



OLINDA ESTEFANIA OCAMPOS BÁEZ

**IMPLICAÇÕES DA UTILIZAÇÃO DE DIFERENTES
NÚMEROS DE PROGÊNIES E REPETIÇÕES EM UM
PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM
MILHO**

**LAVRAS – MG
2017**

OLINDA ESTEFANIA OCAMPOS BÁEZ

**IMPLICAÇÕES DA UTILIZAÇÃO DE DIFERENTES NÚMEROS DE PROGÊNIES
E REPETIÇÕES EM UM PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA
EM MILHO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras,
como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em
Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração
em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do
título de Mestre.

Orientador
Prof. Dr. João Cândido de Souza.

Coorientador
Dr. Matheus Henrique Silveira Mendes

LAVRAS – MG

2017

**Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).**

Báez, Olinda Estefania Ocampos.

Implicações da utilização de diferentes números de progênes e repetições em um programa de seleção recorrente recíproca em milho / Olinda Estefania Ocampos Báez. - 2017.

48 p.: il.

Orientador (a): João Cândido de Souza.

Coorientador (a): Matheus Henrique Silveira Mendes.

Dissertação (mestrado profissional) - Universidade Federal de Lavras, 2017.

Bibliografia.

1. Zea Mays L. 2. Irmãos germanos. 3. Variância genética. I. de Souza, João Cândido. II. Mendes, Matheus Henrique Silveira. III. Título.

OLINDA ESTEFANIA OCAMPOS BÁEZ

**IMPLICAÇÕES DA UTILIZAÇÃO DE DIFERENTES NÚMEROS DE PROGÊNIES
E REPETIÇÕES EM UM PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA
EM MILHO**

**USE IMPLICATIONS OF DIFFERENT NUMBERS OF PROGENIES AND
REPLICATIONS IN A RECIPROCAL RECURRENT SELECTION PROGRAM IN
MAIZE**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras,
como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em
Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração
em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do
título de Mestre.

APROVADA em 19 de janeiro de 2017.

Dr. Fernando Lisboa Guedes

Embrapa Caprinos e Ovinos

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes

UFLA

Orientador

Prof. Dr. João Cândido de Souza.

Coorientador

Dr. Matheus Henrique Silveira Mendes

LAVRAS – MG

2017

A DEUS
OFEREÇO

Gilles Demars
DEDICO

AGRADECIMENTOS

A minha família e amigos pelo carinho, apoio e suporte.

À Universidade Federal de Lavras, especialmente ao programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade concedida.

À Organização de Estados Americanos (OEA), e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa.

Ao professor João Cândido de Souza, pela orientação, ensinamentos transmitidos e pela confiança em todos os momentos da pós-graduação.

A Matheus Henrique Silveira Mendes, pela dedicação na coorientação, pela paciência e disposição para ajudar.

A Roxane de Carmos Lemos, pela disposição para as correções ao longo do trabalho.

Aos membros da banca, pela disponibilidade e por contribuírem com a melhoria do trabalho.

A todos os professores do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelos ensinamentos transmitidos.

Aos funcionários do Departamento de Biologia, em especial, Lilian, Dona Iron, Zélia e Rafaela, por serem sempre tão atenciosos e prestativos.

Aos companheiros do grupo do milho, pela ajuda, amizade e convivência, especialmente a Nayara Silva de Oliveira, pelos conselhos e a ajuda sempre concedida.

A todos os colegas e amigos da genética, especialmente aos apáticos, pela amizade e companheirismo.

A todos, que de algum modo, contribuíram para que fosse possível a realização deste trabalho, de coração,

MUITO OBRIGADA!

RESUMO

Sempre existe a necessidade de aprimorar as estratégias utilizadas em programas de seleção recorrente recíproca (SRR) em milho. O número de progênies a ser avaliado, assim como o número de repetições a ser empregado nos experimentos são fatores que irão afetar os ganhos nos sucessivos ciclos de seleção. Do exposto, realizou-se este trabalho com o objetivo de obter, por meio de simulação computacional (método de Monte Carlo), informações sobre a melhor combinação entre número de progênies avaliadas e número de repetições, de modo a otimizar o progresso esperado em programas de seleção recorrente recíproca que utilizam progênies de irmãos germanos. Foram avaliadas 163 progênies em um experimento em DBC com seis repetições. A partir dos dados de produtividade de espigas despalhadas foram simulados diferentes cenários, envolvendo 15 números diferentes de progênies avaliadas e 2, 4 e 6 repetições. Em cada simulação foram estimadas as variâncias fenotípica e genética e a herdabilidade. Com base nas 5000 simulações foi possível obter as amplitudes de variação (mínimo e máximo) e os erros padrões associados. Os resultados obtidos, neste estudo, mostraram que as estimativas oscilam menos em relação a suas amplitudes, a partir de um número de 100 progênies e quando se utilizam 4 e 6 repetições.

Palavras-chaves: *Zea Mays* L., Irmãos germanos, Variância genética, Herdabilidade.

ABSTRACT

There is always concern about improving the strategies used in reciprocal recurrent selection (SRR) programs in maize. The number of progenies to be evaluated, as well as the number of replications used in the experiments are factors that will affect the gains in successive selection cycles. From the above, this work was carried out with the objective of obtaining, through computational simulation (Monte Carlo method), information about the best combination between the number of progenies evaluated and the number of replications, in order to optimize the expected progress in reciprocal recurrent selection programs that use full-sib progenies. A total of 163 progenies were evaluated in a RCB experiment with six replications. From the yield data of husked ears, different scenarios were simulated, involving 15 different numbers of evaluated progenies and 2, 4 and 6 replications. In each simulation, the phenotypic and genetic variances and heritability were estimated. Based on 5000 simulations, the amplitudes of variation (minimum and maximum) and standard errors were estimated. The results obtained in this study showed that the estimates vary which allows less in relation to their amplitudes, from a number of 100 progenies and when using 4 and 6 replications.

Keywords: *Zea Mays* L. Full-sib, genetic variance, heritability.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	9
2	REFERENCIAL TEÓRICO.....	11
2.1	Melhoramento genético do milho.....	11
2.2	Seleção recorrente	13
2.3	Seleção em progênies de irmãos germanos	15
2.4	Simulação computacional no melhoramento de plantas	16
3	MATERIAL E MÉTODOS	21
3.1	Progênies utilizadas	21
3.2	Obtenção das progênies.....	22
3.3	Planejamento e condução do experimento de avaliação das progênies.....	22
3.4	Análise estatística	23
3.5	Simulação computacional - Método de Monte Carlo	26
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	27
4.1	Avaliação das progênies em teste de campo	27
4.2	Experimentos por simulação computacional.....	30
5	CONCLUSÕES	44
	REFERÊNCIAS.....	45

1 INTRODUÇÃO

O milho é cultivado em todo o mundo, sendo os Estados Unidos, a China e o Brasil os três maiores produtores mundiais, que juntos são responsáveis por quase 70 % da produção mundial. A utilização do milho híbrido é um dos principais fatores responsáveis pelo aumento de produtividade dessa cultura, aliado a melhores práticas de manejo.

Um das estratégias mais eficientes para se obter combinações híbridas com melhor desempenho é a Seleção Recorrente Recíproca (SRR). A SRR é um esquema cíclico de seleção que visa explorar todos os tipos de ação gênica e potencializar a heterose entre duas populações. Esse esquema cíclico consiste na produção, avaliação e recombinação das progênies. A escolha do tipo de progênies a ser utilizado na avaliação e recombinação irá depender das características que se pretende trabalhar e dos objetivos do programa de melhoramento (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). As progênies utilizadas na avaliação podem ser de meios irmãos ou irmãos germanos, e para a recombinação podem ser utilizadas progênies endogâmicas (S_1) ou de meios irmãos. Estudos avaliando a utilização de diferentes tipos de progênies já foram conduzidos em algumas ocasiões (FERNANDES, 2016; VIANA, 2007; PINTO et al., 2000). Concluiu-se que, quando avaliadas progênies de irmãos germanos, é possível o melhoramento da heterose entre as duas populações, sendo que estão sendo avaliadas as combinações específicas, possibilitando assim a maximização da seleção (SOUZA JÚNIOR, 2001).

Além da determinação do tipo de progênie, o número de progênies a ser avaliados é outra decisão a ser tomada. A determinação do número apropriado de progênies é essencial, pois permite uma amostragem eficiente e também a obtenção de estimativas realistas sobre o potencial da população. Um número limitado de progênies pode apresentar problemas de representatividade e acarretar a perda de alelos favoráveis ou a fixação de alelos indesejáveis (FALCONER, 1989), assim como a avaliação de um número muito grande pode gerar custos que inviabilizem o programa de melhoramento.

O sucesso esperado com experimentos de avaliação de progênies depende da precisão com que são conduzidos os experimentos. Com isso, a determinação de um número adequado de repetições é de fundamental importância para a redução do erro experimental e consequente aumento da precisão experimental, permitindo, desse modo, obter estimativas mais precisas de parâmetros genéticos (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012). O número adequado de repetições tem sido investigado na cultura do milho, sendo um

questionamento comum em diferentes trabalhos (CATAPATTI et al., 2008; CARGNELUTTI FILHO; STORCK; GUADAGNIN, 2010; CARGNELUTTI FILHO et al., 2012).

São muitas as contribuições das técnicas computacionais e, claramente, tem sido útil ao melhoramento de plantas, como alternativa para responder alguns questionamentos que seriam difíceis de serem respondidos em condições de campo, seja em decorrência do tempo ou espaço demandados para consegui-los. Nesse aspecto, a identificação da melhor combinação entre o número de progênies e o número de repetições, para avaliar progênies de irmãos germanos, são exemplos de respostas que podem ser obtidas com o auxílio da simulação computacional.

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi obter informações, por meio de simulação computacional (método de Monte Carlo), sobre a melhor combinação entre número de progênies avaliadas e número de repetições, de modo a otimizar o progresso esperado com a SRR.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Melhoramento genético do milho

O uso do vigor híbrido ou heterose é, sem dúvida, um exemplo marcante e favorável na genética aplicada, que foi primeiramente desenvolvido em milho, e depois estendido a outras culturas. O milho encaixa-se de forma quase perfeita entre as espécies para as quais a hibridação é recomendada como método de melhoramento, dada a relativa facilidade de produção de sementes e alta heterose para a produtividade de grãos. O termo híbrido refere-se a qualquer planta produzida a partir de parentais geneticamente diferentes, e indica geralmente, o cruzamento entre linhagens oriundas de populações diferentes, no intuito de se explorar a heterose nos cruzamentos (SOUZA JÚNIOR, 2001).

O sucesso dos programas de melhoramento de milho depende da seleção de linhagens, que quando cruzadas, produzam híbridos superiores. O uso de linhagens pertencentes a grupos heteróticos distintos evita a obtenção e a avaliação de cruzamentos pouco promissores (HALLAUER; CARENA, 2012).

O número e a composição genética dessas linhagens podem diferir consideravelmente, possibilitando assim a obtenção de diversos tipos de híbridos. Assim os tipos de híbridos encontrados no mercado são os simples, triplos e duplos. Os híbridos simples são produzidos por cruzamentos de linhagens oriundas de um grupo heterótico A com linhagens de outro grupo heterótico B; os híbridos triplos são produzidos pelo cruzamento de um híbrido simples, oriundo do cruzamento de duas linhagens do mesmo grupo heterótico (por exemplo A) com uma linhagem de outro grupo heterótico B; e os híbridos duplos são produzidos pelo cruzamento de dois híbridos simples, cada um de grupos heteróticos distintos (SOUZA JÚNIOR, 2001).

O melhoramento genético do milho possui duas alternativas que podem ser conduzidas de forma conjunta: a obtenção de híbridos, visando à obtenção de linhagens endogâmicas que, por conseguinte, produzirão indivíduos superiores às populações originais dessas linhagens; e a segunda, pela obtenção de populações melhoradas pelo uso adequado de métodos de seleção, possibilitando o aumento gradativo da frequência de alelos favoráveis (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004; MIRANDA et al., 2008).

Quando o objetivo é a obtenção de híbridos de linhagens, pode-se citar a utilização dos métodos da descendência de uma única semente, o método genealógico, a seleção gamética e, mais recentemente a obtenção de duplo haploide (HALLAUER; CARENA; MIRANDA

FILHO, 2010). Pinto (1995) descreve metodologias de seleção utilizadas em diversas culturas alógamias, inclusive em milho, podendo-se citar: seleção massal (estratificada e estratificada geneticamente); seleção com teste de famílias; seleção recorrente (simples, para capacidade geral de combinação, para capacidade específica de combinação, recíproca, recíproca com famílias de meios irmãos, obtidas de plantas prolíficas, com famílias de irmãos completos).

O desenvolvimento de cultivares de milho ou variedades de polinização aberta, ainda são uma opção de cultivo para agricultores de pequena propriedade, isso decorrente do devido ao baixo custo da semente, a possibilidade de produção de semente própria e a maior plasticidade das variedades em condição de estresses, quando comparadas aos híbridos. Essa plasticidade pode ser atribuída, em parte, ao processo de melhoramento usado no desenvolvimento dessas cultivares, como a seleção para estresses abióticos (tolerância à seca, ao alumínio e ao baixo uso de insumos) e, em parte, à própria constituição genética dessas variedades em sua maioria desenvolvidas a partir de populações (EMYGDIO et al., 2008).

Para o desenvolvimento de cultivares de milho um procedimento muito comum é a utilização de reciclagem de linhagens elite. Esse método consiste em cruzar linhagens elites e utilizar as populações resultantes desses cruzamentos para a extração de linhagens e, posteriormente, para a produção de novos híbridos. Para evitar a redução da base genética dos materiais disponíveis para reciclagem e atenuar o risco de vulnerabilidade genética, é realizada a seleção recorrente. Assim, as populações sob seleção são utilizadas como fontes de linhagens com o decorrer dos ciclos seletivos, e, portanto, novos materiais genéticos elites podem ser desenvolvidos e serem introduzidos nos programas de reciclagem de materiais elites (SOUZA JÚNIOR, 2001).

Um método é considerado mais eficiente do que outro quando tem capacidade de mostrar progressos genéticos maiores ou iguais em menor espaço de tempo e dispêndio inferior de recursos e esforços. Assim a escolha de delineamentos experimentais mais adequados é de importância, toda vez que permitem contribuir para aumentar a precisão dos experimentos e forneçam informações sobre qual método ou procedimento é o mais adequado. São inúmeros os trabalhos que contribuem à tomada de decisões ao respeito (PALOMINO; RAMALHO; FERREIRA, 2000; RESENDE; DUARTE, 2007; FRITSCH NETO et al., 2012; ALVES, 2014; CUNHA et al., 2012; RAPOSO; RAMALHO, 2004)

Apesar da escolha certa do método de melhoramento genético se constituir em um passo decisivo para que sejam obtidos incrementos significativos dos progressos genéticos na

população em estudo, ao melhorista cabe ainda reconhecer quais são aqueles parâmetros que contribuem para a maior eficiência de cada método.

2.2 Seleção recorrente

A seleção recorrente vem sendo utilizada com sucesso há vários anos na cultura do milho. Esse método pode ser conceituado como qualquer processo cíclico de melhoramento que envolve a obtenção, avaliação e recombinação das melhores progênies. Cada ciclo, portanto, só termina com a recombinação das progênies ou indivíduos superiores, originando a nova população. Espera-se, desse modo, aumentar de forma gradativa e contínua as frequências de alelos favoráveis e, conseqüentemente, a média do caráter sob seleção, sem reduzir a variabilidade genética (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010; HALLAUER; CARENA, 2012).

A seleção recorrente é bastante utilizada e recomendada para caracteres controlados por muitos genes, como é o caso do caráter produtividade de grãos, onde o melhoramento deve ser realizado por meio de etapas ou ciclos sucessivos de seleção. Assim, com o passar dos ciclos seletivos, são esperadas modificações nos valores de alguns parâmetros populacionais dos caracteres de interesse, tais como: médias, variância genética e correlações genéticas. Espera-se que essas alterações sejam proporcionais à intensidade de seleção aplicada. Portanto, é preciso monitorar a variação desses parâmetros, pois a redução da variabilidade genética pode reduzir a eficiência da seleção e comprometer o programa de melhoramento (RAMALHO et al., 2012; BOSCO, 2002).

Embora a maioria dos métodos de seleção recorrente inclua três fases (obtenção, avaliação e recombinação das melhores progênies), eles podem variar quanto aos tipos de progênies avaliadas (ou seja, de irmãos completos ou germanos, meios irmãos, etc.); número de progênies avaliadas; número de progênies selecionadas e o controle parental utilizado. De modo geral, os métodos de seleção recorrente são classificados em duas categorias (intrapopulacional, interpopulacional), e a escolha do método depende do objetivo do programa, do tipo de ação gênica que o melhorista deseja enfatizar, da finalidade das progênies selecionadas e dos recursos disponíveis (BERNARDO, 2010; BORÉM; MIRANDA, 2013).

Na seleção recorrente intrapopulacional (SRI) o objetivo é melhorar as performances *per se* das populações, ou seja, conduzida para o melhoramento de uma única população. Com

a SRI, busca-se obter cultivares de polinização aberta, onde é esperado que as populações melhoradas acumulem o máximo possível de alelos favoráveis em cada locus. Recomenda-se esse tipo de método quando o objetivo é adaptar germoplasma exótico ou melhorar produtividades de cultivares e a ação gênica predominante é a aditiva. Esse método tem sido amplamente empregado, em razão de ser de fácil execução e aplicável à maioria das características agrônomicas (BERNARDO, 2010; SOUZA JÚNIOR, 2001).

Dentre os métodos de SRI, encontra-se a seleção massal ou fenotípica, que é o método mais antigo e simples de seleção e utiliza, basicamente, a habilidade dos melhoristas em, visualmente, identificar os indivíduos genotipicamente superiores. Buscando reduzir a variação ambiental, foi proposta uma modificação da metodologia por meio da estratificação do campo em sub-blocos (seleção massal estratificada), o que permitiu uma seleção visual evitando que um maior número de plantas fosse selecionado em áreas com ambientes mais favoráveis, posteriormente outras alterações foram propostas (ABREU, 2010; BORÉM; MIRANDA, 2013).

Outros métodos de SRI se baseiam na seleção com uso de progênes, sendo relatada como mais eficiente do que a realizada apenas com base no fenótipo dos indivíduos, geralmente as progênes são avaliadas em experimentos com repetições, o que faz com que as médias das famílias sejam obtidas com maior precisão do que as observações individuais. Assim, podem envolver progênes endogâmicas, as provenientes de autofecundação como S_1 , S_2 , e não endogâmicas como as que incluem progênes de meios irmãos e irmãos germanos (SOUZA JÚNIOR, 2001; HALLAUER; CARENA, 2012).

Já a seleção recorrente interpopulacional, também conhecida como seleção recorrente recíproca (SRR), é um método proposto por Comstock, Robinson e Harvey (1949). Esse método busca obter vantagem tanto dos efeitos aditivos, por meio da concentração dos alelos favoráveis em ambas as populações, bem como dos desvios de dominância, uma vez que se mantém a distância entre as populações, permitindo explorar o fenômeno da heterose por meio do cruzamento entre as populações e/ou de linhagens oriundas das mesmas (SANTOS; AGUIAR; FILHO, 2003; REIS et al., 2009).

No método de SRR, os genótipos de duas populações, denominadas de 1 e 2, são avaliadas em cruzamentos recíprocos, onde cada população é utilizada como testadora da outra, e os genótipos que apresentarem melhor capacidade de combinação com a população recíproca são recombinados, podendo assim avaliar tanto a capacidade geral quanto a capacidade específica de combinação, aumentando a heterose no cruzamento entre as duas populações (PINTO, 1995).

A SRR é dirigida para programas de obtenção de híbridos de linhagens ou híbridos interpopulacionais, uma vez que, nesse esquema, o melhoramento do desempenho das populações *per se* não é considerado. Assim enfatiza-se no melhoramento do cruzamento de populações, e o melhoramento aumenta com o decorrer das gerações de seleção. Geralmente, a avaliação e seleção é feita ao nível interpopulacional, mas a recombinação é feita dentro de cada população mantendo as suas identidades. Desse modo, o efeito direto da seleção interpopulacional se dá no híbrido interpopulacional, enquanto as alterações nas populações *per se* são consideradas como efeitos indiretos (SOUZA JÚNIOR, 2001).

Os esquemas mais utilizados de SRR são aqueles envolvendo progênie de meios irmãos ou de irmãos germanos interpopulacionais, para avaliação e progênie S_1 para a recombinação. Outros esquemas foram sugeridos, mas as respostas esperadas à seleção mostram que seus ganhos são muito baixos (HALLAUER; CARENA, 2009; SOUZA JÚNIOR, 2001). Nesta revisão, a ênfase será na seleção recorrente recíproca com avaliação de progênie de irmãos germanos e recombinação de progênie S_1 .

2.3 Seleção em progênie de irmãos germanos

A metodologia da seleção recorrente recíproca de progênie de irmãos germanos proposto por Hallauer e Eberhart (1970) consiste em se cruzar plantas S_0 aos pares (plantas da população A com plantas da população B), autofecundando-se simultaneamente as mesmas plantas. Portanto, há necessidade de que as plantas utilizadas sejam prolíficas. Geralmente, na cultura do milho realiza-se a autofecundação da segunda espiga de cada planta, sendo que a primeira espiga (superior) é polinizada com pólen de outra planta. As sementes dessas espigas superiores correspondem às progênie de irmãos germanos (A x B), que são avaliadas em ensaios para identificar as combinações (progênie) mais promissoras. Cada ciclo é completado quando as progênie S_1 de cada população dos melhores cruzamentos são recombinadas, produzindo assim as populações melhoradas A1 e B1 (SANTOS; AGUIAR; FILHO, 2003; SOUZA JÚNIOR, 2001).

Pinto (1995) afirma que o método é apropriado para produzir linhagens visando à obtenção de híbridos, uma vez que, plantas das populações A e B tornam-se cada vez mais produtivas “*per se*” e em cruzamentos entre si. Ao mesmo tempo, os cruzamentos de linhagens extraídas de A e B apresentam uma heterose maior, à medida que avança o número de ciclos de seleção.

Uma vantagem do método é possibilitar o desenvolvimento simultâneo de híbridos de linhagens. Assim, depois de avaliadas as progênes de irmãos germanos, as sementes S_1 das melhores progênes são semeadas, efetuando-se a autofecundação das plantas envolvidas nos cruzamentos para produzir, após algumas gerações de autofecundação, linhagens potenciais para híbridos de elevada produção. Sendo, portanto, uma boa opção para a cultura do milho, pois ao final do processo, pode-se optar por utilizar populações melhoradas para a obtenção de linhagens ou para a formação de um híbrido intervarietal entre tais populações (GABRIEL, 2009; SANTOS; AGUIAR; FILHO, 2003). Uma desvantagem pode ser que como o método é baseado em pares de plantas, o que torna necessário realizar anotações e a perda de uma espiga autofecundada causa a perda do par do cruzamento, reduzindo a quantidade de material avaliado, também as limitações na realização de autofecundações e cruzamentos simultâneos tornando-o oneroso e trabalhoso (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Os esquemas que utilizam progênes de meios irmãos e irmãos germanos como unidade de seleção exploram a mesma quantidade de variância aditiva, quando são utilizadas progênes S_1 na unidade de recombinação. Nesse caso, o tamanho efetivo de cada unidade de recombinação é igual. Comparativamente, o desvio fenotípico de médias de progênes é superior no caso de irmãos germanos, portanto, a resposta à seleção com o esquema de meios irmãos é superior. Contudo, quando se utilizam progênes de irmãos germanos, é necessária apenas a metade da área para avaliação requerida com progênes de meios irmãos. Assim, é possível avaliar o dobro de progênes, considerando a mesma área experimental, o que possibilita que a intensidade de seleção seja duplicada, e torna o esquema seletivo superior em relação ao de progênes de meios irmãos (HALLAUER; CARENA, 2009; SOUZA JUNIOR, 2001).

2.4 Simulação computacional no melhoramento de plantas

A simulação tem sido uma ferramenta eficaz para a avaliação e desenvolvimento de novas estratégias de melhoramento. Em razão do impacto, à complexidade das decisões que devem ser tomadas antes de iniciar o processo de melhoramento e ao elevado custo de implementar múltiplas opções, a simulação computacional, pode ser um recurso importante. Assim, teste de campo em grande escala das estratégias de melhoramento é impraticável ou impossível, em razão do tempo e aos recursos necessários, e a simulação oferece uma alternativa comparativamente rápida e barata.

A simulação, na genética, envolve a programação de um conjunto de instruções para um computador. Os computadores eletrônicos podem armazenar e processar bits binários de informação que são agrupados em palavras e, desse modo, a aritmética binária pode ser usada para representar o constituinte genético de um indivíduo. Uma ferramenta de simulação pode, de fato, incluir mais de um modelo ou conjuntos de modelos, por meio de operações em aritmética binária em combinação com álgebra booleana. Por exemplo, um modelo de genoma pode representar a arquitetura genética das espécies de interesse (geração de populações, segregação, recombinação, união de gametas, determinação de fenótipos, seleção, etc.), um modelo de "processo" pode representar uma amostra de dados para um modelo genético específico e analisar os dados simulados para facilitar a compreensão de um problema complexo (SUN et al., 2011; XU, 2010).

Os modelos são então utilizados para de alguma forma, prever as melhores opções com base nos resultados prováveis, assim as previsões podem então ser validadas usando dados reais, que servem para reforçar e refinar ou redefinir o modelo e o modo de simulação. Com incorporação de dados reais, o programa assume a forma de uma ferramenta, que pode ser direcionada para otimizar um processo operacional para melhorar a eficiência do modelo. Desse modo, para realizar simulações, há necessidade de se formular modelos matemáticos que descrevam adequadamente o comportamento dos eventos reais em estudo (MOOD et al., 1974 citados por NUNES et al., 2008). Portanto, a modelagem é um aspecto importante na simulação. O modelo deve ser suficientemente simples para ser operacionalizado e interpretado adequadamente, mas seu desempenho deve ser comparável ao modelo real e, se a defasagem for grande, ele deve ser eliminado ou refinado (CRUZ, 2001).

A simulação é uma das áreas em que mais se utiliza a geração de números aleatórios na atualidade. Como a maioria dos problemas em genética e melhoramento de plantas tem natureza aleatória, na simulação de sistemas genéticos, a geração de números aleatórios adquire fundamental importância. Inúmeros programas de computador, linguagens de programação e compiladores têm funções prontas para a geração de números aleatórios. Esses números são gerados em uma sequência que só se repete, após um ciclo superior à ordem dos trilhões de algoritmos. Dessa forma, os números gerados são pseudoaleatórios. Para fins práticos, uma vez que a sequência completa (ciclo) jamais será utilizada, esses números comportam-se genuinamente aleatórios (FERREIRA, 2001).

Na utilização de uma técnica de simulação, o pesquisador deve precaver-se contra erros, sejam estes devidos a problemas como levantamentos amostrais, escolha inadequada das distribuições de probabilidades nos eventos de natureza aleatória, simplificação

inadequada da realidade e erros de implantação do sistema simulado. Para a garantia de sua eficiência pode-se lançar mão de processos de validação. Essa validação consiste em fazer o sistema simulado operar nas condições do sistema real e verificar, por meio de testes de hipóteses e outras análises estatísticas ou por meio de comparação com situações reais já analisados, se os resultados observados na simulação coincidem com os observados no sistema real (CRUZ, 2001).

Os primeiros indícios de simulação de dados surgiram com a utilização do Método de Monte Carlo, por Von Neuman, em 1940, com blindagem de reatores nucleares (MORGAN, 1995). O método fornece soluções aproximadas a uma variedade de problemas matemáticos que permitem realização de ensaios com amostras de números pseudoaleatórios em um computador. A técnica da simulação de Monte-Carlo se baseia em amostragens aleatórias massivas para obter resultados numéricos, isto é, repetindo sucessivas simulações um elevado número de vezes, o que permite simular a realidade por meio do estudo de uma amostra, que é gerada de forma totalmente aleatória. Assim, pode-se analisar um número elevado de cenários aleatórios, ampliando a perspectiva de cenários finitos possíveis, realizando análises que se ajustam a uma variabilidade real das variáveis consideradas. O aplicativo dessa técnica baseia-se na identificação das variáveis que se consideram mais significativas, assim como as relações entre elas, para explicar a realidade de um estudo, pela substituição do universo real, por um universo teórico, usando números aleatórios. A única restrição para o uso desse método é a sua impraticabilidade para distribuições cuja função distribuição seja desconhecida ou cuja inversa não seja possível pela não existência de algoritmos numéricos (PEÑA, 2001; MELO, 2010).

Muitos pacotes de software para simulações em melhoramento de plantas estão atualmente disponíveis, e sua disponibilidade visa a atender a uma demanda crescente de usuários nas diversas instituições de pesquisa, que manipulam um grande volume de dados, os quais requerem um processamento adequado para que parâmetros estatísticos e biológicos sejam convenientemente estimados. Esses pacotes têm sido úteis para avaliar estratégias de melhoramento existentes em programas de melhoramento real em campo, e têm sido usados para desenvolver novas estratégias de melhoramento genético. Vários pacotes oferecem a simulação de amostras com distribuição normal, a partir de médias e variâncias conhecidas; assim como a simulação de ensaios considerando variáveis com distribuição normal, a partir de parâmetros conhecidos, como média, herdabilidade e coeficiente de variação experimental (SUN et al., 2011).

A simulação tem tido grande aplicabilidade nas pesquisas de genética e melhoramento de plantas, assim são vários os trabalhos utilizando simulação realizados. Fouilloux e Bannerot, (1988) realizaram uns dos primeiros estudos por meio de simulação computacional visando à obtenção de informações a respeito do número ideal de famílias em feijão. Foi mostrado que existe pequena vantagem quando se utiliza um número relativamente grande de famílias, 500, por exemplo, em relação a 50. Embora forneçam informações importantes especialmente no que se refere à restrição da herdabilidade, estão fora da realidade, uma vez que foi considerada uma herdabilidade igual a 100%, o que, para a maioria dos caracteres de importância econômica, não ocorre.

Ferreira et al. (2000), simularam amostras de diferentes números de famílias. Com os dados das simulações foram estimadas a variância fenotípica média, a mínima, a máxima e o erro padrão da variância; e utilizando a distribuição de X^2 foi estimada a probabilidade de ocorrer para cada tamanho amostral herdabilidade nula, ou com valores correspondentes a 25%, 50% e 75% da herdabilidade obtida com todas as famílias sendo avaliadas. Foi estimado o ganho com a seleção, considerando a escolha da melhor família para cada tamanho de amostra. Os autores constataram que, se o número de famílias fosse inferior a 100, a probabilidade de sucesso com a seleção é reduzida.

Gurgel (2004), também utilizou a simulação visando a obter informações a respeito do número de famílias que devem ser manuseados para se ter mais sucesso no melhoramento genético. O autor concluiu que na determinação do número ideal de famílias a serem avaliadas no processo seletivo, deve-se considerar a herdabilidade do caráter; para se obter um ganho genético em torno de 1,10 desvios padrões fenotípicos acima da média na população selecionada, são necessárias 5000 linhagens para uma $h^2 = 0,30$ e 10 linhagens para $h^2 = 0,70$; se o caráter apresentar h^2 inferior a 0,30 será necessário maior número de linhagens para se ter alta probabilidade de se obter uma linhagem com um valor genotípico médio superior à média da população. Outros autores também relataram resultados com relação ao número de progênie/famílias para melhorar a eficiência na seleção via simulação (FERNANDES, 2016; SILVA, 2010; PINTO et al., 2000, BERNARDO et al., 2006).

Viana (2007), estudando a seleção recorrente em milho, analisou os ganhos genéticos teóricos como resultado da seleção entre famílias de irmãos germanos e de meios irmãos, obtidas pelos delineamentos I de Comstock e Robinson (1948), de irmãos germanos e de meios-irmãos, a variabilidade genotípica e a perda de alelos com a seleção recorrente em longo prazo. Os delineamentos foram avaliados por simulação com base nos ganhos médios estimados após dez ciclos de seleção. O autor concluiu que a seleção entre famílias de irmãos

germanos é geralmente mais eficiente do que seleção com base em progênies de meios irmãos, e que empregar famílias de irmãos germanos obtidas pelo delineamento I é, geralmente, mais eficiente que usar progênies derivadas do delineamento de irmãos germanos.

Leite et al. (2009), utilizando técnicas de reamostragem com reposição via simulação, avaliaram famílias de irmãos germanos em cana-de-açúcar. O experimento foi realizado em delineamentos de blocos casualizados, utilizando seis repetições e 20 plantas por parcela. Os autores concluíram que o método da reamostragem foi eficiente para comparar os efeitos do tamanho da amostra na estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos e que uma amostra de 16 plantas por parcela, ou seja, 96 indivíduos por família, seria suficiente para obter estimativas fidedignas de todos os parâmetros avaliados em todas as variáveis consideradas.

Melo (2010) estudou qual seria o número de genitores para a geração das melhores populações em eucalipto. Foram realizadas 1000 simulações de Monte Carlo de cada configuração, usando o programa R e linguagem matricial, e foram considerados caracteres genéricos, seis classes de população base, quatro condições ambientais (herdabilidades distintas) e dois tamanhos de populações sintéticas. De cada população sintética formada nessas simulações foram tomadas as estatísticas descritivas (média, coeficiente de variação, mínimo e máximo) relativas à proporção de alelos favoráveis em relação ao número total de alelos. Os resultados mostraram que para a estabilização do ganho esperado com a seleção, para intensidades de seleção de 1% e 5%, utilizando populações base pouco melhoradas, são necessários cinco ou seis genitores, independentemente da herdabilidade e da dominância. Ademais, para populações base melhoradas, o número ótimo de genitores deve estar entre seis e quinze para gerar as populações sintéticas, independentemente da herdabilidade e da dominância.

O uso histórico da simulação e a crescente gama de opções tecnológicas para os programas de melhoramento indicam que a simulação continuará a desempenhar um papel cada vez mais relevante nas pesquisas futuras, com foco na concepção e otimização de programas de melhoramento de plantas.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Progênes utilizadas

Para a condução deste trabalho, foram utilizadas progênes de irmãos germanos, obtidas a partir de duas populações bases do sexto ciclo (C5) de seleção recorrente recíproca (SRR) do Programa Genético de Melhoramento do Milho da Universidade Federal de Lavras.

As duas populações envolvidas neste estudo são derivadas originalmente de dois híbridos simples (HS) comerciais, e foram obtidas pelo intercruzamento de 3000 plantas F2 de cada HS, em dois campos isolados, gerando duas populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg, a partir das quais iniciou-se o programa de SRR, o primeiro ciclo (C0) foi semeado em março de 2003, e avaliado na safra 2003/04.

Em maio de 2004, as progênes S_1 relacionadas com as progênes de irmãos germanos selecionadas de cada população foram utilizadas para a recombinação e a obtenção das progênes do segundo ciclo (C1). Diferindo do ciclo anterior, no C1 foram geradas, progênes de meios-irmãos intrapopulacionais na espiga inferior e de meios irmãos interpopulacionais na espiga superior, a avaliação foi realizada na safra 2004/05. Utilizando-se as sementes das progênes de meios-irmãos intrapopulacionais relacionadas com as progênes interpopulacionais selecionadas em cada população, iniciou-se o terceiro ciclo seletivo (C2), onde o procedimento foi o mesmo realizado para a obtenção do C0, gerando novamente progênes S_1 e progênes de irmãos completos interpopulacionais. Parte das sementes das progênes interpopulacionais foi utilizada para a avaliação na safra 2005/06 do C2 e parte guardada para compor o híbrido interpopulacional do C2. Do mesmo modo, foi obtido o quarto (C3) e o quinto ciclo (C4), este último avaliado na safra 2012/13 (REIS et al., 2009; ALVES, 2014).

O esquema geral para a obtenção, avaliação e recombinação das progênes, nos diferentes ciclos de SRR é apresentado na Figura 1.

Figura 1- Esquema geral de Seleção Recorrente Recíproca utilizado no Programa Genético de Melhoramento do Milho, Lavras-MG/UFLA.



Fonte: Do autor (2017).

3.2 Obtenção das progênies

Para a obtenção das progênies de irmãos germanos, as populações foram semeadas em linhas alternadas, com espaçamento de 0,60 metro entre linhas e 0,25 metro entre plantas, semeadura realizada em fevereiro de 2015. As plantas de ambas as populações tiveram as espigas superiores protegidas e foram cruzadas com plantas da população recíproca, gerando as progênies de irmãos germanos interpopulacionais em cada genótipo (planta), e as espigas inferiores foram autofecundadas para a obtenção das progênies S₁ e compor a unidades de recombinação. Assim, foram obtidas 163 progênies de irmãos germanos interpopulacionais do sexto ciclo de SRR.

3.3 Planejamento e condução do experimento de avaliação das progênies

O experimento foi conduzido na área experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA), localizado no município de Lavras na região sul do estado de Minas Gerais, a 918 m de altitude, 21° 58' de latitude Sul e 42° 22' de longitude Oeste.

As parcelas foram constituídas de uma linha de 3 metros no espaçamento de 0,60 metro entre linhas e 0,25 metro entre plantas, sendo que cada parcela totalizou 12 plantas após

desbaste. A adubação utilizada na ocasião do plantio, tanto na obtenção quanto na avaliação das progênes, foi de 450 kg/ha^{-1} do fertilizante $08\text{N}-28\text{K}_2\text{O}-16\text{P}_2\text{O}_5$, e a cobertura foi feita aos 25 dias após o plantio com 200 kg/ha^{-1} de ureia. Para o controle da lagarta do cartucho foi feita uma aplicação de inseticida aos 25 dias após o plantio. Os demais tratos culturais foram os recomendados para a cultura na região.

Foi avaliado o caráter produtividade de espigas despalhadas: estimada por meio da pesagem das espigas despalhadas de cada parcela, produtividade total da parcela em quilogramas. Assim, quando pesadas, foram tomados também dados da porcentagem de umidade, obtidos de 5 tratamentos tomados aleatoriamente dentro de cada bloco/repetição, observou-se que as parcelas estavam com o mesmo teor de umidade e, com isso, não houve necessidade de correção quanto a esse fator.

As progênes obtidas foram avaliadas, utilizando-se como testemunhas dois híbridos simples e dois híbridos duplos comerciais. A avaliação foi realizada no delineamento experimental de blocos casualizados (DBC) com 6 repetições.

3.4 Análise estatística

A análise dos dados foi realizada com o auxílio do programa computacional R (R Core Team, 2014), considerando o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = \mu + p_i + r_j + e_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : valor observado na parcela que recebeu o tratamento i , dentro da repetição j ;

μ : constante associada às observações;

p_i : efeito aleatório do tratamento i ;

r_j : efeito aleatório da repetição j ;

e_{ij} : efeito aleatório do erro experimental, assumindo-se que os erros são independentes e normalmente distribuídos com média zero e variância σ_e^2 .

O esquema para a análise de variância envolvendo todos os dados, das 163 progênes mais as 4 testemunhas, com suas respectivas esperanças dos quadrados médios, está demonstrado na Tabela 1. As esperanças matemáticas dos quadrados médios foram obtidas, conforme recomendações de Bernardo (2010).

Tabela 1-. Modelo de análise de variância, envolvendo todas as progênies, do caráter produtividade de espigas despalhadas (Kg/parcela), Lavras-MG/UFLA.

F.V.	G.L.	Q.M.	E (Q.M)
Blocos	G.L.	Q	
Tratamentos	G.L ₁	Q1	$\sigma_e^2 + r\sigma_p^2$
Resíduos	G.L ₂	Q2	σ_e^2
Total			

r : número de repetições;

σ_p^2 : variância genética entre progênies;

σ_e^2 : variância do erro.

Fonte: Do autor (2017).

Considerando as esperanças dos quadrados médios, foram obtidas as estimativas dos componentes de variância e alguns parâmetros genéticos e fenotípicos pelos seguintes estimadores (BERNARDO, 2010; RAMALHO et al., 2012):

Variância genética (Eq. 1) e variância fenotípica (Eq. 2) entre progênies:

$$\sigma_p^2 = \frac{(Q1 - Q2)}{r} \quad (1)$$

$$\sigma_f^2 = \frac{Q1}{r} \quad (2)$$

em que $Q1$ é o quadrado médio da fonte de variação referente às progênies; $Q2$ é o quadrado médio do erro e r o número de repetições.

A partir das estimativas dos componentes de variâncias obtidas, estimou-se a herdabilidade (Eq. 3) para a seleção na média de progênes no sentido amplo, e, por conseguinte os limites, inferior (Eq.4) e superior (Eq. 5) (KNAPP; STROUP; ROSS, 1985).

$$h^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_f^2} \quad (3)$$

$$LI = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{Q1}{Q2} \right) F_{1 - \frac{\alpha}{2}}(GL2; GL1) \right]^{-1} \right\} \quad (4)$$

$$LS = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{Q1}{Q2} \right) F_{\frac{\alpha}{2}}(GL2; GL1) \right]^{-1} \right\} \quad (5)$$

em que: $F_{1 - \frac{\alpha}{2}}$ e $F_{\frac{\alpha}{2}}$ representam os valores da distribuição F para os graus de liberdade GL2 e GL1, com a probabilidade de exceder o valor de $1 - \alpha/2$ e $\alpha/2$.

O ganho esperado com a seleção entre progênes foi estimado, considerando-se a herdabilidade em nível de média de progênes (Eq. 6) da seguinte forma:

$$GS = ds.h^2 \quad (6)$$

em que: ds é o diferencial de seleção, obtido pela média das progênes selecionadas subtraída da média original. No cálculo, foi considerado um porcentual de seleção de 10 %.

A precisão experimental foi estimada pelo coeficiente de variação experimental (Eq. 7) e pela acurácia (Eq. 8).

$$CV\% = \frac{100\sqrt{Q2}}{m} \quad (7)$$

em que: m é a média geral

$$rgg = \sqrt{h^2} . 100 \quad (8)$$

3.5 Simulação computacional - Método de Monte Carlo

A partir dos dados do caráter produtividade de espigas despalhadas (Kg/parcela), envolvendo todas as progênies estudadas, foram simulados diferentes números de progênies com diferentes repetições, utilizando-se técnica de reamostragem via simulação de Monte Carlo, com o auxílio do programa computacional R (R Core Team, 2014). Cabe ressaltar que os dados das testemunhas utilizadas na avaliação de progênies, não foram consideradas para simulação, uma vez que constituem híbridos simples e duplos.

Foram simulados diferentes cenários, variando o número de progênies de 30 até 163, com intervalos de 10 progênies, avaliadas em 2, 4 e 6 repetições. Dessa forma, foram simulados 45 cenários. Para cada cenário, foram realizadas 5000 simulações, totalizando 225000 simulações quando considerados os 45 cenários diferentes.

Em cada simulação, foram estimadas as variâncias genéticas, fenotípica, e de herdabilidade na média de progênie. Com base nas 5000 simulações foi possível obter as amplitudes de variação entre os valores mínimos e máximos, e os erros padrões associados. Igualmente, foram estimadas as porcentagens de variação das amplitudes (mínima ou máxima) nos diferentes números de progênies e repetições. Para a obtenção dessas porcentagens, foram calculadas a relação existente entre cada valor mínimo ou máximo, e o valor mínimo ou máximo, obtido com o maior número de progênie (163) simulado em cada repetição estudada.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Avaliação das progênes em teste de campo

O resumo da análise de variância e as estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos envolvendo todas as progênes é apresentado na Tabela 2. Pode-se observar que existe variabilidade genética entre tratamentos, o que permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção para o caráter produtividade de espigas despalhadas (Kg/parcela). Quando decomposta a soma de quadrados do efeito dos tratamentos, houve, diferenças significativas entre as variâncias de progênes ($P < 0,05$), indicando que elas diferem entre si, porém não se apresentaram diferenças entre as testemunhas. O contraste entre progênes e testemunhas foi significativo, indicando que a média das progênes foi significativamente maior que a média das testemunhas (observável também na Tabela 3).

Na Tabela 3, é observável que a média da melhor progênie supera em 30% a média da melhor testemunha, isso mostra o potencial das progênes e a existência de variabilidade entre elas. A existência de variabilidade entre as progênes é um fato importante para a obtenção de ganhos ao longo dos ciclos na seleção recorrente.

A precisão experimental, medida pelo coeficiente de variação experimental (CV %) para o presente trabalho foi de 22,17 % (TABELA 2), indicando que o experimento obteve uma precisão experimental média, segundo a classificação de Pimentel-Gomez (2009). A estimativa observada está próxima às observadas na literatura para a cultura de milho (FRITSCH NETO et al., 2012; PALOMINO; RAMALHO; FERREIRA, 2000). Segundo Resende e Duarte (2007), a acurácia é a medida de precisão experimental mais recomendada quando se avaliam progênes/cultivares. Esse parâmetro refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do material genético e aquele estimado ou predito, a partir das informações dos experimentos. Assim, a alta acurácia detectada, de 77,49 %, indica que os desvios entre o valor genotípico verdadeiro da progênie e o valor estimado, a partir dos dados deste experimento, são baixos.

A comparação da estimativa de variância genética entre progênes com as obtidas em outros trabalhos é dificultada, uma vez que geralmente são obtidos os dados em peso de grãos e não o peso de espigas despalhadas como neste caso. Contudo, a estimativa obtida é semelhante e se encontra dentro dos limites observados na literatura (RAPOSO; RAMALHO, 2004; ALVES, 2014).

A herdabilidade estimada no sentido amplo foi de 60,36%, considerada alta e com valores do limite inferior positivos, possibilitando inferir, com 95% de confiança, que a herdabilidade é diferente de zero. O valor obtido foi semelhante ao relatado por outros autores (SANTOS et al., 2007; CUNHA et al., 2012). Alves (2014), trabalhando com o quinto ciclo de seleção recorrente em milho, obteve valor de herdabilidade de 64,2% para produtividade, na análise conjunta de dois locais, avaliando progênies de irmãos germanos. Como a herdabilidade corresponde à proporção da variância genética presente na variância fenotípica total, ela estima a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo (RAMALHO et al., 2012, p. 123). Assim, elevados valores de herdabilidade possibilitam a detecção e seleção dos melhores híbridos e combinações, para o avanço nos ciclos de seleção recorrente recíproca.

A estimativa de ganho com a seleção, para uma proporção de seleção de 10 %, também está apresentada na Tabela 2. Os resultados relatados na literatura são semelhantes ao relatado no presente trabalho. Alves (2014), obteve ganhos de 15% com irmãos germanos em milho, no quinto ciclo de seleção recorrente. Enquanto Gabriel (2009), verificou ganhos de até 19,34% no décimo ciclo de seleção recorrente em famílias de irmãos germanos de milho. Contudo, esses estudos demonstram que quando é realizada a seleção recorrente recíproca, há ganhos expressivos no desempenho do híbrido, e mais ainda se as populações híbridas são derivadas de híbridos simples comerciais, como no presente estudo.

O valor estimado para o ganho com a seleção, assim como a boa estimativa da herdabilidade apresentados neste trabalho podem ser atribuídos à quantidade de repetições utilizadas para avaliação, o que permitiu a redução das variações aleatórias na experimentação, ou seja, uma melhoria da precisão experimental. Na expressão do ganho, fica fácil visualizar que o ganho esperado com a seleção é inversamente proporcional ao desvio padrão fenotípico da unidade de seleção, ou seja, da raiz quadrada da variância fenotípica. Com isso, a variância fenotípica deve ser a menor possível para aumentar a resposta à seleção. Para reduzir a variância fenotípica, deve-se minimizar o erro, assim a otimização do número de repetições encontra-se relacionada (PALOMINO; RAMALHO; FERREIRA, 2000; BERNARDO et al., 2006).

Tabela 2 - Resumo da análise de variância, e estimativas de parâmetros, envolvendo todas as progênes de Irmãos Germanos, do caráter produtividade de espigas despalhadas (Kg/parcela), Lavras-MG/UFLA.

Fonte de variação	G.L.	Q.M.	Prob. (>F)
Blocos	5	1,082787	
Tratamentos	166	0,743513	<,0001
Progênes	162	0,737732	<,0001
Testemunhas	3	0,764086	0,0515
Prog vs test	1	1,618355	0,0193
Resíduos	830	0,294692	
Total	1001		
Media (total)	2,448214		
Media (Prog)	2,454509		
Media (test)	2,191667		
Estimativas de parâmetros			
Herdabilidade (%)	60,36	LI: 48,19	LS: 69,13
Acurácia (%)	77,49		
CV (%)	22,17		
GS (%) ¹	14,07	GS (Kg/parcela)	0,34

¹Para 10% de proporção de seleção.

Fonte: Do autor (2017).

Tabela 3 - Médias das 16 melhores progênes de Irmãos Germanos (selecionadas com 10 % de proporção de seleção) e das 4 testemunhas utilizadas (Test.), do caráter produtividade de espigas despalhadas (Kg/parcela), Lavras-MG/UFLA.

	Progênie	Médias		Progênie	Médias
1	13	3,2920	9	86	3,0067
2	72	3,1687	10	49	3,0013
3	111	3,0653	11	89	3,0000
4	68	3,0460	12	159	2,9930
5	134	3,0450	13	78	2,9793
6	163	3,0220	14	55	2,9370
7	110	3,0187	15	1	2,9272
8	60	3,0183	16	157	2,9070
	HS1	2,0757		HD1	2,5560
	HS2	1,7473		HD2	2,3877

Fonte: Do autor (2017).

4.2 Experimentos por simulação computacional

Na simulação computacional o primeiro que deve ser realizado é a validação da consistência dos dados simulados. Segundo Ferreira (2001), o programador deve utilizar processos de validação de modo que o sistema simulado possa operar dentro de condições do sistema real e assim verificar se os resultados gerados pela simulação estão em conformidade. São várias as estratégias para validação das simulações, utilizadas em inúmeros trabalhos (ABREU et al., 2013; NUNES et al., 2008; FERNANDES, 2016). Como neste trabalho partiu-se de dados gerados em condições reais, foram tomadas como referência as avaliações feitas com o número total de 163 progênies e 6 repetições, e comparadas com as avaliações das simulações para o mesmo número de progênies e repetições. Constatou-se a coincidência dos resultados e a consistência dos dados simulados.

As estimativas das variâncias fenotípicas entre médias das progênies (mínima, média e máxima) e os respectivos erros padrões, estão apresentadas nas Tabelas 4, 5 e 6. Observou-se que a variância fenotípica média foi reduzida com o aumento no número de repetições utilizadas. Isto pode ser facilmente explicado pela análise da expressão da variância fenotípica

$$\sigma_f^2 = \sigma_g^2 + \frac{\sigma_e^2}{r}$$
, se aumentarmos o número de repetições, o componente σ_f^2 será reduzido.

Pode ser notado que a σ_f^2 foi bem maior quando foram utilizadas apenas duas repetições, porém não foram observadas grandes diferenças quando foram utilizadas quatro ou seis repetições. Observou-se também que a variância fenotípica média não variou muito em função do número de progênies. Isso ocorreu pelo fato de terem sido realizadas 5000 simulações de Monte Carlo, o que permitiu cobrir todo o espaço amostral.

Novamente, ressaltando o fato de terem sido realizadas 5000 simulações, seria interessante verificar como variaram as estimativas de variância fenotípica. Isso pode ser verificado ao analisar o erro padrão das estimativas. Como era esperado, o erro padrão é reduzido com o aumento no número de repetições e/ou progênies, como pode também ser verificado pela análise das amplitudes das estimativas. Ferreira et al. (2000), realizando 1000 simulações de cada tamanho amostral, observaram que, em média, as estimativas das variâncias fenotípicas foram praticamente as mesmas e semelhantes à variância estimada com todas as famílias avaliadas.

Comparando as estimativas das variâncias fenotípicas com diferentes repetições avaliadas, constatou-se que os valores se reduzem com um maior número de repetições, e o

erro padrão associado fica relativamente insignificante. Assim, considerando um número menor de progênies, de tamanho 30, o erro padrão da variância representou 1,74%, 0,89% e 0,70%, do valor da variância fenotípica para 2, 4 e 6 repetições respectivamente. Enquanto que com um maior número de progênies, de tamanho 160, foi de 0,27%, 0,05% e 0,003%, para 2, 4 e 6 repetições respectivamente.

Considerando-se as percentagens de variação das amplitudes das variâncias fenotípicas (mínimas e máximas) nos diferentes números de progênies e repetições, é possível apreciar o quanto que se afasta cada valor simulado em relação ao valor obtido com todas as 163 progênies, observou-se que o comportamento foi semelhante para as repetições estudadas. Assim, a partir de um número de 100 progênies as variâncias mínimas foram inferiores, em média de 19,5%, 17% e 19,8%, em relação ao valor obtido com todas as progênies, na repetição 2, 4 e 6 respectivamente. Entretanto, as variâncias máximas foram em média de 12,3%, 11,6% e 13,4%, superiores à variância obtida com o maior número de progênies, para 2, 4 e 6 repetições respectivamente (dados não apresentados).

De posse dos resultados, é compreensível que a otimização do número de repetições encontra-se relacionada com a redução da variância fenotípica, independentemente do número de progênies utilizadas. Assim, a utilização de um número adequado de repetições nos experimentos é de fundamental importância para a redução do erro experimental, o que levará a uma redução da variância fenotípica e, conseqüente, a um aumento da precisão experimental. A redução do erro experimental possibilita também a obtenção de estimativas mais precisas dos parâmetros genéticos e fenotípicos (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012).

Tabela 4 - Estimativas de variâncias fenotípicas (mínima, média e máxima) e erro padrão, da produtividade de espigas despalhadas (Kg/parcela), obtidas em experimentos simulados com duas repetições para diferentes números de progênies, Lavras-MG/UFLA.

Número de progênies	Variância fenotípica σ_f^2					Erro Padrão
	% ¹	Mínima	Média	Máxima	% ¹	
30	24,5	0,043591	0,223033	0,482366	181,3	0,003900
40	47,6	0,084557	0,222353	0,466080	175,2	0,002805
50	51,7	0,091991	0,221622	0,427489	160,7	0,002227
60	57,0	0,101326	0,221391	0,411469	154,6	0,001839
70	58,2	0,103390	0,222384	0,400485	150,5	0,001539
80	67,2	0,119481	0,221999	0,360150	135,4	0,001303
90	67,2	0,119517	0,221485	0,354994	133,4	0,001178
100	66,0	0,117258	0,221160	0,331008	124,4	0,001029
110	72,6	0,129111	0,222302	0,327144	122,9	0,000929
120	79,6	0,141456	0,222212	0,314693	118,3	0,000853
130	79,2	0,140826	0,221785	0,302128	113,5	0,000739
140	73,6	0,130845	0,222509	0,293371	110,3	0,000722
150	82,0	0,145760	0,221590	0,284883	107,1	0,000664
160	91,1	0,162035	0,221828	0,271022	101,9	0,000614
163	100,0	0,177789	0,221509	0,266087	100,0	0,000611

¹ - Porcentagem em relação ao maior n° de progênie

Fonte: Do autor (2017).

Tabela 5 - Estimativas de variâncias fenotípicas (mínima, média e máxima) e erro padrão, da produtividade de espigas despalhadas (Kg/parcela), obtidas em experimentos simulados com quatro repetições para diferentes números de progênies, Lavras-MG/UFLA.

Número de progênies	Variância fenotípica σ_f^2					Erro Padrão
	% ¹	Mínima	Média	Máxima	% ¹	
30	33,1	0,043905	0,146991	0,293983	183,9	0,001314
40	39,7	0,052596	0,147145	0,262687	164,3	0,000961
50	49,0	0,065022	0,147603	0,239397	149,7	0,000715
60	53,6	0,071134	0,147475	0,237806	148,7	0,000550
70	56,4	0,074757	0,147151	0,228582	143,0	0,000425
80	63,0	0,083505	0,147628	0,224283	140,3	0,000364
90	65,6	0,087042	0,147545	0,215485	134,8	0,000309
100	72,0	0,095488	0,147707	0,199919	125,0	0,000253
110	69,6	0,092270	0,147591	0,192476	120,4	0,000210
120	75,6	0,100314	0,147971	0,184641	115,5	0,000173
130	80,6	0,106859	0,147719	0,180289	112,8	0,000148
140	84,9	0,112667	0,147503	0,177374	110,9	0,000123
150	88,7	0,117590	0,147492	0,169532	106,0	0,000099
160	92,8	0,123053	0,147486	0,162856	101,9	0,000083
163	100,0	0,132638	0,147738	0,159880	100,0	0,000079

¹ - Porcentagem em relação ao maior n° de progênie

Fonte: Do autor (2017).

Tabela 6 - Estimativas de variâncias fenotípicas (mínima, média e máxima) e erro padrão, da produtividade de espigas despalhadas (Kg/parcela), obtidas em experimentos simulados com seis repetições para diferentes números de progênies, Lavras-MG/UFLA.

Número de progênies	Variância fenotípica σ_f^2					Erro Padrão
	% ¹	Mínima	Média	Máxima	% ¹	
30	38,9	0,047771	0,123052	0,249254	202,7	0,000871
40	35,8	0,044040	0,122841	0,218703	177,9	0,000585
50	50,6	0,062224	0,122991	0,215905	175,6	0,000447
60	51,4	0,063148	0,122785	0,187681	152,6	0,000335
70	56,6	0,069650	0,122911	0,177950	144,7	0,000253
80	63,8	0,078418	0,122901	0,170304	138,5	0,000202
90	66,5	0,081750	0,122887	0,167362	136,1	0,000158
100	67,9	0,083442	0,122734	0,158483	128,9	0,000121
110	70,5	0,086702	0,122828	0,150875	122,7	0,000094
120	71,5	0,087880	0,123064	0,147090	119,6	0,000069
130	75,6	0,092954	0,122919	0,142391	115,8	0,000048
140	79,6	0,097921	0,122968	0,136652	111,1	0,000031
150	85,8	0,105540	0,123005	0,131819	107,2	0,000016
160	90,4	0,111164	0,122931	0,125266	101,9	0,000004
163	100,0	0,122955	0,122955	0,122955	100,0	0,000000

¹ - Porcentagem em relação ao maior n° de progênie

Fonte: Do autor (2017).

No momento de decidir quantas progênies avaliar em um programa de seleção recorrente, uma das maiores preocupações é ter um tamanho amostral que permita obter estimativas fidedignas sobre a variabilidade genética da população (SILVA FILHO, 2013; PINTO et al., 2000). Nesse sentido, seria interessante avaliar o efeito do número de progênies avaliadas e do número de repetições nas estimativas da variância genética nos experimentos simulados.

Nas Tabelas 7, 8 e 9, apresentam-se estimativas das variâncias genéticas entre progênies (mínima, média e máxima) e seus respectivos erros-padrões, para os diferentes cenários. A variância genética média não variou muito em função do número de progênies e/ou repetições. Porém quando são analisados os resultados de duas repetições, observa-se uma tendência de se superestimar a variância genética quando é avaliado um número menor de progênies (TABELA 7), também é observável que os valores oscilam mais em relação aos resultados de 4 e 6 repetições (FIGURA 2).

Em relação às estimativas dos erros-padrões associados às variâncias genéticas observou-se que ocorre uma diminuição dos seus valores com o aumento do número de

progênes e de repetições. Na Figura 3, é apreciável o comportamento dessas estimativas com respeito as diferentes repetições, observa-se que as variâncias genéticas variam pouco com 4 e 6 repetições e que, a partir de 100 progênes, as mesmas quase não se alteram. Fernandes (2016), menciona que as grandes variações apresentadas com números pequenos de progênes evidenciam uma maior exposição à deriva genética, o que rejeita a argumentação em relação ao uso de poucas progênes, em decorrência de a variância de progênes ter sido em média, constante.

As percentagens de variação das amplitudes das variâncias genéticas (mínimas e máximas) nos diferentes números de progênes e repetições, em relação ao valor da variância genotípica obtida com o maior número de progênes, apresentaram resultados com tendências similares aos observados com a variância fenotípica. Desse modo, e a partir de um número de 100 progênes, as variâncias mínimas foram em média de 95,8%, 38,3% e 33,9%, inferiores á variância obtida com todas as 163 progênes. Entretanto, as variâncias máximas foram em média de 36,7%, 23,7% e 23,6%, superiores a da variância obtida com o maior número de progênes, para 2, 4 e 6 repetições respectivamente (dados não apresentados).

Verifica-se que, com o aumento do número de progênes as estimativas das variâncias genéticas tornam-se mais precisas, mas não se tem uma relação direta entre maior ou menor número de progênes, e maior ou menor número de repetições para melhores estimativas. Viana (2007), também observou que não houve evidência de maior variabilidade associada à população de maior tamanho efetivo, analisando os ganhos genéticos teóricos em seleção recorrente em milho. Contudo, sabe-se que estimativas de variância genética melhores e mais precisas são de grande importância para se obter sucesso em programas de seleção recorrente, uma vez que se encontram diretamente relacionadas com a estimativa da herdabilidade e do ganho com a seleção.

Tabela 7- Estimativas de variâncias genéticas (mínima, média e máxima) e erro padrão, da produtividade de espigas despalhadas (Kg/parcela), obtidas em experimentos simulados com duas repetições para diferentes números de progênies, Lavras-MG/UFLA.

Número de progênies	Variância genética σ_g^2					Erro Padrão
	% ¹	Mínima	Média	Máxima	% ¹	
30	-528,4	-0,147049	0,078369	0,343130	315,7	0,004309
40	-337,4	-0,093894	0,077441	0,293051	269,6	0,002944
50	-344,2	-0,095785	0,076790	0,260993	240,1	0,002291
60	-225,1	-0,062643	0,075150	0,252937	232,7	0,001953
70	-132,7	-0,036917	0,075958	0,238901	219,8	0,001555
80	-98,4	-0,027386	0,075582	0,200435	184,4	0,001234
90	-139,8	-0,038902	0,074397	0,204912	188,5	0,001132
100	-101,0	-0,028118	0,074546	0,187698	172,7	0,000933
110	-37,8	-0,010533	0,075339	0,176988	162,9	0,000816
120	-2,4	-0,000677	0,074928	0,163304	150,3	0,000715
130	-6,6	-0,001837	0,074931	0,158036	145,4	0,000605
140	14,4	0,004000	0,075207	0,141142	129,9	0,000558
150	18,8	0,005222	0,074312	0,132346	121,8	0,000480
160	48,1	0,013373	0,074637	0,120184	110,6	0,000425
163	100,0	0,027829	0,073984	0,108680	100,0	0,000416

¹ - Porcentagem em relação ao maior n° de progênie

Fonte: Do autor (2017).

Tabela 8 - Estimativas de variâncias genéticas (mínima, média e máxima) e erro padrão, da produtividade de espigas despalhadas (Kg/parcela), obtidas em experimentos simulados com quatro repetições para diferentes números de progênies, Lavras-MG/UFLA.

Número de progênies	Variância genética σ_g^2					Erro Padrão
	% ¹	Mínima	Média	Máxima	% ¹	
30	-42,6	-0,026745	0,075255	0,230027	273,1	0,001341
40	-20,1	-0,012630	0,074626	0,183770	218,2	0,000975
50	1,6	0,000983	0,074799	0,169999	201,9	0,000711
60	-17,6	-0,011080	0,074450	0,166423	197,6	0,000549
70	4,4	0,002794	0,074007	0,150443	178,6	0,000427
80	9,7	0,006110	0,074334	0,159947	189,9	0,000355
90	19,9	0,012530	0,074106	0,140055	166,3	0,000293
100	31,2	0,019579	0,074307	0,124664	148,0	0,000240
110	32,8	0,020604	0,074252	0,117384	139,4	0,000189
120	47,6	0,029929	0,074366	0,109666	130,2	0,000154
130	60,0	0,037694	0,074033	0,111337	132,2	0,000125
140	66,1	0,041508	0,074064	0,102251	121,4	0,000099
150	72,2	0,045380	0,073779	0,095270	113,1	0,000077
160	83,7	0,052576	0,073868	0,088916	105,6	0,000058
163	100,0	0,062812	0,074010	0,084216	100,0	0,000052

¹ - Porcentagem em relação ao maior n° de progênie

Fonte: Do autor (2017).

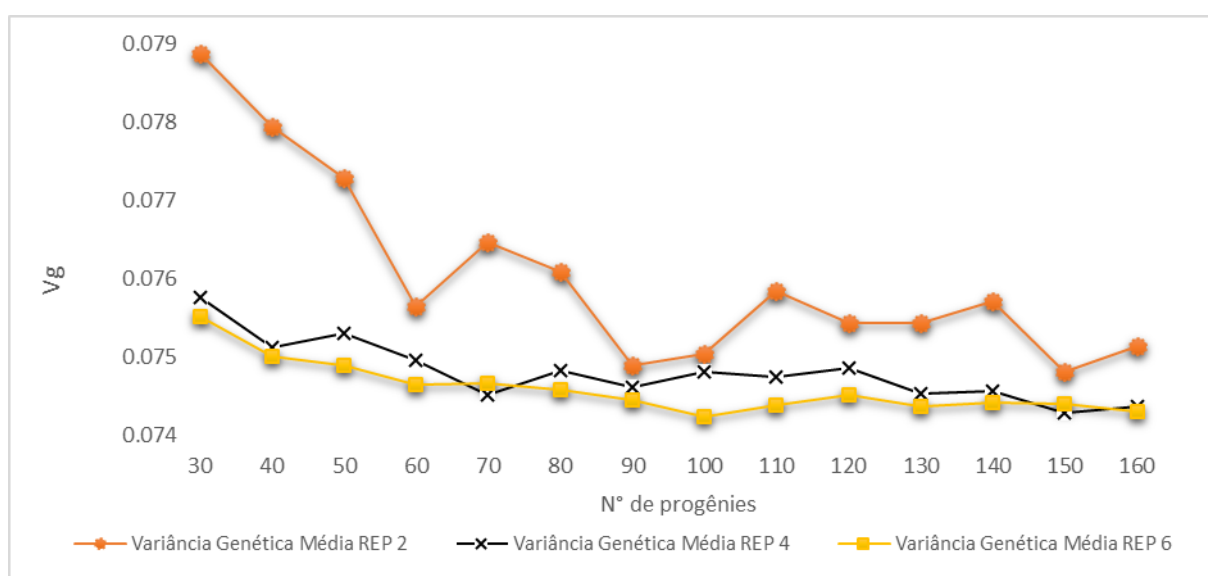
Tabela 9 - Estimativas de variâncias genéticas (mínima, média e máxima) e erro padrão, da produtividade de espigas despalhadas (Kg/parcela), obtidas em experimentos simulados com seis repetições para diferentes números de progênies, Lavras-MG/UFLA.

Número de progênies	Variância genética σ_g^2					Erro Padrão
	% ¹	Mínima	Média	Máxima	% ¹	
30	-18,0	-0,013309	0,075009	0,203119	275,1	0,000893
40	2,4	0,001784	0,074505	0,159206	215,6	0,000599
50	14,3	0,010550	0,074390	0,168224	227,8	0,000461
60	15,8	0,011678	0,074145	0,142298	192,7	0,000344
70	25,7	0,018956	0,074159	0,128130	173,5	0,000261
80	36,9	0,027244	0,074076	0,121724	164,8	0,000207
90	41,0	0,030271	0,073956	0,120655	163,4	0,000162
100	41,6	0,030682	0,073740	0,108506	146,9	0,000125
110	50,1	0,037023	0,073877	0,105184	142,4	0,000098
120	53,4	0,039457	0,074020	0,099235	134,4	0,000071
130	58,3	0,043058	0,073874	0,094408	127,9	0,000050
140	66,2	0,048873	0,073912	0,088140	119,4	0,000032
150	76,2	0,056294	0,073902	0,083539	113,1	0,000016
160	83,2	0,061466	0,073806	0,077506	105,0	0,000004
163	100,0	0,073840	0,073840	0,073840	100,0	0,000000

¹ - Porcentagem em relação ao maior n° de progênie

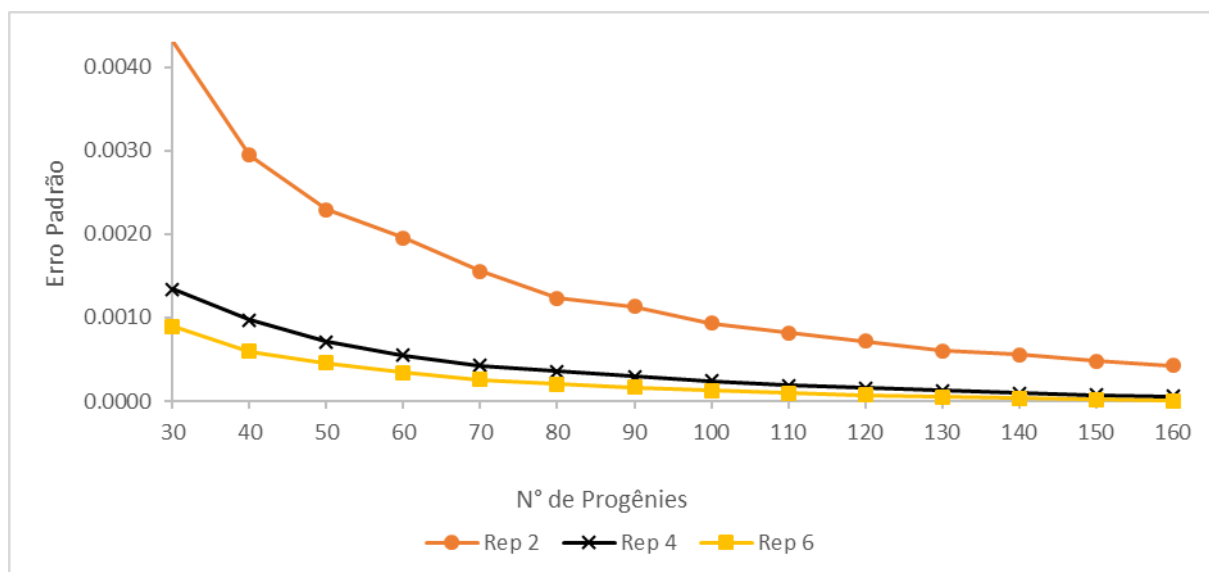
Fonte: Do autor (2017).

Figura 2 - Estimativas de variâncias genéticas (Vg) do caráter produtividade de espigas despalhadas (Kg/parcela), obtidas em experimentos simulados para diferentes números de progênies e de repetições, Lavras-MG/UFLA.



Fonte: Do autor (2017).

Figura 3 - Estimativas do erro padrão das variâncias genéticas do caráter produtividade de espigas despalhadas (Kg/parcela), obtidas em experimentos simulados para diferentes números de progênies e de repetições, Lavras-MG/UFLA.



Fonte: Do autor (2017).

Estimativas do coeficiente de herdabilidade, no sentido amplo, foram simulados para os diferentes números de progênies e repetições (TABELAS 10, 11 e 12). Cabe mencionar que a herdabilidade estimada foi no sentido amplo, uma vez que, para este experimento, não foi possível isolar as variâncias aditivas. Percebe-se que ocorre um aumento considerável da estimativa quando as progênies foram avaliadas com 6 repetições, em relação as avaliadas com 2 repetições. Já, nos diferentes números de progênies, as estimativas não variaram significativamente.

Em relação às amplitudes (mínima e máxima) das estimativas de herdabilidade, observou-se que se reduzem com o aumento de números de progênies. Assim, na avaliação com 2, 4 e 6 repetições obtiveram-se amplitudes de 3,19; 1,35 e 1,10 para um número mínimo de 30 progênies. Logo, obtiveram-se amplitudes de 0,39; 0,16 e 0,06, para um número de 160 progênies. Cabe ressaltar que em todos os casos as estimativas de amplitudes mínimas para a herdabilidade apresentaram valores negativos com os menores números de progênies avaliados.

Na Figura 4, é observável o comportamento das estimativas dos erros padrões associados às herdabilidades com respeito às diferentes repetições. Novamente, ocorre uma diminuição dos seus valores com o aumento do número de progênies e de repetições, e tanto

na repetição 4 quanto na repetição 6, é observável que as estimativas se encontram muito próximas.

Sabe-se que maiores estimativas de herdabilidade são necessárias para obter-se maiores ganhos com a seleção. Embora melhores estimativas de parâmetros observados neste trabalho são pertinentes a maiores números de progênes e repetições, são vários os fatores que devem ser considerados. Tanto a intensidade de seleção quanto o desvio-padrão fenotípico diminuem com o número crescente de repetições, e a mudança na resposta à seleção depende da razão entre esses dois valores. Silva Filho (2013), estudando a otimização do número de progênes e de repetições em experimentos de melhoramento de plantas, concluiu que quanto maior as estimativas da herdabilidade seleções mais intensas são necessárias para justificar o uso adicional de repetições.

Para a obtenção de maiores herdabilidades, além do controle ambiental, a principal alternativa é aumentar o número de repetições. Fernandes 2016, observou por meio de simulação que quando maior a herdabilidade maior é o ganho com a seleção, sendo uma das principais estratégias ter experimentos mais precisos para otimizar o progresso, isto é, com o aumento do número de repetições, principalmente com herdabilidades baixas.

Tabela 10 - Estimativas de herdabilidade no sentido amplo (mínima, média e máxima) e erro padrão, da produtividade de espigas despalhadas (Kg/parcela), obtidas em experimentos simulados com duas repetições para diferentes números de progênes, Lavras-MG/UFLA.

Número de progênes	Herdabilidade h^2			Erro Padrão
	Mínima	Media	Máxima	
30	-2,357928	0,309687	0,838357	0,064782
40	-0,818614	0,320782	0,747307	0,041657
50	-0,704871	0,325946	0,721154	0,032060
60	-0,488163	0,321358	0,720019	0,026965
70	-0,285970	0,327943	0,693503	0,020370
80	-0,196844	0,329590	0,634892	0,016541
90	-0,300558	0,325550	0,677395	0,015139
100	-0,198221	0,328988	0,605186	0,012401
110	-0,072245	0,331984	0,659745	0,010745
120	-0,003674	0,331150	0,559840	0,009366
130	-0,011269	0,332814	0,551382	0,008003
140	0,024150	0,333135	0,541053	0,007219
150	0,032728	0,331289	0,517758	0,006287
160	0,082083	0,332868	0,472492	0,005513
163	0,156527	0,330361	0,424738	0,005427

Fonte: Do autor (2017).

Tabela 11 - Estimativas de herdabilidade no sentido amplo (mínima, média e máxima) e erro padrão, da produtividade de espigas despalhadas (Kg/parcela), obtidas em experimentos simulados com quatro repetições para diferentes números de progênies, Lavras-MG/UFLA.

Número de progênies	Herdabilidade h^2			Erro Padrão
	Mínima	Media	Máxima	
30	-0,558624	0,482348	0,792010	0,024018
40	-0,240135	0,486295	0,788464	0,016244
50	0,012836	0,491835	0,740647	0,011375
60	-0,155764	0,493483	0,724756	0,008751
70	0,032491	0,494114	0,703966	0,006999
80	0,073172	0,496377	0,713148	0,005494
90	0,143951	0,496355	0,683040	0,004504
100	0,175766	0,498328	0,677191	0,003667
110	0,223305	0,499428	0,646965	0,002824
120	0,283118	0,499611	0,633099	0,002318
130	0,313599	0,498829	0,638176	0,001779
140	0,335853	0,500289	0,610823	0,001392
150	0,366001	0,498870	0,586654	0,001086
160	0,400750	0,499889	0,569139	0,000767
163	0,455006	0,500114	0,544900	0,000680

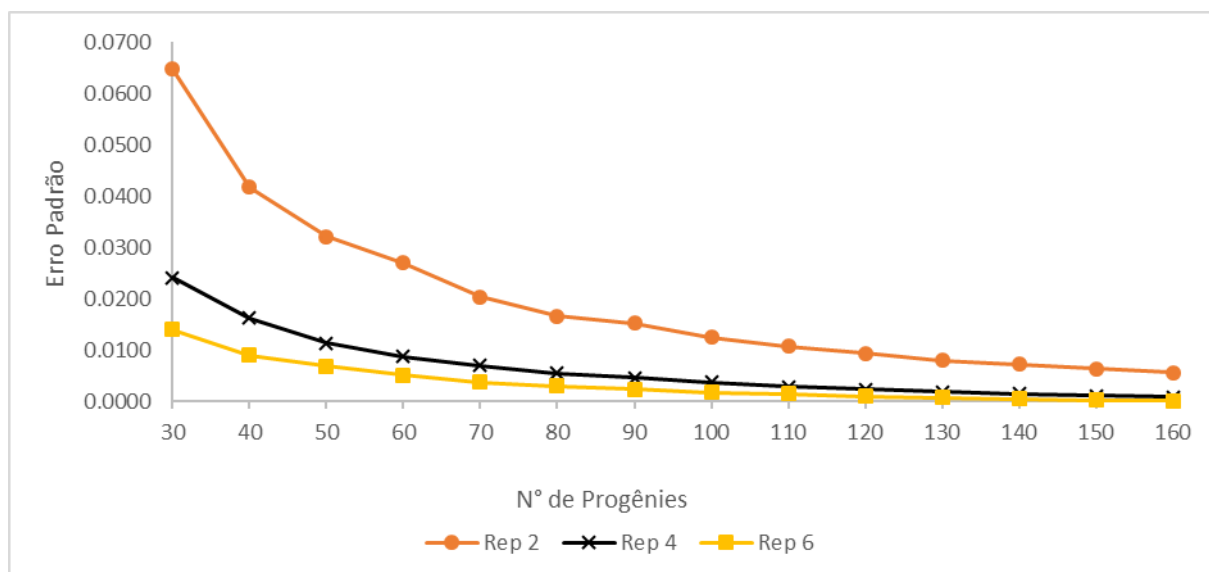
Fonte: Do autor (2017).

Tabela 12 - Estimativas de herdabilidade no sentido amplo (mínima, média e máxima) e erro padrão, da produtividade de espigas despalhadas (Kg/parcela), obtidas em experimentos simulados com seis repetições para diferentes números de progênies, Lavras-MG/UFLA.

Número de progênies	Herdabilidade h^2			Erro Padrão
	Mínima	Media	Máxima	
30	-0,255826	0,585914	0,846172	0,013929
40	0,040501	0,590794	0,806711	0,008912
50	0,166902	0,592644	0,779370	0,006823
60	0,184926	0,594736	0,778044	0,005047
70	0,263513	0,596549	0,746830	0,003739
80	0,331721	0,597323	0,734248	0,002941
90	0,370291	0,597581	0,720924	0,002289
100	0,367710	0,597571	0,706387	0,001731
110	0,424102	0,598914	0,721215	0,001379
120	0,448994	0,599658	0,698948	0,000966
130	0,463219	0,599725	0,676178	0,000680
140	0,489726	0,600247	0,657858	0,000439
150	0,527060	0,600387	0,639682	0,000224
160	0,552934	0,600290	0,622140	0,000051
163	0,600543	0,600543	0,600543	0,000000

Fonte: Do autor (2017).

Figura 4 - Estimativas do erro padrão das herdabilidades do caráter produtividade de espigas despalhadas (Kg/parcela), obtidas em experimentos simulados para diferentes números de progênes e de repetições, Lavras-MG/UFLA.



Fonte: Do autor (2017).

De modo geral, é observada uma estabilização das estimativas. As variâncias fenotípicas, genéticas e as herdabilidades ao nível de médias comportaram-se de maneira similar. As amplitudes associadas se apresentaram muito elevadas nas amostras pequenas, ao passo que, com o aumento do número de progênes avaliadas, as amplitudes diminuem consideravelmente. Assim, os parâmetros estudados oscilaram mais com menores números de progênes, enquanto que com maiores números, a partir de 100 progênes, as estimativas mostram uma tendência a estabilizarem. Igualmente, também é apreciável que as estimativas variaram pouco com 4 e 6 repetições, sendo questionável o uso de um número elevado de repetições por demandarem mais trabalho e material genético.

Observações encontradas na literatura apoiam os resultados obtidos neste trabalho. Assim, alguns autores demonstraram que o uso de um número de repetições maior que três, com o intuito de melhorar a precisão experimental deve ser visto com cautela. Os ganhos em precisão experimental, a partir de três repetições, devem ser confrontados com o aumento dos custos e de mão de obra, que resultariam no aumento do número de repetições em ensaios de avaliação (CATAPATTI et al., 2008; CARGNELUTTI FILHO et al., 2012; CARGNELUTTI FILHO; STORCK; GUADAGNIN, 2010).

Cargnelutti Filho, Storck e Guadagnin (2010), demonstraram que, considerando um valor médio para o coeficiente de repetitividade, é possível identificar cultivares superiores,

em relação à produtividade de grãos, com precisão de 81%, com quatro repetições. Já Catapatti et al. (2008), observaram que o número de repetições influenciou sobre diferenças significativas entre médias de genótipos para vários caracteres inclusive para produtividade de grãos, sendo maior quando foram utilizadas mais de quatro repetições. Cargnelutti Filho et al. (2012), avaliando medidas de precisão experimental e número de repetições em ensaios de genótipos de cana-de-açúcar, mencionaram que é possível identificar genótipos superiores, em relação à produtividade de colmos, com precisão de 80, 84 e 87%, em ensaios com três, quatro e cinco repetições, respectivamente, e que os ganhos menores e inexpressivos em precisão são obtidos a partir de cinco repetições.

Em milho diversos estudos com diversos tipos de progênes têm apontado para um tamanho genético, ou tamanho efetivo populacional (N_e). Progênes de irmãos germanos, de meios-irmãos e de S_1 representam, respectivamente, dois, quatro e um genótipos da população. Assim, deve-se ter um mínimo de 50 progênes de meios-irmãos, de 100 progênes de irmãos germanos e 200 progênes S_1 (SOUZA JUNIOR, 2001). Pinto et al. (2000), estimaram um número apropriado de progênes S_1 para a seleção recorrente em milho. Os autores observaram que em todos os caracteres analisados, os parâmetros estudados oscilaram mais nas amostras pequenas, enquanto, nas amostras maiores, as estimativas se estabilizaram, isso ao redor de 175 a 200 progênes. Ferreira et al. (2000), utilizaram o desempenho médio de diferentes tipos de famílias de feijão para estudar via simulação as implicações de diferentes números de famílias no processo seletivo. Constataram que com a utilização de um número de famílias inferior a 100 a probabilidade de sucesso com a seleção é reduzida.

Contudo se sabe que esquemas que utilizam progênes de irmãos germanos como unidade de seleção e progênes S_1 para recombinação, demandam mais trabalho por serem necessárias a realização de autofecundações e cruzamentos simultâneos. É de importância que a decisão sobre o número de progênes a serem obtidos e avaliados representem a variabilidade genética da população e a intensidade de seleção a ser utilizada. Com isso, os resultados expostos, neste trabalho, mostram que é possível a utilização de um maior número de repetições em detrimento do uso elevado de números de progênes. Assim, com um maior número de repetições, ocorre uma redução da variância fenotípica, contribuindo para o aumento do coeficiente de herdabilidade, o que, conseqüentemente, induzirá maiores progressos genéticos com seleção.

5 CONCLUSÕES

Os resultados obtidos neste estudo demonstram que:

- Após seis ciclos de SRR, existe variância genética com potencial para manter os progressos no ganho com a seleção.
- As estimativas estudadas oscilam menos em relação a suas amplitudes, a partir de um número de 100 progênies e quando se utilizam 4 e 6 repetições.

REFERÊNCIAS

- ABREU, G. B. et al. Computer Simulation for the Evaluation of Recombination Strategies in Intrapopulation Recurrent Selection in Eucalyptus. **Silvae genetica**, v. 62, n. 1/2, p. 68–79, 2013.
- ABREU, G. B. et al. Strategies to improve mass selection in maize. **Maydica**, v. 55, n. 3/4, p. 219–255, 2010.
- ALVES, N. B. **Avaliação de progênies do quinto ciclo de seleção recorrente recíproca em milho**. 57 p. Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2014.
- BERNARDO, R.; MOREAU, L.; CHARCOSSET, A. Number and fitness in recurrent selection. **Crop Science**. 46:1972–1980. 2006.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2nd ed. Woodbury: Stemma, 2010. 390 p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. rev. amp. Viçosa: UFV, 2013. 523 p.
- BOSCO, J. dos S. Emprego de marcadores moleculares no melhoramento de plantas. **Anais do Simpósio sobre Marcadores Moleculares no Melhoramento de Plantas**. Lavras: UFLA, 2002.
- CATAPATTI, T. R.; GONÇALVES, M.; SILVA NETO, R.; SOBROZA, R. Tamanho de amostra e número de repetições para avaliação de caracteres agronômicos em milho-pipoca. **Ciência e Agrotecnologia**, v.32, p. 855-862, 2008.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; GUADAGNIN, J. P. Número de repetições para a comparação de cultivares de milho. **Ciência Rural**, v. 41, n. 11, p. 1890–1898, 2010.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; BRAGA JUNIOR, R. L. D. C.; LÚCIO, A. D. C. Measurements of experimental precision and number of replicates in sugarcane genotype trials. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47 n.10, oct. 2012
- CRUZ, C. D. A informática no melhoramento genético. In: NASS, L. et al. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 1085-1118.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v.1, 3 ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2004. 480p.
- CUNHA, K. S. et al. Full-sib reciprocal recurrent selection in the maize populations Cimmyt and Piranão. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 11, n. 3, p. 3398-3408, 2012.
- EMYGDIO, B. M.; SILVA, S. D. dos A.; PORTO, M. P.; TEIXEIRA, M. C. C.; OLIVEIRA, A. C. B. de. Fenologia e características agronômicas de variedades de milho recomendadas para o RS. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2008. 18p. (Embrapa Clima Temperado. Circular Técnica, 74).

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 3rd ed. New York: Longman, 1989. 340p.

FERNANDES, S. B. **Estratégias para melhorar a eficiência da seleção em progênes de meios irmãos por meio de simulação**. 168 p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2016.

FOUILLOUX, G.; BANNEROT, H. Selection methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: GEPTS, P. (Ed.). **Genetic resources of *Phaseolus bean***. Dordrecht: Klüner Academic, 1988. 611 p.

FERREIRA, D. F. Uso da simulação no melhoramento. In: NASS, L. L. et al. (Ed.) **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis/MT: Fundação- MT, 2001, p. 1119-1141.

FERREIRA, W. D. et al. Family number in common bean selection. **Genetics and Molecular Biology**, v. 23, n. 2, p. 403–409, jun 2000.

FRITSCH NETO, R.; VIEIRA, R. A.; SCAPIM, C. A.; MIRANDA, G. V.; REZENDE, L. M. Actualización de la clasificación de los coeficientes de variación de los experimentos de maíz. **Acta Scientiarum. Agronomia**, 34: 99-101. 2012.

GABRIEL, A. P. C. **Seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos completos em milho comum (*Zea mays* L.) monitorada por marcadores moleculares: avanço de gerações e avaliação do progresso genético**. 103 p. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes, 2009.

GURGEL, F. L. **Simulação computacional no melhoramento genético de plantas**. 187 p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2004.

KNAPP, S. J.; STROUP, W. W.; ROSS, W. M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v. 25, p. 192-194, Jan. 1985.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J. Recurrent selection methods to improve germplasm in maize. **Maydica**, v. 57, p. 266–283, 2012.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. 3. ed. New York: Springer, 2010. v. 6. 663 p.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J. Maize breeding. In: **Handbook of Plant Breeding: Cereals**, M. J. Carena (Ed.), pp. 3–98. New York: Springer, 2010.

LEITE, M. S. O. et al. Sample size for full-sib family evaluation in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, p. 1562-1574, dez. 2009.

NUNES, J. A. R.; RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F. Inclusion of genetic relationship information in the pedigree selection method using mixed models. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 31, p. 73-78, 2008.

MORGAN, B. J. T. **Elements of simulation**. London: Chapman & Hall, 1995. 351 p.

MIRANDA, G.V.; SOUZA, L.V.; GALVÃO, J.C.C.; GUIMARÃES, L. J. M.; MELO, A.V.; SANTOS, I. C. Genetic variability, and heterotic groups of Brazilian popcorn populations. **Euphytica**: DOI 10.1007/s10681-007-959-9. 2008.

MELO, D. **Número ideal de genitores para a geração de populações sintéticas em eucalipto via simulação**. 81 p. Tese (Doutorado) Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.

PALOMINO, E.; RAMALHO, M.; FERREIRA, D. F. Tamanho de amostra para avaliação de famílias de meios-irmãos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 7, p. 1433–1439, 2000.

PEÑA, D. Deducción de distribuciones: el método de Monte Carlo, en Fundamentos de Estadística. In: Alianza (Ed.) Madrid. 2001.

PINTO, R.J.B. **Introdução ao melhoramento genético de plantas**. Maringá. 1995. 275p.

PINTO, R. M.; LIMA NETO, F. P.; SOUZA JUNIOR, C. L. Estimativa do número apropriado de progênies S1 para seleção recorrente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.1, p.63-73, 2000.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística Experimental**. 15. Ed. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451 p.

R Core Team. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. Vienna, Austria, 2014. Disponível em: <http://www.R-project.org/i>.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C.de. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 3. Ed. Lavras: UFLA, 2012. 328 p.

RAPOSO, F. V.; RAMALHO, M. A. P. Componentes de variância genética de populações derivadas de híbridos simples de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 3, n. 3, p. 402-413, set. /dez. 2004.

REIS, M. C. dos et al. Progresso genético com a seleção recorrente recíproca para híbridos interpopulacionais de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 12, p. 1667-1672, dez. 2009.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.37, p.182-194, 2007.

SANTOS, M. F.; AGUIAR, A. M.; FILHO, N. O. Efeitos da seleção recorrente recíproca em um programa de melhoramento de milho. **Anais do 2º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**. Porto Seguro, Bahia. 2003.

SANTOS, M. F. et al. Responses to selection and changes in combining ability after three cycles of a modified reciprocal recurrent selection in maize. **Euphytica**, Wageningen, v. 157, n. 1, p. 185-194, 2007.

SILVA, J. W. **Emprego da simulação na escolha do número de indivíduos no método “bulk” no melhoramento de plantas autógamas**. 59 p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2009.

SILVA FILHO, J. L. Optimizing the number of progenies and replications in plant breeding experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. 13: 151-157. 2013.

SOUZA JÚNIOR, C. L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L. et al. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 159-199.

SUN, X.; PENG, T.; MUMM, R. H. The role and basics of computer simulation in support of critical decisions in plant breeding. *Mol. Breed.* 28:421–436. 2011.

VIANA, J. M. S. Breeding strategies for recurrent selection of maize. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 10, p. 1383-1391, out. 2007.

XU, Y. Molecular plant breeding. **CABI**, Cambridge. 2010.