

SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMILIAS DE MEIOS
IRMÃOS NO MILHO (*Zea mays* L.) ESALQ-HV-1

MARIO AUGUSTO PINTO DA CUNHA

Orientador: ERNESTO PATERNIANI

Tese apresentada à Escola Superior
de Agricultura "Luiz de Queiroz",
da Universidade de São Paulo, para
obtenção do título de Doutor em
Genética e Melhoramento de Plantas.

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
junho - 1976

DEDICO ã

Minha Família.

AGRADECIMENTOS

O autor agradece a todos que contribuíram para a realização deste trabalho, particularmente às seguintes pessoas e instituições:

- Prof. Ernesto Paterniani pela orientação em todas as fases de condução deste estudo;
- Escola de Agronomia da Universidade Federal da Bahia (EAUFBa) pelo apoio administrativo, ao conceder a oportunidade de treinamento;
- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) pela oportunidade de iniciar os estudos de pós-graduação na ESALQ, bem como pela concessão da bolsa de estudo no decorrer do primeiro ano de atividade no curso;
- Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudo.

INDICE

	Página
1. RESUMO	1
2. INTRODUÇÃO	4
3. REVISÃO DE LITERATURA	7
3.1. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos	7
3.2. Relações dos tipos de endosperma duro e dentado com a produtividade	14
4. METODOLOGIA	16
4.1. Material	16
4.2. Métodos	21
4.2.1. Obtenção da população ESALQ-HV-1 e seleção mas- sal	21
4.2.2. Seleção entre e dentro de famílias de meios ir- mãos	22
4.2.3. Análise dos experimentos e estimativa dos parâme- tros genéticos	25
4.2.4. Avaliação das populações selecionadas	31
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	33
5.1. Avaliação das progênes de meios irmãos	33
5.2. Estimativa dos parâmetros genéticos	38
5.3. Avaliação das populações selecionadas	46
6. CONCLUSÕES	49

página

7. SUMMARY	51
8. LITERATURA CITADA	54
APÉNDICE	61

LISTA DE TABELAS

Página

Tabela 1.	Área Ocupada, em m ² , Pelos Experimentos em Látice Referentes às Progenies de Meios Irmãos das Populações de Milho ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI, nos Anos Agrícolas de 1971/72 e de 1974/75, Respective-mente	62
Tabela 2.	Critério de Notas Para a Obtenção de Estimativas Mé- dias de Total de Plantas Acamadas e Quebradas, em N ^o e %, e de Altura de Inserção da Espiga, em m, Por Par- celas de 25 e 50 Plantas na População de Milho ESALQ- -HV-1	63
Tabela 3.	Esperanças Matemáticas dos Quadrados Médios da Análi- se Combinada da Variância em Látice Para a Obtenção de Estimativas dos Parâmetros Genéticos	64
Tabela 4.	Análise da Variância dos Experimentos 16/1971 a 22/ 1971, Látices Triplos 10 x 10, Com 3 Repetições, Re- ferente a Produção em Kg/5 m ² de 700 Progenies de Meios Irmãos da População ESALQ-HV-1-MII, Ano Agríco- la de 1971/72	65
Tabela 5.	Análise da Variância dos Experimentos 1/1974 a 5/ 1974, Látices Triplos 10 x 10, Com 3 Repetições, Referente a Produção em Kg/10 m ² de 500 Progenies de Meios Irmãos da População ESALQ-HV-1-MII-HSI, Ano	

Agrícola de 1974/75	66
Tabela 6. Produções Médias, em Kg/Ha, "Stand" Médio, em %, e Notas Médias de Altura da Espiga e de Plantas Acamadas e Quebradas das Progênie e Amostra Seleccionada da População ESALQ-HV-1-MII e das Testemunhas, Experimentos 16/1971 a 22/1971, Ano Agrícola de 1971/72.	67
Tabela 7. Produções Médias, em Kg/Ha, "Stand" Médio, em %, e Notas Médias de Altura da Espiga e de Plantas Acamadas e Quebradas das Progênie e Amostra Seleccionada da População ESALQ-HV-1-MII-HSI e das Testemunhas, Experimentos 1/1974 a 5/1974, Ano Agrícola de 1974 / 75	68
Tabela 8. Comparação da Média das Médias de Produção, em Kg/Ha, do "Stand", em %, da Nota de Altura de Inserção da Espiga Para as Repetições 1 e 2 e da Nota de Total de Plantas Acamadas e Quebradas de 700 Progênie de Meios Irmãos do Milho ESALQ-HV-1-MII, Testemunhas, o Híbrido Duplo H6999B e a Variedade Centralmex, e Amostra Seleccionada, no Ano Agrícola de 1971/72	69
Tabela 9. Comparação da Média das Médias de Produção, em Kg/Ha, do "Stand", em %, da Nota de Altura de Inserção da Espiga Para as Repetições 1 e 2 e da Nota de Total	

de Plantas Acamadas e Quebradas de 500 Progênes de Meios Irmãos do Milho ESALQ-HV-1-MII-HSI, Testemunhas, os Híbridos Duplos H7974 e Agrocerec 152, e Amostra Seleccionada, no Ano Agrícola de 1974/75	70
Tabela 10. Produtividade das 700 Progênes da População ESALQ-HV-1-MII, das 118 Progênes da Amostra Seleccionada e das Testemunhas, o Híbrido Duplo H6999B e a Variedade Centralmex, em Kg/Ha e em % Relativa à Produção Média do Grupo de 700 Progênes de Meios Irmãos do Milho ESALQ-HV-1-MII, no Ano Agrícola de 1971/72 ...	71
Tabela 11. Produtividade das 500 Progênes da População ESALQ-HV-1-MII-HSI, das 115 Progênes da Amostra Seleccionada e das Testemunhas, os Híbridos Duplos H7974 e Agrocerec 152, em Kg/Ha e em % Relativa à Produção Média das Testemunhas, no Ano Agrícola de 1974/75 ..	72
Tabela 12. Produções Médias, em Kg/Ha e em % Relativa às Testemunhas, das Populações ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI Avaliadas nos Anos Agrícolas de 1971/72 e de 1974/75, Respectivamente	73
Tabela 13. Análise Combinada da Variância em Látice Referente a Produção em Kg/5 m ² de 700 Progênes de Meios Irmãos do Milho ESALQ-HV-1-MII, Ano Agrícola de 1971/72, e	

Esperanças Matemáticas dos Quadrados Médios ao Nível de Totais de Parcela Para a Obtenção de Estimativas dos Parâmetros Genéticos 74

Tabela 14. Análise Combinada da Variância em Látice Referente a Produção em Kg/10 m² de 500 Progenies de Meios Irmãos do Milho ESALQ-HV-1-MII-HSI, Ano Agrícola de 1974/75, e Esperanças Matemáticas dos Quadrados Médios ao Nível de Totais de Parcela Para a Obtenção de Estimativas dos Parâmetros Genéticos 74

Tabela 15. Análise Combinada da Variância em Látice Referente a Produção em Kg/5 m² de 700 Progenies de Meios Irmãos do Milho ESALQ-HV-1-MII, Ano Agrícola de 1971/72, e Esperanças Matemáticas dos Quadrados Médios ao Nível de Individuos Para a Obtenção de Estimativas dos Parâmetros Genéticos 75

Tabela 16. Análise Combinada da Variância em Látice Referente a Produção em Kg/10 m² de 500 Progenies de Meios Irmãos do Milho ESALQ-HV-1-MII-HSI, Ano Agrícola de 1974/75, e Esperanças Matemáticas dos Quadrados Médios ao Nível de Individuos Para a Obtenção de Estimativas dos Parâmetros Genéticos 75

Tabela 17. Estimativas das Variâncias Entre Famílias de Meios Irmãos (σ_{mi}^2), Genética Aditiva, em Kg/Pl (σ_A^2), Fenotípica (σ_F^2), Entre Parcelas (σ_e^2), Entre Plantas Dentro de Parcelas (σ_D^2), Herdabilidade no Sentido Restrito (\hat{h}^2), em %, e Coeficiente de Variação Genética (C.V. gen), em %, Relativos a Produção de Grãos das Populações ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI 76

Tabela 18. Diferencial de Seleção ao Nível de Plantas, Intensidade de Seleção em Unidades de Desvio Padrão Entre Progênieis, k_1 , e Dentro de Progênieis, k_2 , e Progressos Genéticos Esperados, em G/Pl e em % do Progresso Genético Total Esperado, Devidos a Seleção Entre e Dentro de Progênieis de Meios Irmãos nas Populações ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI 77

Tabela 19. Produtividade das 700 Progênieis da População ESALQ-HV-1-MII e Produtividades Esperadas Devido à Seleção Entre e Dentro de Progênieis e no Ciclo de Seleção Seguinte, ESALQ-HV-1-MII-HSI, em Kg/Ha e em % Relativa à Produção Média do Grupo de 700 Progênieis do Milho ESALQ-HV-1-MII, no Ano Agrícola de 1971/72 ... 78

Tabela 20. Produtividade das 500 Progênieis da População ESALQ-HV-1-MII-HSI e Produtividades Esperadas Devido à Se-

leção Entre e Dentro de Progênes e no Ciclo de Se-
leção Seguinte, ESALQ-HV-1-MII-HSI, em Kg/Ha e em %
Relativa à Produção Média das Testemunhas, os Híbridos Duplos H7974 e Agrocerees 152, no Ano Agrícola de 1974/75 79

Tabela 21. Comparação da Produção Média, do "Stand" Médio e da Nota Média de Acamamento de Plantas das Populações - ESALQ-HV-1 Original, ESALQ-HV-1-MI, ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI e das Testemunhas H6999B e Agrocerees 152, Avaliadas em um Experimento em Blocos ao Acaso Com 20 Repetições, no Ano Agrícola de 1973/74. 80

Tabela 22. Análise da Variância do Experimento em Blocos ao Acaso, Com 20 Repetições, Para Avaliação do Ciclo Original, Ciclos I e II de Seleção Massal e Ciclo I de Seleção Entre e Dentro de Famílias de Meios Irmãos do Milho ESALQ-HV-1, Feita Com a Regressão de Produção em Kg/10 m² em Relação aos Ciclos de Seleção 81

LISTA DE FIGURAS

Página

Figura 1. Distribuição das Frequências Relativas a Produtividade de Progenies de Meios Irmãos, Ajustadas Pela Média do Grupo, do Milho ESALQ-HV-1-MII, Linha Cheia, e da Amostra Seleccionada, Linha Interrompida, e a Média das Testemunhas, H6999B e Centralmex	82
Figura 2. Distribuição das Frequências das Produções, em Porcentagem das Testemunhas H7974 e Agroceres 152, das Famílias de Meios Irmãos Testadas, Linha Cheia, e das Seleccionadas, Linha Interrompida, no Ciclo I de Seleção Entre e Dentro de Famílias de Meios Irmãos do Milho ESALQ-HV-1	83
Figura 3. Regressão da Produtividade do Milho ESALQ-HV-1 em Porcentagem Relativa ao Ciclo Original, de Valor 100, em Função dos Ciclos MI e MII de Seleção Massal e do Ciclo HSI de Seleção Entre e Dentro de Famílias de Meios Irmãos	84

1. RESUMO

A obtenção de uma variedade semi dentada de milho, estável para este caráter, é um dos objetivos do Programa de Melhoramento de Milho, do Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". Para tanto, foi sintetizada a população ESALQ-HV-1, obtida a partir do cruzamento Dentado Composto A x Flint Composto A, realizado em Piracicaba, Estado de São Paulo, no ano agrícola de 1967/68.

Após várias gerações de recombinação, a população foi submetida a dois ciclos de seleção massal (MI e MII) e um ciclo de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos (HSI). No presente trabalho, é relatado o comportamento das progênes de meios irmãos, bem como das populações ESALQ-HV-1 disponíveis.

As progênes de meios irmãos das populações ESALQ-HV-1- MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI foram avaliadas em lâttices triplos 10 x 10, com 3 repetições, nos anos agrícolas de 1971/72 e de 1974/75, respectivamente. As testemunhas empregadas para comparação com as progênes de meios irmãos

foram os híbridos duplos H6999B, H7974 e Agrocerec 152 e a variedade Centralmex.

A produção média da amostra selecionada na população ESALQ-HV-1-MII foi superior em 15,2 e em 1,2% às produções médias das progênes e das testemunhas, respectivamente. Já na população ESALQ-HV-1-MII-HSI, a amostra selecionada produziu, em média, 8,2 e 2,7% a mais do que as progênes e as testemunhas, respectivamente.

A variabilidade genética, estimada pelo coeficiente de variação genética, diminuiu de 9,3% na população ESALQ-HV-1-MII, para 7,3% na população ESALQ-HV-1-MII-HSI, enquanto a herdabilidade diminuiu de 19,7 para 13,4%, respectivamente.

As estimativas da variância genética aditiva, correspondentes às populações ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI, foram de $6,063 \times 10^{-4}$ e de $3,372 \times 10^{-4}$. A variância entre plantas dentro de parcelas foi 10,3 vezes maior do que a variância entre parcelas. Este dado foi obtido com base na produção individual de plantas da população ESALQ-HV-1-MII-HSI.

As intensidades de seleção aplicadas entre progênes foram de, aproximadamente, 17 e 23%, respectivamente para as populações ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI, enquanto dentro de progênes foi de 10%. As plantas selecionadas dentro das melhores progênes foram recombinadas em lote isolado de despendoamento.

Os progressos genéticos totais esperados foram de 12,18 e de 6,73 g por planta, respectivamente para as populações ESALQ-HV-1-MII

e ESALQ-HV-1-MII-HSI. O efeito da seleção realizada entre progênies foi de maior magnitude do que o da seleção realizada dentro de progênies.

Em 1973/74, foi conduzido um ensaio em blocos ao acaso, com 20 repetições, afim de serem comparadas as populações disponíveis : ESALQ-HV-1 original, ESALQ-HV-1-MI, ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI , juntamente com os híbridos duplos H6999B e Agroceres 152. Muito embora os dados revelem uma tendência de aumento da produtividade nas populações selecionadas, a análise da regressão da produção destas populações em relação aos ciclos de seleção não mostrou significância estatística para a regressão linear nem para os desvios da regressão.

2. INTRODUÇÃO

A domesticação e a seleção levadas a efeito no milho conduziram a uma espécie politípica da qual são conhecidas, atualmente, cerca de 250 raças (*PATERNIANI, 1969*). Esses processos deram origem a uma dependência completa da planta ao homem, o que tem concorrido para o estudo de métodos mais adequados ao desenvolvimento de material melhorado nessa espécie.

Os métodos de seleção massal e de seleção espiga por fileira, amplamente empregados até o ano de 1920 (*PATERNIANI, 1969*), foram relegados a segundo plano, devido a resultados pouco animadores com relação a ganhos em produtividade. No entanto, a existência de variância genética aditiva e possibilidades de utilização da mesma em programas de melhoramento, comprovadas por estudos recentes em populações de milho, conduziram à modificações nos métodos citados acima (*GARDNER, 1961, LONNQUIST, 1964*) e a uma reavaliação na sua utilização.

O método de seleção espiga por fileira modificado, denomi-

nado de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos (*PATERNIANI, 1967*), tem levado a resultados altamente promissores (*WEBEL E LONNQUIST, 1967, PATERNIANI, 1967*). As principais modificações introduzidas consistem na utilização de delineamentos experimentais adequados, seleção das progênies em função de ensaios conduzidos em locais diferentes e amostragem apropriada (*LONNQUIST, 1964*).

Este esquema é relativamente simples em sua aplicação e permite o melhoramento de populações visando, ao lado de aspectos mais básicos, obter-se variedades de milho de elevada produtividade e possuidoras de caracteres agronômicos favoráveis ao seu cultivo. Além disto, as variedades assim obtidas servem como fonte de linhagens endogâmicas para a utilização em programas de milho híbrido.

Mais recentemente, *VERA e CRANE (1974)* concluíram que a partir de uma população semi dentada, obtida do cruzamento de milhos duros com dentados, é possível selecionar-se para os tipos paternos sem afetar apreciavelmente, dentre outros caracteres, a produtividade. Atualmente, existem variedades melhoradas de milhos dentados e de milhos duros, tipos estes que apresentam grande interesse comercial. Por outro lado, com o advento do milho híbrido no Brasil, passou-se a utilizar cruzamentos entre os tipos dentado e duro, resultando na difusão do híbrido meio dente. No entanto, vale ressaltar a não existência de variedades semi dentadas adaptadas às mesmas condições de cultivo do híbrido meio dente. Seria, assim, desejável, tanto do ponto de vista aplicado como do ponto de vista mais básico, a condução de um programa visando à obtenção de uma variedade melhorada do tipo semi dentado. Tal é a finalidade es-

sencial do presente trabalho.

Assim, a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos conduzida no milho ESALQ-HV-1 tem como objetivos: a. verificar a possibilidade de obter-se uma variedade semi dentada de milho, estável para este caráter; b. verificar a eficiência desse método de seleção na população considerada e c. obter estimativas de parâmetros genéticos.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos

O método de seleção espiga por fileira foi idealizado e posto em execução no Estado de Illinois, Estados Unidos da América do Norte, no ano de 1896 (*HOPKINS, 1899 apud SPRAGUE, 1955*). O esquema básico consiste na seleção de espigas fenotipicamente desejáveis e avaliação dessas espigas em um teste de progênie. As sementes remanescentes das melhores espigas são, a seguir, misturadas para a obtenção da geração seguinte. As porcentagens de óleo e de proteína dos grãos foram as características primeiramente selecionadas dentro deste esquema.

Segundo *PATERNIANI (1968)*, este método foi, provavelmente, idealizado com base nos trabalhos realizados por Louis de Vilmorin, na França, a partir de 1843. Na realidade, o método de seleção espiga por fileira utiliza o teste de progênie e os trabalhos de Louis de Vilmorin foram os primeiros a mostrar que a melhor indicação do valor genético de uma planta é dado pela sua progênie.

RICHEY (1922), resumindo as técnicas experimentais até então empregadas em milho e relatando os resultados obtidos, cita que o método de seleção espiga por fileira foi imediatamente adotado por muitas das estações experimentais, produtores de semente e agricultores dos Estados Unidos da América do Norte. No entanto, modificações do esquema básico foram propostas, algumas visando a redução do erro experimental e outras com o objetivo de evitar a endogamia. Reconheceu-se, por outro lado, que o teste de espigas sem repetição não tinha, praticamente, valor. Este autor considera poucas evidências a favor de uma recomendação de emprego do método, em vista dos gastos, incerteza de obtenção de maiores produtividades e aumentos pequenos conseguidos durante uma série de anos, nos casos mais favoráveis.

O estudo de *SMITH e BRUNSON (1925, apud SPRAGUE, 1955)* fornece dados bastante críticos sobre o método de seleção espiga por fileira. Eles iniciaram a seleção a partir de 990 espigas de uma variedade local de milho, no Estado de Illinois, Estados Unidos da América do Norte. Sementes de uma mesma espiga foram semeadas em uma única fileira, enquanto em um lote isolado foi plantada uma amostra de sementes dessas mesmas espigas, a fim de ter-se um padrão na medição do progresso. A seleção foi feita para alta e baixa produção, sendo que só a seleção para baixa produção foi eficiente.

O descrédito no método de seleção espiga por fileira para capacidade de produção surgiu como resultado deste e de outros estudos que também indicaram a mesma tendência (*SPRAGUE, 1955, PATERNIANI, 1966*). *SPRAGUE (1955a)* menciona que os resultados obtidos nesses experimentos levou muitos pesquisadores a acreditarem no exaurimento da variância gené

tica aditiva em milho. Salienta, entretanto, que esta foi uma conclusão errônea.

Realmente, *ROBINSON e COMSTOCK (1955)* verificaram que a variância genética aditiva é de maior magnitude do que a dominante em quatro populações híbridas de linhagens, bem como nas populações de polinização livre Jarvis, Weekley e Indian Chief, em estudos conduzidos na Estação Experimental de Carolina do Norte, Estados Unidos da América do Norte. Eles consideraram, ainda, a existência de variância genética aditiva como um prerequisite para a obtenção de progresso em um programa de seleção em milho, onde todos os indivíduos sejam recombinados ao acaso.

Estudos realizados por *PATERNIANI e ZINSLY (1965)* no milho Dente Paulista, no Estado de São Paulo, Brasil, e por *HALLAUER e WRIGHT (1967)* no milho Iowa Ideal, no Estado de Iowa, Estados Unidos da América do Norte, também indicaram a existência de suficiente variabilidade genética para permitir progressos por seleção. Estes últimos autores estimaram que a variância genética aditiva representava cerca de 80% da variância genética no milho Iowa Ideal.

Ao lado da observação de existência de suficiente variabilidade genética nos milhos West Indian Composite e Corn Belt Composite, em experimentos conduzidos nos Estados da Carolina do Norte e de Iowa, Estados Unidos da América do Norte, *GOODMAN (1965)* cita a primeira população, formada por material mais divergente, como possuidora de maior variância genética aditiva do que o Corn Belt Composite.

A existência de maior variância genética, principalmente

variância genética aditiva, em compostos de material mais divergente é confirmada pelos trabalhos de *MOLL e ROBINSON (1967)* nas populações de milho Jarvis e Indian Chief, realizados no Estado da Carolina do Norte, Estados Unidos da América do Norte, e por *DUDLEY e MOLL (1969)*.

A utilização da seleção massal estratificada por *GARDNER (1961)*, no Estado de Nebraska, Estados Unidos da América do Norte, indica ganhos na produtividade de 3,9% ao ano, durante quatro ciclos de seleção na variedade de milho Hays Golden. Essa modificação do método de seleção massal consiste em dividir-se a área de plantio em lotes de 10 m², quando da colheita, e praticar-se seleção dentro de cada lote. Resultados semelhantes foram obtidos por *LONNQUIST (1961, apud PATERNIANI, 1966)* em trabalhos com esta mesma variedade.

Verifica-se, desta forma, que falhas na técnica experimental e não limitações genéticas foram responsáveis pelo insucesso no emprego dos métodos de seleção para aumento de produtividade em milho, como comentado por *SPRAGUE (1955)*.

Mas, não só com relação a produtividade existem evidências de suficiente variabilidade genética em milho. A seleção para maior e menor porcentagem de óleo e proteína na variedade de milho Burr White, iniciada na Estação de Illinois, Estados Unidos da América do Norte, em 1896, continua acusando ganhos, conforme relatos de *WOODWORTH et alii (1952)*, *LENG (1962)*, *DUDLEY e LAMBERT (1969)* e *DUDLEY (1973)*. Os resultados apresentados por êstes autores se referem a observações feitas nesse material após 50, 48, 65 e 70 gerações de seleção, respectivamente.

Conforme salienta *LONNQUIST (1964)*, a presença de considerável variação genética aditiva em milho não deveria, jamais, ter sido questionada. Este autor sugeriu uma modificação no esquema básico do método de seleção espiga por fileira. A modificação consiste, em linhas gerais, na avaliação das progênies das espigas em ensaios de produção, no delineamento látice, com três repetições plantadas em locais diferentes. A seleção entre progênies é feita após a obtenção dos dados, enquanto a seleção dentro de progênies, que corresponde a uma seleção massal, é feita visualmente em uma das repetições. Esta repetição é plantada em lote isolado de despendoamento, na proporção de quatro fileiras masculinas para duas fileiras femininas. As fileiras femininas constituem os tratamentos do experimento, enquanto as masculinas são plantadas com uma amostra representativa das progênies incluídas no experimento. Após a obtenção dos dados do experimento, seleciona-se as 20% melhores progênies, tomando-se de cada uma delas, cinco das melhores espigas. Estas constituem o material a ser testado no ano agrícola seguinte.

Uma das primeiras avaliações dos efeitos da seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos sobre diversos caracteres correlacionados em milho foi conduzido por *CAMPOS (1966)*, no Estado de São Paulo, Brasil. O autor utilizou os milhos Dente Paulista, do ciclo original ao ciclo IV, e Piramex, do ciclo original ao ciclo III, não encontrando diferenças significativas entre os ciclos. O pequeno número de gerações estudadas, a perda do poder germinativo das sementes dos ciclos mais antigos e as interações genotipo x ano foram consideradas as possíveis causas da falta de resposta a seleção.

Outro estudo, também conduzido no milho Dente Paulista, no Estado de São Paulo, Brasil, foi relatado por *PATERNIANI (1967)*. O plano inicial, como proposto por *LONNQUIST (1964)*, foi modificado com a introdução de uma outra repetição, plantada um mês após as demais. Esta quarta repetição foi constituída pelos tratamentos do experimento, como fileiras femininas, e para cada três destas fileiras foi semeada uma fileira polinizadora formada por uma amostra das sementes dos tratamentos. As plantas das fileiras femininas, bem como das testemunhas, foram cuidadosamente despendoadas. O autor obteve um progresso médio de 13,6% por ciclo. Após três ciclos de seleção, observou-se um aumento de 40% na produtividade.

WEBEL e LONNQUIST (1967) aplicaram a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos na variedade de milho Hays Golden, na Estação Experimental de Nebraska, Estados Unidos da América do Norte. Os autores procederam a uma modificação no decorrer do trabalho, ao introduzirem uma quarta repetição isolada com o objetivo de proporcionar oportunidades de recombinação e de seleção dentro de famílias. Com isto, fez-se uma seleção com base no peso dos grãos, ao invés de basear-se na aparência fenotípica. Além disto, o trabalho quando da colheita foi diminuído, uma vez que só as plantas incluídas nas famílias selecionadas foram colhidas. O ganho médio por geração foi de 9,44%, de acordo com a análise de regressão da produção, e bastante semelhante ao progresso esperado de 8,39%.

Em trabalhos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, realizados no Estado de São Paulo, Brasil, nos milhos Pira-

mex, do ciclo original ao ciclo IV, e Centralmex, ciclos original e I, PA
TERNIANI (1968) obteve progressos médios de 5,64 e de 3,60% por ano, res-
pectivamente. O autor cita que a medida que as populações são melhoradas
por seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, as primeiras gera-
ções resultantes do cruzamento entre elas também apresentam maiores produ-
ções. Esta observação foi feita nos cruzamentos entre as populações Pira-
mex e Dente Paulista, notando-se, ainda, que o valor de heterose, em rela-
ção a média dos pais ou em relação ao pai mais produtivo, foi maior nos
cruzamentos envolvendo os ciclos de seleção mais avançados.

SILVA (1969), aplicando a seleção entre e dentro de fami-
lias de meios irmãos no milho Cateto Colombia Composto, no Estado de Mi-
nas Gerais, Brasil, não observou mudanças sensíveis na produtividade. Se-
gundo o autor, isto é perfeitamente admissível em vista de tratar-se de
resultados de um único ciclo de seleção. No entanto, a população obtida
após este ciclo estava em condições de ser utilizada pelos agricultores
daquela região, uma vez que a média de produção de grãos em porcentagem
das testemunhas, os híbridos duplos comerciais H6999B e Agrocerec 23, foi
de 90,63%. Além disto, o número de espigas da população foi superior ao
das testemunhas.

ZINSLY (1969) conduziu um estudo comparativo entre os méto-
dos de seleção massal e de seleção entre e dentro de famílias de meios ir-
mãos nos milhos Dente Paulista, Cateto e Caingang, no Estado de São Pau-
lo, Brasil. Ele observou ser a seleção entre e dentro de famílias de
meios irmãos duas vezes mais eficiente do que a seleção massal, conduzi-
do a um ganho médio observado de 13,8% para as três populações.

3.2. Relações dos tipos de endosperma duro e dentado com a produtividade de

Pesquisas têm sido desenvolvidas no sentido de determinar os efeitos da seleção para tipo duro ou dentado do endosperma sobre a produção e outros caracteres da planta de milho.

Visando estudar a influência do tipo de endosperma do híbrido simples receptor de pólen sobre a produção, *DIMMOCK e DONOVAN (1956)* utilizaram quatro híbridos simples testados durante dois anos no Estado de Ottawa, Canadá. Eles não observaram influência do tipo de endosperma do híbrido simples receptor de pólen no ano de 1951. Mas, os híbridos simples duros conduziram a maiores produções quando usados como plantas femininas no ano de 1952, o qual foi um ano de melhores condições climáticas do que o anterior. Os aumentos de produção verificados, no entanto, não foram significativos.

PATERNIANI e TREVISAN (1971) compararam tipos de endosperma e caracteres agronômicos no milho ESALQ-HV-1, no Estado de São Paulo, Brasil. Os autores separaram os tipos de endosperma em dentado, dentado algo duro, semi dentado, duro algo dentado e duro. Eles citam as possibilidades de obtenção de uma variedade semi dentada de polinização livre de alta capacidade produtiva, desde quando não se observou uma forte correlação entre tipo de endosperma e produtividade. As progênies das cinco classes de endosperma se comportaram semelhantemente com respeito à produtividade.

Resultados mais recentes foram relatados por *VERA e CRANE*

(1974), em estudos de seleção massal para densidades alta e baixa de grão, conduzidos durante quatro ciclos, e seleção visual para grão duro ou dentado durante três ciclos, em locais dos Estados de Indiana e da Florida, Estados Unidos da América do Norte. Os estudos foram conduzidos na população derivada do cruzamento Eto x Corn Belt Composite. Os autores citam a possibilidade de selecionar-se para tipos de grão duro ou dentado em uma população heterozigota para estes tipos, sem afetar, apreciavelmente, a produtividade, teor de umidade na colheita, "stand", acamamento de plantas ou altura de planta e de espiga.

Os primeiros resultados de aplicação da seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em uma população derivada do cruzamento entre milhos dentado e duro foram relatados por *CARMO* (1969), em trabalho conduzido no Estado de São Paulo, Brasil. O autor utilizou as populações Dentado Composto A e Dentado Composto A x Duro Composto A, ambas possuidoras de ampla base genética. Observou-se que a população Dentado Composto A x Duro Composto A possui maiores variâncias genéticas do que o Dentado Composto A. Desta forma, *CARMO* considera que as possibilidades de melhoramento visando a obtenção de uma variedade semi dentada de milho são grandes.

4. METODOLOGIA

4.1. Material

O milho ESALQ-HV-1 é proveniente do cruzamento entre o Dentado Composto A e o Flint Composto A, realizado em Piracicaba, Estado de São Paulo, no ano agrícola de 1967/68. Estes compostos foram formados por milhos produtivos e bem adaptados às condições de cultivo deste Estado, apresentando uma base genética ampla e grande potencial para produção.

Na síntese do Dentado Composto A foram utilizados os seguintes milhos dentados brancos e amarelos:

1. WP_2 - tipo de grão dente amarelo, composto de amostras de Tuxpeño Amarelo coletadas no norte de Vera Cruz, no México: Ver Gpo 48, Ver Gpo 168 e SLP 15.

2. WP_6 - população com sementes brancas e de tipo dente e meio dente, formada a partir de cruzamentos entre milhos da raça Tuxpeño

e de cruzamentos intervarietais de Tuxpeño x Eto Blanco; originário do México.

3. *WP*₉ - tipo de grão meio dente branco, sendo uma mistura de diversas variedades de Tuxpeño, originário do México: Mix 1, Colima Gpo 1, cruzadas com Eto Blanco.

4. *WP*₁₀ - tipo de grão dente amarelo, também conhecido como Composto III Centro Americano; formado a partir de uma mistura de milhos duros amarelos de germoplasma do grupo cubano, Cuba 40 e Hawai 5, e de Tuxpeño Amarelo, SLP 164; originário do México.

5. *WP*₂₇ - tipo de grão dente branco; trata-se da variedade Capitein, da raça Tuxpeño, cultivada em Vera Cruz, no México.

6. *WP*₂₉ - Carmen, de tipo de grão dente branco, correspondendo a outra amostra da raça Tuxpeño, originária do México.

7. *WP*₃₂ - Mix 1, tipo de grão dente branco da raça Tuxpeño, formada no programa de melhoramento de Costa Rica.

8. *WP*₃₇ - Venezuela-3, tipo de grão dente branco, obtido por seleção na Venezuela.

9. *Piramex* - representante da raça Tuxpeño Amarelo, melhorado no Instituto de Genética da ESALQ, Programa de Melhoramento de Milho; foi introduzido em 1956 e tem sido melhorado pelo método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos desde 1962.

10. *Azteca* - representante da raça Tuxpeño Amarelo, obtido

no Instituto Agronômico de Campinas, Seção de Cereais.

11. *Maia* - germoplasma de origem mexicana, obtido no Instituto Agronômico de Campinas, Seção de Cereais.

12. *América Central* - variedade de tipo de grão dente amarelo, com predominância de germoplasma Tuxpeño e incluindo amostras de vários países da América Central; obtida por seleção recorrente para capacidade geral de combinação, no Instituto de Genética da ESALQ, Programa de Melhoramento de Milho (PATERNIANI, 1965).

Na síntese do Flint Composto A foram utilizados os seguintes milhos duros brancos e amarelos:

1. WP_1 - tipo de grão meio dente amarelo, originário da América Central e da Colombia, tendo entrado em sua composição os milhos PD (MS) 6, Nariño 330 x Peru 330, Amarillo Salvadoreño, Sintético da Flórida e Eto Amarillo.

2. WP_3 - Cuprico, tipo de grão meio dente amarelo, originário de Cuba e de Porto Rico, composto de cinco amostras de germoplasma cubano e de cinco amostras de germoplasma de Porto Rico.

3. WP_4 - tipo de grão duro branco, originário da Colombia; obtido por cruzamento entre Nariño 330 x Peru 330.

4. WP_5 - Cuba 11 J, tipo de grão duro laranja, originário de Cuba.

5. WP_7 - Eto Blanco, tipo de grão duro branco, obtido na

Estação Experimental Tulio Ospina, na Colombia.

6. *WP*₈ - Cuba Gpo 1, tipo de grão duro laranja, originário de Cuba.

7. *WP*₁₁ - Porto Rico Gpo 2, tipo de grão meio dente amarelo, originário de Porto Rico.

8. *WP*₁₃ - Composto Amarelo do Caribe, tipo de grão semi-duro amarelo, formado no México por milhos originários do Caribe e da América Central; é possível que algum germoplasma Tuxpeño tenha sido incluído em sua formação.

9. *WP*₂₇ - Cuba 28, tipo de grão meio dente amarelo, originário de Cuba.

10. *WP*₂₈ - Diacol V-101, tipo de grão duro branco, originário da Colombia, obtido pelo programa agrícola daquele país, em colaboração com a Fundação Rockefeller.

11. *WP*₃₀ - Nariño 330, tipo de grão duro branco, originário da Colombia.

12. *WP*₃₃ - Amarillo Salvadoreño, tipo de grão meio dente amarelo, originário de El Salvador.

13. *WP*₃₄ - Sintético da Flórida, tipo de grão meio dente amarelo, originário dos Estados Unidos da América do Norte.

14. *WP*₃₅ - Eto Amarillo, tipo de grão duro amarelo, originário da Colombia.

15. *WP*₃₆ - Venezuela 1, tipo de grão meio dente amarelo, originário da Venezuela.

16. *WP*₃₈ - PD (MS) 6, tipo de grão meio dente amarelo, originário da Costa Rica, onde tem sido melhorado por seleção massal.

17. *Pérola Piracicaba* - tipo de grão duro branco, obtido pelo Programa de Melhoramento de Milho do Instituto de Genética da ESALQ.

18. *Cateto Composto* - tipo de grão duro laranja, de origem brasileira; composto de várias amostras de Cateto coletadas nos Estados de Minas Gerais e de São Paulo.

A população ESALQ-HV-1, atualmente no ciclo I de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, corresponde a primeira geração do cruzamento entre as populações da segunda geração de polinização livre do Dentado Composto A e do Flint Composto A.

As testemunhas empregadas no decorrer da seleção e avaliação do milho ESALQ-HV-1 foram os híbridos duplos comerciais H6999B, H7974, desenvolvidos pelo Instituto Agrônomo de Campinas, e Agroceres 152, da Companhia de Sementes Agroceres S.A., e a variedade Centralmex, proveniente do Programa de Melhoramento de Milho do Instituto de Genética da ESALQ.

4.2. Métodos

4.2.1. Obtenção da população ESALQ-HV-1 e seleção massal

As populações Dentado Composto A e Flint Composto A foram formadas em dois lotes isolados no Instituto de Genética da ESALQ, a partir do ano de 1965. Estes compostos não foram submetidos a qualquer seleção no tocante a coloração do grão quando da sua síntese, empregando-se, indistintamente, grãos brancos e grãos amarelos. Posteriormente, praticou-se seleção para grãos amarelos.

O cruzamento Dentado Composto A x Flint Composto A foi realizado em lote isolado, no ano agrícola de 1967/68. A primeira geração (F_1) foi cultivada em lote isolado no ano de 1968/69. A segunda geração (F_2) foi cultivada em lote isolado de 5.000 m², no ano agrícola de 1969/70. A população plantada nesse ano foi considerada, para efeito dos trabalhos de seleção, como sendo a população original (ESALQ-HV-1 original). O espaçamento empregado foi de 1,00 x 0,40 m, semeando-se 3 sementes por cova. O desbaste para 2 plantas por cova foi feito logo após a germinação. Nesse campo procedeu-se a uma seleção massal, colhendo-se as plantas mais desejáveis do ponto de vista agrônomo com relação a resistência ao acamamento, ausência de doenças, inserção não muito alta da espiga e boa produção. Esse material deu origem à população ESALQ-HV-1-MI, correspondente ao ciclo I de seleção massal, a qual apresentava grande variação no caráter dureza do grão.

Em 1970/71, foi plantado novo lote isolado, nos mesmos moldes do anterior, onde foi praticada nova seleção massal obtendo-se, as-

sim, a população ESALQ-HV-1-MII. Dessa população, escolheram-se 700 plantas superiores quanto a caracteres agronômicos. As espigas dessas plantas constituíram as progênes de meios irmãos para o início da seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos.

4.2.2. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos

As 700 progênes de meios irmãos da população ESALQ-HV-1-MII foram avaliadas em 7 experimentos látice triplo 10 x 10, com 3 repetições, no ano agrícola de 1971/72. As duas primeiras repetições foram plantadas em Piracicaba e a terceira na Estação Experimental do Governo Federal em São Simão, Estado de São Paulo. As repetições foram plantadas intercaladamente, a fim de diminuir a influência da variação do solo. Assim, foram plantadas as primeiras repetições dos experimentos, seguindo-se as segundas repetições. Cada parcela foi constituída por uma fileira de 5 m de comprimento, no espaçamento de 1,00 x 0,40 m, semeando-se 3 sementes por cova. O desbaste para 2 plantas por cova foi feito logo após a germinação, sendo o "stand" completo formado por 25 plantas. A área ocupada por este grupo de experimentos está relacionada na Tabela 1. Os ensaios foram conduzidos da maneira usual, anotando-se "stand", produção de espigas despalhadas e teor de umidade dos grãos.

A altura de inserção da espiga foi estimada visualmente, procurando-se determinar a altura média para cada parcela das duas primeiras repetições e dando-se notas de 1 a 6. Estas notas corresponderam a escala mostrada na Tabela 2. O mesmo procedimento foi adotado com relação ao total de plantas acamadas e quebradas, cujas notas variaram de 1 a

5 (Tabela 2).

As testemunhas utilizadas foram o híbrido duplo comercial H6999B e a variedade Centralmex, plantadas sistematicamente no início, no meio e no fim de cada repetição. Em função das produtividades das testemunhas, bem como do total de plantas acamadas e quebradas, altura de inserção da espiga e "stand" final, foram selecionadas as 118 progênes de meios irmãos consideradas superiores, o que correspondeu a uma intensidade de seleção de aproximadamente 17%.

Estas progênes foram recombinadas usando semente remanescente em lote isolado de despendoamento, no ano agrícola de 1972/73, na proporção de 2 fileiras femininas para 1 masculina. As fileiras femininas compreenderam os tratamentos selecionados nos experimentos, enquanto as fileiras masculinas foram semeadas com uma amostra representativa e igual de sementes das espigas selecionadas, semeadas em duas datas distanciadas entre si de uma semana, sendo meia fileira semeada em cada data. Esta prática visou ampliar o período de disponibilidade de pólen e a uma polinização das fileiras femininas por uma amostra mais representativa da população.

As fileiras no lote de recombinação mediram 10 m de comprimento, semeando-se 2 sementes por cova a cada 0,30 m. O desbaste para 1 planta por cova foi feito logo após a germinação, com o "stand" completo compreendendo 32 plantas por parcela.

Quando da colheita do lote de recombinação, foi feita uma seleção dentro de cada família, escolhendo-se as plantas consideradas su-

periores do ponto de vista agrônômico, cêrca de 10%, na fileira. As sementes colhidas nêsse campo deram origem à população ESALQ-HV-1-MII-HSI, que corresponde ao ciclo I de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos.

Quinhentas progênies de meios irmãos foram selecionadas dentre as melhores plantas de cada fileira do campo de recombinação da população ESALQ-HV-1-MII-HSI. Estas progênies foram avaliadas em 5 experimentos látice triplo 10 x 10, no ano agrícola de 1974/75, seguindo a mesma técnica adotada na avaliação das progênies da população ESALQ-HV-1-MII, com exceção do comprimento da fileira da parcela que foi, nêste caso, 10 m. A área ocupada por êste grupo de experimentos está relacionada na Tabela 1.

Além disto, os dados de produção por planta de 10 plantas de cada parcela das duas primeiras repetições dos experimentos 1 e 2 foram anotados para utilização no cálculo da variância entre plantas dentro de parcelas. Uma outra modificação se verificou com relação às testemunhas, pois foram usados os híbridos duplos H7974 e Agroceres 152.

Foram selecionadas 115 progênies de meios irmãos desta população, o que correspondeu a uma intensidade de seleção de 23%. Estas progênies serão recombinadas no ano agrícola seguinte (1975/76), originando a população ESALQ-HV-1-MII-HSII, que corresponderá ao ciclo II de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos.

4.2.3. Análise dos experimentos e estimativa dos parâmetros genéticos

A análise dos experimentos látice triplo 10 x 10 foi feita através de programa elaborado para êste fim em computador eletrônico. As testemunhas não foram incluídas nas análises, uma vez que não fazem parte integrante do delineamento empregado. As produtividades das testemunhas foram usadas apenas como um padrão do nível de produtividade.

Os resultados obtidos para produção na população ESALQ-HV-1-MII foram corrigidos para 15,5% de umidade, empregando-se a fórmula:

$$P_{15,5\%} = \frac{PC (1 - U)}{0,845}$$

Nesta fórmula, $P_{15,5\%}$ corresponde ao pêsô de campo corrigido para 15,5% de umidade, PC é o pêsô de campo observado e U corresponde a umidade de campo observada.

A correção para "stand" foi efetuada em todas as parcelas com falhas, empregando-se a fórmula desenvolvida por ZUBER (1942):

$$PCC = PC \frac{T - 0,3 F}{T - F}$$

Nesta fórmula, PCC corresponde ao pêsô de campo corrigido, PC é o pêsô de campo observado, T é o número de plantas da parcela completa e F é o número de plantas perdidas por parcela. Êste ajustamento adiciona 0,7 da produção média para cada planta perdida e considera que 0,3 é recuperado pelo aumento da produtividade das plantas vizinhas. As pro-

duções da população ESALQ-HV-1-MII foram ajustadas para parcelas de 10 m² apenas para uniformizar a apresentação dos resultados das duas populações selecionadas.

A análise combinada dos experimentos em látice foi feita dividindo-se o somatório das somas de quadrados para tratamentos e para resíduo intrabloco combinado pelos respectivos somatórios dos graus de liberdade. Esses cálculos conduziram aos quadrados médios ponderados para famílias de meios irmãos e resíduo intrabloco.

A análise combinada da variância acima referida obedeceu ao modelo apresentado na Tabela 3, com as respectivas esperanças dos quadrados médios a nível de totais de parcelas (GARDNER, 1963) e a nível de indivíduos (VENCOVSKY, 1969).

A partir dessa análise combinada, foram obtidas estimativas dos parâmetros genéticos. A variância do efeito de parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$) e a variância entre plantas dentro de parcelas ($\hat{\sigma}_d^2$) foram englobadas no resíduo intrabloco combinado. Esta última variância foi calculada para a população ESALQ-HV-1 com base na produção de plantas individuais do ciclo I de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. De posse destes dados de produção, estimou-se a variância entre plantas dentro de parcelas através da expressão, modificada de PATERNIANI (1968):

$$\hat{\sigma}_d^2 = \sqrt{\frac{10,3 Q_1}{10,3 n + n^2}}$$

Nesta expressão, 10,3 corresponde ao valor encontrado para a variância entre plantas dentro de parcelas em relação a variância entre

parcelas, Q_1 é o quadrado médio do resíduo intrabloco combinado e n é o número de plantas por parcela.

A estimativa da variância entre famílias de meios irmãos ($\hat{\sigma}_{mi}^2$) foi obtida dividindo-se a diferença entre os quadrados médios para tratamentos e para resíduo intrabloco pelo número de repetições:

$$\hat{\sigma}_{mi}^2 = (Q_2 - Q_1)/r$$

O erro desta variância ($\hat{\sigma}_{mi}$), dividido pela produção média geral para cada ciclo, forneceu o coeficiente de variação genética (C.V. gen):

$$\text{C.V. gen (\%)} = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{mi}^2}}{\bar{x}} \times 100$$

A estimativa da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) foi obtida da seguinte maneira (PATERNIANI, 1968):

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4 \hat{\sigma}_p^2 = 4 \hat{\sigma}_{mi}^2/n^2$$

Nesta expressão, $\hat{\sigma}_p^2$ é a variância de progênies de meios irmãos ao nível de indivíduos e n é o número de plantas por parcela.

O progresso genético esperado ($\hat{\Delta}g$) foi estimado pela seguinte expressão (VENCOVSKY, 1975):

$$\hat{\Delta}g = \frac{\text{d.s. } \hat{\sigma}_A^2/4}{\hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2/r + \hat{\sigma}_d^2/(nr)} + \frac{k_2 \times 3/8 \hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_d}$$

O primeiro e o segundo termos desta expressão se referem ao progresso genético esperado devido a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, respectivamente, quando cada ciclo é completado em 2 anos. A condução de um ciclo em 2 anos é norma nos trabalhos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos do Programa de Melhoramento de Milho do Instituto de Genética da ESALQ. A adoção deste procedimento se deve ao número elevado de trabalhos desta natureza, permitindo, desta forma, que em um ano sejam feitas as avaliações dos diversos materiais sob seleção e no ano seguinte se efetue a recombinação das progênes selecionadas.

Os parâmetros incluídos no cálculo do progresso genético esperado foram a variância genética aditiva (σ_A^2), a variância de progênes ao nível de indivíduos (σ_p^2), a variância do efeito de parcelas (σ_e^2) e a variância entre plantas dentro de parcelas (σ_d^2). O denominador do primeiro termo da expressão foi calculado da seguinte forma:

$$\sigma_F^2 = \sigma_p^2 + \sigma_e^2/r + \sigma_d^2/(nr) = Q_2/n^2r$$

onde, n é o número de plantas por parcela e r é o número de repetições.

O diferencial de seleção (d.s.) ao nível de plantas foi obtido pela divisão da diferença entre as médias da amostra selecionada e da população de origem pelo número de plantas da parcela:

$$d.s. = \bar{x}_s - \bar{x}_0/n$$

A intensidade de seleção (k_2) se refere à proporção de plantas selecionadas dentro de famílias de meios irmãos. Esta intensida-

de de seleção é função de Z e de P , sendo Z o valor da ordenada que divide a proporção de plantas selecionadas das não selecionadas e P a proporção selecionada. *FISHER e YATES (1943)* apresentam tabelas que permitem determinar o valor de k .

O emprêgo do diferencial de seleção, e não do valor k_1 determinado pela intensidade de seleção entre famílias de meios irmãos no cálculo do progresso genético esperado, deveu-se ao fato de ser esta uma seleção não truncada (*VENCOVSKY, 1975*). Esta seleção se baseia não só no caráter em questão, mas, inclui outras características de importância agrônômica. No entanto, o progresso genético esperado devido a seleção dentro de famílias de meios irmãos foi superestimado, uma vez que se utilizou o valor k_2 determinado pela intensidade de seleção na obtenção desta estimativa. Neste caso, não foi possível usar o diferencial de seleção por não se dispôr da produção de cada planta.

Afim de contornar esta dificuldade, calculou-se o progresso genético esperado devido a seleção entre famílias de meios irmãos empregando-se tanto o diferencial de seleção como a intensidade de seleção. Obteve-se, a seguir, a proporção relativa da diferença entre estas duas estimativas e o resultado desse cálculo foi subtraído do progresso genético esperado devido à seleção dentro de famílias de meios irmãos. O resultado final deste cálculo se constituiu no progresso genético esperado devido a seleção dentro de famílias.

O progresso genético esperado foi obtido em kg por planta, mas, apresentado em g por planta. Esse progresso foi, em seguida, expresso em termos de porcentagem com relação a produção média por planta do ci

clo correspondente. Os progressos genéticos esperados devidos a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos foram comparados e calculados em termos da média de produção das 700 progênes e em porcentagem da média de produção das testemunhas, respectivamente para as populações ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI.

O ajuste foi feito multiplicando-se a produção média de cada progênie por um fator de correção. Este fator de correção foi obtido para cada experimento da população ESALQ-HV-1-MII pela divisão da produção média das 700 progênes pela produção média de cada grupo de 100 progênes. Já para a população ESALQ-HV-1-MII-HSI, o fator de correção foi obtido pela divisão de 100, como uma constante, pela produção média das testemunhas em cada experimento. O mesmo procedimento foi adotado com relação ao ajuste da amostra selecionada em cada ciclo.

A diferença na comparação dos dados destas populações se deveu ao fato de um comportamento irregular das testemunhas em cada experimento com relação ao grupo de 100 progênes da população ESALQ-HV-1-MII. Isto não ocorreu, por outro lado, com as testemunhas utilizadas na avaliação da população ESALQ-HV-1-MII-HSI. As distribuições de frequência da população e da amostra selecionada foram elaboradas com estes dados e empregadas no preparo de histogramas.

A estimativa da herdabilidade no sentido restrito foi expressa pela relação entre a variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) e a variância entre plantas dentro de parcelas ($\hat{\sigma}_D^2$):

$$\hat{h}^2 (\%) = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_d^2} \times 100$$

Esta expressão foi utilizada em vista de ter-se praticado seleção massal dentro de cada parcela selecionada (*PATERNIANI, 1968*).

4.2.4. Avaliação das populações selecionadas

As populações selecionadas ESALQ-HV-1 original, ESALQ-HV-1-MI, ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI foram avaliadas em relação aos híbridos duplos comerciais H6999B e Agroceres 152, no ano agrícola de 1973/74. A população ESALQ-HV-1-MII-HSI foi representada por dois tratamentos. O primeiro deles foi constituído por uma amostra de sementes colhidas das fileiras femininas do campo de recombinação e o segundo por uma amostra de sementes colhidas das fileiras masculinas. Estes dois tratamentos foram identificados como de origem feminina e origem masculina, para fins de apresentação no decorrer deste trabalho.

Foi utilizado o delineamento em blocos ao acaso, com 7 tratamentos e 20 repetições. A parcela foi constituída por uma fileira de 10 m de comprimento. Foram semeadas 3 sementes por cova, no espaçamento de 1,00 x 0,40 m, efetuando-se o desbaste para 2 plantas por cova logo após a germinação. O "stand" completo compreendeu 50 plantas por parcela de 10 m². A área ocupada por cada bloco foi de 70 m². O experimento ocupou uma área útil de 1.400 m².

Quando da colheita, foi anotado o "stand" de cada parcela. O acamamento de plantas foi estimado visualmente por parcela, correspon-

dendo a nota 1 a parcelas sem acamamento e a nota 5 a parcelas com acamamento total.

Procedeu-se à correção das produções para umidade a 15,5% e para "stand" de 50 plantas por parcela, empregando-se as fórmulas já citadas para êstes fins. Em seguida, foi feita a análise estatística dos dados aplicando-se a regressão à análise da variância, onde os ciclos de seleção corresponderam à variável independente e as produções à variável dependente (GOMES, 1973, STEEL e TORRIE, 1960). Com os dados de produção, em porcentagem do ciclo original, como variável dependente, em relação aos ciclos de seleção, como variável independente, foi obtida a curva de regressão para o experimento.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A inclusão do histórico da população ESALQ-HV-1, desde a sua síntese até o ciclo I de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, fez-se necessária para um melhor entendimento do trabalho relacionado com as populações selecionadas ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI.

5.1. Avaliação das progênes de meios irmãos

As análises da variância dos experimentos referentes às progênes de meios irmãos das populações ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI são mostradas nas Tabelas 4 e 5.

O teste de F revelou significância estatística aos níveis de 1% e 5% de probabilidade tanto para tratamentos ajustados como para tratamentos não ajustados dos experimentos 16/1971 a 22/1971 (Tabela 4), enquanto que só para os experimentos 2/1974 e 4/1974 (Tabela 5) os tratamentos ajustados e não ajustados foram estatisticamente significativos para aqueles mesmos níveis. Esta mesma significância foi observada

para tratamentos não ajustados do experimento 3/1974 (Tabela 5). Já para tratamentos não ajustados dos experimentos 1/1974 e 5/1974 (Tabela 5), o teste de F revelou significância estatística ao nível de 5% de probabilidade, não apresentando diferenças estatísticas para tratamentos ajustados destes mesmos experimentos, juntamente com o experimento 3/1974 (Tabela 5).

Os coeficientes de variação para as análises em látice dos experimentos relativos à população ESALQ-HV-1-MII variaram de 15,10% no experimento 20/1971 a 17,44% no experimento 22/1971 (Tabela 4). Já para os experimentos relativos à população ESALQ-HV-1-MII-HSI, estes coeficientes variaram de 13,49% no experimento 5/1974 a 14,97% no experimento 4/1974 (Tabela 5). Os coeficientes de variação obtidos podem ser considerados satisfatórios para experimentos de campo.

As análises em látice apresentaram uma eficiência em relação às análises em blocos ao acaso que variou de 102,91% no experimento 21/1971 (Tabela 4) a 153,42% no experimento 3/1974 (Tabela 5). Com exceção dos experimentos 17/1971, 21/1971 e 22/1971 (Tabela 4), que mostraram eficiência reduzida da análise em látice, os demais foram mais eficientes em relação à análise em blocos ao acaso.

A comparação das médias de produção, "stand", altura de inserção da espiga e de total de plantas acamadas e quebradas para as populações ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI é feita nas Tabelas 6 e 7.

As produções médias das progênes foram inferiores às produções médias das testemunhas, observando-se uma grande variação na produ

ção das testemunhas, o híbrido duplo H6999B e a variedade Centralmex, com relação às progênes de meios irmãos nos experimentos 16/1971 a 22/1971 (Tabela 6).

As médias de "stand", altura de inserção da espiga e de total de plantas acamadas e quebradas foram equivalentes nos experimentos 16/1971 a 22/1971 (Tabela 6). Mas, com relação aos experimentos 1/1974 a 5/1974 (Tabela 7), as testemunhas apresentaram um "stand" inferior, em comparação com a amostra selecionada e as progênes, bem como uma altura de inserção da espiga mais baixa e um total de plantas acamadas e quebradas inferior.

Estas tendências são melhor visualizadas nas Tabelas 8 e 9. As médias de produção das testemunhas foram superiores às das progênes em ambas as populações. O "stand" variou de 79,4% na amostra selecionada a 81,2% entre as progênes da população ESALQ-HV-1-MII (Tabela 8), enquanto na população ESALQ-HV-1-MII-HSI variou de 85,4% nas testemunhas a 86,8% entre as progênes (Tabela 9).

Ambas as populações mostraram uma altura de inserção da espiga elevada. Nas plantas das progênes, testemunhas e amostra selecionada da população ESALQ-HV-1-MII, a nota média de altura de inserção da espiga foi 4,0 (Tabela 8), o que corresponde a uma altura de 1,76 m do solo (Tabela 2). Observou-se esta mesma altura nas plantas das progênes e da amostra selecionada da população ESALQ-HV-1-MII-HSI, cujas notas médias de altura de inserção da espiga foram de 4,0 e de 3,8, respectivamente (Tabela 9). As plantas das testemunhas, no entanto, tiveram uma nota média de altura de inserção da espiga de 3,2 (Tabela 9), o que corresponde

a uma altura de 1,46 m do solo (Tabela 2). Mas, a nota média de total de plantas acamadas e quebradas foi baixa tanto para as progênes e amostras selecionadas das duas populações como para as testemunhas, variando de 1,5 a 1,7 no grupo de experimentos de avaliação das progênes do milho ESALQ-HV-1-MII (Tabela 8) e de 1,6 a 2,0 no grupo de experimentos de avaliação das progênes do milho ESALQ-HV-1-MII-HSI (Tabela 9). Estas notas correspondem aproximadamente a 16 e 30% de plantas acamadas e quebradas, respectivamente para os dois grupos de experimentos.

Observou-se, desta maneira, uma tendência das plantas mais produtivas apresentarem uma altura de inserção da espiga mais elevada. Esta mesma tendência foi observada por *PATERNIANI (1968)* nos milhos Piramex e Centralmex. A seleção para este caráter deve ser feita por teste de progênie, selecionando-se as progênes que apresentam espigas localizadas a uma menor altura.

As intensidades de seleção entre famílias de meios irmãos foram de, aproximadamente, 17 e 23%, respectivamente para as populações ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI. Intensidades de seleção semelhantes a estas foram empregadas por *LONNQUIST (1964)*, *WEBEL e LONNQUIST (1967)*, *PATERNIANI (1968)* e *SILVA (1969)* na seleção entre famílias de meios irmãos em milho. Já a intensidade de seleção dentro de famílias de meios irmãos foi de, aproximadamente, 10%, como sugerido por *LONNQUIST (1964)*.

A utilização de variedades e híbridos duplos de milho como testemunhas em experimentos de avaliação de progênes de meios irmãos se deve ao fato destes materiais apresentarem maior estabilidade sob condições variáveis de ambiente (*ALLARD e BRADSHAW, 1964*, *RUSCHEL e PENTEADO,*

1970).

As produções, apresentadas com o objetivo de mostrar o nível de produtividade nos dois anos de seleção, foram bastante elevadas. A amostra selecionada da população ESALQ-HV-1-MII produziu 15,2% a mais do que a população de origem (Tabela 10). As progênes da população ESALQ-HV-1-MII-HSI produziram 5,5% a menos do que as testemunhas, os híbridos duplos comerciais H7974 e Agroceres 152 (Tabela 11), enquanto a amostra selecionada produziu 2,7% a mais.

As produções das progênes, representadas por uma linha cheia, e da amostra selecionada, mostrada por uma linha interrompida, da população ESALQ-HV-1-MII são apresentadas na Figura 1, expressas em termos da média do grupo de 700 progênes, juntamente com a produção média das testemunhas, representada por uma linha cheia vertical.

As produções das progênes e da amostra selecionada da população ESALQ-HV-1-MII-HSI, expressas em porcentagem da produção das testemunhas, são mostradas na Figura 2. As produções médias em porcentagem são apresentadas em relação a produção da população de origem, tomada com o valor 100. Os valores assim obtidos estão representados entre parenteses. Observou-se que a amostra selecionada produziu 8,7% a mais do que a população de origem. Os valores livres de parenteses são as produções médias da população e da amostra selecionada, em porcentagem, relativas a produção média das testemunhas.

Os critérios utilizados na elaboração dos histogramas referentes à distribuição das frequências relativas às produtividades das pro

gênes e amostras selecionadas das duas populações diferiram na forma de ajuste destas produtividades. Isto foi decorrência do comportamento irregular das testemunhas empregadas na avaliação das progênes da população ESALQ-HV-1-MII, com relação a cada grupo de 100 progênes (Tabela 6). Este procedimento, aliado ao emprêgo de testemunhas diferentes nos dois anos de avaliação, impossibilita uma comparação entre as duas curvas.

Muito embora não seja possível uma avaliação precisa do progresso obtido do ciclo ESALQ-HV-1-MII para o ciclo ESALQ-HV-1-MII-HSI, os resultados obtidos permitem entretanto evidenciar que houve um progresso efetivo. Isso porque no ano agrícola de 1971/72 foram usadas as testemunhas H6999B e Centralmex que, em média, são inferiores às testemunhas H7974 e Agroceres 152 empregadas no ano agrícola de 1974/75 (Tabela 12). Verifica-se, assim, que a população ESALQ-HV-1-MII-HSI se compara mais favoravelmente com as testemunhas, apesar destas serem superiores às empregadas na avaliação da população ESALQ-HV-1-MII.

A distribuição das progênes indica que muitas se revelaram mais produtivas do que as testemunhas, que correspondem a material já selecionado e de nível de produtividade elevado (Figuras 1 e 2). Observa-se, desta forma, existirem amplas possibilidades de melhoramento para produtividade do milho ESALQ-HV-1.

5.2. Estimativa dos parâmetros genéticos

As análises combinadas da variância em látice, elaboradas para a obtenção de estimativas dos parâmetros genéticos, são apresentadas

nas Tabelas 13 e 14 com as esperanças matemáticas dos quadrados médios ao nível de totais de parcelas e nas Tabelas 15 e 16 com as esperanças matemáticas dos quadrados médios ao nível de indivíduos.

As estimativas das variâncias entre famílias de meios irmãos, bem como das variâncias genética aditiva, fenotípica, entre parcelas e entre plantas dentro de parcelas são mostradas na Tabela 17, juntamente com a herdabilidade no sentido restrito e os coeficientes de variação genética para as populações ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI.

O sucesso de um programa de melhoramento de populações é função da variabilidade genética presente no material, mais particularmente a variância genética aditiva. Observações levadas a efeito em milho por *PATERNIANI (1967, 1968)*, *WEBEL e LONNQUIST (1967)* e *VENCOVSKY (1968)* indicam uma queda mais acentuada na variabilidade genética entre o ciclo original e o ciclo I de seleção, permanecendo relativamente constante nos ciclos seguintes de seleção.

Desta forma, permanecendo alta a variância genética aditiva, isso indica que progressos contínuos por seleção podem ser obtidos. Sendo o milho ESALQ-HV-1 um híbrido de compostos de ampla base genética, procedeu-se a dois ciclos de seleção massal antes do início da seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. Dessa maneira, grande parte da variabilidade genética é mantida, ao mesmo tempo que se consegue certo progresso por seleção. Este mesmo procedimento foi adotado por *ZINSLY (1969)*, nos milhos Dente Paulista, Cateto e Caingang.

As estimativas obtidas para as variâncias da população

ESALQ-HV-1-MII não são comparáveis às determinadas para a população ESALQ-HV-1-MII-HSI (Tabela 17). Isto se deve a diferenças na condução dos experimentos envolvendo as duas populações.

As variâncias entre famílias de meios irmãos, estimadas em 0,0947 e 0,2107, foram semelhantes às de 0,0920, 0,1074, 0,0688 e 0,1556 obtidas por *PATERNIANI (1968)* para os milhos Piramex I e II e Centralmex I e II, respectivamente.

As variâncias genéticas aditivas de $6,063 \times 10^{-4}$ e de $3,372 \times 10^{-4}$ para as populações ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI foram semelhantes à de $5,5232 \times 10^{-4}$ obtida por *ZINSLEY (1969)* para o milho Dente Paulista e a de $4,38 \times 10^{-4}$ obtida por *CARMO (1969)* para progênies da população Dentado Composto A x Duro Composto A.

Em trabalho conduzido por *LONNQUIST et alii (1966)* no milho Hays Golden, verificaram-se ganhos por seis gerações de seleção massal sem apreciável decréscimo na variância genética aditiva. Esta manutenção da variância genética aditiva não foi observada por *PATERNIANI (1968)* nos milhos Piramex e Centralmex, quando submetidos a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. No entanto, o ganho por ano obtido por *WEBEL e LONNQUIST (1967)* com o emprêgo deste método de seleção no milho Hays Golden foi de 9,4%, em contraste com o ganho de 2,1% obtido por *LONNQUIST et alii (1966)* com o emprêgo da seleção massal.

Assim, apesar da redução na variância genética aditiva quando se aplica a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, os ganhos são superiores. De fato, *HALLAUER e SEARS (1969)* indicaram a uti-

zação deste método de seleção nas variedades de milho Krug e Iowa Ideal, uma vez que a seleção massal estratificada não foi eficiente para aumentar a produtividade, apesar da existência de suficiente variância genética aditiva.

O resíduo intrabloco da análise combinada da variância (Tabelas 13 a 16) engloba a variância do efeito de parcelas e a variância entre plantas dentro de parcelas. Foi possível obter as estimativas separadas destes dois componentes devido a obtenção das produções de plantas individuais na população ESALQ-HV-1-MII-HSI. De posse destes dados, chegou-se à seguinte relação:

$$\sigma_d^2 = 10,3 \sigma_e^2$$

Esta relação é bastante semelhante à utilizada por *GARDNER (1963)*, o qual considera a variância entre parcelas como sendo dez vezes menor do que a variância entre plantas dentro de parcelas. Difere, por outro lado, da relação encontrada por *QUEIROZ (1969)* para a população Dentado Composto A. Este autor estimou a variância entre parcelas como cinco vezes inferior à variância entre plantas dentro de parcelas.

As estimativas das variâncias entre parcelas e entre plantas dentro de parcelas obtidas a partir desta relação são mostradas na Tabela 17. As estimativas da variância entre parcelas foram de $2,987 \times 10^{-4}$ na população ESALQ-HV-1-MII e de $2,440 \times 10^{-4}$ na população ESALQ-HV-1-MII-HSI, semelhantes à de $2,82 \times 10^{-4}$ encontrada por *CARMO (1969)* para as progênies da população Dentado Composto A x Duro Composto A. Já as variâncias entre plantas dentro de parcelas foram estimadas em $30,766 \times 10^{-4}$

e $25,137 \times 10^{-4}$, respectivamente para as populações ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI. Estas foram inferiores à encontrada por *CARMO (1969)* para as progênes da população Dentado Composto A x Duro Composto A, cujo valor de $53,40 \times 10^{-4}$ foi considerado alto e devido a irregularidades na precipitação pluviométrica, que causaram grande variação dentro das sub-parcelas.

A herdabilidade no sentido restrito diminuiu de 19,7% na população ESALQ-HV-1-MII para 13,4% na população ESALQ-HV-1-MII-HSI. *CARMO (1969)* encontrou o valor de 7,36% para a herdabilidade na população Dentado Composto A x Duro Composto A. A tendência a uma diminuição no valor da herdabilidade em ciclos mais avançados de seleção foi encontrada no milho Piramex (*PATERNIANI, 1968*) e em uma amostra do milho Centralmex irradiada por raios gama (*PATERNIANI et alii, 1973*).

Os valores da herdabilidade indicam que a variação genética que existe entre meios irmãos do milho ESALQ-HV-1 não é elevada em relação a variação devida a diferenças ambientais. A continuação da seleção deve conduzir a valores mais baixos e, em consequência, a seleção praticada dentro de progênes carecerá de resultados positivos. A seleção entre progênes deverá, então, constituir-se na principal preocupação do programa de melhoramento.

O coeficiente de variação genética é utilizado para estimar a variabilidade genética existente em uma população. Os valores encontrados para as populações ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI foram de 9,3 e 7,3%, respectivamente. Estas estimativas foram semelhantes à de 7,35% obtida por *CARMO (1969)* para as progênes da população Dentado

Composto A x Duro Composto A.

PATERNIANI (1967) observou um decréscimo no coeficiente de variação genética de 15,8% no ciclo original do milho Dente Paulista para 7,1% no ciclo III de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. O coeficiente de variação genética no milho Piramex diminuiu de 10,52% no ciclo original para 3,34% no ciclo III de seleção, enquanto no milho Centralmex aumentou de 4,48% no ciclo original para 7,08% no ciclo I de seleção (*PATERNIANI, 1968*). Segundo o autor, a variabilidade presente na segunda geração para um caráter como produtividade é baixa, acentuando-se as segregações na geração seguinte, no caso de populações híbridas como o Centralmex, originário do cruzamento entre os milhos América Central e Piramex.

A diminuição no coeficiente de variação genética de um ciclo para outro pode ser atribuída a redução de grandes diferenças entre famílias de meios irmãos e a fixação de genes maiores como resultado da seleção inicial (*WEBEL e LONNQUIST, 1967*). O aumento da produção média da população pode ser, também, uma das causas dessa diminuição (*ZINSLEY, 1969*).

Ressalte-se, no entanto, que apesar da queda na variabilidade genética, como indicado pelo coeficiente de variação genética, não se observou uma diminuição proporcional no progresso (*PATERNIANI, 1967, WEBEL e LONNQUIST, 1967*). Ao contrário, verificaram-se ganhos contínuos, o que se constitui em aspecto dos mais importantes para o melhoramento.

Por outro lado, esta observação não foi feita só em rela-

ção a variabilidade genética para produtividade. *LENG (1962)* verificou a existência de variabilidade genética após 48 gerações de seleção para óleo e proteína na variedade de milho Burr White. Esta variabilidade continuou presente mesmo após 65 gerações (*DUDLEY e LAMBERT, 1969*) e 70 gerações de seleção (*DUDLEY, 1973*). Apesar do coeficiente de variação genética de 4,8% obtido por este último autor, o material possui suficiente variabilidade genética para permitir ganhos através da seleção.

PATERNIANI (1965) cita a possível formação de blocos gênicos no milho denominado América Central, o que após várias gerações de polinização livre pode levar a liberação de variabilidade genética devido a quebras nêstes blocos gênicos. O mesmo autor (*1968*) comenta sôbre a utilização das variabilidades genéticas livre e latente em programas de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. A variabilidade genética livre existente na população é utilizada ao máximo no primeiro ciclo de seleção, correspondente a segregações entre blocos poligênicos. A partir dêste ciclo, é utilizada, em grande parte, a variabilidade genética latente, que corresponde a liberação da variabilidade existente dentro de blocos poligênicos heterozigotos, por permuta. Esta mesma causa foi apontada por *DUDLEY (1973)* para a variabilidade presente no milho Burr White após 70 gerações de seleção para óleo e proteína.

Os progressos genéticos esperados, o diferencial de seleção e as intensidades de seleção em unidades de desvio padrão são apresentados na Tabela 18. Observou-se que o progresso genético esperado foi maior com a seleção realizada entre progênies, em ambas as populações. A diferença na contribuição dos dois tipos de seleção ao progresso genético

foi maior do que os obtidos por *PATERNIANI (1968)*. Este autor relatou estimativas de 52,7 e 57,0% para a contribuição da seleção entre progênies nos milhos Piramex e Centralmex, respectivamente, enquanto a seleção massal contribuiu com 47,3 e 43,0%, após quatro ciclos de seleção no milho Piramex e um ciclo de seleção no milho Centralmex. Contrastando com estes dados, a seleção entre progênies na população ESALQ- HV- 1- MII resultou em 89,35% do progresso genético total esperado neste ciclo, enquanto a seleção dentro de progênies contribuiu com 10,65%. Já na população ESALQ- HV- 1- MII- HSI as seleções entre e dentro de progênies concorreram com 75,77 e 24,23%, respectivamente, para o progresso genético total esperado.

Os progressos genéticos totais esperados foram de 12,18 g por planta para a população ESALQ- HV- 1- MII e de 6,73 g por planta para a população ESALQ- HV- 1- MII- HSI. As produções médias por planta foram de 132,20 g e de 126,58 g, respectivamente para as populações ESALQ- HV- 1- MII e ESALQ- HV- 1- MII- HSI. Os progressos genéticos totais esperados em porcentagem destes valores foram de 9,22% para a população ESALQ- HV- 1- MII e de 5,32% para a população ESALQ- HV- 1- MII- HSI.

A produtividade esperada com a seleção aplicada entre famílias de meios irmãos do milho ESALQ- HV- 1- MII foi de 8,2% a mais da população de origem, enquanto com a seleção dentro de famílias foi de 1,0% a mais (Tabela 19). Já no ciclo I de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos (ESALQ- HV- 1- MII- HSI) a produtividade esperada foi estimada em 9,2% a mais do que a população ESALQ- HV- 1- MII.

As produtividades esperadas com a seleção aplicada entre e

dentro de famílias de meios irmãos do milho ESALQ-HV-1- MII-HSI foram estimadas em 1,7 e 4,3% a menos do que as testemunhas, respectivamente (Tabela 20). A produtividade esperada no ciclo II de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos (ESALQ-HV-1- MII-HSII) foi estimada em 0,5% a menos da produção das testemunhas.

Em ambas as populações, a produtividade esperada foi maior com a seleção realizada entre famílias do que dentro de famílias de meios irmãos, embora essa diferença não tenha sido acentuada.

5.3. Avaliação das populações selecionadas

As médias de produção, "stand" e acamamento de plantas dos ciclos original, I e II de seleção massal e I de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, bem como das testemunhas, os híbridos duplos H6 999Be Agrocerec 152, são mostradas na Tabela 21.

As populações selecionadas apresentaram produções ao nível das obtidas pelos híbridos duplos comerciais H6999B e Agrocerec 152. As produções das populações ESALQ-HV -1-MIIe ESALQ-HV-1- MII-HSIe apresentam em um nível semelhante ao obtido quando das avaliações de suas progênies nos anos agrícolas de 1971/72 e de 1974 /75, respectivamente (Tabelas 10 e 11) . Mais particularmente, o ciclo ESALQ-HV-1-MII-HSI produziu 2, 5% a mais do que o híbrido Agrocerec 152, o que confirma a comparação mais favorável desta população com os híbridos duplos H7974 e Agrocerec 152 empregados como testemunhas quando da avaliação de suas progênies em 1974 / 75 (Tabela 12). Assim, os dados confirmam as evidências de que houve um

real progresso nas populações obtidas por seleção. A diminuição de 4,8% na produção do ciclo ESALQ-HV- 1- MI, que corresponde ao ciclo I de seleção massal, em relação a produção do ciclo original pode ser explicada por uma queda no vigor de híbridos nas primeiras gerações segregantes, uma vez que o milho ESALQ- HV-1 é de origem híbrida.

A população ESALQ- HV-1- MII- HS foi representada por dois tratamentos, o primeiro constituído por uma amostra de sementes colhidas nas fileiras femininas do campo de recombinação e o segundo por uma amostra de sementes colhidas nas fileiras masculinas. As médias de produção destes dois tratamentos são apresentadas conjuntamente por representarem a mesma população.

O "stand" médio para as diversas populações foi baixo, variando de 69,9% na população ESALQ- HV- 1- M I 75,9% na população ESALQ- HV- -1- MII. A média geral para o experimento foi de 72,8%. O acamamento de plantas foi, em média, de 2,4, o que corresponde a cerca de 36,0% de plantas acamadas.

A análise da variância, feita com a regressão da produção em relação aos ciclos de seleção, é mostrada na Tabela 22. O teste de F não revelou significância estatística para a regressão linear nem para os desvios da regressão. O coeficiente de variação de 13,5% indicou precisão satisfatória para o experimento.

Apesar da falta de significância estatística para as diferenças em produtividade entre os diversos ciclos de seleção (Figura 3), o nível de produtividade das populações selecionadas foi elevado. Observou-

-se que estas populações produziram tanto quanto os híbridos duplos H6999B e Agroceres 152, que são milhos de alta produtividade.

CAMPOS (1966), avaliando o efeito da seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos nos milhos Dente Paulista e Piramex, não observou mudanças com relação a produtividade entre os diversos ciclos de seleção. Esta falta de resposta à seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos foi, também, relatada por *SILVA (1969)* no milho Cateto Colombia Composto. Estes autores indicaram o pequeno número de gerações sob seleção como uma das causas para estes resultados. O milho ESALQ-HV-1, apesar de encontrar-se no ciclo I de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, já alcançou níveis de produtividade que indicam este método de seleção com amplas possibilidades no melhoramento visando a obtenção de uma variedade semi dentada de milho de elevada produtividade.

6. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos com a aplicação da seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho ESALQ-HV-1 conduzem às seguintes conclusões:

1. Os coeficientes de variação genética de 9,3% na população ESALQ-HV-1-MII e de 7,3% na população ESALQ-HV-1-MII-HSI indicaram uma queda na variabilidade genética. No entanto, não se observou um decréscimo proporcional a esta queda na produtividade destas duas populações, o que indica a presença de suficiente variabilidade genética para permitir a obtenção de uma variedade semi dentada de milho de elevada produtividade. A hipótese de utilização da variabilidade genética latente, resultante da permuta dentro de blocos poligênicos nos ciclos mais avançados de seleção, é uma possível explicação para estas observações.

2. A estimativa da variância entre parcelas foi 10,3 vezes menor do que a estimativa da variância entre plantas dentro de parcelas.

3. Os valores de herdabilidade indicaram que a variação genética entre meios irmãos do milho ESALQ-HV-1 não é muito grande em relação a ambiental, advindo daí a necessidade de maior ênfase na seleção entre progênies do que dentro de progênies nos ciclos mais avançados de seleção.

4. O progresso genético esperado foi maior com a seleção entre progênies de meios irmãos em ambas as populações. A contribuição da seleção entre progênies ao progresso genético total esperado foi de 89,35 e de 75,77% nas populações ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI, respectivamente, enquanto a contribuição da seleção massal correspondente foi de 10,65 e de 24,23%.

5. A tendência das plantas mais produtivas terem uma altura de inserção da espiga mais elevada torna imprescindível a seleção com teste de progênie para este caráter.

6. Apesar de não se ter obtido ganhos estatisticamente significativos entre os diversos ciclos de seleção, comparações da produtividade das populações selecionadas ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI com a produtividade das testemunhas indicam, no entanto, que a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos conduziu a um progresso efetivo.

7. A produtividade observada nas populações selecionadas do milho ESALQ-HV-1 permite a sua utilização pelos agricultores, haja vista o comportamento das mesmas com relação aos híbridos duplos comerciais H6999B, H7974 e Agrocerec 152 e à variedade Centralmex.

7. SUMMARY

Semi dent maize hybrids have become very popular in Brasil. Since there is no such type of open pollinated variety in this country, it is intended to develop an improved semi dent variety at the "Instituto de Genética", in Piracicaba, São Paulo. For this purpose the selection among and within half-sib families is being applied in the ESALQ-HV-1 maize population. This population originated by crossing the Dent Composite A x Flint Composite A, which are populations of a broad genetic basis.

Two cycles of mild mass selection were applied in the advanced generation, what led to the obtention of ESALQ-HV-1-MII. Half-sib progenies of the ESALQ-HV-1-MII and ESALQ-HV-1-MII-HSI were evaluated in 10 x 10 triple lattice designs, with 3 replications in two different locations over the State of São Paulo. The double cross hybrids H6999B, H7974 and Agroceres 152 and the Centralmex variety were used as checks.

The mean yield of the selected sample of the ESALQ-HV-1-MII population outyielded the progenies and checks relative yields by 15.2 and 1.2%, respectively, while the selected sample of the ESALQ-HV-1-MII-HSI population had a mean yield of 8.2 and 2.7% over the progenies and checks relative yields.

The coefficient of genetic variability decreased from 9.3% in the ESALQ-HV-1-MII to 7.3% in the ESALQ-HV-1-MII-HSI population. The heritability value also decreased from 19.7 to 13.4%, respectively. The additive genetic variance was estimated as 6.063×10^{-4} for the ESALQ-HV-1-MII and as 3.372×10^{-4} for the ESALQ-HV-1-MII-HSI population. The variance among plants within the plots was 10.3 higher than the variance among plots.

Selection intensities of 17 and 23% were applied in the selection among families, respectively for the ESALQ-HV-1-MII and ESALQ-HV-1-MII-HSI populations. The selection intensity of 10% was applied within the families. The selected plants were recombined in isolated plots. The total expected genetic gain varied from 12.18 g per plant in the ESALQ-HV-1-MII to 6.73 g per plant in the ESALQ-HV-1-MII-HSI population.

Four populations of ESALQ-HV-1 (original, cycles I and II of mass selection and cycle I of selection among and within half-sib families) are available. These were evaluated in a randomized block design, with 20 replications, in relation to the double cross hybrids H6999B and Agroceres 152, in 1973/74. Eventhough the trend measured by the regression analysis was not significant, it was observed that the

last cycle (ESALQ-HV-1-MII-HSI) outyielded all entries, being superior to the best double cross available, Agroceres 152.

The results indicate then that an effective progress have been obtained in the population. Also, the semi dent population ESALQ-HV-1-MII-HSI compares favourably with the best commercial hybrids available and then can be used as an improved open pollinated semi dent variety.

8. LITERATURA CITADA

- ALLARD, R.W. e A.D. BRADSHAW, 1964. Implications of Genotype-Environmental Interactions in Applied Plant Breeding. *Crop Sci.* Madison, 4:503-508.
- CAMPOS, M.S., 1966. Efeitos da Seleção Entre e Dentro de Progenies de Meio-Irmãos em Duas Populações de Milho. Piracicaba, ESALQ/USP, 42 p. (Dissertação de Mestrado).
- CARMO, C.M. do, 1969. Avaliação de Progenies de Meios-Irmãos em Populações Heterogêneas de Milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 48 p. (Dissertação de Mestrado).
- DIMMOCK, F. e L.S. DONOVAN, 1956. Influence of the Maternal Parent on the Yield of Flint x Dent Double Cross Corn Hybrids. *Can. J. Agr. Sci.* Ottawa, 36:326-328.

- DUDLEY, J.W., 1973. Seventy Generations of Selection for Oil and Protein in the Corn Kernel. *Proc. 28th A. Corn and Sorghum Res. Conf.* Washington, D.C. 28:123-136.
- DUDLEY, J.W. e R.J. LAMBERT, 1969. Genetic Variability After 65 Generations of Selection in Illinois High Oil, Low Oil, High Protein, and Low Protein Strains of *Zea mays* L. *Crop Sci.* Madison, 9:179-181.
- DUDLEY, J.W. e R.H. MOLL, 1969. Interpretation and Use of Estimates of Heritability and Genetic Variances in Plant Breeding. *Crop Sci.* Madison, 9:257-261.
- FISHER, R.A. e F. YATES, 1943. *Statistical Tables*. 2^a ed. Edinburgh, Oliver e Boyd, 98 p.
- GARDNER, C.O., 1961. An Evaluation of Effects of Mass Selection and Seed Irradiation with Thermal Neutrons on Yield of Corn. *Crop Sci.* Madison, 1:241-245.
- GARDNER, C.O., 1963. Estimates of Genetic Parameters in Cross-Fertilizing Plants and Their Implications in Plant Breeding. In: HANSON, W.O. e H.F. ROBINSON, ed. *Statistical Genetics and Plant Breeding*. Washington, D.C., National Academy of Sciences, p. 225-252.
- GOMES, F.P., 1973. *Curso de Estatística Experimental*. 5^a ed. São Paulo, Nobel, 430 p.
- GOODMAN, M.M., 1965. Estimates of Genetic Variance in Adapted and Exotic Populations of Maize. *Crop Sci.* Madison, 5:87-90.

- HALLAUER, A.R. e J.A. WRIGHT, 1967. Genetic Variances in the Open-Pollinated Variety of Maize, Iowa Ideal. *Der Züchter*. New York, 37: 178-185.
- HALLAUER, A.R. e J.H. SEARS, 1969. Mass Selection for Yield in Two Varieties of Maize. *Crop Sci.* Madison, 9:47-50.
- HOPKINS, C.G., 1899. Improvement in the Chemical Composition of the Corn Kernel. *Illinois Agr. Expt. Sta. Bull.* Illinois, 55:205-240. Apud SPRAGUE, G.F., ed. 1955. Corn Breeding. *Corn and Corn Improvement*. New York, Academic Press, p. 221-292.
- LENG, E.R., 1962. Selection Reversal in Strains of Corn Previously Long-Term Selected for Chemical Composition. *Crop Sci.* Madison, 2:167-170.
- LONNQUIST, J.H., 1961. Progress from Recurrent Selection Procedures for the Improvement of Corn Populations. *Nebraska Agr. Expt. Sta. Res. Bull.* Nebraska, 197. 33 p. Apud PATERNIANI, E. 1966. Genética e Melhoramento do Milho. *Cultura e Adubação do Milho*. São Paulo, Instituto Brasileiro de Potassa, p. 109-151.
- LONNQUIST, J.H., 1964. A Modification of the Ear-to-Row Procedure for the Improvement of Maize Populations. *Crop Sci.* Madison, 4:227-228.
- LONNQUIST, J.H., O.COSTA A. e C.O. GARDNER, 1966. Effect of Mass Selection and Thermal Neutron Irradiation on Genetic Variances in a Variety of Corn (*Zea mays* L.). *Crop Sci.* Madison, 6:330-332.

- MOLL, R.H. e H.F. ROBINSON, 1967. Quantitative Investigations of Yield of Maize. *Der Züchter*. New York, 37: 192-199.
- PATERNIANI, E., 1965. Seleção Recorrente para Capacidade Geral de Combinação em Milhos da América Central. *Ciência e Cultura*. São Paulo, 17: 555-559.
- PATERNIANI, E., 1966. Genética e Melhoramento do Milho. In: INSTITUTO BRASILEIRO DE POTASSA, ed. *Cultura e Adubação do Milho*. São Paulo, Instituto Brasileiro de Potassa, p. 109-151.
- PATERNIANI, E., 1967. Selection Among and Within Half-Sib Families in a Brazilian Population of Maize (*Zea mays* L.). *Crop Sci.* Madison, 7: 212-216.
- PATERNIANI, E., 1968. Avaliação do Método de Seleção Entre e Dentro de Famílias de Meios Irmãos no Melhoramento do Milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 92 p. (Tese de Professor Catedrático).
- PATERNIANI, E., 1969. Melhoramento de Populações de Milho. *Ciência e Cultura*. São Paulo, 21:1-10.
- PATERNIANI, E. e J.R. ZINSLY, 1965. Efeito do Melhoramento do Milho no Ciclo das Plantas. *Ciência e Cultura*. São Paulo, 17:146.
- PATERNIANI, E. e W.L. TREVISAN, 1971. Estudo Comparativo Entre o Tipo de Endosperma e Caracteres de Importância Agronômica. *Rel. Cient. Inst. Genética*. Piracicaba, 5: 138-147.

- PATERNIANI, E., A. ANDO, J.B. de MIRANDA FILHO e R. VENGOVSKY, 1973. Efeitos de Raios-Gama no Comportamento e na Variância de Progenies de Meios-Irmãos em Milho. *Rel. Cient. Inst. Genética*. Piracicaba, 7: 161-167.
- QUEIROZ, M.A. de, 1969. Correlações Genéticas e Fenotípicas em Progenies de Meios Irmãos em Milho (*Zea mays* L.) e Suas Implicações com o Melhoramento. Piracicaba, ESALQ/USP, 71 p. (Dissertação de Mestrado).
- RICHEY, F.D., 1922. The Experimental Basis for the Present Status of Corn Breeding. *J. Am. Soc. Agron.* Madison, 14:1-17.
- ROBINSON, H.E. e R.E. COMSTOCK, 1955. Analysis of Genetic Variability in Corn with Reference to Probable Effects of Selection. *Cold Spring Harbor Symp. Quant. Bio.* New York, 20:127-136.
- RUSCHEL, R. e A. de F. PENTEADO, 1970. Análise dos Componentes da Variância de Duas Classes de Cultivares de Milho e Estimativa do Progresso Genético Médio em Ensaios de Produção. *Pesq. Agropec. Bras.* Rio de Janeiro, 5:381-388.
- SILVA, J., 1969. Seleção Entre e Dentro de Famílias de Meios Irmãos no Milho Cateto Colombia Composto. Piracicaba, ESALQ/USP, 74 p. (Dissertação de Mestrado).
- SMITH, L.H. e A.M. BRUNSON, 1925. An Experiment in Selecting Corn for Yield by the Method of the Ear-Row Breeding Plot. *Illinois Agr. Exp. Sta. Bull.* Illinois, 271. Apud SPRAGUE, G.F., ed. 1955. Corn Breeding. *Corn and Corn Improvement*. New York, Academic Press, p. 221-292.

- SPRAGUE, G.F., 1955. Corn Breeding. In: SPRAGUE, G.F., ed. *Corn and Corn Improvement*. New York, Academic Press, p. 221-292.
- SPRAGUE, G.F., 1955a. Problems in the Estimation and Utilization of Genetic Variability. *Cold Spring Harbor Symp. Quant. Bio.* New York, 20:87-92.
- STEEL, R.G.D. e J.H. TORRIE, 1960. *Principles and Procedures of Statistics*. New York, McGraw-Hill, 481 p.
- VENCOVSKY, R., 1968. Estimativas de Parâmetros Genéticos em Três Ciclos de Seleção em Milho. *Rel. Cient. Inst. Genética*. Piracicaba, 2:88-90.
- VENCOVSKY, R., 1969. Genética Quantitativa. In: KERR, W.E., ed. *Melhoramento e Genética*. São Paulo, Melhoramentos, p. 17-37.
- VENCOVSKY, R., 1975. Progresso Esperado na Seleção Recorrente Recíproca Baseada em Famílias de Meios Irmãos e Plantas Prolíficas. *Rel. Cient. Inst. Genética*. Piracicaba, 9:192-196.
- VERA, G.A. e P.L. CRANE, 1974. Selection for High vs Low Kernel Density and Flint vs Dent Kernel Type in a Synthetic Maize Variety. *Crop Sci.* Madison, 14:238-240.
- WEBEL, O.D. e J.H. LONNQUIST, 1967. An Evaluation of Modified Ear-to-Row Selection in a Population of Corn (*Zea mays* L.). *Crop Sci.* Madison, 7: 651-655.
- WOODWORTH, C.M., E.R. LENG e R.W. JUGENHEIMER, 1952. Fifty Generations of Selection for Protein and Oil in Corn. *Agron. J.* Madison, 44:60-65.

ZINSLY, J.R., 1969. Estudo Comparativo Entre a Seleção Massal e a Seleção Entre e Dentro de Famílias de Meios Irmãos em Milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 89 p. (Tese de Doutorado).

ZUBER, M.S., 1942. Relative Efficiency of Incomplete Block Designs Using Corn Uniformity Trial Data. *J. Am. Soc. Agron.* Madison, 34: 30-47.

APÊNDICE

Tabela 1. Área Ocupada, em m², Pelos Experimentos em Látice Referentes às Progenies de Meios Irmãos das Populações de Milho ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI, nos Anos Agrícolas de 1971/72 e de 1974/75, Respectivamente.

População	Área Ocupada, m ²			Total
	Parcelas	Testemunhas	Bordadura	
ESALQ-HV-1-MII	21.000	1.260	840	23.100
ESALQ-HV-1-MII-HSI	15.000	900	600	16.500

Tabela 2. Critério de Notas Para a Obtenção de Estimativas Médias de Total de Plantas Acamadas e Quebradas, em N^o e %, e de Altura de Inserção da Espiga, em m, Por Parcela de 25 e 50 Plantas na População de Milho ESALQ-HV-1.

Nota	Total de Plantas				Inserção da Espiga Altura Aproximada (m)
	Acamadas e Quebradas				
	25 Plantas/5 m		50 Plantas/10 m		
N ^o	%	N ^o	%		
1	0-4	0-16	0-6	0-12	0,50
2	5-9	20-36	7-15	14-30	0,99
3	10-14	40-56	16-25	32-50	1,46
4	15-19	60-76	26-35	52-70	1,76
5	20-25	80-100	36-50	72-100	2,03
6	-	-	-	-	Acima de 2,03

Tabela 3. Esperanças Matemáticas dos Quadrados Médios da Análise Combinada da Variância em Látice Para a Obtenção de Estimativas dos Parâmetros Genéticos.

Fonte de Variação	Q.M.	Esperanças dos Quadrados Médios	
		Ao Nível de Totais de Parcela	Ao Nível de Indivíduos
Famílias Meios Irmãos	Q_2	$\hat{\sigma}_1^2 + r \hat{\sigma}_{mi}^2$	$n \hat{\sigma}_d^2 + n^2 \hat{\sigma}_e^2 + n^2 r \hat{\sigma}_p^2$
Resíduo Combinado	Q_1	$\hat{\sigma}_1^2$	$n \hat{\sigma}_d^2 + n^2 \hat{\sigma}_e^2$

Q_1 = quadrado médio do resíduo combinado;

Q_2 = quadrado médio de famílias de meios irmãos;

$\hat{\sigma}_1^2$ = variância entre parcelas;

$\hat{\sigma}_{mi}^2$ = variância entre progênies de meios irmãos;

r = número de repetições;

n = número de plantas por parcela;

$\hat{\sigma}_d^2$ = variância entre plantas dentro de parcelas;

$\hat{\sigma}_e^2$ = variância do efeito de parcelas;

$\hat{\sigma}_p^2$ = variância de progênies de meios irmãos ao nível de indivíduos.

TABELA 4. Análise da Variância dos Experimentos 16/1971 a 22/1971, Látices Triplos 10 x 10, Com 3 Repetições. Referente a Produção em Kg/5 m² de 700 Progenies de Meios Irmãos da População ESALQ-HV-1-MII, Ano Agrícola de 1971/72.

Fonte de Variação	G.L.	Quadrado Médio									
		Exp. 16	Exp. 17	Exp. 18	Exp. 19	Exp. 20	Exp. 21	Exp. 22			
Repetições	2										
Tratamentos (não ajust.)	99	0,6680**	0,4598**	0,5364**	0,6065**	0,5991**	0,3905**	0,5741**			
Blocos dentro de repetições (ajust.)	27	0,8430	0,5529	0,6456	0,8369	0,9825	0,3866	0,5615			
Erro Intrabloco	171	0,2828	0,2693	0,2624	0,2516	0,2366	0,2418	0,2802			
Total	299										
Tratamentos (ajust.)	99	0,5804**	0,4102**	0,4358**	0,4961**	0,4569**	0,3523**	0,5358**			
C.V. do Látice (%)	=	16,22	17,10	16,00	15,52	15,10	15,58	17,44			
Eficiência do Látice (%)	=	116,46	106,85	110,92	120,24	129,58	102,91	106,42			

Tabela 5. Análise da Variância dos Experimentos 1/1974 a 5/1974, Látices Triplos 10 x 10, Com 3 Repetições, Referente a Produção em Kg/10 m² de 500 Progenies de Meios Irmãos da População ESALQ-HV-1-MII-HSI, Ano Agrícola de 1974/75.

Fonte de Variação	G.L.	Quadrado Médio				
		Exp.1	Exp.2	Exp.3	Exp.4	Exp.5
Repetições	2					
Tratamentos (não aj.)	99	1,2536*	1,7087**	1,2322**	1,6438**	1,0019*
Blocos dentro de Repetições (ajust.)	27	2,2865	3,0745	4,4053	2,1090	1,7744
Erro Intrabloco	171	0,8524	0,6861	0,7100	0,7750	0,6554
Total	299					
Tratamentos (aj.)	99	1,0166n.s	1,2499**	0,9654n.s.	1,5225**	0,8341n.s.
C.V. do Látice (%)	=	14,41	13,68	14,30	14,97	13,49
Eficiência do Látice (%)	=	113,25	133,34	153,42	113,67	113,52

Tabela 6. Produções Médias, em Kg/Ha, "Stand" Médio, em %, e Notas Médias de Altura da Espiga e de Plantas Acamadas e Quebradas das Progênes e Amostra Seleccionada da População ESALQ-HV-1-MII e das Testemunhas, Experimentos 16/1971 a 22/1971, Ano Agrícola de 1971/72.

Característica	Exp.16	Exp.17	Exp.18	Exp.19	Exp.20	Exp.21	Exp.22
Produção Média							
Progênes	6846	6518	6636	6758	6766	6474	6276
Amostra	7899	7481	7578	7891	7804	7407	7604
Testemunhas	7071	7351	8128	8233	7601	7199	7182
"Stand" Médio							
Progênes	82,3	82,0	81,6	79,9	79,4	81,9	81,5
Amostra	81,2	79,6	81,6	75,6	78,8	80,0	78,8
Testemunhas	78,4	82,0	77,8	75,3	83,1	84,4	86,9
Altura da Espiga							
Progênes	4,1	4,4	4,3	3,9	3,9	3,7	3,7
Amostra	3,9	4,7	4,1	4,0	3,9	3,6	3,6
Testemunhas	4,0	4,5	4,4	4,5	4,0	3,6	4,0
Plantas Acamadas e Quebradas							
Progênes	1,7	1,8	1,7	1,6	1,6	1,6	1,6
Amostra	1,7	1,1	1,4	1,5	1,7	1,6	1,5
Testemunhas	1,5	1,7	1,4	1,4	1,3	1,7	1,6

Tabela 7. Produções Médias, em Kg/ha, "Stand" Médio, em %, e Notas Médias de Altura da Espiga e de Plantas Acamadas e Quebradas das Progênes e Amostra Seleccionada da População ESALQ-HV-1-MII - -HSI e das Testemunhas, Experimentos 1/1974 a 5/1974, Ano Agrícola de 1974/75.

Característica	Exp. 1	Exp. 2	Exp. 3	Exp. 4	Exp. 5
Produção Média					
Progênes	6678	6367	6220	6130	6252
Amostra	7317	6907	6673	6707	6796
Testemunhas	7058	6797	6474	6543	6629
"Stand" Médio					
Progênes	86,4	85,6	87,6	87,7	86,5
Amostra	87,6	86,0	86,4	86,4	83,6
Testemunhas	87,2	84,6	85,6	86,0	83,6
Altura da Espiga					
Progênes	3,9	4,1	4,1	4,1	3,9
Amostra	3,8	3,9	3,8	3,7	3,6
Testemunhas	3,0	3,1	3,2	3,3	3,3
Plantas Acamadas e Quebradas					
Progênes	1,9	2,0	1,9	1,9	2,0
Amostra	1,7	1,8	1,9	1,7	1,8
Testemunhas	1,6	1,6	1,7	1,5	1,4

Tabela 8. Comparação da Média das Médias de Produção, em Kg/Ha, do "Stand", em %, da Nota de Altura de Inserção da Espiga Para as Repetições 1 e 2 e da Nota de Total de Plantas Acamadas e Quebradas de 700 Progenies de Meios Irmãos do Milho ESALQ-HV-1-MII, Testemunhas, o Híbrido Duplo H6999B e a Variedade Central 1 mex, e Amostra Seleccionada, no Ano Agrícola de 1971/72.

Característica	Progenies	Testemunhas	Amostra Seleccionada
Produção	6.610	7.538	7.666
"Stand "	81,2	81,1	79,4
Altura de Inserção da Espiga	4,0	4,1	4,0
Plantas Acamadas e Quebradas	1,7	1,5	1,5

Tabela 9. Comparação da Média das Médias de Produção, em Kg/Ha, do "Stand", em %, da Nota de Altura de Inserção da Espiga Para as Repetições 1 e 2 e da Nota de Total de Plantas Acamadas e Quebradas de 500 Progênes de Meios Irmãos do Milho ESALQ-HV-1-MII-HSI, Testemunhas, os Híbridos Duplos H7974 e Agrocerees 152 e Amostra Seleccionada, no Ano Agrícola de 1974/75.

Característica	Progênes	Testemunha	Amostra Seleccionada
Produção	6.329	6.700	6.880
"Stand"	86,8	85,4	86,0
Altura de Inserção da Espiga	4,0	3,2	3,8
Plantas Acamadas e Quebradas	2,0	1,6	1,8

Tabela 10. Produtividade das 700 Progênies da População ESALQ-HV-1-MII , das 118 Progênies da Amostra Seleccionada e das Testemunhas, o Híbrido Duplo H6999B e a Variedade Centralmex, em Kg/Ha e em % Relativa à Produção Média do Grupo de 700 Progênies de Meios Irmãos do Milho ESALQ-HV-1-MII, no Ano Agrícola de 1971/72.

Material	Produtividade	
	Kg/Ha	% Relativa à Média do Grupo
População ESALQ-HV-1-MII	6.610	100,0
Amostra Seleccionada	7.666	115,2
Testemunhas		
{ H6999B e Centralmex }	7.538	114,0

Tabela 11. Produtividade das 500 Progênes da População ESALQ-HV-1-MII - HSI, das 115 Progênes da Amostra Seleccionada e das Testemunhas, os Híbridos Duplos H7974 e Agroceres 152, em Kg/Ha e em % Relativa à Produção Média das Testemunhas, no Ano Agrícola de 1974/75.

Material	Produtividade	
	Kg/Ha	% Relativa às Testemunhas
População ESALQ-HV-1-MII-HSI	6.329	94,5
Amostra Seleccionada	6.880	102,7
Testemunhas (H7974 e Agroceres 152)	6.700	100,0

Tabela 12. Produções Médias, em Kg/Ha e em % Relativa às Testemunhas, das Populações ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI Avaliadas nos Anos Agrícolas de 1971/72 e de 1974/75, Respectivamente.

Ano Agrícola	Material	Produção Média	
		Kg/Ha	% Relativa às Testemunhas
1971/72	ESALQ-HV-1-MII	6.610	87,7
	Testemunhas (H6999B e Centralmex)	7.538	100,0
1974/75	ESALQ-HV-1-MII-HSI	6.329	94,5
	Testemunhas (H7974 e Agroceres 152)	6.700	100,0

Tabela 13. Análise Combinada da Variância em Látice Referente a Produção em Kg/5 m² de 700 Progenies de Meios Irmãos do Milho ESALQ-HV-1-MII, Ano Agrícola de 1971/72, e Esperanças Matemáticas dos Quadrados Médios ao Nível de Totais de Parcela Para a Obtenção de Estimativas dos Parâmetros Genéticos.

Fonte de Variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	E(Q.M.)
Famílias Meios Irmãos	693	379,6126	0,5478	$\hat{\sigma}_1^2 + r \hat{\sigma}_{mi}^2$
Resíduo Combinado	1197	315,5118	0,2636	$\hat{\sigma}_1^2$

Tabela 14. Análise Combinada da Variância em Látice Referente a Produção em Kg/10 m² de 500 Progenies de Meios Irmãos do Milho ESALQ-HV-1-MII-HSI, Ano Agrícola de 1974/75, e Esperanças Matemáticas dos Quadrados Médios ao Nível de Totais de Parcela Para a Obtenção de Estimativas dos Parâmetros Genéticos.

Fonte de Variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	E(Q.M.)
Famílias Meios Irmãos	495	677,1838	1,3680	$\hat{\sigma}_1^2 + r \hat{\sigma}_{mi}^2$
Resíduo Combinado	855	629,1427	0,7358	$\hat{\sigma}_1^2$

Tabela 15. Análise Combinada da Variância em Látice Referente a Produção em Kg/5 m² de 700 Progenies de Meios Irmãos do Milho ESALQ-HV-1-MII, Ano Agrícola de 1971/72, e Esperanças Matemáticas dos Quadrados Médios ao Nível de Individuos Para a Obtenção de Estimativas dos Parâmetros Genéticos.

Fonte de Variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	E(Q.M.)
Famílias Meios Irmãos	693	379,6126	0,5478	$n\hat{\sigma}_d^2 + n^2\hat{\sigma}_e^2 + n^2 r\hat{\sigma}_p^2$
Resíduo Combinado	1197	315,5118	0,2636	$n\hat{\sigma}_d^2 + n^2\hat{\sigma}_e^2$

Tabela 16. Análise Combinada da Variância em Látice Referente a Produção em Kg/10 m² de 500 Progenies de Meios Irmãos do Milho ESALQ-HV-1-MII-HSI, Ano Agrícola de 1974/75, e Esperança Matemáticas dos Quadrados Médios ao Nível de Individuos Para a Obtenção de Estimativas dos Parâmetros Genéticos.

Fonte de Variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	E(Q.M.)
Famílias Meios Irmãos	495	677,1838	1,3680	$n\hat{\sigma}_d^2 + n^2\hat{\sigma}_e^2 + n^2 r\hat{\sigma}_p^2$
Resíduo Combinado	855	629,1427	0,7358	$n\hat{\sigma}_d^2 + n^2\hat{\sigma}_e^2$

Tabela 17. Estimativas das Variâncias Entre Famílias de Meios Irmãos ($\hat{\sigma}_{mi}^2$), Genética Aditiva, em Kg/Pl ($\hat{\sigma}_A^2$), Fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), Entre Parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), Entre Plantas Dentro de Parcela ($\hat{\sigma}_d^2$), Herdabilidade no Sentido Restrito (\hat{h}^2), em %, e Coeficientes de Variação Genética (C.V. gen), em %, Relativos a Produção de Grãos das Populações ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI.

Parâmetro	População	
	ESALQ-HV-1-MII	ESALQ-HV-1-MII-HSI
$\hat{\sigma}_{mi}^2$	0,0947	0,2107
$\hat{\sigma}_A^2$	$6,063 \times 10^{-4}$	$3,372 \times 10^{-4}$
$\hat{\sigma}_F^2$	$2,922 \times 10^{-4}$	$1,824 \times 10^{-4}$
$\hat{\sigma}_e^2$	$2,987 \times 10^{-4}$	$2,440 \times 10^{-4}$
$\hat{\sigma}_d^2$	$30,766 \times 10^{-4}$	$25,137 \times 10^{-4}$
\hat{h}^2	19,7	13,4
C.V. gen	9,3	7,3

Tabela 18. Diferencial de Seleção ao Nível de Plantas, Intensidade de Seleção em Unidades de Desvio Padrão Entre Progenies, k_1 , e Dentro de Progenies, k_2 , e Progressos Genéticos Esperados, em G/P1 e em % do Progresso Genético Total Esperado, Devidos a Seleção Entre e Dentro de Progenies de Meios Irmãos nas Populações ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI.

Referência	Unidade	População	
		ESALQ-HV-1-MII	ESALQ-HV-1-MII-HSI
Diferencial de Seleção	d.s.	0,021	0,011
Intensidade de Seleção	k_1	1,50	1,32
	k_2	1,75	1,70
Progresso Genético Entre Progenies	g/p1	10,88	5,10
	%	89,35	75,77
Progresso Genético Dentro Progenies	g/p1	1,30	1,63
	%	10,65	24,23
Progresso Genético Total Esperado	g/p1	12,18	6,73

Tabela 19. Produtividade das 700 Progenies da População ESALQ-HV-1-MII e Produtividades Esperadas Devido à Seleção Entre e Dentro de Progenies e no Ciclo de Seleção Seguinte, ESALQ-HV-1-MII-HSI, em Kg/Ha e em % Relativa à Produção Média do Grupo de 700 Progenies do Milho ESALQ-HV-1-MII, no Ano Agrícola de 1971/72.

Material e Tipo de Seleção	Produtividade	
	Kg/Ha	% Relativa à Média do Grupo
População ESALQ-HV-1-MII	6.610	100,0
Seleção Entre	7.154	108,2
Seleção Dentro	6.674	101,0
ESALQ-HV-1-MII-HSI	7.220	109,2
Testemunhas (H6999B e Centralmex)	7.538	114,0

Tabela 20. Produtividade das 500 Progenies da População ESALQ-HV-1-MII -
-HSI e Produtividades Esperadas Devido à Seleção Entre e Den-
tro de Progenies e no Ciclo de Seleção Seguinte, ESALQ-HV-1-
MII-HSII, em Kg/Ha e em % Relativa à Produção Média das Testemu-
nhas, os Híbridos Duplos H7974 e Agroceres 152, no Ano Agrí-
cola de 1974/75.

Material e Tipo de Seleção	Produtividade	
	Kg/Ha	% Relativa às Testemunhas
População ESALQ-HV-1-MII-HSI	6.329	94,5
Seleção Entre	6.584	98,3
Seleção Dentro	6.411	95,7
ESALQ-HV-1-MII-HSII	6.665	99,5
Testemunhas (H7974 e Agroceres 152)	6.700	100,0

Tabela 21. Comparação da Produção Média, do "Stand" Médio e da Nota Média de Acamamento de Plantas das Populações ESALQ-HV-1 Original, ESALQ-HV-1-MI, ESALQ-HV-1-MII e ESALQ-HV-1-MII-HSI e das Testemunhas H6999B e Agroceres 152, Avaliadas em um Experimento em Blocos ao Acaso Com 20 Repetições, no Ano Agrícola de 1973/74.

População	Produção Média		"Stand" Médio (%)	Nota Média de Acamamento ^{1/}
	Kg/Ha	% Relativa à Origem		
ESALQ-HV-1 Original	6.337	100,0	72,7	2,7
ESALQ-HV-1-MI	6.036	95,2	69,9	2,8
ESALQ-HV-1-MII	6.481	102,3	75,9	2,6
ESALQ-HV-1-MII-HSI	6.652	105,0	73,0	2,2
H6999B	6.218	98,1	74,1	1,9
Agroceres 152	6.494	102,5	71,1	2,0
Média das Médias	6.370		72,8	2,4

^{1/} 1 = sem acamamento; 5 = acamamento total

Tabela 22. Análise da Variância do Experimento em Blocos ao Acaso, Com 20 Repetições, Para Avaliação do Ciclo Original, Ciclos I e II de Seleção Massal e Ciclo I de Seleção Entre e Dentro de Famílias de Meios Irmãos do Milho ESALQ-HV-1, Feita Com a Regressão da Produção em Kg/10 m² em Relação aos Ciclos de Seleção.

Fonte de Variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Regressão Linear	1	0,0048	0,0048	0,0064n.s.
Desvios da Regressão	2	0,0054	0,0027	0,0036n.s.
Entre Ciclos	(3)	(0,0102)	0,0034	
Entre Repetições	19	100,2475	5,2762	
Entre Tratamentos	(6)	(6,2279)	1,0380	
Resíduo	114	85,3288	0,7485	
Total	139	191,8042		

Equação de Regressão: $Y = 0,308 + 0,007 X$

C.V. (%) = 13,50

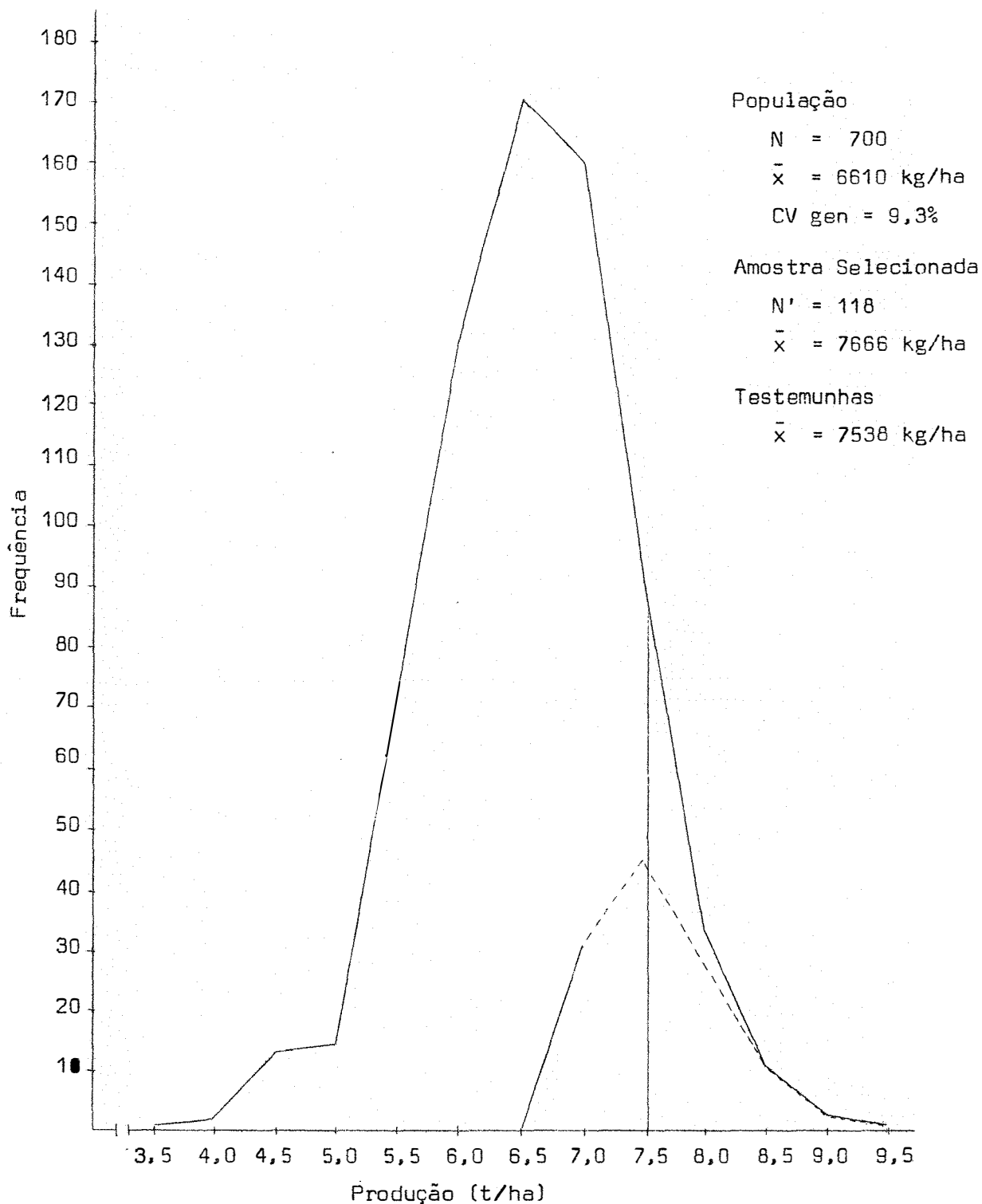


Figura 1. Distribuição das Frequências Relativas a Produtividade de Progenies de Meios Irmãos, Ajustadas Pela Média do Grupo, do Milho ESALQ-HV-1-MII, Linha Cheia, e da Amostra Seleccionada, Linha Interrompida, e a Média das Testemunhas, H6999B e Centralmex.

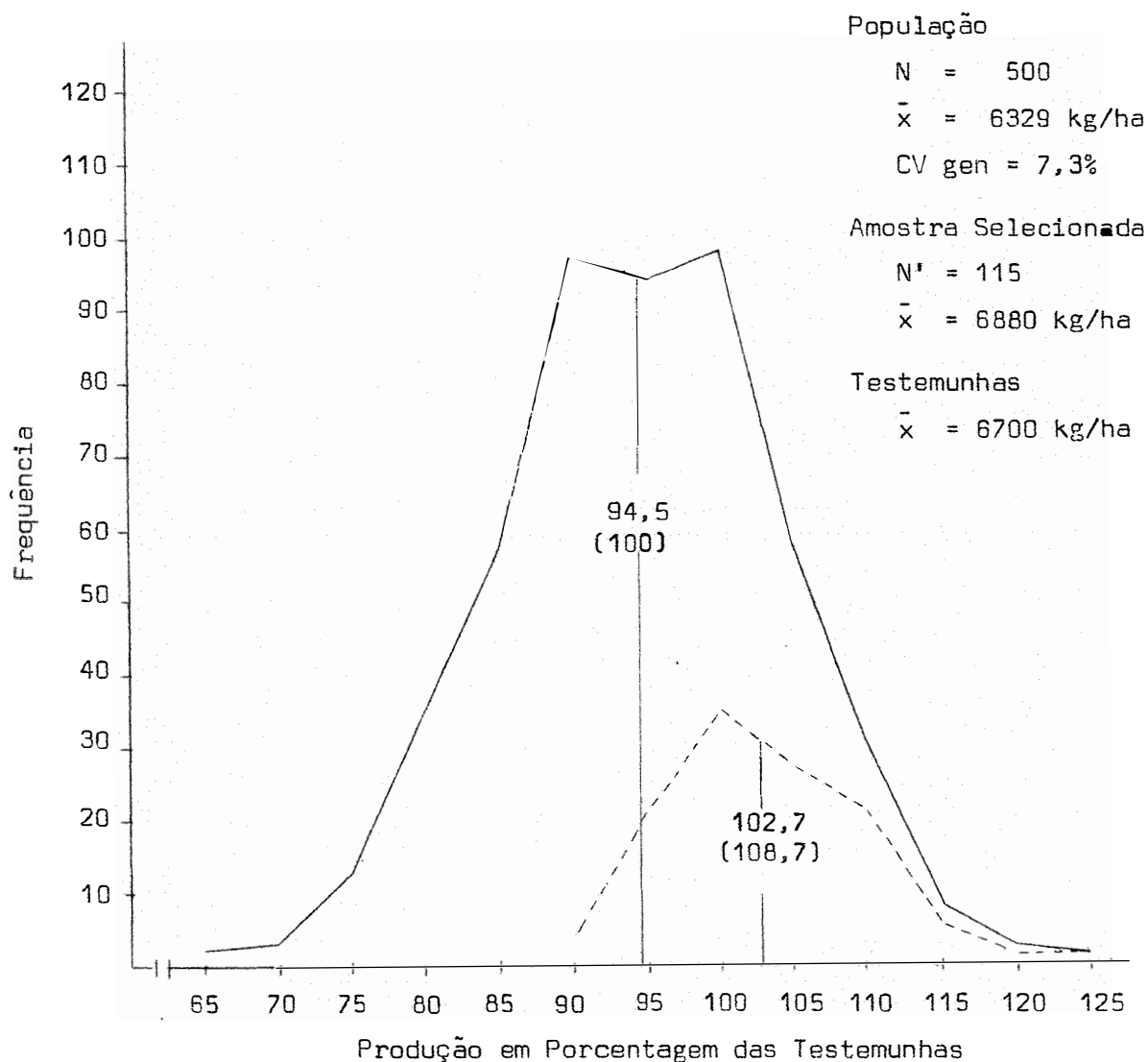


Figura 2. Distribuição das Frequências das Produções, em Porcentagem das Testemunhas H7974 e Agroceres 152, das Famílias de Meios Irmãos Testadas, Linha Cheia, e das Selecionadas, Linha Interrompida, no Ciclo I de Seleção Entre e Dentro de Famílias de Meios Irmãos do Milho ESALQ-HV-1.

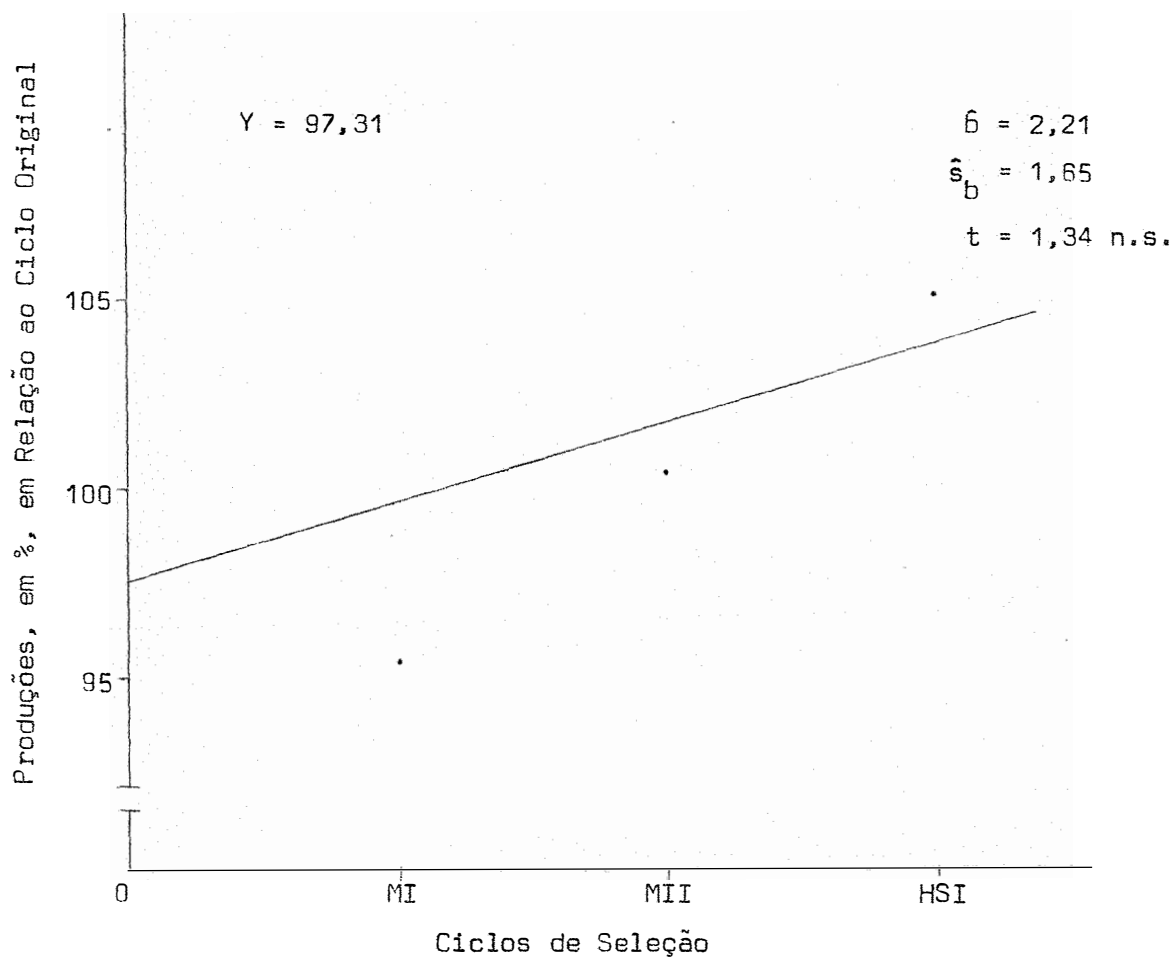


Figura 3. Regressão da Produtividade do Milho ESALQ-HV-1 em Porcentagem Relativa ao Ciclo Original, de Valor 100, em Função dos Ciclos MI e MII de Seleção Massal e do Ciclo HSI de Seleção Entre e Dentro de Famílias de Meios Irmãos.