

TAMANHO DA AMOSTRA PARA AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS DE MILHO¹

EDWIN CAMACHO PALOMINO², MAGNO ANTÔNIO PATTO RAMALHO³ e DANIEL FURTADO FERREIRA⁴

RESUMO - Este trabalho teve como objetivo verificar o efeito do número de plantas por parcela na avaliação de famílias de meios-irmãos de milho. Para isso, 25 famílias da população CMS-39 foram avaliadas utilizando um látice 5 x 5 com duas repetições. Cada parcela era constituída por três linhas com 10 m de comprimento. Cada parcela foi subdividida em estratos de 1 m com cinco plantas; associando os estratos contíguos, foi possível obter número de plantas por parcela, que variou de 5 a 135. Utilizando esses diferentes tamanhos de parcelas, foram realizadas 270 análises de variância quanto ao caráter peso da espiga despalhada. A partir dessas análises, foram estimados os parâmetros genéticos e fenotípicos com os seus respectivos erros e simulando o ganho esperado com a seleção. Constatou-se que quanto maior o número de plantas, mais precisos foram os experimentos; as parcelas contendo o mesmo número de plantas, porém distribuídos em duas ou três linhas, propiciam maior precisão experimental; o ganho esperado com a seleção decresce com o aumento do número de plantas utilizadas, por parcela.

Termos para indexação: melhoramento de plantas, parcela, ganho genético, parâmetros genéticos, fenótipos, seleção.

SAMPLE SIZE FOR HALF-SIB FAMILY EVALUATION IN MAIZE

ABSTRACT - This work had the aim to verify the effect of the number of plants per plot in the evaluation of half-sib families. For that, 25 half-sib families of CMS-39 were evaluated with the experimental design being a simple lattice, 5 x 5, with two replications. Each plot was constituted by three lines with 10 m of length. Each plot was subdivided in sub-plots with five plants, being discarded extremities. Associating the contiguous sub-plots it was possible to simulate 270 variance analyses, with the number of plants per plot varying from 5 to 135. Genetic and phenotypic parameters were estimated with their respective errors. Expected selection response yield was also simulated for each sample size. In this simulation, it was verified that the number of plants per plot affected experimental precision. As larger was the number of plants, more accurate were the experiments; plots with the same number of plants, even so distributed in two or three lines, provide greater experimental precision. The selection expected response decreases with the increase in the number of plants per plot.

Index terms: plant breeding, plots, genetic gain, genetic parameters, phenotypes, selection.

INTRODUÇÃO

Entre os vários métodos de melhoramento intrapopulacional empregados na cultura do milho,

o que utiliza famílias de meios-irmãos é o mais utilizado, sobretudo pela facilidade de condução. Ele tem sido adotado tanto para a obtenção de cultivares mais produtivas que as existentes extintas, como também visando a extração de linhagens nos programas de milho híbrido.

Para que esse método seja eficiente, é necessário que as famílias sejam avaliadas com a maior precisão experimental. Essa maior precisão experimental é importante não só na decisão sobre quais famílias serão selecionadas, mas também nas estimativas fidedignas de parâmetros genéticos e fenotípicos que auxiliam os melhoristas na tomada de decisão.

¹ Aceito para publicação em 15 de julho de 1999.

² Eng. Agrôn., M.Sc., Dep. de Biologia, Universidade Federal de Lavras (UFLA), Caixa Postal 37, CEP 37200-000 Lavras, MG. Bolsista do CNPq.

³ Eng. Agrôn., Dr., Prof. Titular, Dep. de Biologia, UFLA. E-mail: magnoapr@ufla.br

⁴ Eng. Agrôn., Dr., Prof. Adjunto, Dep. de Ciências Exatas, UFLA. E-mail: danielff@ufla.br

Há vários fatores que afetam a precisão experimental, destacando-se a heterogeneidade do solo, do material genético e da condução da cultura (Le Clerg et al., 1962; Gomez & Gomez, 1984). Para atenuar essa heterogeneidade existem algumas alternativas, entre elas a escolha dos delineamentos experimentais, e a otimização do número de repetições e do tamanho das parcelas.

No caso do tamanho da parcela, é necessário utilizar um número de plantas que represente o tipo de família que está sendo avaliada. Isto porque, no erro experimental, além da variação ambiental entre parcelas, está incluída a variação ambiental e genética entre plantas dentro da parcela (Vencovsky, 1987). Se for utilizado um número restrito de plantas que não represente a família, esse fato também contribuirá para diminuir a precisão. Assim, a identificação do número mínimo de plantas de uma família de meios-irmãos de milho que possa representar e manter suas propriedades genéticas deve ser o ponto de partida, visando alternativas que possam ser utilizadas, sem sacrifício da precisão experimental. Embora o método de seleção com famílias de meios-irmãos seja amplamente utilizado, são escassas as informações sobre o número de plantas que represente esse tipo de famílias. Resende & Souza Júnior (1997), utilizando as estimativas dos componentes de variância, simularam o efeito do número de repetições e de plantas por parcela no ganho com a seleção. Verificaram que o máximo de ganho esperado com a seleção foi obtido com 20 a 25 plantas por parcela. Já Chaves (1985), utilizando parcelas de 1 m² e 5 m², chegou à conclusão de que o tamanho ideal das parcelas deveria ser de 3 m² a 4 m², isto é, 15 a 20 plantas/parcela. As informações obtidas nesses trabalhos foram úteis, mas foi utilizado um número restrito de variações do número de plantas por parcela. Seria importante confirmar esses resultados com base em uma amplitude maior de condições, e verificar o efeito do número de plantas na precisão das estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.

Este trabalho foi realizado visando verificar qual o número ideal de plantas para representar as famílias de meios-irmãos de milho.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas 25 famílias de meios-irmãos da população de milho CMS-39. Essa população, também deno-

minada de Composto Nacional, foi obtida pela Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo, com base no inter cruzamento de 55 materiais identificados como promissores nos ensaios nacionais em alguns anos (Arriel et al., 1993).

O experimento para a avaliação das famílias foi instalado em outubro de 1997 e conduzido na área experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA), localizada na região sul do Estado de Minas Gerais, a 910 m de altitude, 21°14' S de latitude e 45°0' W de longitude. O delineamento utilizado foi um látice 5 x 5 com duas repetições. A parcela experimental foi constituída por três linhas de 10 m, com cinco plantas por metro linear após o desbaste.

Por ocasião da tomada dos dados experimentais, em cada linha, desprezando-se duas plantas nas extremidades, foram obtidos estratos de 1 m de comprimento. Dessa forma, em cada linha foram obtidos nove estratos, ou seja, 27 amostras por parcela. Esses estratos foram numerados, identificando a linha e a sua posição na parcela. Considerando cada estrato, obteve-se a produção de espigas despalhadas.

Associando estratos contíguos, foi possível obter parcelas contendo de 5 a 135 plantas. Para isso, foi utilizada uma rotina específica no computador, que possibilitou efetuar as 270 análises de variância, ou seja, uma análise para cada um dos tamanhos das parcelas.

Considerando o número de plantas por parcela variando de 5 a 135 plantas, foram obtidas as estimativas da variância genética entre famílias ($\hat{\sigma}_G^2$), do coeficiente de variação genético (CVg) e da herdabilidade no sentido restrito para a seleção entre médias de famílias (h^2), de acordo com o procedimento adotado por Vencovsky & BARRIGA (1992). Estimou-se também o intervalo de confiança para herdabilidade, utilizando as expressões apresentadas por Knapp et al. (1985). Os intervalos de confiança para a variância genética foram obtidos a partir da estimativa da variância genética dada por:

$$\sigma_G^2 = \frac{QMProg - QMErro}{r}$$

em que, QMProg é o quadrado médio entre as famílias, QMErro é o quadrado médio do erro, e r é o número de repetições. Os limites inferiores (LI) e superiores (LS) do

$$\text{intervalo de confiança são dados por: } LI = \frac{GL \times \sigma_G^2}{\chi_{\frac{\alpha}{2}}^2};$$

$$LS = \frac{GL \times \sigma_G^2}{\chi_{1-\frac{\alpha}{2}}^2}$$

sendo que GL são os graus de liberdade associados ao componente da variância genética estimado, dados por Satterthwaite (Barbin, 1993), $\chi_{\frac{\alpha}{2}}^2$ e $\chi_{1-\frac{\alpha}{2}}^2$ são os quantis

superiores da distribuição de qui-quadrado $\alpha/2$ e $1-\alpha/2$, com $\alpha=5\%$ de probabilidade.

Para obtenção do intervalo de confiança para o coeficiente de variação genético (CVg), foram utilizadas as expressões apresentadas por Vangen (1996).

O tamanho ideal da amostra foi estimado pelo método da curvatura máxima (Lessman & Atkins, 1963), utilizando a expressão apresentada por Chaves (1985):

$$N_e = [a^2 b^2 (2b-1) / (b-2)]^{1/(2-2b)},$$

onde a e b são os coeficientes de regressão estimados a partir do ajuste do modelo apresentado por Chaves (1985), envolvendo o coeficiente de variação experimental e o número de plantas por parcela.

O ganho esperado com a seleção (GS_j) entre as famílias para os diferentes tamanhos de parcela foi obtido pela expressão:

$$GS_j = i_j \frac{\sigma_G^2}{\sqrt{\sigma_F^2}} = i_j h_j^2 \sigma_F,$$

sendo que:

i_j : diferencial de seleção estandardizado para o tamanho de parcela j. Para obter o valor de i_j , foram considerados experimentos sempre com duas repetições, contendo a mesma área experimental total de 2.600 m², ou seja, todos os experimentos com 13.000 plantas no total, e sendo mantidas 20 famílias após a seleção; h_j^2 : herdabilidade entre média de famílias (considerou-se a média das herdabilidades estimadas para um mesmo tamanho j de parcela); σ_G^2 : estimativa da variância genética (valor médio das estimativas de todas as parcelas com um mesmo tamanho (j)); σ_F^2 : desvio padrão fenotípico entre médias das famílias. De modo análogo, consideraram-se as médias das estimativas do desvio fenotípico obtidas para um mesmo tamanho j de parcela.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na maioria dos trabalhos a respeito de tamanho de parcela, o parâmetro mais utilizado como referência é o coeficiente de variação ambiental (CVe), que avalia a precisão experimental. O CVe na média das 270 análises realizadas foi de 14,1%, valor esse que é ligeiramente inferior ao relatado no levantamento realizado por Vencovsky et al. (1988), e Scapin et al. (1995). Ficou evidente que o número de plantas, ou seja, o tamanho da parcela, afeta a precisão experimental, desde que variou de 22,2%, quando foram

utilizadas cinco plantas a 8,8% com 135 plantas/parcela (Tabela 1). Chaves (1985) relatou resultados semelhantes, embora com amplitude de variação menor. Esses resultados confirmam a observação de Le Clerg et al. (1962) e Gomez & Gomez (1984), que colocam, entre os fatores que mais afetam a precisão experimental, o tamanho das parcelas.

O quadrado médio do erro experimental, além da variância do erro (σ_e^2) entre as parcelas, contém também a variância fenotípica dentro das parcelas (σ_d^2). Por sua vez, σ_d^2 envolve, além da variância ambiental entre plantas dentro das parcelas (σ_w^2), a variância genética (σ_{Gd}^2) (Vencovsky & Barriga,

TABELA 1. Médias e limites inferior (LI) e superior (LS) do coeficiente de variação experimental (CVe%) e herdabilidade (h²), nas médias das famílias, do caráter produção de espigas em diferentes tamanhos de amostras.

Amostra	CVe(%)			h ² (%)		
	LI	Média	LS	LI	Média	LS
5	12,4	22,2	25,3	-66,0	34,6	73,8
10	10,5	17,0	21,5	-47,9	41,4	76,6
15	9,6	14,9	19,6	-37,4	45,7	78,3
20	9,1	13,9	18,6	-35,2	46,9	78,6
25	9,1	13,8	18,5	-38,7	46,2	78,1
30	8,2	12,1	16,7	-16,8	54,5	81,5
35	8,4	12,5	17,1	-24,2	51,7	80,4
40	7,9	11,6	16,1	-11,9	57,2	82,3
45	7,6	11,1	15,5	-12,4	58,4	82,2
50	7,3	10,6	14,9	3,0	62,9	84,7
60	7,0	10,1	14,3	6,0	63,6	85,1
70	6,8	9,9	14,0	11,9	66,3	86,1
75	6,8	9,7	13,8	4,6	63,6	84,9
80	6,8	9,8	13,9	10,4	65,7	85,8
90	6,6	9,5	13,6	10,1	66,2	85,8
105	6,3	9,0	12,9	13,8	67,1	86,4
120	6,2	8,9	12,7	14,7	67,5	86,5
135	6,2	8,8	12,6	18,1	68,8	87,1

1992). Assim, a contribuição da σ_d^2 para o erro varia com o tipo de material avaliado. No caso de famílias de meios-irmãos, essa contribuição é grande, pois dentro das famílias ocorrem 75% da variância genética aditiva e toda a variância de dominância. Esse fato explica pelo menos em parte as alterações nas estimativas do CVe, obtidas neste trabalho, com a variação no número de plantas por parcela.

Embora não fosse objetivo deste trabalho verificar o efeito da forma das parcelas, foi evidenciado que a precisão experimental foi sempre maior quando se consideraram parcelas com duas ou três linhas, ao invés de uma (Tabela 2). Isso ocorre em face da diferença na competição intergenotípica. Esse efeito da competição intergenotípica pode ser atenuado com o uso de parcelas contendo mais de uma linha (Fehr, 1987). Assim, se forem utilizadas duas linhas, a diferença da competição intergenotípica é reduzida de 50%, e, no caso de três linhas, em 66%. Todos os experimentos de avaliação de famílias de meios-irmãos de milho no Brasil sempre utilizaram parcelas de uma linha. Seria importante, no futuro, utilizar mais de uma linha. Por exemplo, se for adotada parcela com 20 plantas, seria oportuno colocá-las em duas linhas de 2 m de comprimento, dez plantas por linha, ao invés de uma única linha de 4 m.

Utilizando o método da curvatura máxima, foi estimado que o número ideal de plantas seria de 9,6 (Fig. 1), valor ligeiramente inferior aos encontrados por Chaves (1985), que encontrou um valor de 3,6 m², ou seja 17,9 plantas/parcela. Já Storck & Uitdewilligen (1980), utilizando híbrido duplo, considerando o caráter produtividade de grãos, obteve 4,9 m², ou seja, 24,5 plantas/parcela. Os resultados obtidos no presente trabalho, pelo menos a princípio, apontam ser possível utilizar um menor número de plantas, do que o normalmente empregado nos experimentos utilizando famílias de meios-irmãos.

A herdabilidade aumentou com o incremento no número de plantas por parcela (Fig. 2). Esse resultado era esperado, pois quanto maior a precisão experimental, menor a estimativa do CVe; a contribuição da variância do erro para a variância fenotípica entre as famílias diminuiu, e assim a herdabilidade aumenta. A estimativa da h^2 média obtida neste trabalho para a produção de espigas (49,3%) é superior à normal-

TABELA 2. Estimativas dos coeficientes de variação experimental (CVe) e genético (CVg), herdabilidade (h^2), nas médias de famílias, e variância genética entre famílias ($\hat{\sigma}_G^2$) do caráter produção de espigas, considerando a média dos diferentes tamanhos das parcelas e diferentes arranjos das linhas.

Número de plantas/parcela	Linhas	CVe	CVg	h^2	$\hat{\sigma}_G^2$
5	A	22,0	7,1	28,0	7401,0
	B	21,9	13,2	43,1	10976,7
	C	22,8	10,3	32,7	8107,1
10	A	17,4	7,7	29,9	5914,4
	B	17,6	10,9	44,0	7163,2
	C	18,2	8,1	31,7	4678,5
15	A	15,4	7,2	31,6	4788,2
	B	15,7	11,0	50,0	7091,2
	C	16,1	8,4	37,2	4099,9
20	A	14,3	8,3	38,1	4493,4
	B	14,7	10,7	51,6	6601,6
	C	15,0	8,1	38,3	3786,5
25	A	13,4	8,7	44,0	4594,8
	B	13,7	10,6	54,4	6377,8
	C	14,4	8,1	40,1	3728,0
30	A	12,6	8,7	48,1	4480,4
	B	13,0	10,9	58,6	6805,8
	C	13,5	8,0	41,1	3613,6
35	A	11,9	8,9	52,6	4571,0
	B	12,4	10,9	60,6	6818,2
	C	13,3	8,0	41,9	3627,2
40	A	11,2	9,2	57,0	4833,2
	B	12,3	10,7	60,2	6643,9
	C	12,9	8,0	43,6	3674,2
45	A	10,9	9,8	62,2	5685,0
	B	11,8	10,8	62,6	6914,0
	C	12,5	8,1	45,8	3831,5
10	AB	16,0	11,3	49,2	8123,0
	BC	16,5	10,8	46,1	7091,3
20	AB	13,1	10,3	53,9	6480,0
	BC	13,3	9,2	48,5	4856,5
30	AB	11,7	10,4	60,8	6299,0
	BC	11,6	9,5	56,9	5119,3
40	AB	11,2	10,2	62,0	5953,5
	BC	10,9	9,4	59,5	5055,0
50	AB	10,7	10,2	64,4	5932,4
	BC	10,5	9,4	61,5	4996,3
60	AB	10,2	10,2	66,7	5976,2
	BC	10,0	9,6	64,7	5207,6

Continua...

TABELA 2. Continuação.

Número de plantas/ parcela	Linhas	CVe	CVg	h ²	$\hat{\sigma}_G^2$
70	AB	9,8	10,2	68,2	5907,5
	BC	9,9	9,5	64,4	5112,7
80	AB	9,6	10,0	68,5	5823,5
	BC	10,0	9,3	63,0	4926,4
90	AB	9,5	10,3	70,1	6213,2
	BC	9,9	9,2	63,3	4973,5
15	ABC	14,0	10,3	51,9	6444,3
30	ABC	11,6	9,2	55,5	4953,9
45	ABC	10,5	9,1	59,9	4750,2
60	ABC	10,1	9,1	61,6	4653,6
75	ABC	9,7	9,1	63,6	4698,0
90	ABC	9,3	9,1	65,8	4729,8
105	ABC	9,0	9,1	67,1	4724,3
120	ABC	8,9	9,0	67,5	4689,5
135	ABC	8,8	9,2	68,8	4971,8

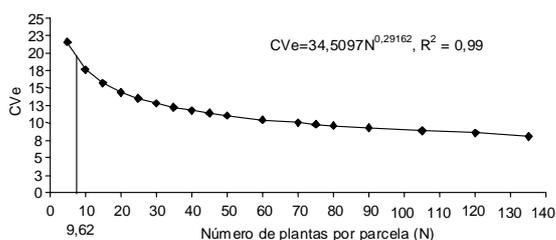
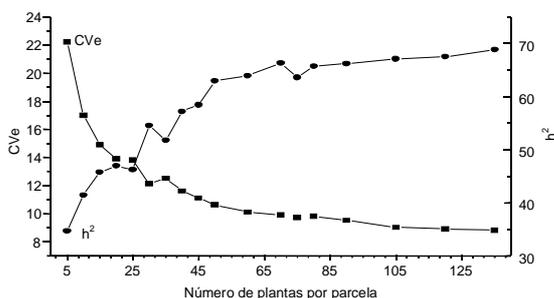


FIG. 1. Relação entre o coeficiente de variação experimental (CVe) do caráter produção de espigas e tamanho da amostra.

FIG. 2. Estimativas do coeficiente de variação experimental (CVe%) e herdabilidade (h²), nas médias das famílias, do caráter produção de espigas, considerando diferentes números de plantas por amostra. Lavras, UFLA, 1997/98.

mente relatada na literatura quanto a esse caráter, na mesma população (Aguilar et al., 1989; Arriel et al., 1993; Pacheco et al., 1998). Vale salientar que a precisão experimental obtida neste trabalho foi ligeiramente superior à relatada na literatura, sendo provavelmente essa uma das razões para a maior estimativa da h².

Como já foi mencionado, um aspecto importante em uma estimativa é o seu intervalo de confiança. Verificou-se que, com parcelas pequenas, as estimativas da amplitude dos mesmos foi muito maior, aumentando a chance de serem obtidos valores nulos (Tabela 1). Assim, quanto menor o número de plantas nas parcelas, menor é a confiabilidade da estimativa obtida, e dificulta as inferências a serem feitas a respeito do potencial da população para a seleção recorrente.

O progresso esperado com a seleção entre as famílias foi crescente com a diminuição do número de plantas por parcela. Isso ocorreu porque o número total de plantas avaliadas foi fixado. Assim, quanto menor for a parcela, maior será o número de famílias que podem ser avaliadas; e maior é a intensidade de seleção aplicada; haja vista que foi considerado também um número fixo de 20 famílias selecionadas, e em conseqüência, maior é o valor da intensidade de seleção padronizada (i) (Tabela 3). Constatou-se, com cada acréscimo de uma planta, que na parcela o ganho com a seleção reduziu em 0,06% (Fig. 3). Utilizando simulações com base nos componentes da variância, Resende & Souza Júnior (1997) encontraram resultados contraditórios a esses, pois constataram que tanto para o solo fértil como para o de cerrado, o aumento no número de plantas por parcela acarretou incremento no ganho. Salientaram, contudo, que esse incremento só foi expressivo até 20 a 25 plantas por parcela. Também Chaves (1985) constatou que os maiores ganhos foram obtidos quando se utilizaram parcelas com 3 m² a 4 m², 15 a 20 plantas por parcela.

Utilizando menor número de plantas por parcela, haveria a possibilidade de se utilizar maior número de repetições, melhorando a precisão das estimativas dos parâmetros. Esse fato, associado à possibilidade de avaliar maior número de famílias, contribuiria para maiores ganhos com a seleção, como já comentado. Considerando, contudo, a maior dificuldade

TABELA 3. Ganho esperado com a seleção (GS) em g/m² e em porcentagem da média do caráter produção de espigas, em diferentes tamanhos das amostras¹.

Número de plantas/parcela	Número de famílias avaliadas	P (%)	i	h ²	$\sigma_{\bar{F}}^2$	GS (g/m ²)	GS (% da média)
5	1300	1,5	2,525	34,6	152,6	133,3	17,6
10	650	3,1	2,255	41,4	123,1	115,0	15,2
15	433	4,6	2,097	45,7	111,2	106,6	14,1
20	325	6,2	1,971	46,9	104,8	96,9	12,8
25	260	7,7	1,876	46,2	101,9	88,3	11,7
30	217	9,2	1,794	54,5	97,2	95,1	12,6
35	186	10,8	1,718	51,7	97,5	86,6	11,4
40	163	12,3	1,655	57,2	95,7	90,6	12,0
45	144	13,8	1,597	58,4	93,3	87,0	11,5
50	130	15,4	1,541	62,9	93,1	90,3	11,9
60	108	18,5	1,443	63,6	89,5	82,2	10,9
70	93	21,5	1,359	66,3	91,1	82,1	10,8
75	87	23,1	1,318	63,6	85,9	72,0	9,5
80	81	24,6	1,281	65,7	90,3	76,1	10,1
90	72	27,7	1,209	66,2	88,1	70,6	9,3
105	62	32,3	1,111	67,1	83,9	62,6	8,3
120	54	36,9	1,022	67,5	83,3	57,5	7,6
135	48	41,5	0,936	68,8	85,0	54,7	7,2

¹ P: proporção de famílias selecionadas; i: intensidade de seleção; h²: herdabilidade no sentido restrito para a seleção entre médias de famílias; $\sigma_{\bar{F}}^2$: desvio padrão fenotípico entre médias das famílias.

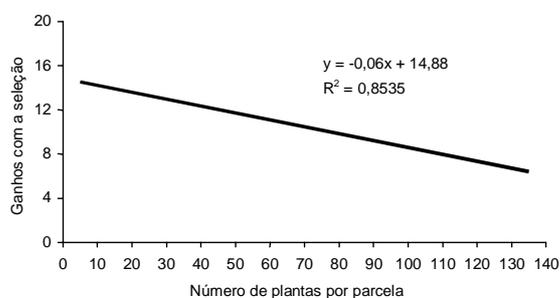


FIG. 3. Equação de regressão linear entre o ganho esperado com a seleção (%) e o número de plantas por parcela, do caráter produção de espigas.

de no manejo de parcelas muito pequenas, e diante do menor intervalo de confiança dos parâmetros genéticos e fenotípicos, em comparação com o obtido ao usar o número de plantas indicado pelo método da curvatura máxima, o ideal é utilizar parcelas com 20 a 25 plantas, de preferência distribuídas em duas linhas.

CONCLUSÕES

1. O número de plantas por parcela afeta a precisão experimental.
2. O mesmo número de plantas distribuído em duas ou três linhas propicia maior precisão experimental que distribuído em uma linha.
3. O ganho esperado com a seleção decresce com o aumento no número de plantas utilizadas por parcela.

REFERÊNCIAS

- AGUIAR, P.A. de; RAMALHO, M.A.P.; MAGNAVACA, R.; ANDRADE, M.A. de. Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambiente. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.24, n.6, p.727-732, jun. 1989.
- ARRIEL, E.F.; PACHECO, C.A.P.; RAMALHO, M.A.P. Avaliação de famílias de meios-irmãos da população

- de milho CMS-39 em duas densidades de semeadura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.28, n.7, p.849-854, jul. 1993.
- BARBIN, D. Variância de estimativas de componentes de variância. In: _____. **Componentes de variância**. Piracicaba : ESALQ, 1993. p.39-48.
- CHAVES, L.J. **Tamanho da parcela para seleção de progênies de milho (*Zea mays*)**. Piracicaba : ESALQ, 1985. 148p. Tese de Doutorado.
- FEHR, W.R. **Principles of cultivar development**. New York : Macmillan, 1987. 736p.
- GOMEZ, K.A.; GOMEZ, A.A. **Statistical procedures for agricultural research**. 2.ed. New York : J. Wiley, 1984. 680p.
- 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.
- LE CLERG, E.L.; LEONARD, W.H.; CLARK, A.G. **Field plot technique**. Minneapolis : Burgess, 1962. 373p.
- LESSMAN, K.J.; ATKINS, R.E. Optimum plot size and relative efficiency of lattice designs for grain sorghum yield tests. **Crop Science**, Madison, v.3, p.477-481, Nov. 1963.
- PACHECO, C.A.P.; RAMALHO, M.A.P.; MAGNAVACA, R. Interação genótipos x ambientes na avaliação de progênies de meios-irmãos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.4, p.433-439, abr. 1998.
- RESENDE, M.D.V. de; SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Seleção de genótipos de milho (*Zea mays*, L.) em solos contrastantes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.32, n.8, p.781-788, ago. 1997.
- SCAPIN, C.A.; CARVALHO, C.G.P. de; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.5, p.683-686, maio 1995.
- STORCK, L.; UITDEWILLIGEN, W.P.M. Estimativa para tamanho e forma de parcela e número de repetições para experimentos com milho (*Zea mays*, L.). **Agronomia Sulriograndense**, Porto Alegre, v.19, n.2, p.269-282, 1980.
- VANGEN, M.G. Confidence interval for a normal coefficient of variation. **American Statistician**, Alexandria, v.50, n.1, p.21-26, Feb. 1996.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATTERNIANI, E.; VIEGAS, E.G. **Melhoramento e produção de milho**. 2.ed. Campinas : Fundação Cargill, 1987. p.137-214.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto : Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.
- VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J.B.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., 1987, Raleigh. **Proceedings**. Sunderland : Sinauer Associates, 1988. p.465-477.