MAURO SERGIO DE OLIVEIRA LEITE

TAMANHO DA AMOSTRA PARA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae.*

VIÇOSA

MINAS GERAIS – BRASIL

2007

Livros Grátis

http://www.livrosgratis.com.br

Milhares de livros grátis para download.

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e Classificação da Biblioteca Central da UFV

T

L533t
2007

Leite, Mauro Sergio de Oliveira, 1981-
Tamanho da amostra para seleção de famílias de cana-de-açúcar / Mauro Sergio de Oliveira Leite – Viçosa, MG, 2007.
xi, 51f. : il. (algumas col.); 29cm.

Orientador: Luiz Alexandre Peternelli.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f. 47-51.

1. Cana-de-açúcar - Melhoramento genético. 2. Cana-de-açúcar - Seleção. 3. Amostragem (Estatística). 4. Simulação (Computadores). 5. Genética quantitativa. I. Universidade Federal de Viçosa. II.Título.

CDD 22.ed. 633.612

MAURO SERGIO DE OLIVEIRA LEITE

TAMANHO DA AMOSTRA PARA SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de Magister Scientiae

APROVADA: 16 de março de 2007

Prof. Márcio Henrique Pereira Barbosa
(Co-Orientador)

Prof. Cosme Damião Cruz
(Co-Orientador)

Prof. Derly José Henriques da Silva

Prof. Sebastião Martins Filho

Prof. Luiz Alexandre Peternelli
(Orientador)

Ao meu bom e velho amigo Jesus, que sempre me amparou nas horas mais difíceis e participou das minhas maiores vitórias; e a Deus, por me olhar sempre com um amor incondicional!

...pela alegria plena dos pequenos rasantes,
tenho certeza de que nasci pra voar...
Nas mãos de Deus posso voar alto!

AGRADECIMENTOS

A Deus, por me impulsionar e acreditar sempre que eu sou capaz, não importa a situação.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento que, além da formação e de todo o conhecimento acadêmico, me proporcionaram crescimento pessoal e um ótimo ambiente de convívio.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudo que tanto nos ajuda.

Ao professor Luiz Alexandre Peternelli, pelo exemplo de responsabilidade e ética profissional, pela grande confiança em meu trabalho e na minha capacidade, por toda a amizade compartilhada nesses bons anos de convivência, pela paciência com os meus erros e pela empolgação com os meus acertos, pela ótima orientação e pelo exemplo pessoal, a minha maior gratidão.

Ao professor Márcio Henrique Pereira Barbosa, por acreditar sempre em meu trabalho e investir nele, pela oportunidade de participar do Programa de Melhoramento da Cana-de-açúcar da UFV, pela amizade, incentivo profissional e por todas as idéias.

Ao professor Paulo Roberto Cecon, por toda a ajuda essencial no decorrer deste trabalho, pela grande amizade e pelo exemplo profissional.

Aos professores da Estatística: Fabyano, Sebastião, Policarpo e Carlos Henrique, pela formação em estatística adquirida nos momentos de discussão sobre a tese no corredor, o meu mais sincero agradecimento.

Ao professor Cosme Damião Cruz, pelo aconselhamento e pela disponibilidade em sempre me atender quando preciso.

Aos meus queridos e grandes pais, Maria Emília e Sérgio Henrique, por me ensinarem a ser corajoso e a enfrentar as situações da vida com força, fé e principalmente alegria, pois na vida tudo passa, mas só o amor fica.

Ao meu grande irmão Paulo Henrique, por me ensinar sempre a alçar vôos cada vez mais altos, e por me incentivar a querer crescer.

Ao Délio, Denilce, Odilon, Taís, Janaína, Aline, Brenão e Dudu, aos meninos do 1412, e à equipe de churrasco, pelo carinho, apoio, amizade e pelos bons momentos de descontração.

Em especial, ao Márcio Pupin, pela valiosa ajuda neste trabalho, pelo companheirismo e pela grande amizade compartilhada em alguns anos de convivência.

A todos os meus companheiros e ex-companheiros de república, aos amigos da capela, da RCC e a todos que aqui não estão citados.

A todos que partilharam comigo de mais esta etapa vitoriosa.

BIOGRAFIA

MAURO SERGIO DE OLIVEIRA LEITE, filho de Sérgio Henrique Muraro Leite e Maria Emília de Oliveira Leite, nasceu em Três Pontas, Minas Gerais, no dia 29 de setembro de 1981.

Em março de 2000, iniciou o curso de Agronomia na Universidade Federal de Viçosa, graduando-se em julho de 2005.

Em agosto do mesmo ano, iniciou o Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, em nível de Mestrado, tendo defendido a dissertação em 16 de março de 2007.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	viii
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REFERENCIAL TEÓRICO	4
2.1. Seleção em cana-de-açúcar	4
2.2. Tamanho da amostra experimental	6
2.3. Métodos para estimar o tamanho da amostra	8
3. MATERIAL E MÉTODOS	11
3.1. Obtenção dos dados e detalhes experimentais	11
3.2. Características Avaliadas	13
3.3. Procedimentos Estatísticos	14
3.3.1. Análise de Variância	14
3.3.2. Obtenção das amostras	16
3.3.3. Métodos para a determinação do tamanho da amostra ideal	16
3.4. Processamento Computacional	19
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	21
4.1. Caracterização da população	22

Página

4.2. Estudo das estimativas dos parâmetros..... 25
4.3. Método da Máxima Curvatura Modificado e Intensidade de Amostragem..... 40

5. CONCLUSÕES..... 45

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS..... 47

RESUMO

LEITE, Mauro Sergio de Oliveira, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, março de 2007. **Tamanho da amostra para seleção de famílias de cana-de-açúcar**. Orientador: Luiz Alexandre Peternelli. Co-Orientadores: Márcio Henrique Pereira Barbosa, Cosme Damião Cruz e Paulo Roberto Cecon.

Qualquer que seja a forma de avaliar um experimento de famílias em cana-de-açúcar, figura a questão do número de indivíduos necessários para representar a performance destas famílias. A avaliação do tamanho da amostra ideal para representar precisa e eficientemente a média, variância e outros parâmetros em famílias é necessária e tem sido pesquisada, contribuindo para a otimização dos recursos disponíveis nos programas de melhoramento. Existe certa divergência e falta de consistência nos resultados obtidos para o tamanho de amostra ótimo em cana-de-açúcar. Dado o exposto, objetivou-se neste estudo a determinação do número mínimo de plantas que deve ser amostrado em experimentos de famílias de cana-de-açúcar, para características relacionadas à produção, que possibilite, sem perda de eficácia, a estimação de alguns parâmetros utilizados como auxílio na seleção das famílias. Para tanto, foram utilizados dados de um experimento conduzido no Centro de Melhoramento da Cana-de-Açúcar (CECA) da Universidade Federal de Viçosa, sediado no município

de Oratórios – MG, montado no delineamento em blocos casualizados completos composto por 18 famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar em seis repetições e com informação individual de 20 plantas por parcela. Foi realizado um estudo de reamostragem com reposição, com posterior estimação de alguns parâmetros genéticos e fenotípicos. Também foram utilizados os métodos da Máxima Curvatura Modificado e da Intensidade de Amostragem. As estimativas do tamanho da amostra variaram de acordo com o parâmetro a ser estimado, de acordo com a variável a ser avaliada e de acordo com o método utilizado. O método da reamostragem permite uma comparação mais eficiente dos efeitos do tamanho da amostra na estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos, o que não acontece nos Métodos da Máxima Curvatura Modificado e da Intensidade de Amostragem. Uma amostra de 16 plantas por família seria suficiente para obter estimativas fidedignas de todos os parâmetros discutidos, para todas as variáveis consideradas. Porém, sendo possível desmembrar a amostragem por característica, uma amostra de 10 plantas por família possibilitaria a estimação bastante precisa dos parâmetros para a variável Brix.

ABSTRACT

LEITE, Mauro Sergio de Oliveira, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, march, 2007. **Sample size for sugarcane family selection**. Adviser: Luiz Alexandre Peternelli. Co-Advisers: Márcio Henrique Pereira Barbosa, Cosme Damião Cruz and Paulo Roberto Cecon.

Regardless the kind of method used to evaluate an experiment of sugarcane families, it remains the question of the number of necessary individuals to represent the performance of these families. The evaluation of the ideal sample size to represent with precision and efficiency the mean, variance and other parameters in families is necessary and has been study, contributing to the optimization of resources available in a breeding program. The literature shows certain divergence and lack of consistency on results obtained for the best sample size in sugarcane. In this context, the aim of this study was to determine the minimum number of plants that should be sampled in experiments of sugarcane families, for yield traits, which would allow an effective estimation of some parameters used to assist the family selection. Data from an experiment carried out at Sugarcane Breeding Center (CECA) at Universidade Federal de Viçosa, in the municipal district of Oratórios – MG, were utilized. The experiment was planned as a randomized complete blocks desing with 18 full-sib families of sugarcane in six repetitions and individual information of 20 plants per plot. It was carried out a study of

resampling with replacement, followed by an estimation of some genetic and phenotipic parameters. Also the Modified Maximum Curvature Method and Sampling Intensity Method were used. The estimates of sample size varied accordingly to the parameter being estimated, to the trait being evaluated and to the method being utilized. The resampling method allows for a more efficient comparison of the sample size effects on the estimation of the genetic and phenotipic parameters, when compared to the Modified Maximum Curvature and Sampling Intensity Methods. A sample of 16 plants per family would be sufficient to obtain good estimates of all the parameters discussed, for all the traits considered. However, in the circunstance of a separate sampling by trait, a sample of 10 plants per family would allow an efficient estimation of the parameters for Brix.

1. INTRODUÇÃO

O melhoramento genético da cana-de-açúcar baseia-se na seleção e clonagem de genótipos superiores de populações segregantes, obtidas por meio de cruzamentos entre indivíduos diferentes. Para maximizar a eficiência desse processo, são realizadas distintas etapas, envolvendo a escolha adequada dos genitores e a quantificação dos efeitos genéticos e ambientais na expressão de cada caráter sob seleção (MATSUOKA et al., 1999). A obtenção de clones altamente produtivos depende da detecção inicial de genitores que possam produzir progênies superiores e da posterior seleção dos melhores indivíduos dessas progênies.

Na tentativa de obter maior eficiência nos programas de melhoramento da cana-de-açúcar, uma nova etapa tem sido incorporada às fases iniciais. Essa etapa, chamada seleção de famílias, consiste em identificar cruzamentos superiores, dentre os vários cruzamentos testados, que serão utilizados para formar a população base sobre a qual se fará a seleção individual. Esta metodologia possibilita também o descarte de progênies inferiores já nas fases iniciais do programa (BASTOS, 2005).

Quando um caráter é controlado por vários genes, situação muito comum para a maioria das características de valor econômico, a

probabilidade de se associar a um indivíduo todos os alelos favoráveis é muito pequena. Várias pesquisas demonstraram que a combinação da seleção de famílias com seleção massal dentro das famílias selecionadas, na primeira fase de seleção dos programas de melhoramento, proporcionou maiores ganhos genéticos e maior freqüência de clones superiores (MCRAE et al., 1993; COX et al., 1996).

A seleção de famílias tem sido empregada rotineiramente em alguns programas de melhoramento da cana-de-açúcar de outros países (COX et al., 1996; BRESSIANI, 2001), sobretudo para os caracteres cuja herdabilidade baseada nas médias de famílias tem sido superior à herdabilidade com plantas individuais.

Entretanto, para que a seleção de famílias seja eficiente é necessário conduzir experimentos com boa precisão. Há vários fatores que afetam a precisão experimental, entre eles a heterogeneidade do solo, do material genético e do sistema de manejo (GÓMEZ e GÓMEZ, 1984). Para minimizar os efeitos da heterogeneidade do solo exis8

recursos para instalação e condução dos experimentos. Uma alternativa que contribuiria para não aumentar essas demandas seria a redução do tamanho das parcelas dos experimentos. No entanto, se o número de indivíduos amostrados para representar a família não for adequado, a precisão experimental será menor e, conseqüentemente, a obtenção de estimativas fidedignas de parâmetros genéticos e fenotípicos ficará comprometida.

Referente à cana-de-açúcar, verifica-se na literatura recomendações bastante variadas sobre qual deveria ser a amostra mínima representativa das propriedades genéticas das famílias. As sugestões variam de 14 a 500 plantas por família (WU et al., 1977; WU et al., 1978; MARIOTTI et al., 1981; PEIXOTO e RICCI, 1984; BARBOSA et al., 2001; LEITE et al., 2006). Estas sugestões de tamanhos de amostras variam em função do parâmetro a ser estimado, e também de acordo com o tipo de característica avaliada. Além destas diferentes recomendações, as metodologias empregadas para se estimar o tamanho da amostra ideal têm sido muito variadas.

Novos resultados de pesquisa a respeito do quanto é possível reduzir o tamanho da amostra nos ensaios de famílias seriam de grande importância. A economia em recursos, de forma geral, permitiria a avaliação de um maior número de famílias, ou também o teste das famílias em mais de um local. Com isso seria possível aumentar a população de clones levados às próximas etapas do programa, a probabilidade de seleção de clones superiores e, consequentemente, a eficiência de ganho nos programa de melhoramento de cana-de-açúcar.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. Seleção em Cana-de-açúcar

No melhoramento da cana-de-açúcar, o processo de desenvolvimento de novas variedades envolve o que se convencionaram denominar de fases T1, T2, T3, FE e FM, isto é, primeira, segunda e terceira fase de teste, fase experimental e fase de multiplicação clonal, respectivamente. A descrição metodológica empregada em cada fase pode ser encontrada de forma bem detalhada e explicada em Matsuoka et al. (1999) e em Barbosa e Silveira (2000). Cada programa tem estabelecido as melhores alternativas para conduzir o processo seletivo com base nos recursos disponíveis e nas particularidades do sistema de produção de cana nas regiões ou países (HOGARTH et al., 1997; MATSUOKA et al., 1999; COPERSUCAR, 2000; BARBOSA e SILVEIRA, 2000).

Nas etapas iniciais dos programas são realizados muitos novos cruzamentos, cujas sementes constituirão famílias a serem avaliadas sobre o potencial de fornecer clones promissores. Tem sido relatado pelo Programa de Melhoramento da cana-de-açúcar da Austrália situado em Queensland (Bureau of sugar experiment stations - BSES) que o número de clones elite, avaliados nas fases posteriores de teste clonal, tem aumentado

significativamente quando se combina a seleção de famílias com a seleção massal (COX et al., 1996). Este programa avalia entre 350 a 450 famílias por ano em cana-planta, sendo as parcelas colhidas mecanicamente. A seleção de indivíduos é feita no ano posterior, na soca. Normalmente, cerca de 30 a 40% das famílias são selecionadas, e dentro destas famílias seleciona-se 40% dos indivíduos (KIMBENG e COX, 2003).

Hogarth (1971) já relatava maior eficiência, no programa de melhoramento da cana-de-açúcar, com a seleção praticada em famílias. Porém, naquele momento, a ausência de máquinas apropriadas para pesagem e corte dos experimentos inviabilizava pesquisas mais detalhadas.

De fato, aplicar a seleção massal em famílias superiores aumenta a probabilidade de identificar clones elite. Para tanto, faz-se necessário selecionar previamente essas famílias superiores. Tais inferências podem ser obtidas pela avaliação, em delineamentos experimentais, de um grupo de clones que representariam cada família, conforme empregado por Jackson et al. (1998). Outra alternativa consiste em avaliar as famílias em ensaios com repetição. Neste caso, as parcelas seriam constituídas de indivíduos ainda não clonados, os quais, juntos, proporcionariam informações sobre o valor genético das famílias avaliadas, como aplicado por Stringer et al. (1996).

Hogarth et al (1990) inferiram que as médias de famílias possuem maior utilidade que as variâncias dentro das famílias, na identificação daquelas com maior aptidão seletiva. Concluem também que a seleção de famílias não deve ser muito rigorosa, porque podem ser produzidos clones superiores também em famílias de baixa aptidão.

Quanto ao caráter utilizado para avaliar as famílias, Mariotti e Cuenya (1992) demonstraram que o número de colmos é o componente de maior estabilidade entre as mesmas, sendo importante para predizer ganhos esperados com seleção.

Skinner et al. (1987) desenvolveram estudos mostrando a herdabilidade, no sentido amplo, das principais características utilizadas no melhoramento da cana-de-açúcar. Esses estudos basearam-se em dados individuais e de famílias. Para o caráter produção a herdabilidade foi de 0,17 ou menor quando baseada em dados individuais. Com os dados de família

seu valor aumentou para 0,75 na Austrália e 0,48 em Fiji. Para Brix, as estimativas com base em dados individuais foram 0,27 (Havaí) e 0,65 (Austrália), enquanto para famílias estes valores subiram para 0,53 e 0,90 respectivamente. Resultado semelhante foi encontrado por Leite et al. (2006) em avaliação do tamanho de parcela em famílias de cana-de-açúcar. Estes autores encontraram valores de herdabilidade de 0,53 para a variável Brix, 0,61 para número de colmos e 0,73 para tonelada de cana por hectare

Segundo Falconer (1989) a herdabilidade é a propriedade mais importante de um caráter métrico. A função mais importante da herdabilidade no estudo genético é o seu papel preditivo expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético.

Os resultados mostrados sugerem que, na fase inicial do programa, a seleção individual realizada para Brix é bastante eficiente, enquanto para os demais caracteres a seleção com base nas médias de famílias é mais eficiente, em razão da baixa herdabilidade dos mesmos na seleção individual.

2.2. Tamanho da amostra experimental

Qualquer que seja a forma de avaliar as famílias, ainda figura a questão do número de indivíduos necessários para representar a performance destas famílias. Contribuindo para a otimização dos recursos disponíveis num programa de melhoramento, uma avaliação do número de indivíduos necessários para representar precisamente e eficientemente a média, variância e outros parâmetros nas famílias é também necessária e tem sido pesquisada.

Skinner (1971) sugeriu que 75 seedlings de um cruzamento biparental em cana-de-açúcar seriam satisfatórios na determinação do valor desse cruzamento. Após um estudo teórico sobre seleção nesta mesma cultura, Wu et al. (1977) concluíram que uma amostra de 500 indivíduos era requerida para estimar a variância de uma população, com pelo menos 90% de confiabilidade.

Wu et al. (1978) estudaram a amostra mínima necessária para estimar a média e a variância de uma progênie de cana-de-açúcar utilizando

amostras de 5 a 70 plantas e concluíram que 20 plantas estimam bem a média e que 40 plantas são necessárias para se estimar a variância entre os genótipos das progênies.

Avaliando características de rendimento e qualidade da cana-de-açúcar, Mariotti et al. (1981) utilizaram amostras de 20 a 30 plantas por progênie e concluiram que amostras tão pequenas como 20 plantas foram suficientes para avaliar a média da família para características como qualidade do suco, número de perfilhos, rendimento de cana e peso por colmo.

Assim também Peixoto e Ricci (1984), avaliando tamanhos de amostra de 50 a 200 plantas concluiram que uma amostra de 150 plantas seria suficiente para avaliar número de colmos, brix, produção, altura e diâmetro em cana-de-açúcar.

Em experimento conduzido pelo Programa de Melhoramento Genético da cana-de-açúcar da UFV Barbosa et al. (2001), partindo de uma população de 500 plantas, concluíram que 50 indivíduos seriam suficientes para se estimar a produção de colmos e que, para brix, 10 indivíduos por parcela poderiam ser amostrados para estimar o brix médio das famílias. Em outra pesquisa dentro do mesmo programa de melhoramento, Leite et al. (2006) concluíram que parcelas com apenas dois sulcos (14 plantas) poderiam ser usadas para estimar os parâmetros genéticos necessários em experimentos de famílias.

Em todos os programas de melhoramento de cana da Austrália a seleção de famílias tem sido amplamente utilizada, sendo que na primeira fase de seleção são usadas, como rotina, 20 plantas por família (KIMBENG e COX, 2003).

Como pode ser visto, ainda existe certa divergência e falta de consistência nos resultados obtidos para a amostra ótima em cana-de-açúcar. Para garantir o sucesso do programa de melhoramento, ao se estudar a progênie de um cruzamento é preciso trabalhar com o número mínimo de genótipos que permitam a total expressão da variabilidade para todos os caracteres agronômicos de interesse (PEIXOTO e RICCI, 1984)

Igue et al. (1991) citam que parcelas ou amostras grandes implicam blocos grandes, e isso faz com que a possibilidade de encontrar blocos

homogêneos diminua. Por outro lado, parcelas pequenas têm as desvantagens de serem muito influenciadas pelas parcelas vizinhas e por fatores casuais, como falhas ou diferenças entre as plantas individuais.

Para Jackson e McRae (2001), aumentando-se o número de repetições, a precisão das estimativas das médias dos clones será aumentada; aumentando-se o tamanho da parcela será aumentada a correlação genética da amostra com o valor populacional e diminui-se o resíduo, porém a variância genética também será menor; enquanto aumentando o número de genótipos ou famílias a serem avaliados permitirá o aumento da intensidade de seleção.

É bem estabelecido o fato de que a precisão das estimativas tende a aumentar com o aumento do tamanho da amostra. Por outro lado, também é bem conhecido que, a partir de certo tamanho de amostra, aumentos adicionais não trazem ganhos compensatórios na precisão (SILVA et al., 1993).

A amostragem é uma técnica amplamente utilizada no estudo de populações, decorrente das vantagens que este processo proporciona como o menor custo e rapidez na obtenção e análise dos dados (BRAGA, 1986). Porém o tamanho da amostra em experimentos agrícolas é um dos principais problemas a ser definido pelos pesquisadores (STUKER e BOFF, 1998). A necessidade de identificação do melhor tamanho de amostra é evidente nos vários ramos da pesquisa, principalmente nos casos onde a capacidade de detecção de pequenas diferenças é essencial para o sucesso na identificação de técnicas mais adequadas.

2.3. Métodos para estimar o tamanho da amostra

Na literatura são relatadas as mais diversas maneiras para a estimação do tamanho de amostra ideal são relatadas na literatura (FEDERER, 1955; MÉIER e LESSMAN, 1971; WU et al., 1977; WU et al.,1978; PEIXOTO e RICCI, 1984; XIE e MOSJIDIS, 1999; JACKSON e MCRAE, 2001; BARBOSA et al., 2001; VIANA et al., 2002; LÚCIO et al., 2003; entre outros). Ao longo dos anos as metodologias foram se tornando cada vez mais eficientes e específicas, utilizando-se de ferramentas

estatísticas acuradas que possibilitam a estimação precisa de parâmetros de interesse do pesquisador.

Em trabalho com tamanho de amostra para algumas características do milho, Silva et al. (1993) utilizaram o coeficiente de variação e uma comparação entre estimativas de variâncias residuais das análises realizadas nos diversos tamanhos de amostra propostos, para definir a amostra ideal.

Xie e Mosjidis (1999) utilizaram o método bootstrap não paramétrico como uma alternativa para estimar o erro padrão e intervalos de confiança para a correlação genética em trevo vermelho. Através deste método puderam medir como o erro de amostragem é afetado pelo número de repetições, de famílias e de plantas por família utilizados e também puderam determinar, empiricamente, o tamanho ótimo do experimento para a estimação da correlação genética com precisão.

Amostrando o peso de frutos de abóbora italiana por fileira, a metodologia apresentada por Souza et al. (2002) para determinação do tamanho da amostra ideal faz uso do coeficiente de variação experimental (CV%), de semi-amplitudes do intervalo de confiança em porcentagem da média (D%) e de valores tabelados da estatística t de Student. Utilizaram também a correção para o tamanho final da amostra por se tratar de estudo de uma população finita de plantas.

Com o objetivo de estimar o tamanho ideal da amostra para massa fresca de frutos na cultura do pimentão, Lúcio et al. (2003) utilizaram a mesma metodologia citada em Souza et al. (2002), porém usando o termo “intensidade de amostragem” para designá-la.

Na determinação do tamanho da amostra para componentes de produção em cana-de-açúcar, Peixoto e Ricci (1984), propondo diferentes tamanhos de amostra como sendo os tratamentos, realizaram apenas uma análise de variância seguida pelo teste de Tukey e avaliaram as diferenças existentes entre as médias obtidas para cada tamanho de amostra, visando demonstrar o número de plantas necessárias para haver a estabilização da média.

Barbosa et al. (2001), também em experimento com cana-de-açúcar, propondo dois modelos diferentes para a análise de variância, sendo os

efeitos de família e de amostra dentro das famílias considerados fixos, prosseguiram com uma análise de variância para cada tamanho de amostra e estimação da correlação simples e parcial entre a produção total e a produção estimada pela amostra. Mais recentemente, Leite et al. (2006) utilizaram o método de máxima curvatura, proposto por Federer (1955), para determinar o tamanho da parcela ideal em experimentos de famílias em cana-de-açúcar. Considerando o efeito de famílias como aleatório, compararam também o efeito do tamanho da parcela nas estimativas de parâmetros genéticos. Porém ambos os estudos utilizaram dados totais por sulco e não dados de plantas individuais.

Segundo (RESENDE e BARBOSA, 2006), a melhor estratégia de seleção em cana-de-açúcar, seria através dos valores genéticos preditos pelo BLUP individual (RESENDE, 2002), que utilizaria simultaneamente informações de famílias e de plantas individuais para a seleção. Entretanto, este método não tem sido usado no melhoramento de cana devido às dificuldades em se obter dados de plantas individuais. Seria então de grande importância propor um tamanho de amostra pequeno e eficiente que possibilitasse o uso do BLUP individual.

Dado o exposto acima, ainda é importante definir em quanto é possível reduzir o tamanho da amostra nos ensaios de famílias, pois, além de reduzir custos e possibilitar que novas metodologias sejam aplicadas no programa, poderia ser testado um maior número de famílias com o mesmo recurso disponível. As razões para isto incluem o desejo de se avaliar grandes populações de clones, aumentando a probabilidade de identificação de clones elite.

Sendo assim, foi objetivo deste estudo a determinação do número mínimo de plantas que deve ser amostrado em experimentos de famílias de cana-de-açúcar, para características relacionadas à produção, que possibilite, sem perda de eficácia, a estimação de alguns parâmetros utilizados como auxílio na seleção das famílias.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Obtenção dos dados e detalhes experimentais

Foram utilizados como genitores para o experimento clones elite e variedades comerciais em 22 cruzamentos biparentais direcionados entre clones produtivos e de maturação precoce de acordo com a Tabela 1.

Os cruzamentos foram realizados na Estação de Floração e Cruzamento da Serra do Ouro da Universidade Federal de Alagoas – AL, sediada no município de Murici – AL, geograficamente localizado a 09°13'S e 35°50'W, a 450m de altitude, com precipitação de 2.363mm anuais e URA de 93,2%. As sementes provenientes desses cruzamentos foram enviadas e plantadas no Centro de Melhoramento da Cana-de-Açúcar (CECA) da Universidade Federal de Viçosa-MG, sediado no município de Oratórios-MG, geograficamente localizado a 20°25'S e 42°48'W, com 494m de altitude, precipitação média anual de 1.250mm, URA 64,7%, e temperatura média máxima anual de 21,8°C e mínima anual de 19,5°C.

Tabela 1 – Relação dos clones e variedades utilizadas como genitores nos cruzamentos biparentais e as respectivas famílias de irmãos completos que foram geradas

Fêmea	Macho	Código da Família
RB768647	TUC717	14
RB835486	RB855453	19
RB835486	SP77-5181	22
RB855046	IAC862210	33
RB855156	RB855595	38
RB855156	RB925345	40
RB855156	SP80-3280	44
RB855511	RB855156	48
RB855595	RB855156	62
RB925211	RB835486	75
RB925211	RB8495	76
RB925345	RB855156	78
RB92579	TUC717	82
RB945954	RB835487	97
RB855595	RB945961	98
RB946903	RB925345	101
RB835054	RB931555	109
RB855046	RB966928	110
SP77-5181	RB835486	112
SP77-5181	SP80-1816	116
SP80-1816	RB925345	121
SP80-1816	SP77-5181	123

A topografia e o tipo de solo onde o experimento foi montado são, respectivamente, baixada e Latosolo vermelho-amarelo.

O experimento foi plantado no dia 12 de abril de 2004 no sistema de cana de ano e meio utilizando o delineamento em blocos cazualizados completos, com 6 repetições e 24 parcelas, sendo 22 famílias e 2 testemunhas comuns: as variedades RB72454 e RB855156. A obtenção e transplantio dos “seedlings“ foi realizada conforme descrito por Barbosa e Silveira (2000).

O experimento totalizou 144 parcelas em uma área total de 2,9 ha. Cada parcela foi composta por dois sulcos de 5 m, espaçados de 1,40 m,

sem bordadura, sendo cada sulco constituído por dez plantas com espaçamento de meio metro entre elas. Foi deixado um aceiro de 2 m entre as extremidades dos sulcos de parcelas diferentes. Foram utilizados dois sulcos da variedade RB855156 plantados ao redor do experimento como bordadura lateral. A adubação utilizada foi 500 kg/ha da fórmula 05-25-25 no plantio.

3.2. Características avaliadas

A coleta dos dados foi realizada em cana planta em julho de 2005 de acordo com os procedimentos descritos a seguir.

1. Medidas de brix tomadas em um colmo por planta utilizando refratômetro de campo, com amostragem feita no 5^0 entrenó, a contar da base para o ápice.
2. Contagem do número total de colmos por planta;
3. Medidas de diâmetro do colmo tomadas com paquímetro no mesmo entrenó amostrado para leitura de brix.
4. Medidas de comprimento do colmo tomadas no mesmo colmo amostrado para leitura de brix. As leituras foram feitas com uma régua de madeira articulada de metro em metro, para facilitar o acompanhamento da curvatura do colmo;
5. Pesagem de toda a parcela em balança tipo dinamômetro, após o desponte dos ponteiros dos colmos.

Realizada a coleta dos dados, fez-se necessário obter as variáveis que iriam compor as análises. Das medidas individuais de brix obteve-se a variável Brix. Do número total de colmos por planta, obteve-se a variável número de colmos (NC). Utilizando as medidas de número de colmos (NC), diâmetro do colmo (DC) e comprimento do colmo (CC), foi estimado o peso de cada planta em Kg, pela fórmula $PE = \pi \times NC \times CC \times (DC/2)^2 \times d$ (Chang; Milligan, 1992), considerando-se o volume de um colmo igual ao do cilindro, e a densidade $d = 1\ g/cm^{-3}$. Estimou-se a tonelada de cana por hectare

(TCH), utilizando a expressão: (PE x 10)/0,7 sendo 0,7 a área útil de cada planta em m^2. A tonelada de Brix por hectare (TBH) foi obtida pela equação: (TCH x Brix médio)/100.

Logo, no total, foram analisadas sete variáveis, a saber: número de colmos (NC), diâmetro do colmo (DC), comprimento do colmo (CC), peso estimado de colmos (PE), brix (Brix), tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de Brix por hectare (TBH).

3.3. Procedimentos Estatísticos

3.3.1. Análise de Variância

A análise de variância foi conduzida considerando o seguinte modelo estatístico (CRUZ et al., 2004):

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij} + \delta_{ijk},$$

sendo:

Y_{ijk}: observação obtida no k-ésimo indivíduo da i-ésima família avaliada no j-ésimo bloco;

μ: média geral do experimento;

G_i: efeito aleatório da i-ésima família;

B_j: efeito aleatório do j-ésimo bloco;

ε_{ij}: efeito aleatório da variação entre famílias;

δ_{ijk}: efeito aleatório da variação entre plantas dentro da família.

O esquema da análise de variância e as esperanças dos quadrados médios para o modelo estatístico apresentado anteriormente, em que se consideram as informações de indivíduos dentro da parcela (CRUZ et al., 2004), está apresentado no Quadro 1.

Quadro 1 – Esquema da análise de variância para o delineamento em blocos casualizados completos mostrando fonte de variação (FV), graus de liberdade (GL) e esperanças de quadrado médio (E(QM))

FV	**GL**	**QM**	**E(QM)**
Blocos	b -1	QMB	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + ng\sigma_b^2$
Famílias	g -1	QMF	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + nb\sigma_g^2$
Entre famílias	(b -1)(g -1)	QME	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2$
Dentro de famílias	(n -1)bg	QMD	σ_d^2

A partir da análise, foram calculadas as estimativas dos seguintes parâmetros: variância de blocos ($\hat{\sigma}_b^2$); variância genotípica entre e dentro das famílias ($\hat{\sigma}_g^2$); variância ambiental entre médias de famílias ($\hat{\sigma}_e^2$); variância fenotípica entre médias de famílias ($\hat{\sigma}_f^2$); variância fenotípica dentro da família ($\hat{\sigma}_d^2$), coeficiente de variação experimental (%CVe), coeficiente de variação genético (%CVg), relação CVg/CVe, herdabilidade entre (h^2_{entre}) e herdabilidade dentro (h^2_{dentro}). Os estimadores utilizados para estes parâmetros são descritos a seguir:

$$\hat{\sigma}_b^2 = \frac{QMB - QME}{ng} \qquad \hat{\sigma}_g^2 = \frac{QMT - QME}{nb} \qquad \hat{\sigma}_e^2 = \frac{QME - QMD}{n}$$

$$\hat{\sigma}_f^2 = \frac{QMT}{bn} \qquad \hat{\sigma}_d^2 = QMD \qquad \%CVe = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\overline{X}} \times 100 \qquad \%CVg = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\overline{X}} \times 100$$

$$h^2_{entre} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_f^2} \qquad h^2_{dentro} = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_d^2} \qquad CVg/CVe = \frac{\%CVg}{\%CVe}$$

3.3.2. Obtenção das amostras

Como primeira etapa foi necessária a obtenção das amostras a serem comparadas, considerando como unidade básica cada planta. O procedimento utilizado para a simulação dos conjuntos de dados foi semelhante à técnica de reamostragem "bootstrap" (DAVISON e HINKLEY, 1997), e se resumiu nos seguintes passos:

(i) De cada parcela dos dados originais foram retiradas amostras aleatórias de tamanho n, de maneira que as plantas amostradas nunca fossem repetidas em uma mesma amostra. Foram testados oito tamanhos de amostra, com n igual a 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16 e 18 plantas;

(ii) Reamostragens com reposição foram realizadas 500 vezes (XIE e MOSJIDIS, 1997 e XIE e MOSJIDIS, 1999), seguindo o exposto no item (i), gerando assim 500 novos conjuntos de dados para cada valor de n em cada variável avaliada;

(iii) para cada conjunto de dados gerado realizou-se a análise de variância segundo o modelo definido no item 3.3.1. e estimaram-se os parâmetros de interesse, que foram armazenados em novos vetores de estimativas correspondentes.

3.3.3. Métodos para a determinação do tamanho da amostra ideal

Vários são os métodos empregados para estimar o tamanho da amostra experimental apresentados na literatura, variando quanto à sua complexidade. Foram utilizados alguns dos procedimentos que mais se adaptaram ao conjunto de dados disponível.

3.3.3.1. Média, erro-padrão e intervalo de confiança para as estimativas dos parâmetros

Para este procedimento foi realizada uma adaptação da metodologia apresentada por Xie e Mosjidis (1997) e Xie e Mosjidis (1999), obtendo, com isso, as estimativas da média e do erro-padrão para os vetores de cada um dos parâmetros propostos no item 3.3.2. Foram construídos os intervalos de

confiança para os valores dos parâmetros estimados no conjunto de dados original (20 plantas) de acordo com a metodologia apresentada por Barbin (1993), exceto para as herdabilidades.

Nas estimativas dos intervalos de confiança para herdabilidade entre as famílias, foi utilizada a expressão apresentada por Knapp et al. (1985). Conforme esses autores esta herdabilidade é definida como $1-(\theta_2/\theta_1)$, e os intervalos podem então serem estimados pela equação $P\{1-[(M_1/M_2)F_{1-\alpha/2:gl2,gl1}]^{-1} \leq 1-(\theta_2/\theta_1) \leq 1[(M_1/M_2)F_{\alpha/2:gl2,gl1}]^{-1}\} = 1-\alpha$. Para o presente trabalho, M_1 foi o valor estimado para o quadrado médio do tratamento (QMT) e M_2 foi o valor estimado para o quadrado médio do erro entre parcelas (QME). θ_1 e θ_2 foram os reais valores dos quadrados médios do tratamento e do erro, respectivamente, e α é o nível de significância.

Para estimar os intervalos de confiança para a herdabilidade dentro das parcelas, foram feitas 1000 reamostragens do conjunto de dados original e obtidas as 1000 estimativas para este parâmetro. Em seguida foi construído um gráfico da distribuição destas estimativas e foram escolhidos os valores relativos aos quantis de 2,5% e 97,5% para os limites inferior e superior, respectivamente, do intervalo de confiança.

As variações ocorridas na dispersão das estimativas desses parâmetros foram discutidas com base nos intervalos de confiança obtidos.

3.3.3.2. Intensidade de amostragem

Outro procedimento para a estimação do tamanho ideal da amostra leva em conta a estimativa da média aritmética ($\hat{m}$), da variância (S^2) e do coeficiente de variação experimental em porcentagem (CVe%), estimados para cada conjunto de dados nos diferentes tamanhos de amostra. De posse destas estimativas foi definida a intensidade de amostragem (n_0) para as semi-amplitudes do intervalo de confiança (D%) de 10 e 20% (SOUZA et al., 2002; LÚCIO et al., 2003). Foi aplicado o teste de Bartllet (STEEL e TORRIE, 1997) para verificar se houve homogeneidade de variância entre os tamanhos de amostra.

Na determinação do %CVe, calculado pela fórmula mostrada a seguir, foram utilizadas as variâncias ponderadas, quando estas foram

homogêneas, e a maior variância nos casos em que as mesmas não apresentaram homogeneidade entre os diferentes tamanhos de amostra.

$$\%CVe^{*} = \frac{100\sqrt{S^2}}{\hat{m}},$$

*este cálculo não leva em consideração o CVe% apresentado com base na análise de variância proposta no item 3.3.1.

sendo,

S^2: média ponderada das variâncias ou variância máxima;

$\hat{m}$: média geral.

A intensidade de amostragem (n_0), obtida de acordo com a fórmula apresentada por Cochran (1977), é determinada por:

$$n_0 = \frac{t^2_{\alpha/2}(\%CVe)^2}{(D\%)^2},$$

sendo,

D%: a semi-amplitude do intervalo de confiança (10 e 20%) da média;

%CVe: coeficiente de variação experimental em porcentagem proposto acima;

t: valor da estatística t da distribuição t de Student.

Em se tratando de população finita igual a 20 plantas, foi aplicada uma correção para populações finitas conforme recomendado por Cochran (1977), a fim de se obter o tamanho final da amostra (nf), pela fórmula:

$$nf = \frac{n_0}{1 + \frac{n_0}{N}},$$

onde N é igual 20 plantas.

3.3.3.3. Método de máxima curvatura modificado

Foi também aplicado o tradicional método da máxima curvatura modificado (MEIER e LESSMAN, 1971) que consiste em representar a relação entre coeficiente de variação experimental (%CVe) e tamanho da parcela ou amostra, com uso de uma equação de regressão do tipo $y = a/x^{-b}$, em que y representa o coeficiente de variação e x o correspondente tamanho de amostra em unidades básicas. Para este trabalho, foi usada a função $CV = aX^b$, em que o valor da abcissa, no ponto de máxima curvatura, é dado pela seguinte expressão apresentada por Chaves (1985), deduzida a partir de Meier e Lessman (1971):

$$X_{MC} = \left[\frac{a^2b^2(2b-1)}{(b-2)}\right]^{\frac{1}{(2-2b)}},$$

sendo,

X_{MC} = valor da abcissa correspondente ao ponto de máxima curvatura, ou seja, o tamanho da amostra recomendado;

a = constante da regressão;

b = coeficiente da regressão.

3.4. Processamento computacional

Devido ao grande volume de dados e análises a serem realizadas, foram desenvolvidos algoritmos usando a linguagem R de programação (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2005) para automatização dos procedimentos de simulação, análise e estimação de parâmetros propostos neste trabalho, bem como para a aplicação dos métodos propostos.

A linguagem R é uma linguagem orientada a objetos criada em 1996 por Ross Ihaka e Robert Gentleman que, aliada a um ambiente integrado, permite manipulação de dados, realização de cálculos e geração de gráficos, semelhante a linguagem S desenvolvida pela AT&T's Bell Laboratories e que já é utilizada para análise de dados, mas com a vantagem de ser de livre

distribuíção. O programa, disponível na internet (http://www.r-project.org), que utiliza essa linguagem também recebeu o mesmo nome R.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O conjunto de dados original apresentava alguns valores perdidos, uma vez que houve a morte de plantas nas parcelas antes da coleta dos dados, gerando assim um conjunto de dados desbalanceado, que impossibilitava a realização da reamostragem completa, conforme apresentado na metodologia.

Diante deste fato, optou-se por simular novos valores para estas plantas utilizando o método da inversão (LAW e KELTON, 2000), que consistiu basicamente em traçar um gráfico de distribuição acumulada empírica para cada variável dentro de cada família, gerar valores de uma distribuição uniforme no intervalo 0 a 1 e, então, identificar no gráfico qual valor do vetor de dados correspondia àquele valor da distribuição uniforme gerado. O vetor de dados utilizado para construção deste gráfico foi composto pelos valores de todos os seis blocos de cada família, uma vez que testes realizados mostraram não haver efeito significativo de blocos dentro das famílias.

Das 22 famílias avaliadas, quatro apresentaram um número elevado de plantas mortas, sendo, por este motivo, descartadas. Assim, todos os resultados a seguir foram obtidos avaliando-se apenas 18 famílias.

4.1. Caracterização da população

Na Tabela 1 são apresentados os valores de quadrado médio e média geral para todas as variáveis em estudo, obtidos através da análise de variância do conjunto de dados desbalanceado e deste mesmo conjunto balanceado pela recomposição, via simulação, dos valores perdidos. Comparando as estimativas do quadrado médio do erro dentro das parcelas, verifica-se que os valores encontrados foram os mesmos para diâmetro do colmo (DC) e comprimento do colmo (CC), e muito próximos para as demais variáveis avaliadas.

Tabela 1 – Resumo da análise de variância para o conjunto de dados desbalanceado e após ser balanceado via simulação dos valores perdidos para Brix, diâmetro do colmo (DC), comprimento do colmo (CC), número de colmos (NC), peso estimado de colmos (PE), tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de brix por hectare (TBH)

			Quadrados Médios						
	F.V.	**G.L.**	**Brix**	**DC**	**CC**	**NC**	**P**	**TCH**	**TBH**
Experimento desbalanceado	Bloco	5	34,85	0,30	1,54	12,49	62,46	12746,72	367,81
	Família	17	22,95**	3,11**	3,38**	32,77**	87,95**	17949,12**	660,18**
	Entre	85	8,73**	0,24^{ns}	0,27**	7,24^{ns}	14,36*	2930,91*	117,63*
	Dentro	1924	3,16	0,20	0,16	7,67	11,77	2402,53	89,63
	Média	-	19,30	2,07	2,07	5,81	4,60	65,70	12,68
Experimento balanceado via simulação	Bloco	5	35,91	0,28	1,48	10,04	58,19	11876,24	337,70
	Família	17	23,79**	3,15**	3,60**	33,07**	91,53**	27677,88**	688,54**
	Entre	85	8,74**	0,22^{ns}	0,27**	7,58^{ns}	13,22*	2697,73*	111,32*
	Dentro	2052	3,19	0,21	0,16	7,66	11,63	2372,91	88,51
	Média	-	19,31	2,06	2,07	5,83	4,57	65,34	12,62

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F
* significativo a 5% de probabilidade pelo teste F
^{ns} não significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F

As estimativas de média geral também seguiram a mesma tendência, não sofrendo maiores alterações. Os níveis de significância das fontes de variação testadas também não foram alterados, indicando que mesmo havendo pequena diferença matemática entre as estimativas de quadrados médios, não houve influência no resultado dos testes de significância aplicados para as fontes de variação. Isso mostra que o método da inversão, utilizado na simulação dos valores perdidos, foi eficiente no sentido de não causar mudanças importantes nas características originais do conjunto de

dados coletado em campo, possibilitando a adaptação deste para atender às necessidades metodológicas do trabalho.

Assim, todos os resultados mostrados a seguir foram obtidos utilizando o conjunto de dados balanceado. Na Tabela 2 são apresentadas as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para todas as variáveis avaliadas. Estas estimativas foram consideradas como os verdadeiros valores do parâmetro, uma vez que o conjunto de dados estudado foi considerado como sendo a população conhecida. Como as famílias utilizadas neste estudo são de irmãos completos, há apenas uma estimativa de variância genotípica, uma vez que para esta estrutura de família as estimativas da variância genotípica entre e dentro possuem o mesmo estimador, desconsiderando os efeitos atribuídos aos desvios de dominância.

Tabela 2 – Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos populacionais para Brix, diâmetro do colmo (DC), comprimento do colmo (CC), número de colmos (NC), peso estimado de colmos (PE), tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de brix por hectare (TBH)

	Variáveis						
Parâmetros	**Brix**	**DC**	**CC**	**NC**	**PE**	**TCH**	**TBH**
σ_b^2	0,0755	0,0002	0,0039	0,0068	0,1249	25,4958	0,6288
σ_f^2	0,1982	0,0262	0,0300	0,2756	0,7627	155,6569	5,7378
σ_d^2	3,1902	0,2068	0,1622	7,6583	11,6272	2372,9067	88,5115
σ_e^2	0,2773	0,0004	0,0053	0,0000	0,0796	16,2410	1,1405
σ_g^2	0,1254	0,0045	0,0278	0,2124	0,6526	133,1759	4,8101
h^2_{entre}	0,63	0,93	0,93	0,77	0,85	0,85	0,84
h^2_{dentro}	0,04	0,12	0,17	0,03	0,06	0,06	0,05
%CVe	2,7267	1,0165	3,5163	-	4,8356	4,8356	8,3068
%Cvg	1,8341	7,5771	8,0586	7,9010	13,8471	13,8471	17,0150
CVg/CVe	0,6726	7,4534	2,2917	-	2,8635	2,8635	2,0536

$\hat{\sigma}_b^2$: variância de blocos, $\hat{\sigma}_f^2$:variância fenotípica entre médias de famílias, $\hat{\sigma}_d^2$: variância fenotípica dentro da família, $\hat{\sigma}_e^2$: variância ambiental entre médias de famílias, $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica entre e dentro das famílias, h^2_{entre}:herdabilidade entre, h^2_{dentro}: herdabilidade dentro, %CVe: coeficiente de variação experimental, %CVg: coeficiente de variação genético, CVg/CVe : relação CVg/CVe

Os valores de %CVe apresentados para todas as variáveis (Tabela 2) podem ser considerados baixos em comparação com alguns valores apresentados pela literatura. Bressiani et al. (2002), estudando a interação genótipo x ambiente também em famílias de cana-de-açúcar, avaliaram as mesmas variáveis aqui apresentadas e encontraram valores de 1,49% a 11,81% para o coeficiente de variação e concluíram que estes valores evidenciaram boa precisão experimental.

Bastos (2001) apresentou valores de 1,91% a 10,11% para o mesmo parâmetro em variáveis semelhantes às avaliadas neste estudo. Esta mesma autora, em 2005, mostrou ainda que os maiores valores de %CVe são estimados para TCH e TBH. De acordo com Jackson et al. (1995), os coeficientes de variação residual para TBH variaram de 14,2% a 23,1% e para TCH, entre 12,9% e 22,9%. Já Erazzú et al. (1996) obtiveram estimativas deste parâmetro que variaram entre 8,90% e 25,56% para produtividade de açúcar.

Em concordância com o exposto acima, os maiores valores encontrados neste trabalho para %CVe foram 4,83% e 8,31% correspondentes à TCH e TBH, respectivamente, e a característica de menor %CVe foi DC, com 1,02%, porém, para os autores citados acima, a variável que apresenta menores valores de %CVe é Brix. Estes resultados sugerem que o conjunto de dados utilizado apresenta boa precisão experimental, podendo assim ser considerado como base para um estudo de amostragem.

Os altos valores encontrados para herdabilidade entre as famílias indicam que a maior parte da variação fenotípica se deve à variação dos efeitos de família (Tabela 2). Semelhante ao encontrado por Bastos (2001), as variáveis que apresentaram maior e menor estimativa de herdabilidade entre as famílias foram DC e Brix, respectivamente. Já as estimativas para a herdabilidade dentro das famílias foram bem baixas, mostrando que a variância fenotípica dentro das famílias é superior à variância genotípica também dentro das famílias. Isso concorda com o fato de que apenas seleção individual seria uma estratégia pouco eficiente neste fase.

Como em experimentos com informação individual dentro das famílias o quadrado médio dentro representa a variância fenotípica dentro da família,

logo, é de se esperar que as estimativas deste quadrado médio sejam altas, principalmente nas gerações iniciais, devido a grande variabilidade nas famílias. Tal fato tem sido constatado em outros experimentos utilizando famílias (SOUZA et al., 2000).

4.2. Estudo das estimativas dos parâmetros

Foi observada a frequente estimação de componentes de variância negativos para a variância de blocos e variância ambiental entre as famílias, na maioria das variáveis, sendo que para DC e NC, estas estimativas se repetiram em todos os tamanhos de amostra propostos (Tabela 3). Como a variância de blocos não representa grande expressão, esta não será discutida. Valores negativos para variância ambiental ocorreram porque nestes casos as estimativas do QM dentro das famílias superou a estimativas do QM entre as famílias.

Como já exposto anteriormente, é de se esperar que em

Tabela 3 – Número de estimativas negativas encontradas para a variância de blocos (σ_b^2) e variância ambiental (σ_e^2) em cada tamanho de amostra para as variáveis Brix, diâmetro do colmo (DC), comprimento do colmo (CC), número de colmos (NC), peso estimado de colmos (PE), tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de brix por hectare (TBH)

	Nº de plantas	σ_b^2	σ_e^2		**Nº de plantas**	σ_b^2	σ_e^2
Brix	4	31	2	PE	4	120	184
	6	9	0		6	53	169
	8	1	0		8	26	132
	10	1	0		10	8	95
	12	0	0		12	3	81
	14	0	0		14	0	21
	16	0	0		16	0	8
	18	0	0		18	0	0
DC	4	249	251	TCH	4	120	184
	6	246	243		6	53	169
	8	232	231		8	26	132
	10	200	252		10	8	95
	12	206	215		12	3	81
	14	168	202		14	0	21
	16	133	179		16	0	8
	18	66	150		18	0	0
CC	4	28	100	TBH	4	146	172
	6	3	36		6	84	145
	8	0	18		8	43	94
	10	0	0		10	27	58
	12	0	0		12	12	42
	14	0	0		14	1	6
	16	0	0		16	0	1
	18	0	0		18	0	0
NC	4	282	241				
	6	261	250				
	8	240	245				
	10	265	215				
	12	229	221				
	14	234	181				
	16	217	174				
	18	176	156				

Pode ser observado na Tabela 3 que amostras a partir de 6 plantas para a variável Brix não apresentaram mais estimativas negativas para σ_e^2. Já para DC, amostras de 18 plantas não são suficientes para evitar tais estimativas. Este resultado pode ter ocorrido devido à maneira a qual a amostra é feita no campo, onde um colmo por planta é amostrado para DC.

Este fato pode mostrar que a medida de diâmetro de apenas um colmo não foi representativa do diâmetro de todos os colmos da touceira.

Por outro lado, como o número de 18 famílias que foi avaliado neste trabalho ainda é pequeno; para as variáveis que realmente apresentam grande variabilidade dentro das famílias, estimativas de QM dentro maiores que QM entre podem ser frequentes, sem haver problemas de amostragem.

É o que parece ocorrer com DC e NC, que obtiveram o maior número de estimativas negativas para σ_e^2 (Tabela 3). Verifica-se que estas duas variáveis possuem as menores estimativas de %CVe (Tabela 2), indicando boa precisão experimental; DC apresenta a maior estimativa de %CVg, o que indica grande variabilidade dentro das famílias, e DC, seguida de NC, atingiram os maiores valores de CVg/CVe acima de uma unidade (Tabela 2), mostrando que a maior parte da variação que está ocorrendo dentro das famílias, nestas duas variáveis, é de natureza genética e não ambiental.

Para auxiliar na tomada de decisão de qual o tamanho da amostra ideal a ser recomendado, estão apresentados nas figuras de 1 a 12, gráficos que mostram o comportando das estimativas de alguns dos parâmetros mais importantes, dentre os estimados neste estudo, sendo eles: Variância Genotípica (σ_g^2), Variância Fenotípica entre as famílias (σ_f^2), Variância Fenotípica dentro das famílias (σ_d^2), Variância Ambiental (σ_e^2), Herdabilidade entre as famílias (h^2_{entre}) e Herdabilidade dentro das famílias (h^2_{dentro}).

Na Figura 1 é mostrada a dispersão das estimativas dos parâmetros para a variável Brix. As linhas tracejadas indicam os limites superior e inferior dos intervalos de confiança construídos para os valores dos parâmetros estimados na população. Estes valores estão evidenciados nos gráficos, nos pontos referentes às amostras de tamanho 20 plantas. Uma tendência geral mostra que a variação dentro das 500 estimativas dos parâmetros aumenta a medida que o tamanho da amostra diminui (Figura 1).

Para a variável Brix, a média das 500 estimativas dos parâmetros em cada tamanho de amostra tende a se situar próximo ao valor paramétrico, para a maioria dos parâmetros, exceto para herdabilidade entre, onde esta

média tende a diminuir à medida que há a dimuição do tamanho da amostra (dado não mostrado). Isso pode ocorrer devido a um fato já citado por Cox et al. (1996) e Bressiani (2001), onde esses autores dizem que a herdabilidade baseada nas médias de famílias tem sido superior à herdabilidade com plantas individuais. À medida que se diminuem o número de plantas amostradas, a estimativa de herdabilidade entre tende a se aproximar das estimativas deste parâmetro a nível de indivíduo.

Observando o gráfico para a variância ambiental (Figura 1), a linha horizontal contínua mostra o ponto zero do eixo das ordenadas, isto é, todos os pontos situados abaixo desta linha mostram as estimativas negativas encontradas para este parâmetro como já discutido anteriormente. Ainda na Figura 1 pode ser observado que, a partir de certo tamanho de amostra, as estimativas dos parâmetros tendem a se posicionar fora dos limites do intervalo de confiança (IC).

Com base nestas informações, é mostrado na Figura 2, então, o número de estimativas de cada parâmetro que se posicionaram dentro do IC em cada tamanho de amostra para brix. A linha horizontal tracejada indica o ponto onde 95% das estimativas aparecem dentro do intervalo. Este ponto de corte foi escolhido por acreditar ser um bom limite para o número de estimativas dentro do IC, uma vez que, segundo Cruz (2006), em estudos de reamostragem, pode-se considerar o número de plantas ótimo como sendo aquele em que as estimativas dos parâmetros estejam dentro de um determinado limite, geralmente estabelecido de forma subjetiva.

Sendo assim, com base na Figura 2 é possível determinar que uma amostra de 10 plantas seria suficiente para a estimação de todos os parâmetros propostos para a variável Brix, exceto para variância fenotípica dentro das parcelas, onde uma amostra de 16 plantas seria necessário, uma vez que o IC para este parâmetro mostra-se bem rigoroso (Figura 1).

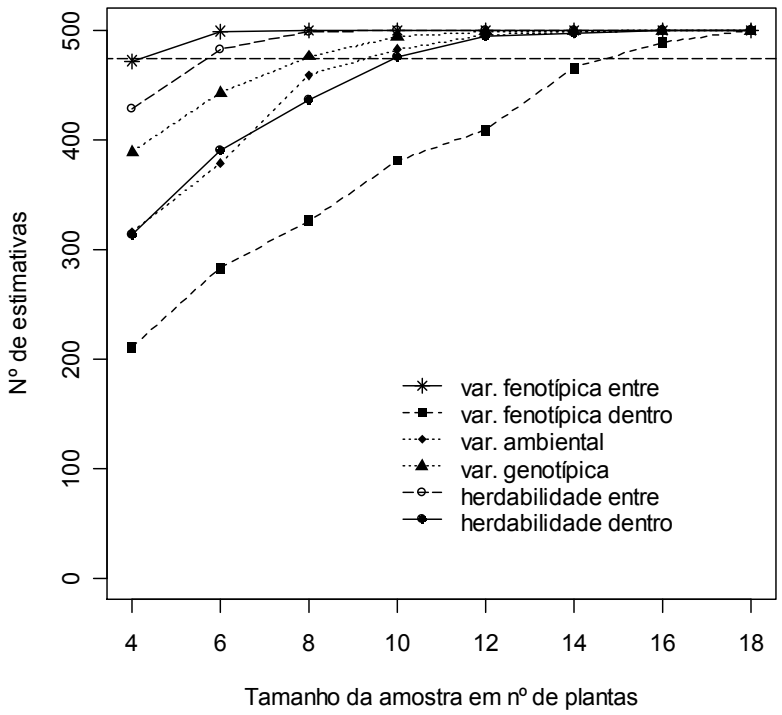

Figura 2 – Número de estimativas que se posicionaram dentro dos intervalos de confiança construídos para os valores paramétricos da Variância Genotípica, Variâncias Fenotípicas entre e dentro, Variância Ambiental, Herdabilidades entre e dentro, em cada tamanho de amostra, para a variável Brix. A linha tracejada indica o limite de 95% de estimativas posicionadas dentro desses intervalos.

Na Figura 3 é apresentada a dispersão das estimativas dos parâmetros para a variável DC, e mostra tendências gerais semelhantes às apresentadas para Brix, como diminuição da variação das estimativas à medida que se aumenta o número de plantas amostradas, médias das 500 estimativas dos parâmetros próximas ao valor paramétrico, exceto para herdabilidade entre famílias, onde a média decresce com a dimuição da amostra e %CVe, cuja média aumenta com a dimuição da amostra, e ocorre também a diminuição do erro-padrão com o aumento do tamanho da amostra.

Em concordância com o apresentado na Tabela 3, verifica-se no gráfico da variância ambiental para DC, o grande número de estimativas negativas (Figura 3). De acordo com a Figura 4, uma amostra de 14 plantas seria suficiente para a estimação de todos os parâmetros propostos para a variável diâmetro do colmo, exceto para variância ambiental, que neste caso poderia ser descartada pois, como já discutido anteriormente, é provável que o problema não seja o tamanho da amostra.

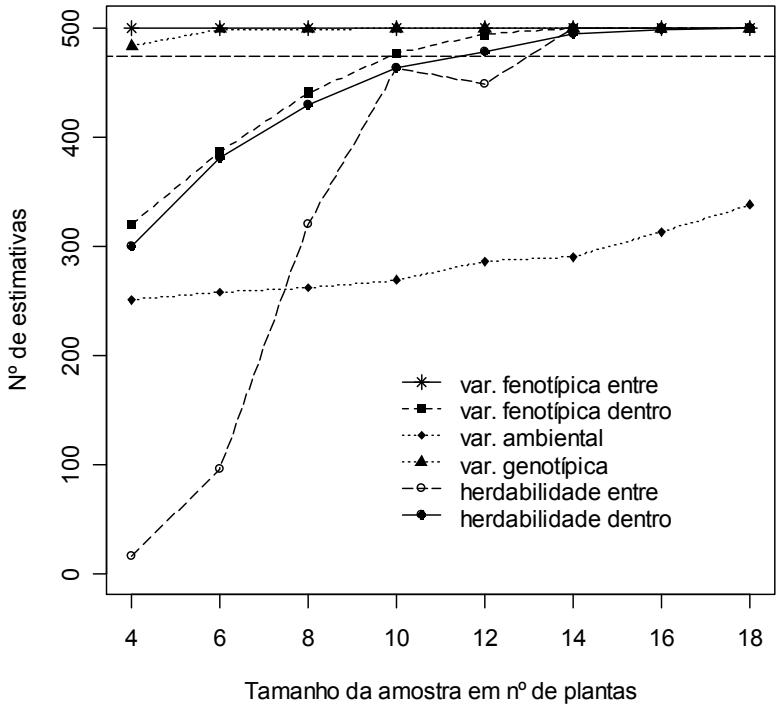

Figura 4 – Número de estimativas que se posicionaram dentro dos intervalos de confiança construídos para os valores paramétricos da Variância Genotípica, Variâncias Fenotípicas entre e dentro, Variância Ambiental, Herdabilidades entre e dentro, em cada tamanho de amostra, para a variável diâmetro do colmo. A linha tracejada indica o limite de 95% de estimativas posicionadas dentro desses intervalos.

A Figura 5 mostra tendências gerais semelhantes as variáveis descritas acima, e ainda observa-se a presença de estimativas negativas de variância ambiental para CC, porém estas estimativas ocorreram apenas nos menores tamanhos de amostra e pode ser devido ao número insuficiente de plantas amostradas.

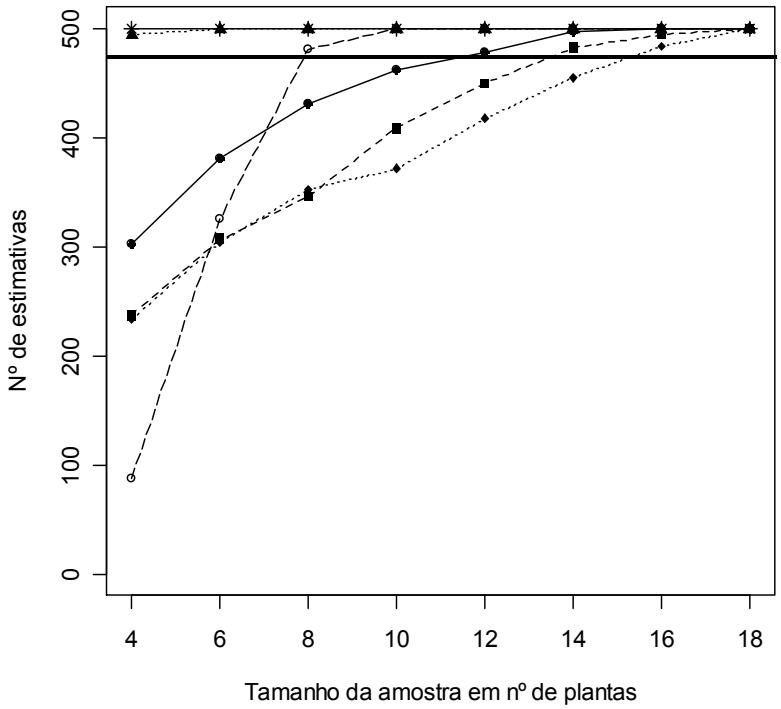

Figura 6 – Número de estimativas que se posicionaram dentro dos intervalos de confiança construídos para os valores paramétricos da Variância Genotípica, Variâncias Fenotípicas Entre e Dentro, Variância Ambiental, Herdabilidades Entre e Dentro, em cada tamanho de amostra, para a variável comprimento do colmo. A linha tracejada indica o limite de 95% de estimativas posicionadas dentro desses intervalos.

Assim, de acordo com a Figura 6, uma amostra de 14 plantas seria suficiente para estimar com precisão todos os parâmetros propostos para CC, exceto variância ambiental, por problemas já apresentados.

Os gráficos para NC estão apresentados na Figura 7 e mostram um comportamento geral bem semelhante ao que foi discutido para a característica DC. Foram obtidas algumas estimativas negativas para variância genotípica no tamanho de amostra igual a 4, 6 e 8 plantas (Figura 7), que provavelmente foram gerados de amostras onde o QM entre foi maior que o QM de famílias, ou seja, neste tamanho de amostra a determinação de diferenças entre as famílias ficaria muito comprometida.

I

De acordo com a Figura 8, pode ser verificado que 12 plantas também seriam suficientes para a estimação precisa de todos os parâmetros propostos para a variável NC, exceto variância ambiental, que será descartada por motivos idênticos aos já expostos para a variável DC.

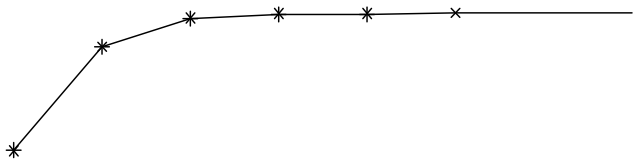

Figura 8 – Número de estimativas que se posicionaram dentro dos intervalos de confiança construídos para os valores paramétricos da Variância Genotípica, Variâncias Fenotípicas entre e dentro, Variância Ambiental, Herdabilidades entre e dentro, em cada tamanho de amostra, para a variável número de colmos. A linha tracejada indica o limite de 95% de estimativas posicionadas dentro desses intervalos.

Nas Figuras 9 e 11 é mostrado o comportamento das estimativas dos parâmetros para as variáveis TCH e TBH e as conclusões gerais são as mesmas já descritas acima e, para variância ambiental, ainda aparecem um bom número de estimativas negativas (Figuras 9 e 11) semelhante ao que ocorreu com DC e NC (Tabela 3), pelo fato de TCH ser estimada em função da variável PE, que por sua vez é estimada por outra equação dependente de DC, CC e NC. Já a variável TBH é função da variável TCH, assim toda a variabilidade expressa nestas características é expressa também nas variáveis TCH e TBH.

Tam

Sendo assim, de acordo com as Figuras 10 e 12, verifica-se que 16 e 16 plantas poderiam ser amostradas para TCH e TBH, respectivamente, para a estimação precisa dos parâmetros propostos, descartada a variância ambiental.

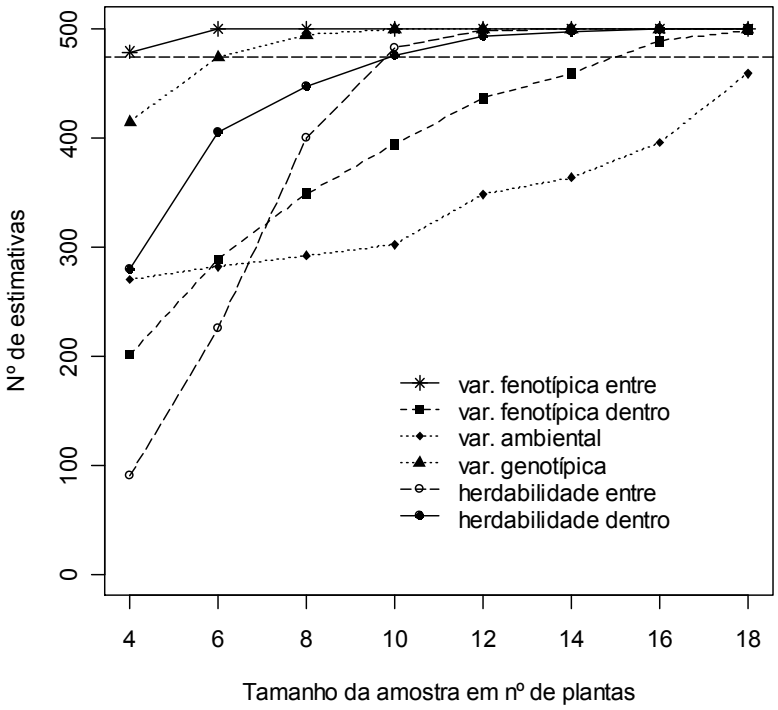

Figura 10 – Número de estimativas que se posicionaram dentro dos intervalos de confiança construídos para os valores paramétricos da Variância Genotípica, Variâncias Fenotípicas entre e dentro, Variância Ambiental, Herdabilidades entre e dentro, em cada tamanho de amostra, para a variável tonelada de cana por hectare. A linha tracejada indica o limite de 95% de estimativas posiciondas dentro desses intervalos.

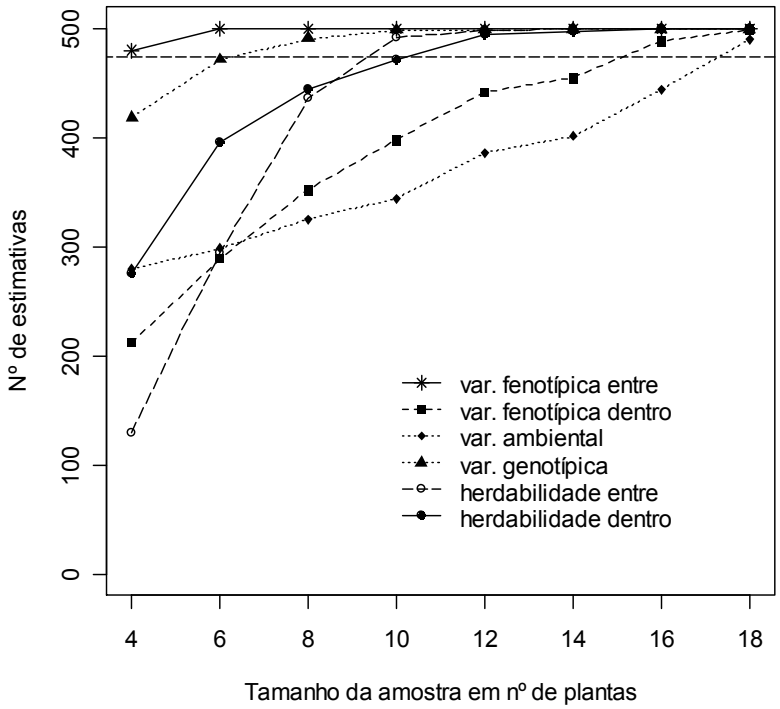

Figura 12 – Número de estimativas que se posicionaram dentro dos intervalos de confiança construídos para os valores paramétricos da Variância Genotípica, Variâncias Fenotípicas entre e dentro, Variância Ambiental, Herdabilidades entre e dentro, em cada tamanho de amostra, para a variável tonelada de brix por hectare. A linha tracejada indica o limite de 95% de estimativas posiciondas dentro desses intervalos.

4.3. Método da Máxima Curvatura Modificado e Intensidade de Amostragem

Estão apresentados na Tabela 4 os resultados obtidos para o Método da Máxima Curvatura Modificado (MMCM) e para o Método da Intensidade de Amostragem, que foram utilizados neste trabalho a título de acrescentar os resultados obtidos pelo estudo de reamostragem mostrado anteriormente. Para que as amostras geradas pudessem ser aproveitadas, foram utilizadas as médias das 500 estimativas de %CVe e de variância experimental em cada tamanho de amostra para a aplicação do MMCM e da Intensidade de Amostragem, respectivamente.

Tabela 4 – Estimativas do tamanho da amostra, em número de plantas, para as varíáveis Brix, diâmetro do colmo (DC), comprimento do colmo (CC), número de colmos (NC), tonelada de cana por hectare (TCH) e tonelada de brix por hectare (TBH), obtidas pela aplicação dos métodos da reamostragem, Máxima Curvatura Modificado (MMCM) e da Intensidade de Amostragem

			Intensidade de Amostragem	
Variável	**Reamostragem**	**MMCM**	**D = 10%**	**D = 20%**
BRIX	10	1,31	1,86	0,50
DC	14	4,63	7,67	2,69
CC	14	3,34	6,28	2,05
NC	12	7,66	14,39	7,81
TCH	16	9,38	17,25	12,22
TBH	16	9,69	17,21	12,13

Verifica-se na Tabela 4 que as estimativas de tamanho de amostra foram diferentes para cada variável, e as recomendações também diferenciaram entre os métodos. Os menores tamanhos de amostra foram estimados para a varíavel Brix, sendo 1,31 plantas (MMCM) e 1,86 para a semi-amplitude do intervalo de confiança (D) igual a 10% da média, indicando que a variável Brix é a mais homogênea.

Já para TBH, o número de plantas recomendado é o maior, sendo 9,96 (MMCM), e 17,21 (D = 10%). Para esta variável os dois métodos estimaram tamanhos bem diferentes, mostrando que seus valores apresentam grande heterogeneidade, uma vez que os dois métodos são baseados em duas estimativas diferentes de %CVe, uma obtida em função da variância residual (MMCM), e outra em função da variância do valores fenotípicos.

Todos os tamanhos da amostra recomendados pelo MMCM são inferiores aos encontrados pelo método da reamostragem. Os tamanhos da amostra obtidos para NC e TCH pela Intensidade de Amostragem (D = 10%) foram os que mais se aproximaram daqueles encontrados pelo método da reamostragem utilizado na estimação dos parâmetros.

O uso da reamostragem na determinação do tamanho da amostra leva em consideração um maior número de informações que os métodos da Máxima Curvatura Modificado e da Intensidade de Amostragem, permitindo determinar um tamanho adequado da amostra que possibilite a estimação

precisa dos parâmetros genéticos e fenotípicos usualmente utilizados nos programas de melhoramento da cana-de-açúcar.

Por outro lado, o uso de uma equação de regressão pelo MMCM permitiu que fossem feitas estimativas de tamanho de amostra nos intervalos entre os tamanhos predeterminados (Tabela 4) e com elevada precisão, uma vez que os valores de r^2 obtidos são geralmente altos (dado não mostrado). Este fato também foi observado por Viana et al. (2002).

Na tentativa de propor um rotina para a amostragem, além de recomendar o tamanho da amostra ideal para as variáveis avaliadas neste trabalho, foram calculadas algumas correlações que seguem apresentadas na Tabela 5.

Um resultado importante de ser comentado é a alta correlação obtida entre as variáveis peso estimado da parcela (PEP) e peso real da parcela (PRP). Como já descrito na metodologia, a variável PE foi obtida primeiramente estimando-se o peso de cada planta dentro da parcela e estes valores foram utilizados posteriormente para a estimação de TCH e TBH por planta.

Tabela 5 – Correlações de Pearson para os seguintes pares de variáveis: Brix e diâmetro do colmo (DC), Brix e comprimento do colmo (CC), comprimento do colmo (CC) e diâmetro do colmo (DC), e peso estimado da parcela (PEP) e peso real da parcela (PRP)

Par de Variáveis	r_{xy}	**Nº de observações**
BRIX, DC	-0,1501	2160
BRIX, CC	-0,0453	2160
CC, DC	0,4926	2160
PEP, PRP	0,8230	120

Como os únicos valores de peso que foram coletados em campo são os de peso da parcela toda (PRP), foram somados todos os valores de peso estimado por planta, nas parcelas, gerando a variável PEP. Prosseguiu-se, então, ao cálculo da correlação simples entre PEP e PRP,

obtendo-se um valor de 0,8230 (Tabela 5), mostrando, desta maneira, que os valores de peso estimado da parcela apresentam alta correlação com o peso real.

Este resultado indica que na avaliação das plantas, a pesagem da parcela toda poderia ser substituída, com êxito, pela estimação do peso das plantas com base nos dados coletados para as variáveis diâmetro, comprimento do colmo e número de colmos. Resultado semelhante foi obtido por Chang e Milligan (1992), onde estes autores também encontraram alta correlação para peso real e peso estimado.

Em experimentos com cana-de-açúcar, as variáveis aqui consideradas são usualmente citadas, sendo, portanto necessário escolher uma amostra que permita a adequada avaliação de todas elas. Assim, 16 plantas seriam totalmente suficientes para obter estimativas fidedignas de todos os parâmetros aqui discutidos, para todas as variáveis propostas. Porém, sendo possível desmembrar a amostragem, uma amostra de 10 plantas para a variável brix possibilitaria a estimação precisa dos parâmetros para esta variável.

Não há necessidade de amostragem do diâmetro e do comprimento do colmo nas mesmas plantas avaliadas para brix, uma vez que a correlação entre brix e estas duas variáveis é praticamente inexistente (Tabela 5). Isto poderia facilitar o trabalho de campo.

Como TCH é uma função do peso estimado, uma maneira de melhorar a estimativa desta variável seria aumentando a precisão da amostragem nas variáveis utilizadas para estimar o peso das plantas.

Uma proposta seria amostrar 14 plantas para número de colmos, diâmetro e comprimento do colmo. Por ser de mais fácil mensuração e por ter apresentado maior variabilidade dentro da parcela, o diâmetro poderia ser tomado em um número maior de colmos, por exemplo, três colmos de cada uma das 14 plantas. A média destas medidas seria o valor de diâmetro referente àquela planta amostrada. Em um dos colmos amostrados para diâmetro, prossegue-se com a medida do seu comprimento devido à existência de correlação, mesmo que baixa, entre CC e DC (Tabela 5).

Esta metodologia possibilitaria diminuir os efeitos da variabilidade dentro da própria planta, e testar se realmente a variável diâmetro do colmo

apresenta alta variabilidade dentro as famílias, ou se a amostra de apenas um colmo por planta não é suficiente.

As informações sobre o tamanho adequado da amostra ou da parcela em experimentos com famílias de cana-de-açúcar ainda são escassas e variáveis. Os tamanhos da amostra aqui estimados concordam ou estão próximos aos de algumas recomendações para amostras ou parcelas encontradas na literatura: 20 plantas para estimar a média da família (WU et al., 1978), 20 plantas para estimar qualidade do suco, número de colmos, rendimento da cana e peso por colmo (MARIOTTI, 1981), 10 plantas para estimar Brix (BARBOSA et al., 2001), 20 plantas para variáveis como NC, Brix, produção de cana e produção de açúcar (KIMBENG e COX, 2003) e 14 plantas para estimar parâmetros genéticos em Brix, NC, TCH e TBC (LEITE et al., 2006).

5. CONCLUSÕES

As estimativas do tamanho da amostra variaram de acordo com o parâmetro a ser estimado, de acordo com a variável a ser avaliada e de acordo com o método utilizado.

O método da reamostragem permite comparação mais eficiente dos efeitos do tamanho da amostra na estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos, o que não acontece nos Métodos da Máxima Curvatura Modificado e da Intensidade de Amostragem.

Os Métodos da Máxima Curvatura Modificado e da Intensidade de Amostragem estimaram tamanhos de amostra próximos para algumas variáveis. Quando foi aplicado o método da Intensidade de Amostragem para uma semi-amplitude do IC de 10% da média , os tamanhos da amostra para NC, TCH e TBH foram os que mais se aproximaram daqueles obtidos pela reamostragem bootstrap.

Uma amostra de 16 plantas por parcela é suficiente para obter estimativas fidedignas de todos os parâmetros aqui discutidos, para todas as variáveis propostas, em experimentos de famílias de irmãos completos. Porém, sendo possível desmembrar a amostragem, uma amostra de 10

plantas por parcela para a variável Brix possibilitaria a estimação bastante precisa dos parâmetros para esta variável.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGUIAR, A.M.; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA E.A. Comparação entre látice e blocos aumentados na avaliação de famílias segregantes em um programa de melhoramento do feijoeiro. **Ciência Agrotécnica**, Lavras, v24, n.4, p.857-860, 2000.

BARBIN, D. **Componentes de Variância: teoria e aplicações**. 2.ed. Piracicaba: FEALQ, 1993. 120p.

BARBOSA, M.H. P.; SILVEIRA, L.C.I. Metodologias de seleção, progressos e mudanças no programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar da Universidade Federal de Viçosa. **STAB - Açúcar, Álcool e Subprodutos**, Piracicaba, v.18, n.3, p. 30-32, 2000.

BARBOSA, M.H.P.; PETERNELLI, L.A.; SILVEIRA, L.C.I. Plot size in sugarcane family selection experiments. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v1, n.3, p. 271-276, 2001.

BASTOS, I.T. **Capacidade combinatória de clones e variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.)**. Viçosa: UFV, 2001. 48 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

BASTOS, I.T. **Seleção, adaptabilidade e estabilidade genotípica de clones de cana-de-açúcar utilizando modelos mistos**. Viçosa: UFV, 2005. 140 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

BRAGA, J.R. **Estudo sobre a distribuição do N no dimensionamento de amostras**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1986. 100 f. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior Luiz de Queiroz, Piracicaba.

BRESSIANI, J.A. **Seleção seqüencial em cana-de-açúcar**. Piracicaba: ESALQ/USP, 2001. 133 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior Luiz de Queiroz, Piracicaba.

BRESSIANI, J.A.; Vencovsky, R.; Burnquist, W.L. Interação entre famílias de cana-de-açúcar e locais: efeito na resposta esperada com a seleção. **Bragantia**, Campinas, v.61, n.1, p.1-10, 2002.

CHANG, Y.S.; MILLIGAN, S.B. Estimating the potential of sugarcane families to procude elite genotypes using univariate cross prediction methods. **Theoretical and Applied Genetics**, v.84, p.662-671, 1992.

CHAVES, L.J. **Tamanho da parcela para seleção de progênies de milho (Zea mays L.)**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1985. 148 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior Luiz de Queiroz, Piracicaba.

COPERSUCAR. **Relatório anual de atividades 1999/2000**. 2000.

COCHRAN, W.G. The estimation of sample size. In: Cochran, W.G. **Sampling techniques**. 3.ed. New York: John Willey, 1977. p. 72-90.

FEDERER, W.T. **Experimental Designs**. New York: MacMillan, Company, 1955. 544p.

GOMEZ, K.A.; GOMEZ, A.A. **Statistical procedures for agricultural research**. 2ed., New York: John Wiley, 1984. 680p.

HOGARTH, D.M. Quantitative inheritance studies in sugarcane. II. Correlations and predicted responses to selection. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 22, p. 103-109, 1971.

HOGARTH, D.M.; BRAITHWAITE, M.J.; SKINNER, J.C. Selection of sugarcane families in the Buirdekin district. **Proc. Australian Soc. Sugarcane Tech**. p 99-104, 1990.

HOGARTH, D.M.; Cox, M.C.; Bull, J.K. Sugarcane improvement: past achievements and future prospects. **Crop Improvement for the 21st Century**, p. 29-55, 1997.

IGUE, T.; ESPIRONELO, A.; CANTARELLA, H.; NELLI, E.J. Tamanho e forma de parcela experimental para cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v.50, n.1, p.163-180, 1991.

JACKSON P.; BULL, J.K.; MCRAE, T.A. The role of family selection in sugarcane breeding programs and the effect of genotype X environment interactions. **Proc. Australian Soc. Sugarcane Tech***,* v. 22, n.2, p. 261-270, 1995.

JACKSON P.; MCRAE, T.A. Selection of sugarcane in small plots: effects of plot size and selection criteria. **Crop Science***,* v. 41*,* p. 315-322, 2001.

JACKSON, P.; MCRAE, T.; MORGAN, T.; ELLIOTT, S. F1 optimal plot size, replication and selection criteria in early selection stages. In: ISSCT BREEDING AND GERMPLASM WORKSHOP, 4, 1998. **Abstract** (http://www.sugarnet.com. issct/f1.htm).

KIMBENG, C.A. E COX, M.C. Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: a review. **Jounal of american society of sugarcane technologists**, v. 23, p. 20-39, 2003.

KNAPP, S.J.; STROUP, W.W.; ROSS, W.M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, v. 25, p. 1-2, 1985.

LAW, A. M.; KELTON, W. D. **Simulation Modeling and Analysis**. 3.ed. McGraw-Hill Education. Europe, 2000. 759p.

LEITE, M.S.O.; PETERNELLI, L.A.; BARBOSA, M.H.P. Effects of plot size on the estimation of genetic parameters in sugarcane families. **Crop Breeding and Applied Biotecnology**, v.6, p.40-46, 2006.

LÚCIO, A.D.; SOUZA, M.F.; HELDWEIN, A.B.; LIEBERKNECHT, D.; CARPES, R.H.; CARVALHO, M.P. Tamanho da amostra e método de amostragem para avaliação de características do pimentão em estufa plástica. **Horticultura Brasileira**, v.21, n.2, p.181-185, 2003.

MARIOTTI, J.A., CUENYA, M.I. Efectos familiares y su implicancia en la eficiencia de la selección en caña de azucar.

SKINNER, J.C.; HOGARTH, D.M.; WU, K.K. Selection methods, criteria and indices. In: Heinz, D.J. (ed.). **Sugar cane improvement through breeding.** Amsterdam. Elsevier, 1987. p.409-453.

SOUZA, E.A.; GERALDI, I.O.; Ramalho, M.A.P. Alternativas experimentais odtaiEiEóh2——, cêh2–óJB–,ecêóíJb2J,vc2óóJh7727,,ch2–óJB–,ecêçóíJb2J,xc2ãóhbbB, c i7hííJb2J,dcêí,fJ772,achJê0óíJb2J,zc2ó7hóbJ0,B,jíJb7,ãbb–02–óJB–,Mcêb0óíJb2J,zc2ó7J

Livros Grátis

(http://www.livrosgratis.com.br)

Milhares de Livros para Download:

Baixar livros de Administração
Baixar livros de Agronomia
Baixar livros de Arquitetura
Baixar livros de Artes
Baixar livros de Astronomia
Baixar livros de Biologia Geral
Baixar livros de Ciência da Computação
Baixar livros de Ciência da Informação
Baixar livros de Ciência Política
Baixar livros de Ciências da Saúde
Baixar livros de Comunicação
Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE
Baixar livros de Defesa civil
Baixar livros de Direito
Baixar livros de Direitos humanos
Baixar livros de Economia
Baixar livros de Economia Doméstica
Baixar livros de Educação
Baixar livros de Educação - Trânsito
Baixar livros de Educação Física
Baixar livros de Engenharia Aeroespacial
Baixar livros de Farmácia
Baixar livros de Filosofia
Baixar livros de Física
Baixar livros de Geociências
Baixar livros de Geografia
Baixar livros de História
Baixar livros de Línguas

Baixar livros de Literatura
Baixar livros de Literatura de Cordel
Baixar livros de Literatura Infantil
Baixar livros de Matemática
Baixar livros de Medicina
Baixar livros de Medicina Veterinária
Baixar livros de Meio Ambiente
Baixar livros de Meteorologia
Baixar Monografias e TCC
Baixar livros Multidisciplinar
Baixar livros de Música
Baixar livros de Psicologia
Baixar livros de Química
Baixar livros de Saúde Coletiva
Baixar livros de Serviço Social
Baixar livros de Sociologia
Baixar livros de Teologia
Baixar livros de Trabalho
Baixar livros de Turismo