostras maiores que programas que utilizam outros tipos de progênie, tais como progênies de irmãos germanos e de meios-irmãos, uma vez que o tamanho efetivo de progênies S_1 , de irmãos germanos e de meios-irmãos é, respectivamente, 1, 2 e 4, ou seja, progênies S_1 representam apenas um genótipo da população, ao passo que progênies de irmãos germanos e de meios-irmãos representam, respectivamente, dois e quatro genótipos da população (Falconer, 1989). Lima Neto (1994), trabalhando com progênies de irmãos germanos e de meios irmãos, verificou que 100 progênies seriam suficientes para representar uma população. Assim, programa de melhoramento baseado em progênies S_1 requereria maior atenção, pois a redução do tamanho efetivo poderia propiciar a ocorrência de oscilação genética e, conseqüentemente, promover a fixação de alelos desfavoráveis ou deletérios.

O tamanho adequado da amostra é, portanto, essencial nos programas de melhoramento genético, pois amostras pequenas podem não representar adequadamente as populações, ao passo que amostras demasiadamente grandes podem comprometer os recursos disponíveis e inviabilizar a manutenção das coleções em bancos de germoplasma (Marquez-Sanchez, 1972; Souza Júnior, 1995).

No presente trabalho, o peso de espigas foi considerado prioritário para determinar o tamanho ideal da amostra, pois nos programas de melhoramento de milho a produtividade de grãos é o caráter de maior relevância. Nas condições experimentais em que tal caráter foi avaliado e para as duas populações, as quais apresentam estruturas genéticas diferentes, conclui-se, com base nos resultados obtidos, que 200 progênies S_1 representariam o tamanho amostral desejável para a utilização na seleção recorrente.

CONCLUSÕES

1. As estimativa dos parâmetros e os intervalos de confiança do caráter peso de espigas se estabilizam ao redor de 175-200 progênies em ambas as populações, sendo que 200 progênies S_1 seria o tamanho adequado para avaliação em programas de seleção recorrente.

2. Quanto à altura da planta, altura da espiga e prolificidade, os tamanhos mínimos são de 125, 125 e 175 progênies S_1 , respectivamente.

3. A estrutura genética das populações não influenciou no tamanho da amostra.

AGRADECIMENTOS

Ao Dr. Nelson da Silva Fonseca Júnior (IAPAR), pelo auxílio nas análises estatísticas.

REFERÊNCIAS

- FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 3.ed. Harlow : Longman Scientific & Technical, 1989. 438p.
- FEHR, W.R. **Principles of cultivar development**. New York : MacMillan, 1987. v.1, 536p.
- GOULAS, A.G.; LONNQUIST, J.H. Combined half-sib and S_1 family selection in maize composite population. **Crop Science**, Madison, v.16, p.461-464, 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**, Bergamo, v.34, p.343-352, 1989.

- KNAPP, S.J.; ROSS, M.W.; STROUP, W.W. Precision of genetic variance and heritability estimates from sorghum populations. **Crop Science**, Madison, v.27, p.265-268, 1987.
- KNAPP, S.J.; STROUP, W.W.; ROSS, M.W. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v.25, p.192-194, 1985.
- LIMA NETO, F.P. **Tamanhos de amostras para a estimação de parâmetros genéticos em milho (*Zea mays* L.)**. Piracicaba : USP-ESALQ, 1994. 81p. Dissertação de Mestrado.
- MARQUEZ-SANCHEZ, F. Tamaño de muestra para representar poblaciones de maíz. **Agrociencia**, Montecillos, v.8, p.163-177, 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**, Madison, v.10, p.357-361, 1970a.
- MARQUEZ-SANCHEZ, F.; HALLAUER, A.R. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. II. Plant and ear characters. **Iowa State Journal of Science**, Ames, v.44, p.423-436, 1970b.
- NASPOLINI FILHO, V.; GAMA, E.E.G.; VIANNA, R.T.; MÓRO, J.R. General and specific combining ability for yield in a diallel cross among 18 maize populations. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.4, p.571-577, 1981.
- OMOLO, E.; RUSSEL, W.A. Genetic effects of population size in the reproduction of two heterogeneous maize populations. **Iowa State Journal Science**, Ames, v.45, p.499-512, 1971.
- RAMALHO, M.A.P. **Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas**. Piracicaba : USP-ESALQ, 1977. 122p. Tese de Doutorado.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. **Manutenção de coleções de bancos de germoplasmas**. Piracicaba : ESALQ-Departamento de Genética, 1995. 27p.
- SOUZA JÚNIOR, C.L.; MIRANDA FILHO, J.B. Genetic variability in two maize (*Zea mays* L.) populations and its relationship with intra and interpopulation recurrent selection. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.12, p.271-285, 1989.
- SOUZA JÚNIOR, C.L.; SANTOS, M.X.; MAGNAVA-CA, R.; GAMA, E.E.G. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho BR-105 x BR-106 e suas implicações no melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.28, n.4, p.473-479, abr. 1993.
- 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**, Madison, v.27, p.1161-1166, 1987.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto : Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486p.