POTENCIAL DA INTERPOPULAÇÃO DE MILHO (*zea mays* L.)
BR-105 x BR-106 PARA O MELHORAMENTO GENÉTICO

IDO JOSÉ PELLICANO
Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR

Dissertação apresentada à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo, para obtenção do título de Mestre em Agronomia, Área de Concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Março - 1990

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Livros da
Divisão de Biblioteca e Documentação - PCAP/USP

P391p Pellicano, Ido José
Potencial da interpopulação de milho (Zea mays L.)
BR-105 x BR-106 para o melhoramento genético. Pira-
cicaba, 1990.
139p.

Diss.(Mestre) - ESALQ
Bibliografia.

1. Milho - Melhoramento 2. Milho - População 3. Mi-
lho - Variedade I. Escola Superior de Agricultura
Luiz de Queiroz, Piracicaba.

CDD 633.15

POTENCIAL DA INTERPOPLAÇÃO DE MILHO (*Zea mays* L.)
BR-105 x BR-106 PARA O MELHORAMENTO GENÉTICO

Aprovado em: 03/04/1990

Comissão julgadora:

Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior

ESALQ/USP

Prof. Dr. Isaias Olívio Geraldi

ESALQ/USP

Dr. Manoel Xavier dos Santos

EMBRAPA/CNPMS

Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior
Orientador

Aos meus pais José Carlos e Helena
que através do bom exemplo e do amor,
forneceram o firme suporte embasador de
minha formação.

OFEREÇO.

À minha esposa Silvana pelo amor e
abnegação, e à minha filha Natália
pela graça e alegria com que partici
cipa da vida.

DEDICO.

AGRADECIMENTOS

O autor expressa os seus agradecimentos a todos aqueles que direta ou indiretamente participaram deste trabalho, em especial:

. Ao Professor Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior pela amizade, orientação e principalmente pelos ensinamentos e conselhos, sempre tão acertados e sinceros.

. Ao Professor Dr. Magno Antônio Patto Ramalho, pela amizade e orientação durante minha iniciação científica na ESAL.

. À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária-EMBRAPA, particularmente ao Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo - CNPMS, na pessoa de seu chefe geral: Dr. Antônio F.C. Bahia Filho, e de seu chefe técnico: Dr. José Carlos Cruz, pelo fornecimento dos dados utilizados no presente trabalho.

. À equipe de melhoristas do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo, Drs: Elto Eugênio Gomes e Gama, Ricardo Magnavaca, Manoel Xavier dos Santos, Cleso Antônio Patto Pacheco, Sidney Neto Parentoni e Maurício Antônio Lopes pelo auxílio e atenção dispensados.

. À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela bolsa concedida.

. Ao Departamento e Instituto de Genética da ESALQ-USP, na pessoa de seu diretor Prof. Dr. João Lúcio de Azevedo, pelas facilidades concedidas.

. Aos docentes do Departamento de Genética pelos ensinamentos.

. Ao Sr. José Luiz Zen do Setor de Informática do Departamento de Genética pelo grande auxílio prestado na elaboração e confecção de gráficos e tabelas.

. Às Bibliotecárias do Departamento de Genética, Sras. Nilce T. Puga e Terezinha J.L. Barrete, pela grande cortesia e disposição para ajudar.

. À Sra. Carmem M. Fernandes, na qualidade de Secretária do Departamento de Genética, pelas contribuições.

. À todos os amigos e colegas do curso, em especial ao Marcos Deon Vilela de Resende e ao Francisco Terasawa Jr., pelo convívio e amizade.

SUMÁRIO

	Página
RÉSUMO	vii
SUMMARY	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	5
2.1. Estimativas de variâncias genéticas interpopulacionais em milho	5
2.2. Seleção recorrente interpopulacional em milho	10
2.3. Alterações na Heterose com a Seleção Recorrente Recíproca	22
3. MATERIAL E MÉTODOS	28
3.1. Material	28
3.2. Métodos	30
3.2.1. Execução Experimental	30
3.2.2. Análise Estatístico Genética	33
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	49
4.1. Avaliação das populações e do híbrido interpopulacional	49
4.2. Análises de variâncias	57
4.3. Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos	59
4.4. Progressos esperados com a seleção	69
4.5. Potencial das populações para a produção de híbridos	77
5. CONCLUSÕES	81

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	85
TABELAS	102
FIGURAS	125

POTENCIAL DA INTERPOPULAÇÃO DE MILHO (*Zea mays* L.)
BR-105 x BR-106 PARA O MELHORAMENTO GENÉTICO

Autor: IDO JOSÉ PELLICANO

Orientador: Prof. Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR

RESUMO

O presente trabalho refere-se à avaliação do potencial genético das populações de milho (*Zea mays* L.) BR-105 e BR-106 para o melhoramento interpopulacional. Utilizaram-se para tanto, de progênies de meios irmãos interpopulacionais obtidas de plantas endogâmicas - S_{11} . Estas progênies foram avaliadas em Goiânia-GO, Sete Lagoas-MG e Londrina-PR. Foram tomados dados de produção (peso de espigas despalhadas), altura da planta e da espiga e índice de espigas (número de espigas dividido pelo número de plantas por parcela).

A estimativa da heterose para peso de espigas despalhadas foi de 23,55 e 11,19% em relação à média dos pais e ao pai superior, respectivamente. Com relação aos caracteres altura da planta e da espiga, verificou-se que o híbrido interpopulacional possui porte semelhante à média dos híbridos comerciais utilizados como testemunhas, e valores de heteroses baixos e até negativos, principalmente em relação à população parental superior (BR-106). Para todos os caracte-

res avaliados, foram apresentados dados de variabilidade genética interpopulacional e progressos esperados com seleção, para investigar o potencial destas populações para o melhoramento interpopulacional. Verificou-se que as magnitudes destas estimativas permitem progressos substanciais com seleção recorrente recíproca.

A variância da interação efeitos aditivos x locais foi 2,40 vezes inferior à variância genética aditiva para o caráter peso de espigas. Estes resultados indicam que existe variabilidade genética aditiva suficiente para permitir progressos substanciais com seleção para uma ampla região, uma vez que o progresso esperado com a seleção recorrente recíproca para o híbrido interpopulacional foi de 9,05% para o caráter peso de espigas, o que corresponde a cerca de 900 kg por hectare. Para os demais caracteres, a variância da interação efeitos aditivos x locais apresentaram magnitudes baixas e ou insignificantes.

A metodologia proposta por MORENO GONZÁLES (1986), de avaliação das populações envolvidas no programa de seleção recorrente recíproca em locais diferentes e contrastantes, não se mostrou promissora. Os resultados das estimativas de progressos esperados no híbrido interpopulacional obtidos segundo esta metodologia variaram de 5,75 a 8,52%, sendo que o melhor resultado é inferior ao obtido quando se avalia e seleciona em todos os locais propostos. Entretanto, estes resultados mostram que uma escolha errada de locais, na eventuali-

dade de falta de recursos e ou sementes, poderia diminuir em muito a magnitude do progresso esperado com a seleção.

As estimativas dos progressos indiretos esperados com a seleção, obtidas neste trabalho permitem concluir que, ocorrendo falta de recursos e ou sementes, o melhor local para a avaliação das progênies seria Sete Lagoas (local 2).

A produtividade teórica dos melhores híbridos de linhagens é em média 66,04 e 57,52% superior à média dos híbridos utilizados como testemunhas (BR-301 e XL-670), considerando híbridos simples e duplos, respectivamente.

As elevadas produtividades das populações *per se* e do híbrido interpopulacional, a heterose para peso de espigas relativamente alta, o porte das plantas e a altura das espigas semelhantes às testemunhas, a elevada magnitude da variabilidade genética e do progresso com seleção, e a possibilidade de obtenção de híbridos de linhagens muito produtivos, evidenciam o potencial destas populações para serem utilizadas em programas de seleção recorrente recíproca e de híbridos de linhagens.

GENETIC POTENTIAL OF MAIZE (*Zea mays* L.) INTERPOPULATION
BR 105 x BR-106 FOR BREEDING PROGRAMS

Author: IDO JOSÉ PELLICANO

Adviser: Prof. Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR

SUMMARY

The present work was carried out in order to evaluate the genetic potencial of the maize (*Zea mays* L.) populations BR-105 and BR-106 aiming an interpopulation breeding program. There were used interpopulation half-sib progenies from S_1 plants. These progenies were evaluated in Goiânia-GO, Sete Lagoas-MG and Londrina-PR, Brazil. Data of ear yield, plant and ear height and ear index (number of ears/number of plants per plot) were recorded. The estimate of heterosis for ear yield was 23.55 and 11.9% in relation to the mid-parent and high-parent respectively.

For plant and ear height the interpopulation hybrid was similar to the commercial hybrids used as checks. These traits had shown low and even negative values of heterosis, mainly in relation to the higher parental population (BR-106).

To investigate the potential of these populations for interpopulation breeding, data of interpopulation genetic

variability and expected progress with selection were estimated for all the evaluated traits. According to the magnitude of these estimates, a substantial expected progress with reciprocal recurrent selection was estimated.

The additive environment interaction variance was 2.40 times inferior to the additive genetic variance for ear yield. This result indicated there is enough additive genetic variability to allow a substantial progress with selection for a large region since the expected progress with reciprocal recurrent selection for ear yield in the interpopulation hybrid was 9.05% which means 900 kg per hectare. For the other traits, the additive genotype x environment interaction variances were low and/or non significant.

The proposed methodology by MORENO GONZÁLES (1986) for evaluating populations involved in reciprocal recurrent selection programs in different and contrasting locations was shown to be not very much promising. According to this methodology the estimates of the expected progress in the interpopulation hybrid varied from 5.75 to 8.52%. The best result is inferior to that obtained when selection for interpopulation hybrid was based in all locations. Meanwhile these results show that a wrong choice of places, in the case of lack of resources or seeds might decrease the expected progress with selection.

The estimates of the indirect expected progress with selection allow the conclusion that in a

lack of resources and/or seeds, Sete Lagoas (place 2) would be the best location for progenies evaluation.

The theoretical productivity of the best estimated hybrids of inbred lines are in average 66.04 and 57.52% higher than the average of the hybrids used as checks (BR-301 and XL-670), considering simple and double - crosses hybrids respectively.

The high per se population yield as their interpopulation hybrid, the high heterosis for ear yield, plant size and ear height similar to the checks, the high genetic variability and progress with selection and the possibility in getting hybrids of high production, put in evidence the potential of these populations for a reciprocal recurrent selection program and/or an inbred line hybrid program.

1. INTRODUÇÃO

Os trabalhos de SHULL (1908, 1909) e EAST (1908, 1909) sobre depressão por endogamia e híbridos de linhagens endogâmicas, e de JONES (1918) que viabilizou o uso comercial de híbridos, levaram os pesquisadores a darem ênfase na obtenção de híbridos, em detrimento do melhoramento de populações (SPRAGUE, 1955 e LONNQUIST, 1963).

Na década de quarenta, no entanto, os novos híbridos não eram muito superiores aos existentes. Assim, alguns pesquisadores, como HULL (1945) sugeriram que a variabilidade genética aditiva para produção de grãos estava se esgotando e, conseqüentemente, os níveis de produtividade estavam próximos ao limite.

COMSTOCK & ROBINSON (1948, 1952) sugeriram delineamentos genético-estatísticos para a estimação dos componentes da variância genética em populações e, desta maneira, conhecer suas implicações no melhoramento. Assim, ROBINSON et alii (1955) verificaram que variedades de milho de polinização livre, possuíam suficiente variabilidade genética adi-

tiva que possibilitariam progressos consideráveis com a seleção.

Verificou-se, então, que a hipótese de HULL não era adequada, e o que realmente ocorria era que as linhagens estavam sendo extraídas seguidamente das mesmas populações. Assim, reconheceu-se que deveria ser dado ênfase, também, ao melhoramento das populações para serem obtidos híbridos superiores aos existentes, pois aumentando as frequências dos alelos favoráveis nas populações aumenta-se a possibilidade de obtenção de híbridos superiores (COMSTOCK, 1964).

A expressão "seleção recorrente" foi introduzida por HULL (1945), com o significado de se proceder a reseleção, geração após geração, com intercruzamento dos materiais selecionados a fim de se promover a recombinação gênica. A seleção recorrente visa, assim, aumentar continuamente as frequências dos genes favoráveis, através dos sucessivos ciclos de seleção.

Com o objetivo de se explorar eficientemente o vigor de híbrido, COMSTOCK et alii (1949) sugeriram a seleção recorrente recíproca. Neste esquema, genótipos de duas populações são avaliados em cruzamentos com a população recíproca, e os genótipos de cada população que apresentarem melhor capacidade de combinação com a população recíproca são recombinados entre si. Portanto, visa-se o melhoramento das populações per se e da heterose que se manifesta nos cruzamentos, utilizando a capacidade geral e específica de combinação.

Após a sugestão de COMSTOCK et alii (1949) vários programas de seleção recorrente recíproca foram iniciados (COLLIER, 1959; THOMPSON & HARVEY, 1960; THOMAS & GRISSON, 1961; MOLL & STUBER, 1971; entre outros), e os progressos reportados por estes autores variam de 3,5 a 7,1% por ciclo de seleção. Apesar desta metodologia ser considerada muito eficiente por aproveitar todos os efeitos genéticos, diversos inconvenientes têm acarretado progressos inferiores aos esperados e, portanto, não tem sido muito utilizada (PATERNIANI, 1980). Entretanto, novos esquemas têm sido propostos visando aumentar a eficiência do método original (HALLAUER & EBERHART, 1970; PATERNIANI & VENCovsky, 1977, 1978; SOUZA JR., 1987).

Os componentes da variância genética definidos a nível interpopulacional são homólogos àqueles definidos a nível intrapopulacional (STUBER & COCKERHAM, 1966), e as magnitudes das estimativas de variâncias genéticas aditivas interpopulacionais reportadas em milho para diversos caracteres, são suficientes para permitir progressos substanciais com a seleção recorrente recíproca (STUBER et alii, 1966; OBILANA et alii, 1979; MIRANDA Fº & PATERNIANI, 1983; SOUZA Jr., 1983).

A escolha das populações a serem utilizadas em programas de seleção recorrente recíproca, deve ser baseada no comportamento das populações *per se*, na heterose de seus cruzamentos, e na variabilidade genética interpopulacional. Nesta dissertação são reportadas estimativas dos parâmetros ge-

néticos das populações de milho BR-105 e BR-106, visando conhecer o potencial genético destas populações para programas de seleção recorrente recíproca.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Estimativas de variâncias genéticas interpopulacionais em milho

FISHER (1918) em estudos sobre covariação e correlação genética entre parentes, foi o primeiro a decompor a variância genética de uma população panmítica em três componentes: 1. variância genética aditiva, que está associada aos efeitos médios dos genes; 2. variância genética dominante, que é devida aos desvios associados às interações intraalélicas, e 3. variância genética epistática, que é devida aos desvios associados às interações interalélicas. O autor demonstrou que a covariância entre parentes é função de quantidades diferentes dos componentes da variância genética.

A partir da década de vinte, muitos trabalhos ampliaram o trabalho de FISHER (1918). WRIGHT (1921) incluiu o efeito de endogamia, COCKERHAM (1954) e KEMPTHORNE (1954, 1955), apresentaram a decomposição da variância hereditária

baseados em um esquema fatorial incluindo os efeitos epistáticos, COCKERHAM (1956) e SCHNELL (1963) acrescentaram os efeitos de ligação gênica. Posteriormente, COCKERHAM & WEIR (1973) e WEIR & COCKERHAM (1976) apresentaram estes estudos envolvendo dois locos.

Todos os trabalhos citados foram desenvolvidos para uma população panmítica. Com o advento da Seleção Recorrente Recíproca, proposta por COMSTOCK et alii (1949) houve necessidade de se caracterizar a covariância entre parentes e a decomposição da variância genética a nível interpopulacional. Assim, STUBER (1965) e STUBER & COCKERHAM (1966) realizaram tais estudos baseados em um esquema fatorial incluindo os efeitos epistáticos, além dos aditivos e dominantes.

Estes estudos mostraram que a covariância genética entre parentes é função, em sua maior quantidade, da variância genética associada aos efeitos médios dos genes (variância genética aditiva). Como os processos de seleção envolvem relações entre parentes, o sucesso na seleção depende, fundamentalmente, da quantidade da variância genética aditiva presente em uma população.

Apesar de as bases teóricas da covariância entre parentes e da decomposição da variância genética ter sido desenvolvida em 1918, somente com os trabalhos de COMSTOCK & ROBINSON (1948 e 1952) é que foram estimados os componentes da variância genética em populações de milho. COCKERHAM (1963) apresentou uma formulação generalizada para a estimação dos

componentes da variância a partir de diversos delineamentos genéticos. Nestas formulações os componentes da variância genética são expressos como funções lineares das covariâncias entre parentes resultantes de cada esquema de cruzamento.

A nível interpopulacional, STUBER (1965) mostra que os delineamentos genéticos propostos por COMSTOCK & ROBINSON (1948 e 1952) também podem ser utilizados para estimar os componentes da variância genética. Apesar da completa caracterização da decomposição da variância genética a nível interpopulacional ter sido feita por STUBER & COCKERHAM (1966), alguns trabalhos anteriores a 1965 (ROBINSON et alii, 1958; SPRAGUE, 1964; COMPTON et alii, 1964 e 1965), já aplicaram estes delineamentos genéticos, fazendo analogia às populações panmíticas, a nível interpopulacional, para estimar parâmetros relacionados ao progresso esperado na seleção recorrente recíproca, sem no entanto, definir os componentes da variância genética a nível interpopulacional.

Posteriormente, alguns autores utilizaram - se destes delineamentos para estimar os componentes da variância genética a nível interpopulacional (STUBER et alii, 1966; GOODRICH et alii, 1975; OBILANA et alii, 1979). De maneira análoga às estimativas intrapopulacionais, verificou-se que o componente preponderante da variância genética é a variância aditiva, seguido da variância dominante, e que as variâncias epistáticas são negligenciáveis.

As estimativas a nível interpopulacional, no

Brasil, foram obtidas utilizando-se de apenas um tipo de pro-gênie (meios irmãos ou irmãos germanos), cujos resultados es-tão na Tabela 1, somente para o caráter produção de grãos.

No caso dos caracteres altura da planta e da espiga, SOUZA JR. (1983), trabalhando com a interpopulação ESALQ PB-1 x BR-105, encontrou valores de 265,46 e 245,08 para as variâncias aditivas $\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$ e $\hat{\sigma}_{A_{21}}^2$, respectivamente, e 255,27 para $\hat{\sigma}_{A(12)}^2$, para o caráter altura da planta; e 110,51 e 65,61 para as variâncias aditivas $\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$ e $\hat{\sigma}_{A_{21}}^2$, respectiva-mente, e 88,06 para $\hat{\sigma}_{A(12)}^2$, para o caráter altura da espiga, em (centímetros/planta)².

HALLAUER (1971) e SINGH et alii (1984) encon-traram valores de variância aditiva interpoblacional ($\hat{\sigma}_{A(12)}^2$) de 126,7 (cm/planta)² para o caráter altura da planta, e para o caráter altura da espiga, o valor médio reportado por vā-rios autores é de 172,2 (cm/planta)² (HALLAUER, 1971; GOODRICH et alii, 1975; OBILANA et alii, 1979 e SINGH et alii, 1984).

As estimativas dos componentes da variância ge-nética a nível intra e interpoblacional, mostram que mesmo em populações submetidas a seleção por longo tempo, existem grandes quantidades de variância genética aditiva, podendo-se esperar progressos substanciais por seleção (HALLAUER et alii, 1988).

Quanto aos efeitos da seleção sobre a variân-cia genética, têm-se observado que ocorre uma redução brusca no primeiro ciclo de seleção, e após mantêm-se constante com

Tabela 1. Estimativas das variâncias genéticas aditivas interpopulacionais para produção de grãos (g/planta)².

Populações	$\sigma^2_{A_{12}}$ *	$\sigma^2_{A_{21}}$ **	$\sigma^2_{A_{(12)}}$ ***	Referências
ESALQ-VF1 x ESALQ-VD2	258,56	205,12	231,84	PATERNIANI & VENCovsky (1978)
PIRANÃO-VF1 x PIRANÃO-VD2	358,40	126,10	242,20	MARTINS (1986)
ESALQ-VF1 x ESALQ-VD2	-	-	184,92 a 277,36 ⁺	SOUZA JR. et alii (1980a)
PIRAMEX x CATETO	236,14	79,90	158,02	MIRANDA Fº & PATERNIANI (1983)
ESALQ-PB1 x BR-105	370,45	150,55	260,50	SOUZA JR. (1983)
ESALQ-PB4 x ESALQ-PB5	249,80	131,40	190,60	SOUZA JR. & MIRANDA Fº (no prelo)

* População 1 utilizada como fêmea;

** População 2 utilizada como fêmea;

*** $\sigma^2_{A_{(12)}} = (1/2)(\sigma^2_{A_{12}} + \sigma^2_{A_{21}})$;

+ Limites de $\hat{\sigma}^2_{A_{(12)}}$, considerando $\sigma^2_{A_{(12)}} = \sigma^2_{D(12)}$ e $\sigma^2_{D(21)} = 0$, respectivamente.

o decorrer dos ciclos de seleção. Isto se deve ao fato de que no primeiro ciclo de seleção utiliza-se a variabilidade genética livre existente na população, e após o primeiro ciclo a variabilidade genética potencial vai sendo gradativamente liberada através da permuta genética dentro dos blocos poligênicos (PATERNIANI, 1967; WEBEL & LONNQUIST, 1967; PATERNIANI, 1968b; SILVA, 1969; CUNHA, 1976; entre outros).

Em relação a variância genética dominante a nível interpoblacional, são poucas as estimativas fornecidas pela literatura, sendo que MARTINS (1986), encontrou valor de 42,46 para $\sigma^2_{D(12)}$, para o caráter peso de espigas em (g/planta)². Obilana (1977), citado por SOUZA JR.(1988) encontrou o valor de 67,02(g/planta)² para a $\sigma^2_{D(12)}$ para o mesmo caráter.

2.2. Seleção recorrente interpoblacional em milho

A expressão "Seleção Recorrente" foi proposta por HULL (1945) para designar que o processo de seleção é cíclico, significando um processo contínuo de melhoramento, onde cada ciclo envolve três fases distintas, com exceção da seleção massal: obtenção de progênies, avaliação das progênies e recombinação dos genótipos selecionados. Embora a expressão tenha sido utilizada originalmente para designar alguns esquemas de seleção, atualmente são denominados de seleção recorrente todos os esquemas cíclicos de seleção que envolvem as fases mencionadas (HALLAUER, 1980).

Os métodos de seleção recorrente são divididos em dois grupos: 1. melhoramento intrapopulacional, onde a seleção visa o melhoramento per se das populações, e 2. melhoramento interpopulacional, onde a seleção visa o melhoramento do híbrido (F_1) entre duas populações. Nesta revisão será tratado apenas o grupo referente ao melhoramento interpopulacional por estar diretamente relacionado com o presente trabalho.

O melhoramento interpopulacional iniciou após COMSTOCK et alii (1949) sugerirem a Seleção Recorrente Recíproca. Este método utiliza-se de duas populações, onde genótipos de cada população são avaliados em cruzamentos com a outra população, e os genótipos de cada população que apresentarem melhor capacidade de combinação com a população recíproca são recombinados entre si. Portanto, visa-se o melhoramento do híbrido interpopulacional utilizando-se a capacidade geral e específica de combinação, isto é, todos os tipos de ação gênica. Este método tem sido denominado de Seleção Recorrente Recíproca com Meios Irmãos - S.R.R.M.I. (JONES et alii, 1971 e HALLAUER & MIRANDA Fº, 1981).

COMSTOCK & ROBINSON (1956) estimaram variâncias genéticas a nível interpopulacional (Jarvis x Indian Chief) e o progresso esperado no híbrido via S.R.R.M.I. Com intensidade de seleção de 10% o progresso esperado com um ciclo de seleção foi de 9,0%, em relação ao híbrido interpopulacional original, que foi considerado elevado.

Após a sugestão de COMSTOCK et alii (1949), vā-

rios programas de Seleção Recorrente Recíproca foram iniciados (COLLIER, 1959; PENNY, 1959; THOMPSON & HARVEY, 1960; THOMAS & GRISSON, 1961; MOLL & STUBER, 1971; PATERNIANI, 1971; DARRAH et alii, 1972; EBERHART et alii, 1973; GEVERS, 1974; HALLAUER, 1977 e 1984; MOLL et alii, 1978; entre outros). Os resultados obtidos por estes autores encontram-se na Tabela 2.

Conforme salientado por VENCovsky (1987), a seleção recorrente recíproca explora a capacidade geral de combinação nos locos sem dominância e nos locos em que as frequências gênicas são iguais nas duas populações. Nos locos com algum grau de dominância e com frequências alélicas contrastantes, a seleção recorrente recíproca também explora a capacidade específica de combinação, através dos efeitos gênicos não aditivos. O progresso esperado por seleção recorrente recíproca é função linear das variâncias genéticas aditivas interpopulacionais σ^2_{A12} e σ^2_{A21} , que são homólogas da variância aditiva intrapopulacional (VENCovsky, 1987). Ao nível de um loco, SOUZA JR. & MIRANDA FQ (1985) demonstraram que:

$$\sigma^2_{A12} = \sigma^2_{A11} + 4\sigma^2_{D11} [h + (p-r)\alpha_1]; \text{ e}$$

$$\sigma^2_{A21} = \sigma^2_{A22} + 4\sigma^2_{D22} [h + (r-p)\alpha_2];$$

onde:

σ^2_{A11} e σ^2_{A22} são as variâncias genéticas aditivas intrapopulacionais das populações 1 e 2, respectivamente;

Tabela 2. Progressos obtidos por seleção recíproca com meios irmãos e irmãos germanos, para produção de grãos, em diversas populações de milho.

Populações		Nº de ciclos	Gs/Ciclo(%)			Referências
A	B		A	B	AxB	
Y Surecropper	Ferguson Y Dent	2	10,0	1,8	5,8	COLLIER (1959) DOUGLAS et alii (1961)
Syn A	Syn G	3	-	-	5,8	THOMPSON & HARVEY (1960)
População A	População B	2	-	-	7,1	THOMAS & GRISSON (1961)
Jarvis	Indian Chief	3	4,3	1,7	0,8	MOLL & ROBINSON (1966 e 1967)
Stiff Stalk Syn	Corn Borer Syn	4	2,5	-1,1	1,8	PENNY & EBERHART (1971)
Jarvis	Indian Chief	6	2,3	1,2	3,5	MOLL & STUBER (1971)
Harinoso Mosquera	Rocamex V7	2	4,5	15,0	17,0	TORREGROZA et alii (1972)
Stiff Stalk Syn	Corn Borer Syn	5	0,4	0,9	4,5	EBERHART et alii (1973)
Kitale 2	Ecuador 573	3	-0,1	5,0	7,0	DARRAH et alii (1978)
Teko Yellow	N.Y. Horsetooth	3	7,5	7,4	5,8	GEVERS (1974)
BS 10	BS 11	3	6,0	5,7	3,2	HALLAUER (1977)
Composto dente	Composto flint	1	13,6	-7,8	3,7	PATERNIANI (1971)
Piramex	Cateto	1	3,5	7,5	7,5	PATERNIANI & VENCOSKY (1977)
Composto dente	Composto flint	2	-	-	3,5	PATERNIANI & VENCOSKY (1978)
Jarvis	Indian Chief	6	2,7	0,9	3,1	MOLL et alii (1978)
Jarvis	Indian Chief	8	2,5	1,4	3,2	MOLL et alii (1978)
BS 10	BS 11	7	-	-	6,49	HALLAUER (1984)

$\sigma^2_{D_{11}}$ e $\sigma^2_{D_{22}}$ são as variâncias genéticas dominantes intrapopulacionais das populações 1 e 2, respectivamente;

h é a heterose em relação a média dos pais;

p e r são as frequências dos alelos favoráveis nas populações 1 e 2;

α_1 e α_2 são os efeitos médios de uma substituição gênica das populações 1 e 2, respectivamente.

MIRANDA F9 (1982) demonstrou, de maneira análoga que, ao nível de um loco as diferenças entre as variâncias genéticas aditivas interpopulacionais e as covariâncias genéticas aditivas entre as populações e seus respectivos híbridos são funções das variâncias dominantes intrapopulacionais e da heterose do cruzamento.

Desta maneira, verifica-se que, realmente, a seleção recorrente recíproca explora a capacidade geral de combinação, através das variâncias genéticas aditivas intrapopulacionais ($\sigma^2_{A_{11}}$ e $\sigma^2_{A_{22}}$), e a capacidade específica de combinação através dos desvios associados a dominância ($\sigma_{D_{11}}$ e $\sigma_{D_{22}}$), e capitaliza a heterose (h).

Apesar de o método original ser considerado geneticamente correto por aproveitar todos os tipos de ação gênica (VENCOVSKY, 1987), os resultados obtidos não têm sido considerados satisfatórios estando abaixo do esperado e, por isso, atualmente quase não é utilizado. PATERNIANI & VENCOVSKY (1977) relacionaram os fatores que podem ser considerados pa-

ra explicar a baixa eficiência do método: 1 - autofecundação e cruzamento ao mesmo tempo envolve muito trabalho e reduz o número de genótipos a serem avaliados; 2 - amostragem inadequada do testador (4 a 5 plantas); 3 - uma adequada recombinação de progênes S_1 requer pelo menos 2 gerações; 4 - intervalo entre ciclos é grande, e além do ganho por ano ser baixo, a seleção pode ser muito afetada pela interação genótipo x ano.

HALLAUER & EBERHART (1970) sugeriram a utilização de progênes de irmãos germanos, ao invés de meios irmãos, obtidas de plantas prolíficas. Assim, plantas prolíficas de duas variedades são cruzadas aos pares nas espigas superiores, e as espigas inferiores são autofecundadas. As progênes de irmãos germanos obtidas nas espigas superiores são utilizadas para avaliação, e as progênes $S_{1,5}$ obtidas nas espigas inferiores são utilizadas para recombinação. O método denominado de seleção recorrente recíproca com irmãos germanos (S.R.R.I.G.) foi utilizado por HALLAUER (1973) que obteve progressos nas populações *per se*, mas não no híbrido, com apenas um ciclo de seleção. Após 3 ciclos de seleção o progresso obtido no híbrido foi de 3,2% por ciclo (HALLAUER & MIRANDA Fº, 1981). Na sequência do programa, HALLAUER (1984), obteve progressos de 16,00 e 14,50% nas populações *per se*, BS-10 e BS-11 respectivamente, e 12,6% no híbrido interpoblacional comparando o primeiro com o sexto ciclo de seleção.

Na aplicação da S.R.R.I.G. faz-se seleção para prolificidade nas populações, e devido a forte correlação ge-

nética entre prolificidade e produtividade (ROBINSON et alii, 1951; LONNQUIST, 1967; SOUZA JR. et alii, 1980a; entre outros), a S.R.R.I.G. deve conduzir a progressos adicionais que les esperados apenas com a seleção baseada nas progênes. Além disso, em relação a S.R.R.M.I. podem ser avaliados o dobro do número de plantas em um mesmo espaço físico, permitindo uma seleção mais intensa. O método não tem sido muito utilizado atualmente, provavelmente, devido aos problemas apontados por SOUZA JR. (1987), quais sejam: - é baseado em pares de plantas e não em plantas individuais, - são necessárias muitas anotações de campo, sendo que a perda de uma única espiga de autofecundação causa a perda do par de cruzamentos, diminuindo assim a quantidade de genótipos avaliados.

PATERNIANI & VENCovsky (1977) propuseram uma nova modificação, em que a seleção é baseada em testcrosses de progênes de meios irmãos (S.R.R.M.I-1). Progênes de meios irmãos de duas populações são utilizadas, sendo que cada população serve de testador recíproco para a outra. As sementes remanescentes das progênes de meios irmãos de cada população, dos testcrosses selecionados com base em ensaios com repetições, são utilizadas para recombinação. Devido ao método basear-se em testcrosses de progênes de meios irmãos, a quantidade de variância genética aditiva explorada é baixa e, conseqüentemente, o progresso esperado é muito baixo. Apesar disto, observou-se um progresso no híbrido de 7,5%, em relação ao híbrido original, com apenas um ciclo de seleção, com as populações Piramex e Cateto.

PATERNIANI & VENCovsky (1978) sugeriram outra modificação em que utilizam-se de progênies de meios irmãos obtidas de plantas prolíficas (S.R.R.M.I-2). As progênies de meios irmãos interpoblacionais, a serem avaliadas, são obtidas nas espigas superiores que são polinizadas com uma mistura de pólen da outra população. As progênies de meios irmãos intrapoblacionais, a serem utilizadas na recombinação, são obtidas nas espigas inferiores polinizadas com mistura de pólen da própria população. Resultados de dois ciclos de seleção com as populações ESALQ-VF1 e ESALQ-VD2 resultaram em progresso de 3,5% por ciclo de seleção no híbrido interpoblacional.

Analogamente à S.R.R.I.G. (HALLAUER & EBERHART, 1970) na seleção recorrente recíproca com meios irmãos obtida de plantas prolíficas (PATERNIANI & VENCovsky, 1978) pratica-se seleção para prolificidade o que deve acarretar progressos adicionais àqueles esperados com a seleção nas progênies. A S.R.R.M.I - 2 tem se mostrado promissora pois além de explorar quantidades maiores de variância genética aditiva, um ciclo pode ser completado em apenas dois anos ou até um ano usando-se uma geração de inverno.

SOUZA JR. (1987), propõe um novo método de seleção interpoblacional: Seleção recorrente recíproca com progênies de meios irmãos obtidos alternadamente de plantas S_0 e S_1 , cuja descrição segue-se:

Fase 1: No inverno do primeiro ano, obtêm-se as

progênes. As populações A e B são plantadas em lotes não isolados com aproximadamente 1000 plantas por lote. Por ocasião do florescimento, as duas espigas das plantas prolíficas das duas populações são protegidas. As espigas inferiores são autofecundadas e as espigas superiores são polinizadas com uma mistura de pólen da outra população. As progênes S_1 são guardadas em câmara de conservação. No verão do mesmo ano, avaliam-se as progênes de meios irmãos interpopulacionais em experimentos com repetições. De 10 a 20% das melhores progênes são selecionadas baseando-se nos resultados experimentais.

Fase 2: No inverno do segundo ano, faz-se a recombinação e produção simultânea de progênes. Uma mistura equitativa de sementes das progênes $S_{1,s}$, correspondentes às progênes selecionadas de cada população, são plantadas em lotes isolados. Por ocasião do florescimento, as espigas superiores das plantas prolíficas são protegidas. As espigas inferiores são fecundadas ao acaso com pólen da mesma população, enquanto que as espigas superiores são polinizadas com uma mistura de pólen da população recíproca. As progênes de meios irmãos intrapopulacionais são guardadas em câmara de conservação.

No verão do segundo ano, faz-se a avaliação das progênes de meios irmãos interpopulacionais em experimentos com repetições. Cerca de 10 a 20% das melhores progênes são selecionadas com base nos resultados dos experimentos. O es-

queima usado no inverno do primeiro ano é então repetido, utilizando-se para tanto de uma mistura equitativa de sementes das progênies de meios irmãos intrapopulacionais, correspondentes às progênies de meios irmãos interpopulacionais selecionadas.

Esta metodologia é uma modificação da seleção recorrente recíproca original (COMSTOCK et alii, 1949) e da seleção recorrente recíproca com meios irmãos obtida de plantas prolíficas - S.R.R.M.I-2 (PATERNIANI & VENCovsky, 1978). Deve ser mais eficiente que a S.R.R. original pois cada ciclo pode ser completado em apenas um ano utilizando geração de inverno para obtenção e ou recombinação de progênies. Deve ser mais eficiente que a S.R.R.M.I-2 pois nas gerações pares utiliza-se progênies de meios irmãos oriundas de plantas endogâmicas, aumentando a discriminação entre progênies, a variância genética aditiva e, conseqüentemente, o progresso com seleção. Além disso, sendo recombinadas plantas endogâmicas o progresso será o dobro que a S.R.R.M.I-2. Deve ser mais eficiente que a S.R.R.I.G. (HALLAUER & EBERHART, 1970) pois a S.R.R.M.I-2 é mais eficiente que a S.R.R.I.G. quando conduzida com um ciclo por ano (SOUZA JR., 1983). Como a metodologia a ser utilizada é mais eficiente que a S.R.R.M.I-2, deduz-se que, é também, mais eficiente que a S.R.R.I.G. Estas conclusões podem ser melhor visualizadas utilizando-se os dados obtidos por SOUZA JR. (1987), que se encontram na Tabela 3.

Tabela 3. Eficiência relativa (E.R. %) de três diferentes processos de seleção recorrente recíproca aplicados às populações ESALQ PB-1 x BR-105 (A) e ESALQ PB-4 x ESALQ PB-5 (B), para peso de espigas, considerando tanto o ciclo normal quanto o ciclo mínimo, SOUZA JR. (1987).

Processo de Seleção	População	E.R. (%) = $(Gs_1/Gs_n) \cdot 100$	
		Ciclo Normal	Ciclo Mínimo
Gs ₁ /Gs ₂	A	167,66	167,66
Gs ₁ /Gs ₃	A	144,24	192,18
Gs ₁ /Gs ₂	B	168,28	168,28
Gs ₁ /Gs ₃	B	145,93	194,27

Gs₁ - S.R.R.M.I. (S₀, S₁) - SOUZA JR. (1987)

Gs₂ - S.R.R.M.I-2 - PATERNIANI & VENCovsky (1978)

Gs₃ - S.R.R.I.G. - HALLAUER & EBERHART (1970)

Nota-se na Tabela 3, que a metodologia proposta por SOUZA JR. (1987) é cerca de 68% superior a S.R.R.M.I-2, proposta por PATERNIANI & VENCovsky (1978), independentemente do tipo de ciclo utilizado, e cerca de 45 e 93% superior a S.R.R.I.G. proposta por HALLAUER & EBERHART (1970) considerando ciclos normal e mínimo, respectivamente.

O progresso esperado com a seleção nesta metodologia é a média do progresso esperado para a primeira fase e para a segunda fase, ou seja: progresso médio = $(Gs_1 + Gs_2)/2$,

onde:

G_{s1} = progresso com seleção na primeira fase:

$$G_{s1} = K_1(1/4)(\sigma^2_{A12}/\sigma^2_{F12}) + K_2(1/4)(\sigma^2_{A21}/\sigma^2_{F21});$$

G_{s2} = progresso com seleção na segunda fase:

$$G_{s2} = K_1(3/16)(\sigma^2_{A12}/\sigma^2_{F12}) + K_2(3/16)(\sigma^2_{A21}/\sigma^2_{F21}).$$

Observe-se que a metodologia proposta, serve também como teste precoce para obtenção de linhagens nas gerações ímpares. Assim, o programa de melhoramento de populações fica integrado a um programa de obtenção de híbridos de linhagens. A cada dois anos pode-se iniciar um programa de obtenção de linhagens a partir dos genótipos selecionados ($S_{1,s}$). Parte das sementes $S_{1,s}$ dos genótipos selecionados são utilizadas para dar início a um programa de obtenção de linhagens endogâmicas, e outra parte é utilizada para dar continuidade ao programa de seleção recorrente.

Alguns problemas em relação a metodologia proposta por SOUZA JR. (1987) são: - A obtenção de progênie e recombinação simultânea utilizando-se plantas $S_{1,s}$ pode ser comprometida devido a um provável decréscimo na prolificidade como consequência da depressão por endogamia. Entretanto, este problema poderá ser contornado com o uso de baixa densidade populacional, adubação "pesada" no plantio e duas adubações em cobertura. De qualquer maneira, com seleção contínua

de plantas prolíficas espera-se que, se o problema ocorrer, estará resolvido a partir do segundo ciclo de seleção. - O tempo decorrido entre a colheita dos experimentos no campo, a tabulação dos dados, a análise estatística e o plantio para a obtenção das novas progênies é muito pequeno.

2.3. Alterações na heterose com a seleção recorrente

O relato de Beal (1880), citado por HALLAUER & MIRANDA Fº (1981), sobre produtividade de híbridos inter-varietais em milho despertou o interesse dos melhoristas para a heterose, pois os híbridos intervarietais foram de 10 a 50% mais produtivos que as variedades parentais, indicando que o cultivo de híbridos intervarietais era um meio de se aumentar a produtividade do milho.

HALLAUER & MIRANDA Fº (1981) efetuaram um amplo levantamento sobre cruzamentos intervarietais, abrangendo o período de 1893 a 1978, com 611 variedades e 1394 cruzamentos, para produção de grãos. A heterose média em relação à média dos pais, foi de 19,5% com amplitude de -3,6 a 72%. A heterose média, em relação ao pai superior, foi de 8,2% com amplitude de -9,9 a 43%. Observa-se, porém, que os valores mais elevados de heterose estão relacionados nos trabalhos que envolveram cruzamentos interraciais, e valores médios e baixos de heterose estão relacionados nos trabalhos que envolveram cruzamentos intervarietais.

Valores elevados de heterose, em relação à média dos pais, para produção de grãos foram observados por diversos autores. Assim, PATERNIANI & LONNQUIST (1963); WELLAUSEN (1965); PATERNIANI (1968b) e TROYER & HALLAUER (1968), encontraram heteroses médias de 33, 64, 68 e 72%, respectivamente. Valores intermediários de 14 a 26%, foram relatados por ROBINSON et alii (1956); EBERHART (1971); HALLAUER (1972); BARRIGA & VENCovsky (1973); MIRANDA Fº (1974) e SOUZA JR. (1981). Baixos valores de heterose de 2 a 11% também foram encontrados, LONNQUIST & GARDNER (1961); COMPTON et alii (1965); HALLAUER & EBERHART (1966); PATERNIANI (1967); HALLAUER & SEARS (1968).

Para os caracteres altura da planta e da espiga, os relatos sobre heterose, em relação à média dos pais, são raros e os valores encontrados são normalmente baixos, geralmente inferiores a 5% (CASTRO et alii, 1968; PATERNIANI, 1970; BARRIGA & VENCovsky, 1973; MIRANDA Fº, 1974; D'AYALA VALVA, 1976; SOUZA JR., 1981).

Procurando relacionar diversidade genética e heterose, MOLL et alii (1962) coletaram variedades de três regiões geográficas diferentes e estudando o comportamento dos cruzamentos entre estas variedades, encontraram uma heterose média de 4,0% para produção de grãos entre cruzamentos de variedades dentro de regiões, e entre regiões a heterose média foi de 24,4%. MOLL et alii (1965) coletaram duas variedades de quatro diferentes regiões, estudaram o comportamento das

oito variedades, os 28 híbridos entre elas e as 28 populações F_2 correspondentes. Os cruzamentos foram classificados em oito níveis de divergência genética dos pais, sendo que o nível 1 correspondeu aos cruzamentos de menor diversidade genética e o nível 8 a de extrema diversidade genética. Foi constatado que a heterose, para produção de grãos, aumentou até o nível 5 e decresceu até o nível 8.

O relato destes autores evidencia a existência de uma associação entre heterose e diversidade genética dos progenitores, e que deve existir um nível ótimo de diversidade genética para a maximização da heterose, pois esta diminui em cruzamentos muito divergentes. Apesar disso, CRESS (1966) concluiu que a presença de heterose indica que existe divergência genética entre os progenitores, mas a ausência de heterose não implica, necessariamente, na falta de divergência genética pois pode ocorrer dominância gênica não unidirecional.

Do ponto de vista biométrico, em termos de frequências gênicas e efeitos genotípicos, a heterose (h) em relação a média dos pais é expressa como: $h = \sum_i (p_i - r_i)^2 d_i$, onde p_i e r_i são frequências dos alelos favoráveis de um mesmo loco, em duas populações, respectivamente, e d_i são os valores genotípicos dos heterozigotos. Assim, para que a heterose possa se expressar é preciso que exista divergência genética (diferença de frequências gênicas) entre duas populações e algum nível de dominância nos locos que controlam um determinado caráter (FALCONER, 1960).

SOUZA JR. & MIRANDA FQ (1985) utilizaram o modelo genético de FALCONER (1960), no qual as médias, a heterose e suas alterações por seleção são definidas em termos de frequências gênicas e valores genotípicos. Desta forma obtiveram a seguinte expressão da alteração da heterose via seleção recorrente:

$$\Delta h \cong 2(r-p)d (\Delta p - \Delta r), \text{ para um loco, e}$$

$$\Delta h \cong 2 \sum_i (r_i - p_i) (\Delta p_i - \Delta r_i) d_i, \text{ para vários locos;}$$

onde:

Δh - é a alteração da heterose via seleção;

p_i e r_i - são as frequências dos alelos favoráveis nas populações 1 e 2, respectivamente;

d_i - são os valores genotípicos dos heterozigotos, e;

Δp_i e Δr_i - são as alterações em p e r , respectivamente, via seleção.

Assim, o progresso genético (G_s) no híbrido via seleção será:

$$G_{sh} = (1/2)(G_{s1} + G_{s2}) + \Delta h,$$

onde:

G_{s1} e G_{s2} - referem-se aos progressos nas populações 1 e 2, respectivamente; e

Δh - refere-se a alteração da heterose.

Considerando valores de 0 a 1 para a frequência dos alelos p e r nas populações em questão, SOUZA JR. & MIRAN-

DA F9 (1985) encontraram os valores teóricos esperados da alteração na heterose (Δh), para diversas situações. Considerando a seleção intrapopulacional e um modelo com dominância completa, verificou-se uma tendência de diminuição da heterose. Para o caso de sobredominância, a seleção intrapopulacional irá favorecer os heterozigotos e a frequência gênica tende para um equilíbrio com valor intermediário, permanecendo os dois locos na população, com frequência ao redor de 0,5. Se isto ocorrer para as duas populações, tem-se $p = r$ e $\Delta p = \Delta r$, e consequentemente $\Delta h = 0$. De qualquer maneira, verificou-se que Δh é negativo para a maioria dos casos supostos para a seleção intrapopulacional.

As alterações esperadas na heterose, via seleção interpopulacional, também foram consideradas por estes autores. Verifica-se neste caso que, tanto para o modelo com dominância completa quanto para o modelo com sobredominância, Δh é sempre positivo, exceto quando existe igualdade das frequências gênicas nas duas populações, fazendo com que Δh seja igual a 0.

MOLL et alii (1978), utilizando um modelo mais complexo e considerando apenas dominância completa, apresentam resultados semelhantes aos reportados por SOUZA JR. & MIRANDA F9 (1985).

GENTER & EBERHART (1974) inter cruzaram 6 variedades em ciclos originais e avançados de seleção intrapopulacional e verificaram que a heterose em relação a média dos

pais, diminuiu em apenas 50% dos cruzamentos. MOLL et alii (1978) avaliando oito ciclos de seleção entre progênies de irmãos germanos (S.P.I.G.), e seleção recorrente recíproca (S.R.R.M.I.), verificaram que na S.P.I.G. a heterose decresceu 12,1% e com a S.R.R.M.I. a heterose aumentou 11,3%, concordando com o esperado teoricamente. VENCovsky et alii (1970) avaliaram alguns ciclos de seleção massal em duas variedades e verificaram que a heterose, no cruzamento entre estas variedades, aumentou com o primeiro ciclo, mas diminuiu com o decorrer dos ciclos.

HALLAUER & MIRANDA Fº (1981) relacionam uma série de trabalhos de seleção interpopulacional, com suas respectivas alterações na heterose via seleção. Em alguns trabalhos de seleção recorrente recíproca a heterose diminuiu com a seleção (GEVERS, 1974; e HALLAUER, 1977), na maioria porém, a heterose aumentou, como era de se esperar (EBERHART et alii, 1973; GEVERS, 1974; PATERNIANI & VENCovsky, 1977; HALLAUER, 1984).

Os resultados experimentais não consistentes com o esperado teoricamente, em relação a alteração da heterose com seleção recorrente, como os de GEVERS (1974) e HALLAUER (1977), por seleção recorrente recíproca, podem ser devidos a interações de genótipos por ambientes ou a problemas experimentais na avaliação dos ciclos de seleção, segundo SOUZA JR. & MIRANDA Fº (1985).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material

Utilizaram-se de duas populações de milho do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo - CNPMS-EMBRAPA: BR-105 e BR-106. Estes materiais foram escolhidos por apresentarem capacidades gerais de combinação elevada (NASPOLINI et alii, 1981). O híbrido intervarietal resultante do cruzamento das duas populações é muito produtivo, possui heterose elevada tanto em relação a média dos pais quanto em relação ao pai superior e as populações *per se* são muito produtivas (GAMA et alii, 1984). Além disso BR-105 tem baixa depressão por endogamia (VIANA et alii, 1982).

a - BR-105 - Identificação: SUWAN DMR

Material obtido da Tailândia, o qual foi formado a partir de um composto denominado Thai Composite nº 1, que por sua vez foi obtido a partir de 36 germoplasmas. A

maior parte dos germoplasmas foi composta por diversas raças coletadas no Caribe, seis coleções do México, cinco compostos da Índia e cinco coleções da América do Sul. Os germoplasmas foram inter cruzados e, posteriormente, o material recombinado foi autofecundado. Avaliaram-se 1600 progênies S_1 na Tailândia, para formar um sintético. A seguir, cruzou-se o sintético com fontes de resistência ao "Downy Mildew". Fizeram-se novas autofecundações e as progênies S_1 superiores foram recombinadas dando origem à população Suwan DMR (CANTON, 1988 e PACKER et alii, 1989).

Este material foi introduzido no Brasil pela EMBRAPA através do CIMMYT, e foi submetido, já no Brasil, a diversos ciclos de seleção recorrente intrapopulacional.

Características: Apresenta resistência ao "Downy Mildew" e possui baixa depressão por endogamia. É de porte baixo e ciclo intermediário. Bastante tolerante às principais doenças foliares. Tem ampla adaptação em todo o Brasil. Possui grãos duros de coloração alaranjada (CANTON, 1988 e PACKER et alii, 1989).

b - BR-106 - Identificação: Composto planta baixa dentado

Foi obtido pelo inter cruzamento do composto formado pelas variedades tardias de porte alto: Centralmex, Compostos Dentados e Maya, com o BR-108 (Tuxpeño-1) de ciclo intermediário e porte baixo. Após duas gerações de recombina

ção, seguiram-se 3 ciclos de seleção para redução da altura da planta e da espiga. Foi ainda submetido a diversos ciclos de seleção recorrente intrapopulacional.

Características: Apresenta ciclo e porte intermediário. Tem ampla adaptação em todo Brasil. Possui grãos dentados de coloração amarela (PACKER et alii, 1989).

c - Testemunhas

Híbrido intervarietal BR-301 da EMBRAPA (CNPMS), e híbrido duplo comercial XL-670 da Braskalb Agropecuária Brasileira Ltda.

3.2. Métodos

3.2.1. Execução experimental

1ª fase:

Em maio de 1985 as duas populações BR-106 e BR-105, denominadas de 1 e 2, respectivamente, foram plantadas em lotes contíguos. Por ocasião do florescimento, nas plantas prolíficas selecionadas, as espigas inferiores foram autofecundadas, e as espigas superiores foram polinizadas com uma mistura de pólen da outra população. Assim, em cada planta, as espigas superiores forneceram as progênes de meios irmãos interpopulacionais, e as espigas inferiores progênes S_1 .

As progênes S_1 foram armazenadas em câmara de conservação, e no ano agrícola de 1985/86 as progênes de meios irmãos interpopulacionais foram avaliadas em 3 locais.

Foi praticada uma seleção de 20%, com base nas médias dos três locais, levando-se em conta a produção, altura da planta, da espiga e acamamento. No inverno de 1986 retirou-se, das progênes $S_{1's}$ correspondentes as progênes de meios irmãos selecionadas no ciclo anterior, uma amostra equitativa de sementes de cada progênie, as quais foram misturadas e plantadas em lotes isolados com cerca de 2.000 plantas em cada lote, respectivamente, com o mesmo espaçamento do ciclo anterior (1,0 x 0,4m). Por ocasião do florescimento nas plantas prolíficas selecionadas, as espigas inferiores foram polinizadas ao acaso por pólen da mesma população e as espigas superiores foram polinizadas com uma mistura de pólen da outra população. Assim, em cada planta, as espigas inferiores forneceram progênes de meios irmãos intrapopulacionais, e as espigas superiores, progênes de meios irmãos interpopulacionais.

2ª fase: Material do estudo

Após a colheita, selecionaram-se as plantas com sementes suficientes para avaliação e recombinação. Assim, obtiveram-se 169 pares de progênes de meios irmãos intra e interpopulacionais da população 1, ou seja, quando a população BR-106 é utilizada como fêmea nos cruzamentos interpopula

cionais, e 121 pares de progênies da população 2, ou seja, quando a população BR-105 é utilizada como fêmea nos cruzamentos interpopulacionais. As progênies de meios irmãos intra-populacionais foram armazenadas em câmara fria e seca, e no ano agrícola de 1986/87 as progênies de meios irmãos interpopulacionais foram avaliadas em 3 e 2 locais, para a população 2 e população 1, respectivamente. A população 1 foi avaliada em Goiânia-GO e Sete Lagoas-MG e a população 2 foi avaliada em Goiânia-GO, Sete Lagoas-MG e Londrina-PR. Para a população 1 foi utilizado um látice 13 x 13 com duas repetições por local e para a população 2 um látice 11 x 11 com duas repetições por local. As testemunhas e as populações originais, BR-105 e BR-106 foram intercaladas no início e fim de cada bloco, alternadamente. As parcelas constituíram-se de 5m², com espaçamento de 1,00 e 0,20m entre e dentro de linhas, respectivamente, perfazendo um total de 25 plantas por parcela após o desbaste (50.000 plantas por hectare).

Foram tomados dados de peso de espigas despalhadas em g/planta, altura da planta e altura da espiga em cm/planta e índice de espigas ou prolificidade, ou seja, número médio de espigas por planta, e que foram obtidos dividindo-se o número de espigas pelo número de plantas de cada parcela. Foram feitas correções para umidade considerando um valor médio de 15,5%, e não foram feitas correções para stand para cada população, em virtude de ter ocorrido baixas variações em torno do ideal de 25 plantas por parcela.

3.2.2. Análise estatístico genética

A - Análise de variância

Realizaram-se análises de variâncias para cada experimento por local, ~~para a combinação de locais~~, e após, as análises conjuntas por experimento, para as variáveis peso de espigas despalhadas (g/planta), altura da planta (cm/planta), altura da espiga (cm/planta), ^{comprimento, diâmetro, número de perfilhe etc} ~~e índice de espigas (espigas/planta)~~, para cada tipo de progênie interpoblacional.

As análises de variâncias para cada local foram realizadas segundo o delineamento em lattice, ~~ou em blocos casualizados~~, dependendo da eficiência do lattice, onde todos os efeitos, com exceção da média geral, foram considerados aleatórios. A obtenção e interpretação dos componentes genéticos das esperanças dos quadrados médios foram feitas segundo a metodologia relatada por VENCovsky (1969), empregando-se o seguinte modelo matemático:

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

onde:

x_{ij} - é a observação da progênie i na repetição j ;

μ - é a média geral, fixa, portanto $\epsilon(\mu) = \mu$ e $\delta(\mu^2) = \mu^2$;

p_i - é o efeito da progênie i ($i=1,2,\dots,I$), aleatório, portanto $\epsilon(p_i) = 0$ e $\delta(p_i^2) = \sigma_p^2$;

- r_j - é o efeito da repetição j ($j=1,2,\dots,J$), aleatório, portanto $\varepsilon(r_j)=0$ e $\varepsilon(r_j^2)=\sigma_r^2$;
- e_{ij} - é o erro experimental associado a progênie i na repetição j , $e_{ij} \cap N(0,\sigma^2)$, isto é: $\varepsilon(e_{ij})=0$ e $\varepsilon(e_{ij}^2)=\sigma^2$;

onde:

σ_p^2 : variância genética entre progênies;

σ_r^2 : variância entre repetições;

σ^2 : variância do erro entre parcelas.

As análises foram realizadas com médias de parcelas, em gramas por planta (g/planta) para peso de espigas, em centímetros por planta (cm/planta) para altura da planta e altura da espiga e em espigas por planta (esp/planta) para índice de espigas, em lâtilice, ~~(ou em blocos ao acaso,)~~ obtendo-se assim as somas de quadrados e quadrados médios para repetições, progênies ajustadas, e erro efetivo no caso dos lâtilices, ~~e soma de quadrados e quadrados médios para blocos, progênies e resíduo, no caso de blocos ao acaso.~~ Utilizaram-se apenas as médias das parcelas para as análises estatísticas, e por isto não foram estimados os quadrados médios dentro de progênies.

O quadro da análise de variância com as respectivas esperanças dos quadrados médios para cada fonte de variação, para cada local encontra-se na Tabela 4.

Tabela 4. Quadro da análise de variância com as respectivas esperanças dos quadrados médios para cada fonte de variação, para cada local, ao nível de médias.

Fonte de variação	Q.M.	E(Q.M.)*
Repetições	-	-
Progênies	Q ₁	$\sigma^2 + r \sigma_p^2$
Resíduos	Q ₂	σ^2

* r é o número de repetições.

Destas análises estimam-se:

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

$$\hat{\sigma}^2 = Q_2.$$

As análises de variância conjunta envolvendo ^{dois}locais ~~dois a dois ou os três locais~~, para cada experimento, para os ^{quatro}caracteres analisados, foram realizadas de acordo com o seguinte modelo matemático (VENCovsky, 1987):

$$Y_{ijq} = \mu + p_i + r_{j(q)} + l_q + (pl)_{iq} + e_{(ijq)}$$

onde:

Y_{ijq} - é a observação da progênie i na repetição j do local q;

- μ - é a média geral fixa, portanto $\varepsilon(\mu) = \mu$ e $\varepsilon(\mu^2) = \mu^2$;
 p_i - é o efeito da progênie i ($i=1,2,\dots,I$) aleatório, portanto $\varepsilon(p_i) = 0$ e $\varepsilon(p_i^2) = \sigma_p^2$;
 $r_{j(q)}$ - é o efeito da repetição j ($j=1,2,\dots,J$) dentro do local q , aleatório, portanto $\varepsilon(r_j) = 0$ e $\varepsilon(r_j^2) = \sigma_r^2$;
 l_q - é o efeito do local q ($q=1,2,\dots,Q$) aleatório, portanto $\varepsilon(l_q) = 0$ e $\varepsilon(l_q^2) = \sigma_l^2$;
 $(p\ell)_{iq}$ - é o efeito da interação da progênie i com o local q , portanto $\varepsilon[(p\ell)_{iq}] = 0$ e $\varepsilon[(p\ell)_{iq}^2] = \sigma_{p\ell}^2$;
 $e_{(ijq)}$ - é o erro experimental médio, $e_{(ijq)} \sim N(0, \sigma^2)$,
 $\varepsilon[e_{(ijq)}] = 0$ e $\varepsilon[e_{(ijq)}^2] = \sigma^2$;

onde:

- σ_p^2 : variância genética entre progênies;
 σ_r^2 : variância entre repetições;
 σ_l^2 : variância entre locais;
 $\sigma_{p\ell}^2$: variância da interação progênies x locais;
 σ^2 : variância do erro médio.

O quadro da análise de variância conjunta, envolvendo locais dois a dois ou os três locais, das progênies de meios irmãos interpopulacionais, encontra-se na Tabela 5.

Tabela 5. Quadro da análise conjunta de variância.

Fontes de variação	Q.M.	E(Q.M.)*
Locais (L)	-	-
Progênies (P)	Q_1	$\sigma^2 + r\sigma_{p\ell}^2 + r\ell\sigma_p^2$
L x P	Q_2	$\sigma^2 + r\sigma_{p\ell}^2$
Erro Médio	Q_3	σ^2

* r = número de repetições; ℓ = número de locais.

Destas análises estimam-se:

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

$$\hat{\sigma}_{p\ell}^2 = (Q_2 - Q_3)/r$$

$$\hat{\sigma}^2 = Q_3$$

Estas análises foram realizadas para os dois tipos de progênies: Progênies de meios irmãos interpopulacionais 12 e 21, sendo que os índices 12 e 21 referem-se ao cruzamento das populações, onde o primeiro algarismo indica a população utilizada como fêmea e o segundo a população utilizada como macho. Assim:

P.M.I.₁₂ = BR-106 (fêmea) x BR-105 (macho), e

P.M.I.₂₁ = BR-105 (fêmea) x BR-106 (macho).

A partir destas análises obtiveram-se: Variâncias genéticas interpopulacionais entre progênes ($\hat{\sigma}_{p_{12}}$ e $\hat{\sigma}_{p_{21}}$):

$$\hat{\sigma}_p^2 = (QMp - QMp_0)/r\ell,$$

Variância da interação progênes x locais ($\hat{\sigma}_{p\ell_{12}}^2$ e $\hat{\sigma}_{p\ell_{21}}^2$):

$$\hat{\sigma}_{p\ell}^2 = (QMpl - QMe)/r,$$

Variâncias fenotípicas entre médias de progênes ($\hat{\sigma}_{\bar{F}_{12}}^2$ e $\hat{\sigma}_{\bar{F}_{21}}^2$):

$$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2 = QMp/r\ell = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_{p\ell}^2/\ell + \hat{\sigma}^2/r\ell$$

onde:

QMp e QMpl são os quadrados médios de progênes e da interação com locais;

QMe é o quadrado médio do erro;

$\underline{r}$ e $\underline{\ell}$ referem-se ao número de repetições e locais, respectivamente.

B - Estimativas de parâmetros genéticos e
fenotípicos:

O conteúdo genético das variâncias genéticas en
tre as progênies é a seguir apresentado, (SOUZA JR., 1988):

$$\sigma^2_{P_{12}} = (1 + F/4) \sigma^2_{A_{12}} \text{ e}$$

$$\sigma^2_{P_{21}} = (1 + F/4) \sigma^2_{A_{21}},$$

onde:

F é o coeficiente de endogamia das plantas de
onde foram obtidas as progênies.

Então, $F = 1/2$ (plantas $S_{1,s}$), portanto:

$$\sigma^2_{P_{12}} = (3/8) \sigma^2_{A_{12}},$$

$$\sigma^2_{P_{12}} = (3/8) \sigma^2_{A_{21}}.$$

Desta maneira estimam-se: Variâncias genéti-
cas aditivas interpopulacionais que surgem quando as popula-
ções 1 e 2 são utilizadas como fêmeas nos cruzamentos, res-
pectivamente;

$$\hat{\sigma}^2_{A_{12}} = (8/3) \hat{\sigma}^2_{P_{12}}$$

$$\hat{\sigma}^2_{A_{21}} = (8/3) \hat{\sigma}^2_{P_{21}}$$

Variância genética aditiva interpoblacional;

$$\hat{\sigma}^2_{A(12)} = (1/2)(\hat{\sigma}^2_{A_{12}} + \hat{\sigma}^2_{A_{21}})$$

De maneira análoga, as estimativas das variâncias das interações efeitos aditivos x locais são;

$$\hat{\sigma}^2_{A\ell_{12}} = (8/3)\hat{\sigma}^2_{p\ell_{12}}$$

$$\hat{\sigma}^2_{A\ell_{21}} = (8/3)\hat{\sigma}^2_{p\ell_{21}}$$

$$\hat{\sigma}^2_{A\ell(12)} = (1/2)(\hat{\sigma}^2_{A\ell_{12}} + \hat{\sigma}^2_{A\ell_{21}})$$

As herdabilidades ao nível de médias de progênies de meios irmãos interpoblacionais 12 e 21;

$$h^2(\bar{x}_{12}) = (\hat{\sigma}^2_{p_{12}} / \hat{\sigma}^2_{\bar{F}_{12}}) 100$$

$$h^2(\bar{x}_{21}) = (\hat{\sigma}^2_{p_{21}} / \hat{\sigma}^2_{\bar{F}_{21}}) 100$$

As variâncias fenotípicas entre médias de progênies de meios irmãos interpoblacionais 12 e 21;

$$\hat{\sigma}^2_{\bar{F}_{12}} = \hat{\sigma}^2_{p_{12}} + \hat{\sigma}^2_{p\ell_{12}}/\ell + \hat{\sigma}^2_{12}/r\ell = QMp_{12}/r\ell$$

$$\hat{\sigma}^2_{\bar{F}_{21}} = \hat{\sigma}^2_{p_{21}} + \hat{\sigma}^2_{p\ell_{21}}/\ell + \hat{\sigma}^2_{21}/r\ell = QMp_{21}/r\ell$$

C - Progressos genéticos diretos e indiretos, esperados com a seleção:

O progresso esperado com seleção no híbrido interpopulacional ($G_{s(12)}$) é devido à seleção de progênies da população 1 (G_{s12}) e de progênies da população 2, (G_{s21}), (SOUZA JR., 1987). Assim,

$$G_{s12} = K_1(3/16)(\sigma^2_{A_{12}}/\sigma^2_{F_{12}}), \text{ e}$$

$$G_{s21} = K_2(3/16)(\sigma^2_{A_{21}}/\sigma^2_{F_{21}}) \text{ portanto,}$$

$$G_{s(12)} = G_{s12} + G_{s21}$$

onde:

$G_{s(12)}$ - é o progresso esperado no híbrido interpopulacional;

$\sigma^2_{F_{12}}$ e $\sigma^2_{F_{21}}$ - são os desvios padrões entre as médias das progênies interpopulacionais 12 e 21.

Os progressos esperados baseados na seleção entre médias de progênies de meios irmãos, para cada caráter, foram estimados com as expressões apresentadas por SOUZA JR. & VENCovsky (1989), considerando que ambientes são aleatórios, sendo as seguintes situações consideradas:

- **Progressos diretos** - Os progressos com seleção são ditos diretos quando se faz seleção em um local ou em um conjunto de locais e estima-se o progresso esperado com a seleção no mesmo local ou locais em que foram feitas as avaliações e seleções. Assim, tem-se:

. Seleção em um ou mais ambientes e progresso no mesmo ambiente, ou na média dos ambientes ($G_{s(i/i)}$, $G_{s(j/j)}$, $G_{s(ij/ij)}$, ...).

$$G_{s(i/i)} = K \left(\frac{3}{16} \right) \sigma_{A_i}^2 / \sigma_{\bar{F}_i}^2 ,$$

onde:

- K - diferencial de seleção estandarizado. Igual a 1,755, o que corresponde a intensidade de seleção de 10%;
- $\sigma_{\bar{F}_i}^2$ - estimativa do desvio padrão fenotípico entre médias de progênies no ambiente i;
- $\sigma_{A_i}^2$ - estimativa da variância genética aditiva entre progênies no ambiente i.

- **Progressos indiretos** - Os progressos com a seleção são ditos indiretos quando se faz a seleção em um local ou em um conjunto de locais e estima-se o progresso esperado com a seleção em outro local ou locais, que não sejam aqueles onde foram feitas as avaliações e seleções. Assim, tem-se:

. Seleção em um ambiente e progresso em outro
($G_{s(i/j)}$).

$$G_{s(i/j)} = K\left(\frac{3}{16}\right) \text{Cov.}_{A_{ij}} / \hat{\sigma}_{\bar{F}_j},$$

. Seleção em um ambiente e progresso na média dos ambientes, ($G_{s(ij/i)}$).

$$G_{s(ij/i)} = K\left(\frac{3}{16}\right) (\text{Cov.}_{A_{ij}} + \hat{\sigma}_{A_i}^2) / 2 \cdot \hat{\sigma}_{\bar{F}_i},$$

. Seleção baseada na média dos ambientes e progressos em ambientes individuais, ($G_{s(j/ij)}$).

$$G_{s(j/ij)} = K\left(\frac{3}{16}\right) (\text{Cov.}_{A_{ij}} + \hat{\sigma}_{A_j}^2) / 2 \cdot \hat{\sigma}_{A_{ij}},$$

onde:

$\hat{\sigma}_{\bar{F}_j}$ - estimativa do desvio padrão fenotípico entre médias de progênies no ambiente j;

$\text{Cov.}_{A_{ij}}$ - estimativa da covariância aditiva entre médias de progênies nos ambientes i e j, a qual é igual a variância de progênies obtidas da análise conjunta dos locais i e j ou seja $\hat{\sigma}_{A_{ij}}^2$;

$\hat{\sigma}_{A_i}^2$ - estimativa da variância genética aditiva entre progênies no ambiente i;

$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{ij}}$ - estimativa do desvio padrão fenotípico entre médias de progênies nos ambientes i e j, a qual é obtida a partir da análise de variância conjunta dos locais i e j.

D - Previsão dos melhores híbridos de linhagens:

Para se estimar os valores esperados dos híbridos simples e duplos mais produtivos oriundos de cruzamentos entre linhagens das duas populações, utilizou-se das relações apresentadas por SOUZA JR. (1983), quais sejam:

$$\sigma_{HD}/(1/2)(\sigma_{\bar{F}_{12}} + \sigma_{\bar{F}_{21}}) = 1,18 \text{ e}$$

$$\sigma_{HS}/(1/2)(\sigma_{\bar{F}_{12}} + \sigma_{\bar{F}_{21}}) = 1,43,$$

considerando um nível de herdabilidade de 10%, que corresponde ao caráter produção de grãos ou peso de espigas em milho. Assim, estimam-se os desvios padrões fenotípicos de híbridos simples e duplos:

$$\hat{\sigma}_{HD} = (1,18)[(\hat{\sigma}_{\bar{F}_{12}} + \hat{\sigma}_{\bar{F}_{21}})/2], \text{ e}$$

$$\hat{\sigma}_{HS} = (1,43)[(\hat{\sigma}_{\bar{F}_{12}} + \hat{\sigma}_{\bar{F}_{21}})/2]$$

onde:

$\hat{\sigma}_{HD}$ e $\hat{\sigma}_{HS}$ correspondem aos desvios padrões fenotípicos entre médias de híbridos duplos e simples, respectivamente;

$\hat{\sigma}_{\bar{F}_{12}}$ e $\hat{\sigma}_{\bar{F}_{21}}$ correspondem aos desvios padrões fenotípicos entre médias de progênie de meios irmãos, obtidos das populações 1 e 2, respectivamente.

Utilizou-se, também, das propriedades da distribuição normal e uma amostra de 500 híbridos, conforme procedimento relatado por STELL & TORRIE (1960), que consta da Tabela 6.

Tabela 6. Valores do quociente Amplitude/desvio padrão, para amostras de 20 a 1000.

Tamanho da amostra	Amplitude/ σ_F	Tamanho da amostra	Amplitude/ σ_F
20	3,7	200	5,5
30	4,1	300	5,8
50	4,5	400	5,9
70	4,8	500	6,1
100	5,0	700	6,3
150	5,3	1000	6,5

σ_F : desvio padrão fenotípico.

De posse das estimativas de $\hat{\sigma}_{HD}$ e $\hat{\sigma}_{HS}$, considerando que a média geral ($\hat{m}$) do híbrido interpopulacional representa a média de todos os tipos de híbridos oriundos destas populações, e considerando uma amostra de 500 híbridos (Tabela 6), estimaram-se os valores superiores e inferiores para cada tipo de híbrido e para cada local e combinações de locais. Por exemplo, para $n=500$ tem-se $A/\sigma_F=6,1$ e $A=(6,1)(\sigma_F)$. Então, $A/2 \pm \hat{m}$ (média geral) corresponde ao valor superior e inferior do híbrido considerado.

Foram construídas também as distribuições teóricas destes tipos de híbridos para cada local e conjunto de locais, com as propriedades da distribuição normal.

E - Precisão das estimativas obtidas:

A precisão das estimativas foram obtidas a partir das seguintes expressões (BARBIN & GOMES, 1971; VELLO & VENCovsky, 1974; BARBIN, 1975).

Para as análises individuais tem-se:

$$s(\hat{\sigma}_p^2) = \left[\frac{2}{r^2} \left(\frac{Q_1^2}{gl_1+2} + \frac{Q_2^2}{gl_2+2} \right) \right]^{1/2};$$

$$s(\hat{\sigma}_A^2) = \left(\frac{8}{3} \right) \left[\frac{2}{r^2} \left(\frac{Q_2^2}{gl_1+2} + \frac{Q_2^2}{gl_2+2} \right) \right]^{1/2} = (8/3)s(\hat{\sigma}_p);$$

$$s(\hat{h}_x^2) = \left(\frac{2}{gl_1+2} + \frac{2}{gl_2+2} \right)^{1/2} (1 - \hat{h}_x^2);$$

onde:

Q_1 e Q_2 referem-se aos quadrados médios de progênies e quadrado médio do erro, respectivamente;

gl_1 e gl_2 referem-se aos graus de liberdade de progênies e graus de liberdade do erro, respectivamente;

r é o número de repetições.

Para as análises conjuntas tem-se:

$$s(\hat{\sigma}_p^2) = \left[\frac{2}{r^2 \ell^2} \cdot \left(\frac{Q_1^2}{g\ell_1 + 2} + \frac{Q_2^2}{g\ell_2 + 2} \right) \right]^{1/2};$$

$$s(\hat{\sigma}_A^2) = \left[\left(\frac{8}{3} \right) \frac{2}{r^2 \ell^2} \cdot \left(\frac{Q_1^2}{g\ell_1 + 2} + \frac{Q_2^2}{g\ell_2 + 2} \right) \right]^{1/2} = \left(\frac{8}{3} \right) s(\hat{\sigma}_p^2);$$

$$s(\hat{\sigma}^2) = \left(\frac{2Q_3^2}{g\ell_3 + 2} \right)^{1/2}$$

$$s(\hat{\sigma}_{p\ell}^2) = \left[\frac{2}{r^2 \ell^2} \left(\frac{Q_2^2}{g\ell_2 + 2} + \frac{Q_3^2}{g\ell_3 + 2} \right) \right]^{1/2};$$

$$s(\hat{\sigma}_{A\ell}^2) = \left[\left(\frac{8}{3} \right) \frac{2}{r^2 \ell^2} \left(\frac{Q_2^2}{g\ell_2 + 2} + \frac{Q_3^2}{g\ell_3 + 2} \right) \right]^{1/2} = \left(\frac{8}{3} \right) s(\hat{\sigma}_{p\ell}^2);$$

$$s(\hat{h}_{\bar{x}}^2) = \left(\frac{2}{g\ell_1 + 2} + \frac{2}{g\ell_1 + 2} \right)^{1/2} \cdot (1 - \hat{h}_{\bar{x}}^2).$$

onde:

Q_1 , Q_2 e Q_3 referem-se aos quadrados médios de progênes, da interação progênes x locais, e do erro médio, respectivamente;

$g\ell_1$, $g\ell_2$ e $g\ell_3$ referem-se aos graus de liberdade de progênes, da interação progênes x locais, e do erro médio, respectivamente;

r é o número de repetições;

l é o número de locais.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Avaliação das populações e do híbrido interpopulacional

a - Peso de espigas despalhadas

Os valores das médias obtidos para cada local e para o conjunto de locais, para peso de espigas despalhadas (g/planta), das populações BR-105, BR-106, do híbrido interpopulacional BR-105 x BR-106 e dos híbridos utilizados como testemunhas (XL-670 e BR-301), assim como os valores da heterose em relação a média dos pais (hmp) e em relação ao pai superior (hps), encontram-se na Tabela 7.

Nas Figuras 1 a 3 encontram-se as distribuições das frequências do caráter peso de espigas para o cruzamento entre as populações BR-105 e BR-106, quando BR-106 é utilizado como fêmea (população 1) e quando BR-105 é utilizado como fêmea (população 2), para todos os locais avaliados, e para as médias dos locais.

Os valores das médias gerais obtidos para peso de espigas despalhadas (g/planta) das populações BR-105, BR-106, do híbrido interpopulacional BR-105 x BR-106 e da média dos híbridos utilizados como testemunhas, correspondem a 7,09; 8,87; 9,86 e 8,41 toneladas por hectare, respectivamente, considerando um stand médio de 50.000 plantas por hectare. Estes valores, das populações BR-105, BR-106 e do híbrido interpopulacional, são 15,70% inferiores, e 5,24 e 17,24% superiores respectivamente, a média de produtividade dos híbridos utilizados como testemunhas (XL-670 e BR-301).

A heterose, considerando-se a média dos locais, para peso de espigas despalhadas, em relação à média dos pais foi de hmp = 23,55%, correspondendo a 1,88 t/ha; e em relação ao pai superior hps = 11,19%, correspondendo a 0,99 t/ha. Verifica-se que o híbrido interpopulacional superou as testemunhas devido a heterose que se manifestou no cruzamento. Em relação à média dos pais, em porcentagem, a heterose observada é de magnitude semelhante àquelas relatadas por ROBINSON et alii (1958), EBERHART (1971) e HALLAUER (1972), e em relação ao pai superior, a heterose observada é muito superior às obtidas por SOUZA JR. (1983) e SOUZA JR. & ZINSLY (1985).

MOLL et alii (1962, 1965) verificaram a existência de estreita relação entre a magnitude da heterose e a divergência genética das populações parentais. CRESS (1966) concluiu que a ausência de heterose não significa que não existe divergência genética, mas sua presença evidencia a presen-

ça de divergência genética. Desta maneira, as populações BR-105 e BR-106 devem ser muito divergentes geneticamente, haja vista a elevada magnitude da heterose observada. Além disso tem que se considerar que são incomuns cruzamentos entre populações muito produtivas apresentarem níveis de heterose muito elevados (HALLAUER & MIRANDA Fº, 1981).

A heterose em relação à média dos pais é expressa por $hmp = \sum_i (p_i - r_i)^2 d_i$, onde p_i e r_i referem-se às frequências dos alelos favoráveis na população superior e inferior respectivamente, e d_i 's são os valores genotípicos dos heterozigotos (HALLAUER & MIRANDA Fº, 1981). Desta maneira pode-se concluir que para que se manifeste heterose em relação à média dos pais é necessário algum nível de dominância. Portanto, o caráter peso de espigas deve possuir grau médio de dominância elevado, em função dos resultados obtidos.

A diversidade genética é uma das condições para a escolha das populações para programas de seleção recorrente recíproca, uma vez que neste esquema, além do melhoramento das populações *per se*, espera-se um aumento na heterose com os ciclos de seleção (MIRANDA Fº & PATERNIANI, 1983; SOUZA JR., 1983).

Outro aspecto a considerar é que a heterose só pode ser utilizada para fins comerciais se for positiva em relação a população parental superior, isto é, quando a produtividade do híbrido ultrapassa a população parental mais produtiva. Em relação ao pai superior, a heterose é expressa

por $hps = \sum_i (r_i - p_i) \cdot \alpha_i$, onde r_i e p_i referem-se às frequências dos alelos favoráveis na população inferior e superior, respectivamente, e α_i são os efeitos de uma substituição gênica na população superior. Portanto, para hps ser positiva é necessário que os alelos favoráveis, cujas frequências são baixas na população superior, tenham elevadas frequências na população inferior. Consequentemente, a população inferior complementa a superior, e o híbrido oriundo deste cruzamento acumulará mais alelos favoráveis que a população superior (SOUZA JR., 1983).

A heterose em relação a população parental superior (BR-106) é de magnitude muito elevada: $hps = 0,99$ t/ha (11,19%) e portanto a população inferior (BR-105) complementa satisfatoriamente a população BR-106 acarretando a elevada produtividade do híbrido BR-105 x BR-106.

b - Altura da planta

Os valores das médias obtidos para cada local e para o conjunto de locais, para o caráter altura da planta (cm/planta) das populações BR-105, BR-106, do híbrido interpopulacional BR-105 x BR-106 e dos híbridos utilizados como testemunhas (XL-670 e BR-301), assim como os valores da heterose em relação a média dos pais (hmp) e em relação ao pai superior (hps), encontram-se na Tabela 8.

Nas Figuras 4 a 6 encontram-se as distribuições

de frequências do caráter altura da planta para o cruzamento entre as populações BR-105 e BR-106, quando BR-106 (população 1) e BR-105 (população 2), são utilizados como fêmea, respectivamente, para todos os locais avaliados e para a média dos locais.

Os valores das médias gerais obtidos para o caráter altura da planta (cm/planta) das populações BR-105, BR-106, do híbrido interpopulacional BR-105 x BR-106 e da média dos híbridos utilizados como testemunhas, correspondem a 203,50; 215,83; 211,28 e 210,09 cm/planta, respectivamente. Estes valores, das populações BR-105, BR-106 e do híbrido interpopulacional, são 3,14% inferiores e 2,73 a 0,57% superiores, respectivamente a média dos híbridos utilizados como testemunhas (XL-670 e BR-301).

A heterose em relação à média dos pais para o caráter altura da planta foi de $hmp = 0,77\%$, e corresponde a 1,62cm, e em relação a população parental superior (BR - 106) obteve-se $hps = -2,11\%$, o que corresponde a -4,55 (cm/planta). Verifica-se que o porte do híbrido interpopulacional se manteve praticamente igual às testemunhas, devido a heterose negativa em relação a população parental superior manifestada no cruzamento para este caráter.

A heterose em relação a população parental superior é de magnitude razoável porém negativa, $hps = -4,55$ cm (-2,11%), o que para o caráter em questão se mostra vantajoso, uma vez que um dos problemas frequentes em programas de melho

ramento de milho é conseguir manter o porte das plantas em níveis adequados, uma vez que existe uma forte correlação entre altura de planta e produtividade (HALLAUER et alii, 1988).

c - Altura da espiga

Os valores das médias obtidos para cada local e para o conjunto de locais para o caráter altura da espiga (cm/planta) das populações BR-105, BR-106, do híbrido interpopulacional BR-105 x BR-106 e dos híbridos utilizados como testemunhas (XL-670 e BR-301), assim como os valores de heterose em relação a média dos pais (hmp) e em relação ao pai superior (hps), encontram-se na Tabela 9.

Nas Figuras 7 a 9 encontram-se as distribuições das frequências do caráter altura da espiga para o cruzamento entre as populações BR-105 e BR-106, quando BR-106 é utilizado como fêmea (população 1) e quando BR-105 é utilizado como fêmea (população 2), para todos os locais avaliados e para a média de locais.

Os valores das médias gerais obtidos para o caráter altura da espiga (cm/planta) das populações BR-105, BR-106, do híbrido interpopulacional BR-105 x BR-106 e da média dos híbridos utilizados como testemunhas, correspondem a 106,67; 117,63; 113,45 e 113,00 cm/planta, respectivamente. Estes valores, das populações BR-105, BR-106 e do híbrido interpopulacional, são 5,60% menor, e 4,10 e 0,40% maiores, res

pectivamente, do que a média dos híbridos utilizados como testemunhas.

A heterose em relação ao pai superior sendo negativa, $hps = -4,18$ cm/planta ou seja $-3,55\%$, indica que o híbrido interpopulacional tem altura da espiga mais baixa que a população superior (BR-106). Isto representa uma vantagem do ponto de vista agrônomo, pois quanto mais baixa for a posição relativa da espiga na planta, menores deverão ser os problemas de acamamento. Assim, a posição relativa da espiga sendo alta, desloca-se o centro de gravidade da planta, ocasionando sobrecarga ao seu colmo, tornando-a vulnerável a ventos mais fortes ou a colheita mecânica. Verifica-se o mesmo padrão de comportamento observado para o caráter altura da planta, onde o híbrido interpopulacional se manteve praticamente igual às testemunhas, devido a baixa heterose manifestada no cruzamento para aquele caráter.

O comportamento semelhante do caráter altura da espiga em relação ao caráter altura da planta já era esperado, uma vez que os níveis de dominância deste caráter também são baixos (SOUZA JR., 1983), além destes caracteres serem correlacionados geneticamente (VENCOVSKY, 1987).

d - Índice de espigas

Os valores das médias obtidos para cada local e para o conjunto de locais para o caráter índice de espigas

(espigas/planta) das populações BR-105, BR-106, do híbrido interpopulacional BR-105 x BR-106 e dos híbridos utilizados como testemunhas (XL-670 e BR-301), assim como os valores da heterose em relação à média dos pais (hmp) e em relação ao pai superior (hps), encontram-se na Tabela 10.

Nas Figuras 10 a 12 encontram-se as distribuições das frequências do caráter índice de espigas para o cruzamento entre as populações BR-105 e BR-106, quando BR-106 é utilizado como fêmea (população 1) e quando BR-105 é utilizado como fêmea (população 2), para todos os locais avaliados e para a média dos locais. Nota-se que as distribuições de frequências para o caráter índice de espigas se mostraram mais distantes em relação a distribuição normal do que as distribuições dos demais caracteres.

Os valores das médias gerais obtidos para o caráter índice de espigas (espigas/planta) das populações BR-105, BR-106, do híbrido interpopulacional BR-105 x BR-106 e dos híbridos utilizados como testemunhas, correspondem a 1,13; 1,07; 1,24 e 1,13 espigas/planta, respectivamente. Estes valores das populações BR-105, BR-106 e do híbrido interpopulacional, são iguais, 5,31% menores e 9,73% maiores, respectivamente, do que a média dos híbridos utilizados como testemunha.

A heterose para índice de espigas em relação a média dos pais hmp = 12,73% corresponde a 0,14 espigas/planta; em relação ao pai superior (BR-105) hps = 9,73% corresponde a 0,11 espigas/planta. Verifica-se que o híbrido interpopula

cional superou às testemunhas devido a heterose que se manifestou no cruzamento.

A heterose em relação a população parental superior (BR-105) é de magnitude elevada e, portanto, a população inferior (BR-106) complementa a população BR-105 acarretando uma maior prolificidade do híbrido BR-105 x BR-106.

Este comportamento já era esperado uma vez que as progênies avaliadas foram obtidas em plantas prolíficas, o que significa que é praticada seleção massal para este caráter, e portanto a metodologia empregada deve acarretar um aumento gradual na prolificidade. Assim, além do progresso oriundo da seleção entre progênies, ter-se-á o progresso na produtividade via aumento da prolificidade (ROBINSON et alii, 1951; GOODMAN, 1965; STUBER et alii, 1966; LONNQUIST et alii, 1966; SOUZA JR. et alii, 1985).

4.2. Análises de variâncias

Os valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variâncias para cada local, e para o conjunto de locais, para os quatro caracteres nas populações 1 e 2, juntamente com os respectivos coeficientes de variação, encontram-se nas Tabelas 11 a 16.

Nas análises individuais por local (Tabelas 11 a 14) os quadrados médios foram significativos (teste F)

para a variação entre progênies para os quatro caracteres, com exceção do caráter altura da espiga em Sete Lagoas. Isto se deveu, possivelmente, a uma precisão experimental mais baixa, detectada por um coeficiente de variação relativamente alto, para aquele local.

Nas análises de variâncias da combinação de locais 2 a 2 para a população 2 (Tabela 15), os valores e significâncias dos quadrados médios obtidos foram significativos (teste F), mostrando variação genética entre as progênies dos quatro caracteres. No caso da interação progênies x locais, só foi detectada significância no caráter peso de espigas para as combinações $L_1 \times L_2$ e $L_2 \times L_3$, e no caráter índice de espigas para a combinação $L_1 \times L_2$.

A significância da interação progênies x locais, para o caráter peso de espigas, ainda que só para as combinações $L_1 \times L_2$ e $L_2 \times L_3$, indica que as performances das progênies nos três locais não devem ser consistentes. Isto já era esperado, uma vez que os locais escolhidos são muito distantes e diferem quanto ao regime de chuvas, altitudes e etc.

Os resultados obtidos nas análises conjuntas de variâncias (Tabela 16), estão de acordo com os resultados obtidos das análises individuais para as duas populações e com os resultados das análises de variâncias da combinação de locais para a população 2. Tais resultados mostram a existência de variação genética entre as progênies, para os qua-

tro caracteres analisados, e uma significância para a interação progênies x locais apenas para o caráter peso de espigas despalhadas.

Com relação aos caracteres altura da planta, altura da espiga e índice de espigas, a não significância para a interação encontrada, exceto para o caráter índice de espigas para a combinação $L_1 \times L_2$, deve-se ao fato destes caracteres serem de alta herdabilidade (SOUZA JR., 1983), sendo portanto menos influenciados por diferenças ambientais quando comparados com o caráter peso de espigas.

As interações genótipos x ambientes são muito importantes do ponto de vista do melhoramento. A necessidade de cultivares específicas em diferentes áreas geográficas requer um perfeito entendimento das interações genótipos x ambientes. Este entendimento pode determinar a divisão geográfica dos genótipos de cada região, (FEHR, 1987).

Os coeficientes de variação experimental ficaram em torno de 14,5; 5,5; 8,5 e 12,5% para os caracteres peso de espigas, altura da planta, altura da espiga e para índice de espigas, respectivamente, podendo ser considerados dentro dos limites aceitáveis na experimentação agrônoma.

4.3. Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres peso de espigas, altu-

ra da planta e da espiga e Índice de espigas estão nas Tabelas 17 a 22.

As estimativas dos parâmetros para cada local encontram-se nas Tabelas 17 e 18.

As estimativas das variâncias genéticas aditivas da população 1 (σ^2_{A12}), obtidas das análises individuais (Tabela 17) foram de: 719,29 e 650,55 (g/planta)², 150,73 e 117,04 (cm/planta)²; 135,83 e 78,89 (cm/planta)²; e 3,21.(10⁻²) e 2,22.(10⁻²)(esp./planta)² para os locais Goiânia e Sete Lagoas, para os caracteres peso de espigas, altura da planta e da espiga e Índice de espigas, respectivamente.

Para a população 2, as estimativas das variâncias genéticas aditivas (σ^2_{A21}), obtidas das análises individuais (Tabela 18) foram de: 226,47; 1186,10 e 281,92 (g/planta)² para o caráter peso de espigas, 78,29; 35,70 e 42,47 (cm/planta)² para o caráter altura da planta, 48,43; 6,72 e 36,19 (cm/planta)² para o caráter altura da espiga e 1,37 . (10⁻²); 1,47.(10⁻²) e 0,60.(10⁻²) (espigas/planta)² para o caráter Índice de espigas, para os locais Goiânia, Sete Lagoas e Londrina, respectivamente.

Ressalte-se que nas estimativas dos parâmetros das análises individuais, os valores encontrados para os parâmetros σ^2_p e σ^2_A estão inflacionados, devido a interações ambientais que estão embutidas nestes valores. Portanto os valores dos parâmetros extraídos das análises individuais tendem a ser maiores que os parâmetros obtidos das análises con-

juntas. Estas diferenças serão tanto maiores quanto mais atípico for o ano em que for instalado o experimento (FEHR, 1987).

É interessante notar que a estimativa da variância aditiva da população 2 obtida para o caráter peso de espigas para o local Sete Lagoas é quase cinco vezes maior que as estimativas do mesmo caráter para os outros dois locais.

As precisões das estimativas das variâncias genéticas aditivas da população 1, obtidas das análises individuais variaram de 18,38 a 50,28%, para os locais Goiânia e Sete Lagoas, para os caracteres peso de espigas, altura da planta e da espiga e índice de espigas, podendo ser consideradas dentro dos limites reportados em literatura.

As precisões das estimativas das variâncias genéticas aditivas da população 2, obtidas das análises individuais variaram de 43,30 a 77,34% para o caráter peso de espigas, de 29,98 a 144,45% para o caráter altura da planta, de 39,71 a 612,35% para o caráter altura da espiga e de 43,72 a 216,86% para o caráter índice de espigas, para os locais Goiânia, Sete Lagoas e Londrina. Estas precisões estão dentro dos limites relatados em literatura, exceto para o caráter índice de espigas para o local Londrina e para os caracteres altura da planta e da espiga para o local Sete Lagoas. É interessante notar que nos casos em que as precisões foram baixas, o valor de F se mostrou muito pequeno e na maioria das vezes não significativo.

As estimativas das variâncias genéticas aditivas da população 2, obtidas das análises de variâncias de locais 2 a 2, encontram-se nas Tabelas 19 a 21.

As estimativas das variâncias genéticas aditivas para a combinação de locais $L_1 \times L_2$ (Goiânia x Sete Lagoas) foram iguais a: $308,03 \text{ (g/planta)}^2$; $45,14 \text{ (cm/planta)}^2$; $31,35 \text{ (cm/planta)}^2$ e $0,87 \cdot (10^{-2}) \text{ (esp./planta)}^2$, para os caracteres peso de espigas, altura da planta e da espiga e índice de espigas, respectivamente. Para a combinação $L_1 \times L_3$ (Goiânia x Londrina) foram obtidos: $388,69 \text{ (g/planta)}^2$; $52,98 \text{ (cm/planta)}^2$; $44,20 \text{ (cm/planta)}^2$ e $1,87 \cdot (10^{-2}) \text{ (esp./planta)}^2$, para os caracteres peso de espigas, altura da planta e da espiga e índice de espigas, respectivamente. Para a combinação $L_2 \times L_3$ (Sete Lagoas x Londrina) foram obtidos: $392,16 \text{ (g/planta)}^2$; $45,33 \text{ (cm/planta)}^2$; $17,78 \text{ (cm/planta)}^2$ e $1,30 \cdot (10^{-2}) \text{ (esp./planta)}^2$, para os caracteres peso de espigas, altura da planta e da espiga e índice de espigas, respectivamente.

Nota-se neste caso, que o problema ocorrido nas estimativas obtidas das análises individuais, de interações ambientais, foi superado, sendo bem próximas as estimativas obtidas para as três combinações de locais, e bem inferiores de maneira geral às obtidas nas análises individuais.

As estimativas das variâncias genéticas aditivas ($\sigma^2_{A_{12}}$ e $\sigma^2_{A_{21}}$), obtidas das análises conjuntas das duas populações (Tabela 22), foram de: $507,20$ e $368,12 \text{ (g/planta)}^2$; $120,79$ e $48,00 \text{ (cm/planta)}^2$; $107,71$ e $31,14 \text{ (cm/planta)}^2$; e

3,107.(10⁻²) e 1,351.(10⁻²) (esp./planta)² para as populações 1 e 2, para os caracteres peso de espigas, altura da planta e da espiga e índice de espigas, respectivamente.

Estimativas de variâncias genéticas aditivas a nível interpopulacional para produção tem sido reportadas (ROBINSON et alii, 1958; COMPTON et alii, 1965; GOODRICH et alii, 1975; OBILANA et alii, 1979) e foram resumidas por HALLAUER & MIRANDA Fº (1981). VENCovsky et alii (1988) reportaram estimativas de variâncias genéticas interpopulacionais para populações brasileiras. SOUZA JR. & MIRANDA FILHO (1989), reportaram a estimativa de variância genética da interpopulação ESALQ PB-1 x BR-105.

A magnitude da estimativa da variância genética aditiva interpopulacional obtida (Tabela 22) para o caráter peso de espigas $\sigma^2_{A(12)} = (1/2) (\sigma^2_{A_{12}} + \sigma^2_{A_{21}})$ foi igual a 437,06 (g/planta)². Este valor é 1,43 vezes superior a média das estimativas relatadas por HALLAUER & MIRANDA Fº (1981) e 2,15 vezes superior a estimativa relatada por VENCovsky et alii (1988) e 1,68 vezes superior a estimativa relatada por SOUZA JR. & MIRANDA Fº (1989), que foram iguais a: 306,2; 203,9 e 260,5 (g/planta)², respectivamente.

Para o caráter altura da planta a estimativa da variância genética aditiva interpopulacional ($\sigma^2_{A(12)}$) foi de 84,395 (cm/planta)². Esta estimativa é inferior a obtida por HALLAUER (1971) e SINGH et alii (1984), que foi de 126,7 (cm/planta)², e muito inferior a obtida por SOUZA JR. & MIRANDA Fº (1989), que foi de 255,3 (cm/planta)².

Para o caráter altura da espiga a estimativa da variância genética aditiva interpoblacional ($\sigma^2_{A(12)}$) foi de 69,43 (cm/planta)². Esta estimativa está abaixo da média das estimativas reportadas por HALLAUER (1971), GOODRICH et alii (1975), OBILANA et alii (1979) e SINGH et alii (1984), que foi de 172,2 (cm/planta)², estando, porém, relativamente próxima daquela relatada por SOUZA JR. & MIRANDA F. (1989), de 88,06 (cm/planta)² para a interpoblção ESALQ PB-1 x BR-105.

Para o caráter índice de espigas a estimativa da variância genética aditiva interpoblacional ($\sigma^2_{A(12)}$) foi de 2,23.(10⁻²) (esp./planta)².

É importante ressaltar que as estimativas de variâncias genéticas aditivas encontradas para os caracteres altura da planta e da espiga estão bem abaixo daquelas estimativas reportadas na literatura. Possivelmente isto se deve ao fato de que as populações utilizadas, BR-105 e BR-106, já tenham sido submetidas a diversos ciclos de seleção para estes caracteres, o que deve ter diminuído a variabilidade genética.

As precisões das estimativas obtidas para os parâmetros, σ^2_{A12} e σ^2_{A21} , podem ser consideradas dentro dos limites reportados em literatura para os quatro caracteres analisados, estando em torno de: 24,50 e 32,65%; 23,02 e 28,94%; 19,72 e 32,63%, e 49,15 e 26,87% para as populações 1 e 2, para os caracteres peso de espigas, altura da planta e da espiga e índice de espigas, respectivamente.

As estimativas das variâncias genéticas aditivas (σ^2_{A12} e σ^2_{A21}), têm magnitudes diferentes para as duas populações, para os quatro caracteres analisados, com grande superioridade quando a população BR-106 é utilizada como fêmea (população 1).

As variâncias genéticas aditivas interpopulacionais podem ser comparadas, ao nível de um loco, com a variância intrapopulacional, pois, segundo SOUZA JR., (1983) temos que:

$$\sigma^2_{A12} = \sigma^2_{A11} + 2\sigma_{D11} (p-r)(\alpha_1+\alpha_2) \text{ e}$$

$$\sigma^2_{A21} = \sigma^2_{A22} + 2\sigma_{D22} (r-p)(\alpha_1+\alpha_2)$$

onde:

σ_{D11} e σ_{D22} são as raízes quadradas das variâncias genéticas dominantes;

p e r são as frequências dos alelos favoráveis;

α_1 e α_2 são os efeitos médios de uma substituição gênica, de um loco qualquer das populações BR-106 e BR-105, respectivamente;

σ^2_{A11} e σ^2_{A22} são as variâncias genéticas aditivas das duas populações, respectivamente.

Desta maneira, para $p > r$ tem-se que: $\sigma^2_{A12} > \sigma^2_{A21}$, $\sigma^2_{A12} > \sigma^2_{A11}$ e $\sigma^2_{A21} < \sigma^2_{A22}$, e para $p < r$ ocorre o inverso. Verifica-se que, considerando p e r as frequências de alelos

favoráveis nas populações BR-106 e BR-105, estas relações devem ser mantidas, para os quatro caracteres, concordando com a interpretação a nível de um loco. Isto ocorre porque a frequência média dos alelos favoráveis da população BR-106 (p) deve ser superior aos da população BR-105 (r), para os quatro caracteres, como podem ser vistos nas Tabelas (7 a 10) das médias. É preciso ressaltar que, como as comparações são feitas ao nível de um loco e como são muitos os locos que controlam os caracteres estudados, pode ocorrer das duas populações possuírem quantidades contrabalanceadas de alelos favoráveis com frequências elevadas e, conseqüentemente, estas relações não se verificam necessariamente. De qualquer maneira se as duas populações não fossem divergentes geneticamente ($p=r$), ter-se-ia: $\sigma^2_{A_{12}} = \sigma^2_{A_{11}} = \sigma^2_{A_{21}} = \sigma^2_{A_{22}}$, (SOUZA JR, 1983).

As estimativas das interações variâncias genéticas aditivas por locais, ($\sigma^2_{A_{12}}$ e $\sigma^2_{A_{21}}$) obtidas das análises conjuntas, encontram-se na Tabela 22. Estas estimativas foram iguais a: 177,75 e 189,45 (g/planta)², e 13,12 e 4,03 (cm/planta)² para as populações 1 e 2, para os caracteres peso de espigas e altura da planta, respectivamente. Para o caráter altura da espiga não foi detectado variância de interação aditiva x locais, para nenhuma das populações, e para o caráter índice de espigas só foi detectada interação para a população 1 cujo valor foi de 14,21 (esp./planta)².

As precisões obtidas para estas estimativas fo

ram de: 72,98 e 88,57%; 219,72 e 469,90% para as populações 1 e 2, para os caracteres peso de espigas e altura da planta, respectivamente, e de 12,70% para a população 1 para o caráter índice de espigas. Estes resultados mostram uma baixa precisão das estimativas, principalmente para os caracteres altura da planta e da espiga. Tais resultados já eram esperados uma vez que caracteres de alta herdabilidade tendem a ser pouco influenciados por diferenças ambientais.

Para o híbrido interpopulacional, as estimativas das variâncias efeitos aditivos x locais ($\sigma^2_{Al(12)}$) foram iguais a: 182,60 (g/planta)²; 26,71 (cm/planta)² e 7,11.(10⁻²) (esp./planta)² para os caracteres peso de espigas, altura da planta e índice de espigas, respectivamente. Para o caráter altura da espiga não foi detectado interação.

A magnitude do parâmetro $\sigma^2_{Al(12)}$ é cerca de 2,40 vezes inferior ao da variância genética aditiva do híbrido interpopulacional ($\sigma^2_{A(12)}$) para o caráter peso de espigas, 3,16 vezes inferior para o caráter altura da planta e 3,19 vezes superior para o caráter índice de espigas.

A estimativa da variância da interação efeitos aditivos x locais, apesar de ter sido significativa para o caráter peso de espigas, é de magnitude muito inferior a da estimativa da variância genética aditiva interpopulacional. A $\sigma^2_{A(12)}$ corresponde a covariância genética aditiva interpopulacional entre as progênies nos três ambientes e é, portanto, a que será aproveitada na seleção realizada com base nas

médias das progênies dos três ambientes. Desta maneira, ainda que exista interação genótipo x ambiente, isto não implica que o melhoramento deva ser feito para cada local separadamente, uma vez que a magnitude razoável da $\sigma^2_{A(12)}$ e dos coeficientes de herdabilidade do caráter, permitirão progressos substanciais com a seleção, melhorando o híbrido interpopulacional para uma ampla região.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidades no sentido restrito ao nível de médias, obtidas das análises conjuntas, foram de: 50 e 42% para peso de espigas, 52 e 47% para altura da planta, 59 e 42% para altura da espiga e 27 e 51% para índice de espigas, respectivamente, para as populações 1 e 2.

Ressalte-se, que as precisões obtidas das estimativas dos coeficientes de herdabilidades, estão muito boas, sugerindo que o ano agrícola e as condições experimentais em que foram desenvolvidos os experimentos foram normais, exceto no caso da população 2, avaliada em Sete Lagoas, considerando o caráter peso de espigas despalhadas.

Deduz-se desta maneira que, os valores de herdabilidade razoáveis, somados a uma baixa magnitude da interação genética aditiva x locais, possibilitam a seleção deste híbrido interpopulacional para uma ampla região, apesar da distância e diferenças climáticas onde as progênies foram avaliadas.

As estimativas dos parâmetros genéticos, indi-

cam que não há necessidade de se tomar dados de altura da planta e da espiga em todos os ambientes para se proceder a seleção, uma vez que a interação genótipo x ambiente não se mostrou significativa. Assim, apenas para o caráter peso de espigas há necessidade de avaliação em vários ambientes. Além disso, como relata SOUZA JR. (1983) para caracteres como altura da planta e da espiga cujos coeficientes de herdabilidades, a nível individual, são elevados, deve-se praticar seleção massal para estes caracteres por ocasião da obtenção de progênies e ou por ocasião da recombinação das progênies selecionadas. Em um programa de Seleção Recorrente Recíproca desta natureza, então, em qualquer local em que as progênies fossem obtidas ou recombinadas poder-se-ia praticar seleção massal para estes caracteres, pois como já discutido, em geral não se detectou interação genótipo x ambiente para estes caracteres.

4.4. Progressos esperados com a seleção

As expressões dos progressos esperados são baseadas na regressão linear entre a unidade de seleção e a população melhorada. Desta maneira, está implícita a existência de uma covariância genética entre indivíduos que estão submetidos à seleção (unidade de seleção) e os seus descendentes (SOUZA JR., 1983).

Vários autores têm apresentado as expressões

dos progressos esperados para processos de seleção intrapopulacionais e interpopulacionais (VENCOVSKY, 1987; EMPIG et alii, 1972; SPRAGUE & EBERHART, 1977; HALLAUER & MIRANDA FQ, 1981; entre outros), e para a seleção entre híbridos simples, duplos ou triplos (COCKERHAM, 1961). Assim esta covariância genética dos processos de seleção intrapopulacionais é função linear apenas da variância genética aditiva intrapopulacional (σ^2_A). Em processos de seleção recorrente recíproca, esta covariância genética é função apenas das variâncias genéticas aditivas interpopulacionais ($\sigma^2_{A_{12}}$ e $\sigma^2_{A_{21}}$), e para a seleção entre híbridos esta covariância é função das variâncias genéticas aditivas e dominantes, em quantidades que variam com o processo de seleção (SOUZA JR., 1988).

Foram obtidas estimativas dos progressos esperados com a seleção, diretos e indiretos, para as populações 1 e 2, e para o híbrido interpopulacional. Considerou-se seleção truncada com intensidade de seleção de 10%. Estas estimativas encontram-se nas Tabelas 23 a 28.

Os progressos esperados com a seleção são ditos diretos quando se faz avaliação e seleção em um local ou em um conjunto de locais e estima-se o progresso esperado com a seleção no mesmo local ou locais em que foram feitas as avaliações e seleções.

Os progressos esperados com seleção são ditos indiretos quando se faz a avaliação e seleção em um local ou em um conjunto de locais e estima-se o progresso esperado com

a seleção em outro local ou locais, que não sejam aqueles onde foram feitas as avaliações e seleções.

A estimativa dos progressos diretos esperados com a seleção encontram-se na Tabela 23. Para o local 1 (Goiânia), local 2 (Sete Lagoas) e para a combinação de locais 1 e 2, as estimativas dos progressos esperados com a seleção para a população 1 variaram de: 4,03 a 5,24% para o caráter peso de espigas, de 1,55 a 2,28% para o caráter altura da planta, de 2,78 a 3,86% para o caráter altura da espiga e de 3,71 a 6,08% para o caráter índice de espigas, respectivamente.

Para a população 2, considerando ainda o local 1 (Goiânia), local 2 (Sete Lagoas) e a combinação de locais 1 e 2, as estimativas dos progressos diretos esperados com a seleção variaram de: 1,88 a 5,49% para o caráter peso de espigas, de 0,54 a 1,51% para o caráter altura da planta, de 0,22 a 1,92% para o caráter altura da espiga e de 2,88 a 3,04% para o caráter índice de espigas, respectivamente.

Para a população 2, foram obtidas outras estimativas dos progressos diretos esperados com a seleção, uma vez que para esta população, as progênies foram avaliadas em três locais e não apenas em dois, como no caso da população 1. Assim, para a população 2 foram estimados os progressos diretos esperados com a seleção para o local 3 (Londrina), para as combinações de locais 2 a 2 e para a combinação dos três locais, 1, 2 e 3.

Ressalte-se os valores relativamente baixos

dos progressos diretos esperados com a seleção para os caracteres altura da planta e da espiga para ambas as populações, quando comparados com os resultados obtidos para os caracteres peso de espigas e Índice de espigas.

As estimativas dos progressos indiretos esperados com seleção, para as populações 1 e 2, encontram-se nas Tabelas 24 a 27 para os quatro caracteres.

As estimativas dos progressos indiretos esperados com a seleção para a população 1, Tabela 24, variaram de: 3,04 a 4,92% para o caráter peso de espigas, de 1,37 a 2,21% para o caráter altura da planta, de 2,92 a 3,91% para o caráter altura da espiga, e de 3,48 a 6,08% para o caráter Índice de espigas.

As estimativas dos progressos indiretos esperados com a seleção para a população 2, Tabelas 25 e 26, variaram de: 1,44 a 5,64% para o caráter peso de espigas, de 0,59 a 1,29% para o caráter altura da planta, de 0,59 a 1,75% para o caráter altura da espiga, e de 1,78 a 3,13% para o caráter Índice de espigas, considerando as mesmas situações de avaliação, seleção e estimação de progressos esperados com a seleção utilizados para a população 1.

Para a população 2, foram obtidas outras estimativas de progressos indiretos esperados com a seleção, uma vez que para esta população, os materiais foram avaliados em três locais. Assim, para a população 2 foram obtidas mais 36 estimativas de progressos indiretos com a seleção, e que se encontram nas Tabelas 25 a 27.

As estimativas dos progressos indiretos esperados com a seleção para os caracteres altura da planta e da espiga são bem inferiores às obtidas para os demais caracteres, da mesma maneira que ocorreu com as estimativas dos progressos diretos. Isto é devido ao fato de que os coeficientes de herdabilidades destes caracteres a nível individual são superiores aos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias, levando a que o progresso entre progênies seja inferior ao progresso esperado com a seleção massal (SOUZA JR., 1983).

De maneira geral as estimativas dos progressos esperados com a seleção, tanto diretas quanto indiretas, para os caracteres peso de espigas e índice de espigas, possuem magnitudes elevadas. Isto ocorreu, em parte, porque considerou-se uma elevada intensidade de seleção de 10%, e os coeficientes de herdabilidades serem razoáveis ao nível de médias de progênies.

SOUZA JR. (1983), mostrou resultados de eficiências relativas de vários métodos de seleção para os caracteres altura da planta e da espiga considerando o número mínimo de anos por ciclo. Desta forma, a seleção massal é cerca de 50% superior a seleção recorrente recíproca com meios irmãos obtidos de plantas prolíficas (S.R.R.M.I-2). Considerando o ciclo normal, a seleção massal é cerca de 75% superior a Seleção Recorrente Recíproca com Meios Irmãos.

A necessidade de se estimar os progressos diretos e indiretos esperados com a seleção, se deve ao fato de

que em determinadas situações podem faltar sementes e(ou) recursos financeiros para avaliação em vários locais. Assim, baseado nos resultados obtidos, pode-se concluir que o melhor local para avaliação das progênies para o caráter peso de espigas seria Sete Lagoas, uma vez que a média dos progressos diretos e indiretos esperados com a seleção para este local foi superior às médias dos outros locais (Tabelas 23 a 25).

O fato de o local 2 (Sete Lagoas) ter sido considerado o melhor local para a avaliação das progênies foi consequência da estimativa da variância genética aditiva para aquele local ter sido muito superior às demais, assim como a covariância genética aditiva entre este local e os demais também terem magnitudes elevadas.

Para o híbrido interpopulacional foram calculados os progressos esperados com a seleção, diretos e indiretos, os quais se encontram na Tabela 28.

As estimativas dos progressos diretos esperados com a seleção para o híbrido interpopulacional variaram de: 7,21 a 9,52% para o caráter peso de espigas; de 2,07 a 3,81% para o caráter altura da planta, de 2,89 a 5,53% para o caráter altura da espiga e de 6,72 a 8,97 para o caráter índice de espigas.

As estimativas dos progressos indiretos esperados com a seleção para o híbrido interpopulacional, variaram de: 4,53 a 10,44% para o caráter peso de espigas, de 2,02 a 3,44% para o caráter altura da planta, e de 3,49 a 5,71% para

o caráter altura da espiga e de 6,53 a 8,40% para o caráter Índice de espigas.

Um dos maiores problemas encontrados pelos melhoristas na seleção de genótipos superiores, é a presença de interação genótipo x ambientes (SPRAGUE & FEDERER, 1951; EBERHART & RUSSEL, 1966; HILL & BAYLOR, 1983). Tentando minimizar este tipo de interação pelo aumento de locais, anos e repetições para avaliação de progênies, a execução do programa torna-se bastante dispendiosa.

MORENO GONZÁLEZ (1986) propõe uma metodologia de avaliação para programas de seleção recorrente recíproca onde as populações A e B envolvidas no programa não mais seriam avaliadas em todos os locais propostos. Assim, a população A seria avaliada em um local ou conjunto de locais e a população B em outro local ou conjunto de locais, proporcionando uma economia substancial de tempo e recursos. MORENO GONZÁLEZ (1986) propõe ainda que quanto mais contrastantes forem os locais onde as populações A e B forem avaliadas maior será o incremento da heterose do híbrido interpoblacional A x B, com consequente aumento do progresso com seleção.

Os resultados obtidos neste trabalho discordam da metodologia proposta por MORENO GONZÁLEZ (1986). Considerando os progressos indiretos com a seleção, Tabelas 24 a 27, das populações 1 e 2, constata-se que, na melhor das hipóteses, se a população 1 fosse avaliada apenas no local 1 (Goiânia) e a população 2 fosse avaliada apenas no local 2

(Sete Lagoas), e o progresso com a seleção para a população 1 fosse estimado baseando-se na média dos locais 1 e 2, e para a população 2 o progresso com a seleção fosse estimado baseando-se na média dos locais 2 e 3, ter-se-ia um progresso esperado com a seleção no híbrido interpopulacional de 8,52% o que corresponde a soma dos progressos indiretos das duas populações ou seja, $G_s(1,2/1) = 4,55\%$ da população 1 somado ao $G_s(2,3/2) = 3,97\%$ da população 2. Na pior hipótese, ter-se-ia um progresso esperado com a seleção no híbrido interpopulacional de 5,75% que corresponde a $G_s(1,2/2) = 3,55\%$ da população 1 somado ao $G_s(1,2/1) = 2,20$ da população 2.

Considerando-se apenas os locais 1 e 2 os valores dos progressos esperados no híbrido interpopulacional variaram de 5,75 a 8,03%, ainda segundo esta metodologia.

Nota-se que, os valores superiores destas estimativas, em ambos os casos, são ligeiramente inferiores às estimativas do progresso esperado com a seleção quando as populações 1 e 2 são avaliadas com base na média de todos os locais, $G_s(12) = 9,05\%$.

Apesar da metodologia proposta por MORENO GONZÁLEZ (1986) não ter sido considerada promissora, a partir dos dados obtidos neste trabalho, verifica-se que uma escolha errada de locais para avaliação das progênies, por falta de recursos financeiros e ou falta de sementes suficientes poderia diminuir em muito a magnitude do progresso esperado com a seleção no híbrido interpopulacional.

Possivelmente a metodologia de MORENO GONZÁLEZ (1986) poderia ser aplicada para a escolha de um conjunto de locais para avaliação das progênies, para cada uma das populações, em um programa de seleção recorrente recíproca, e não apenas para a escolha de um único local. Assim, haveria uma diminuição da interação genótipo x ambiente dentro das progênies de cada população, possibilitando um aumento do progresso esperado com a seleção no híbrido interpopulacional.

4.5. Potencial das populações para produção de híbridos

A performance de um híbrido interpopulacional representa o comportamento médio de todos híbridos (simples, duplos ou triplos) possíveis oriundos de cruzamentos entre linhagens endogâmicas das populações parentais (COMSTOCK, 1964). Portanto, a presença de um híbrido interpopulacional muito produtivo mostra que pode-se obter híbridos de cruzamentos entre linhagens endogâmicas de cada população, que excedam em muito a produtividade do híbrido interpopulacional.

Os valores encontrados para os híbridos simples e duplos mais e menos produtivos, considerando a média dos locais, são 279,35 e 115,20 e 265,01 e 129,54 gramas por planta, respectivamente, o que corresponde a um acréscimo de 66,04 e 57,72% em relação à média dos híbridos utilizados como testemunhas, que é de 168,24 gramas por planta, considerando

do os híbridos mais produtivos. Estes valores são ainda 41,61 e 34,34% superiores ao valor encontrado para o híbrido interpopulacional, que foi de 197,17 g/planta.

Os valores encontrados correspondem a: 13,97 ; 13,25; 8,41 e 9,86 toneladas por hectare para os híbridos simples e duplos mais produtivos, para a média dos híbridos utilizados como testemunhas e para o híbrido interpopulacional, respectivamente, considerando um stand ideal de 50.000 plantas por hectare. Evidentemente estes resultados são baseados em suposições teóricas e, portanto, os valores dos híbridos simples e duplos mais produtivos servem apenas para dar uma idéia da magnitude dos híbridos que podem ser extraídos destas populações.

Uma vez que o híbrido interpopulacional é mais produtivo que o híbrido duplo mais produtivo utilizado como testemunha (XL-670), verifica-se o elevado potencial destas populações para um programa de híbridos de linhagens.

Nas Figuras 13 e 14 encontram-se as distribuições teóricas esperadas de híbridos simples e duplos para cada local e média de locais. Verifica-se que para Sete Lagoas a amplitude de variação dos híbridos simples e duplos é maior que para Goiânia, e para a combinação de locais, que se mostraram semelhantes entre si. Isto se deveu provavelmente porque a estimativa da variância aditiva foi muito grande para aquele local, para o caráter peso de espigas.

Outro aspecto a considerar é que estas popula-

ções estão sendo submetidas à seleção com plantas S_1 . Neste esquema de seleção recorrente recíproca, ocorre uma reação da depressão por endogamia, devido a diminuição de alelos recessivos deletérios ou letais que se expressam com maior frequência em plantas homozigóticas. Assim, como as populações apresentam elevadas produtividades, associadas à depressão por endogamia não muito acentuada, aumentam as possibilidades de obtenção de boas linhagens endogâmicas, as quais poderiam permitir a obtenção e posterior comercialização de híbridos simples. Convém ressaltar, que linhagens vigorosas também são um dos fatores de importância para outros tipos de híbridos (triplos e duplos).

Com relação aos caracteres altura da planta e da espiga, verifica-se que o híbrido interpopulacional possui porte semelhante ao híbrido duplo XL-670, utilizado como testemunha, e valores de heterose baixos, principalmente em relação a população parental superior (BR-106). Para estes caracteres, foram apresentados dados de variabilidade genética interpopulacional e progressos esperados com seleção recorrente recíproca, para se comprovar o fato de que nestes caracteres de alta herdabilidade, a seleção massal é muito mais eficiente que a seleção recorrente recíproca e, portanto, tais caracteres devem ser selecionados apenas por ocasião da obtenção e ou recombinação das progênies (SOUZA JR., 1983).

As elevadas produtividades das populações *per se* e do híbrido interpopulacional, a heterose para peso de *es*

pigas relativamente alta, o porte das plantas semelhante às testemunhas, a boa magnitude da variabilidade genética e do progresso esperado com seleção, e a possibilidade de obtenção de híbridos de linhagens muito produtivos, evidenciam o potencial destas populações para serem utilizadas em programas de melhoramento via seleção recorrente recíproca para melhoramento interpopulacional, e para a produção de híbridos. Neste sentido, convém ressaltar que o híbrido interpopulacional possui características próximas aos híbridos comerciais BR-301 e XL-670, podendo, de imediato, ser utilizado comercialmente.

5. CONCLUSÕES

As interpretações dos resultados obtidos nas condições do presente trabalho permitem concluir:

a- As populações e o híbrido interpopulacional podem ser consideradas promissoras para uso comercial, haja vista as produtividades apresentadas serem relativamente elevadas, tanto das populações *per se* quanto do híbrido interpopulacional. Estas produtividades foram iguais a 7,09; 8,87; e 9,86 ton/hectare, para BR-105, BR-106 e BR-105 x BR-106, respectivamente, o que corresponde a 84,31; 105,40 e 117,20% da produtividade obtida pela média dos híbridos utilizados como testemunhas.

b- Os valores de heterose em relação à média dos pais, foram de magnitudes muito elevadas para o caráter peso de espigas, razoavelmente elevadas para o caráter índice de espigas e pouco elevadas para os caracteres altura da plan

ta e da espiga, caracterizando a presença de divergência genética bem acentuada para o caráter peso de espigas. Em relação ao pai superior a heterose foi negativa para os caracteres altura da planta e da espiga, e positiva para os demais caracteres. Desta maneira, o híbrido interpopulacional é mais produtivo e possui porte mais baixo que a população superior, o que representa uma vantagem do ponto de vista agrônomo.

c- As estimativas das magnitudes dos parâmetros genéticos interpopulacionais mostraram que as populações diferem consideravelmente quanto à variabilidade genética para os quatro caracteres estudados, sendo as estimativas obtidas para a população 1 bem superiores às obtidas para a população 2. Comparativamente com os resultados da literatura, as magnitudes das estimativas das variâncias genéticas aditivas interpopulacionais podem ser consideradas elevadas para o caráter peso de espigas e baixas para os caracteres altura da planta e da espiga.

d- Uma vez que o híbrido interpopulacional possui quantidade razoável de variância genética aditiva, pode-se conseguir progressos substanciais com seleção para as populações *per se* e para o híbrido interpopulacional, e para uma ampla região, uma vez que as magnitudes dos parâmetros variância aditiva x locais foram muito inferiores às magnitudes das

variâncias genéticas aditivas, e as magnitudes dos coeficientes de herdabilidades para o caráter peso de espigas são razoáveis.

e- Para os caracteres altura da planta e altura da espiga os progressos com a seleção foram negligenciáveis, indicando uma baixa eficiência da seleção recorrente recíproca para estes caracteres. Este fato deve-se a alta herdabilidade ao nível de plantas destes caracteres associado ao fato de possuírem grau médio de dominância baixo.

f- A metodologia proposta por MORENO GONZÁLES (1986), de avaliação das populações envolvidas no programa de seleção recorrente recíproca em locais diferentes e contrastantes, não se mostrou promissora. Entretanto, os resultados obtidos mostram que a escolha errada de locais, na eventualidade de falta de recursos e ou sementes, pode comprometer em muito a magnitude do progresso esperado com a seleção no híbrido interpopulacional.

g- As estimativas dos progressos indiretos esperados com a seleção, obtidas neste trabalho permitem concluir que, ocorrendo falta de recursos e ou sementes, o melhor local para a avaliação de progênies seria Sete Lagoas (local 2). As melhores estimativas dos progressos indiretos o-

correram, entretanto, quando as avaliações foram feitas em todos os locais.

h- Os valores esperados dos híbridos simples e duplos mais produtivos foram iguais a 13,97 e 13,25 toneladas por hectare, considerando um stand médio de 50.000 plantas por hectare. Estes valores são em média 66,04 e 57,52% superiores às médias dos híbridos comerciais utilizados como testemunhas (BR-301 e XL-670), indicando o potencial destas populações para serem utilizadas para obtenção de híbridos de linhagens.

i- Em vista dos aspectos favoráveis das populações e do respectivo híbrido interpopulacional, associado a possibilidade de obtenção de progressos substanciais com seleção recorrente e seleção de híbridos de linhagens com elevadas produtividades, estas populações apresentam elevado potencial para serem utilizadas em programas de melhoramento de populações e para obtenção de híbridos.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BARBIN, D. & GOMES, F.P. Variância do coeficiente de herdabilidade obtido a partir de análise de variância segundo o modelo de blocos incompletos. Ciência e Cultura, São Paulo, 23: 80-3, 1971.
- BARBIN, D. Variância e covariância dos componentes de variância no modelo de classificação hierárquica. Piracicaba, Departamento de Matemática e Estatística. ESALQ, 1975. 8p. (Publicação Didática).
- BARRIGA, P. & VENCovsky, R. Heterose da produção de grãos e de outros caracteres agronômicos em cruzamentos intervarietais de milho. Ciência e Cultura, São Paulo, 25: 880 -5, 1973.
- CANTON, T. Avaliação de oito ciclos de seleção recorrente na população de milho (*Zea mays* L.) SUWAN DMR. Piracicaba, 1988. 112p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- CASTRO, M.; GARDNER, C.O.; LONNQUIST, J.H. Cumulative gene effects and the nature of heterosis in maize crosses involving genetically diverse races. Crop Science, Madison, 8: 97-101, 1968.

- COCKERHAM, C.C. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariance among relatives when epistasis is present. Genetics, Princeton, 39: 859 - 82, 1954.
- COCKERHAM, C.C. Effects of linkage on the covariances between relatives. Genetics, Princeton, 41: 138-41, 1956.
- COCKERHAM, C.C. Implications of genetic variances in a hybrid breeding program. Crop Science, Madison, 1: 47-52, 1961.
- COCKERHAM, C.C. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.F., ed. Statistical genetics and plant breeding. Washington, National Academy of Science, 1963. p.55-93.
- COCKERHAM, C.C. & WEIR, B.S. Descent measures for two loci with some applications. Theoretical Population Biology, San Diego, 4: 300-30, 1973.
- COLLIER, J.W. Three cycles of reciprocal recurrent selection. In: HYBRID CORN INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 14., Chicago, 1959. Proceedings. Chicago, American Seed Trade Association, 1959. p.12-23.
- COMPTON, W.A.; LONNQUIST, J.H.; GARDNER, C.O. Predicted response to recurrent selection with intra and intervarietal testers in corn (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 4: 46-149, 1964.
- COMPTON, W.A.; GARDNER, C.O.; LONNQUIST, J.H. Genetic variability in two open pollinated varieties of corn (*Zea mays* L.) and their F₁ progenies. Crop Science, Madison, 5: 505-8, 1965.

- COMSTOCK, R.E. Selection procedures in corn improvement. In: HYBRID CORN INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 19., Chicago, 1964. Proceedings. Chicago, American Seed Trade Association, 1964. p.12-23.
- COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations. Biometrics, Raleigh, 4: 254 - 6, 1948.
- COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. Estimation of average dominance of genes. In: GOWEN, J.W., ed. Heterosis. Ames, Iowa State University Press, 1952. p.494-516.
- COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. Findings relative to reciprocal recurrent selection. In: International Genetics Symposia, 1956. Proceedings. p.461-4.
- COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F.; HARVEY, P.H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. Agronomy Journal, Madison, 41: 360-7, 1949.
- CRESS, C.E. A comparison of recurrent selection systems. Genetics, Princeton, 54:1371-9, 1966.
- CUNHA, M.A.P. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) ESALQ-HV-1. Piracicaba, 1976. 84p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- DARRAH, L.L.; EBERHART, S.A.; PENNY, L.H. A maize breeding methods study in Kenya. Crop Science, Madison, 12: 605-8, 1978.

- D'AYALA VALVA, F. Heterose em híbrido intervarietal de milho (*Zea mays* L.) br_2br_2 (Braquítico-2). Piracicaba, 1976. 96p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- DOUGLAS, A.G.; COLLIER, J.W.; EL-EBRASHY, M.F.; ROGERS, J.S. An evaluation of three cycles of reciprocal recurrent selection in a corn improvement program. Crop Science, Madison, 1: 157-61, 1961.
- EAST, E.M. Inbreeding in corn. Annual Report of the Connecticut Agricultural Experimental Station, (4): 419-28, 1908.
- EAST, E.M. The distinction between development and heredity in inbreeding. American Naturalist, Lancaster, 43: 173-81, 1909.
- EBERHART, S.A. Regional maize diallels with U.S. and semi-exotic varieties. Crop Science, Madison, 11: 911-4, 1971.
- EBERHART, S.A. & RUSSELL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. Crop Science, Madison, 6: 36-40, 1966.
- EBERHART, S.A.; DEBELA, S.; HALLAUER, A.R. Reciprocal recurrent selection in the BSSS and BSCB1 maize varieties and half sib selection in BSSS. Crop Science, Madison, 13: 451-6, 1973.
- EMPIG, L.T.; GARDNER, C.O.; COMPTON, W.A. Theoretical gains for different population improvement procedures. Bulletin of the Nebraska Agricultural Experimental Station, Nebraska, MP 26, 1972.

- FALCONER, D.S. Introduction to quantitative genetics. New York, Ronald Press, 1960. 365p.
- FEHR, W.R. Genotype x environment interaction. In: _____. Principles of cultivar development. New York, Macmillan publishing, 1987. p.247-60.
- FISHER, R.A. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. Transaction of the Royal Society of Edinburg, London, 52: 399-433, 1918.
- GAMA, E.E.G.; VIANA, R.T.; NASPOLINI FILHO, V.; MAGNAVACA, R. Heterosis for four characters in nineteen populations of maize (*Zea mays* L.). Egyptian Journal of Genetics and Cytology, Giza, 13: 69-80, 1984.
- GARDNER, C.O. Quantitative genetic studies and population improvement in maize and sorghum. Bulletin of the Nebraska Agricultural Experimental Station, Nebraska, (5262): 15, 1977.
- GARDNER, C.O. & PATERNIANI, E. A genetic model used to evaluate the breeding potential of open-pollinated varieties of corn. Ciência e Cultura, São Paulo, 19: 95-101, 1967.
- GENTER, C.F. & EBERHART, S.A. Performance of original and advanced maize populations and their diallel crosses. Crop Science, Madison, 14: 881-5, 1974.
- GEVERS, H.O. Three cycles of reciprocal recurrent selection in maize under two systems of parent selection. Agroplanta, Pretoria, 7: 107-8, 1974.

- GOODMAN, M.M. Estimates of genetic variance in adapted and exotic populations of maize. Crop Science, Madison, 5: 87-90, 1965.
- GOODRICH, C.L.; STUBER, R.E.; COMPTON, W.A. Average gene frequency estimates in two open-pollinated cultivars of corn. Crop Science, Madison, 15: 746-9, 1975.
- HALLAUER, A.R. Change in genetic variance for seven plant and ear traits after four cycles of reciprocal recurrent selection for yield in maize. Iowa State Journal of Science, Ames, 45: 575-93, 1971.
- HALLAUER, A.R. Third phase in the yield evaluation of synthetic varieties of maize. Crop Science, Madison, 12: 16-8, 1972.
- HALLAUER, A.R. Hybrid development and population improvement in maize by reciprocal full-sib selection. Egyptian Journal of Genetics and Cytology, Giza, 2: 84-101, 1973.
- HALLAUER, A.R. Four cycles of reciprocal full sib selection. Ames, Iowa State University/North Cent. Corn Breed. Res. Comm., 1977. (NCR, 2).
- HALLAUER, A.R. Relation of quantitative genetics to applied maize breeding. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 3: 207-33, 1980.
- HALLAUER, A.R. Reciprocal full-sib selection in maize. Crop Science, Madison, 24: 755-9, 1984.
- HALLAUER, A.R. & EBERHART, S.A. Evaluation of synthetic varieties of maize for yield. Crop Science, Madison, 6: 423-7, 1966.

- HALLAUER, A.R. & EBERHART, S.A. Reciprocal full-sib selection. Crop Science, Madison, 10: 315-6, 1970.
- HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative genetics in maize breeding. Ames, Iowa State University Press, 1981. 486p.
- HALLAUER, A.R. & SEARS, J.H. Second phase in the evaluation of synthetic varieties of maize for yield. Crop Science, Madison, 8: 448-51, 1968.
- HALLAUER, A.R.; RUSSEL, W.A.; LANKEY, K.R. Corn Breeding. In: SPRAGUE, G.F. & DUDLEY, J.W., ed. Corn and corn improvement. New York, 1988. p.463-564.
- HILL JUNIOR, R.R. & BAYLOR, J.E. Genotype x environment interaction analysis in alfalfa. Crop Science, Madison, 23: 811-5, 1983.
- HULL, H.F. Recurrent selection and specific combining ability in corn. Journal American Society of Agronomy, Washington, 37: 134-45, 1945.
- JONES, D.F. The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. Bulletin of the Connecticut Agricultural Experimental Station, Connecticut, 207: 5-100, 1918.
- JONES, L.P.; COMPTON, W.A.; GARDNER, C.O. Comparison of full and half-sib reciprocal recurrent selection. Theoretical and Applied Genetics, Berlin, 41: 36-9, 1971.
- KEMPTHORNE, O. The correlation between relatives in a random mating population. Proceedings of the Royal Society of London, B, London, 143: 103-13, 1954.

- KEMPTHORNE, O. The theoretical values of correlations between relatives in random mating populations. Genetics, Austin, 40: 153-67, 1955.
- LONNQUIST, J.H. Gene action and corn yields. In: HYBRID CORN RESEARCH CONFERENCE, 18., Chicago, 1963. Proceedings. Chicago, American Seed Trade Association, 1963, p.37-44.
- LONNQUIST, J.H. Mass selection for prolificacy in maize. Der Zurther, Berlim, 37: 185-8, 1967.
- LONNQUIST, J.H. & GARDNER, C.O. Heterosis in intervarietal crosses of maize and its implication in breeding procedures. Crop Science, Madison, 1: 179-83, 1961.
- LONNQUIST, J.H.; COTA, O.A.; GARDNER, C.O. Effect of mass selection and thermal neutron irradiation on genetic variances in a variety of corn (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 6: 330-2, 1966.
- MARTINS, C.S. Potencial genético de linhagens e híbridos de duas populações de milho (*Zea mays* L.) braquiótico. Piracicaba, 1986. 143p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MIRANDA FILHO, J.B. Cruzamento dialélico e síntese de compostos de milho (*Zea mays* L.) com ênfase na produtividade e no porte da planta. Piracicaba, 1974. 115p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MIRANDA FILHO, J.B. Mating schemes to predict gain on heterosis in reciprocal recurrent selection. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 5: 745-60, 1982.

- MIRANDA FILHO, J.B. & PATERNIANI, E. Intra e interpopulation genetic parameter estimates and implications in selection. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 6: 15-27, 1983.
- MOLL, R.H. & ROBINSON, H.F. Observed and expected response in four selection experiments in maize. Crop Science, Madison, 6: 319-23, 1966.
- MOLL, R.H. & ROBINSON, H.F. Quantitative genetics investigations of yield of maize. Der Zuchter, Berlim, 37: 192-9, 1967.
- MOLL, R.H. & STUBER, C.W. Comparisons of response of to alternative selection procedures initiated with two population of maize (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 11: 706-11, 1971.
- MOLL, R.H.; SALHVANA, W.S.; ROBINSON, H.F. Heterosis and genetic diversity in variety crosses of maize. Crop Science, Madison, 2: 197-8, 1962.
- MOLL, R.H.; LONNQUIST, J.H.; FORTUNO, J.V.; JOHNSON, E.C. The relationship of heterosis and genetic divergence in maize. Genetics, Princeton, 52: 139-44, 1965.
- MOLL, R.H.; COCKERHAM, C.C.; STUBER, C.W.; WILLIAMS, W. P. Selection responses, genetic-environmental interactions and heterosis with recurrent selection for yield in maize. Crop Science, Madison, 18: 641-5, 1978.
- MORENO-GONZÁLEZ, J. Choice of environments in reciprocal recurrent selection programs. Theoretical and Applied Genetics, Berlim, 71: 652-6, 1986.

- NASPOLINI FILHO, V.; GAMA, E.E.G.; VIANA, R.T.; MORO, J.R. General and specific combining ability for yield in a diallel cross among 18 maize populations (*Zea mays* L.). Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 4: 571-7, 1981.
- OBILANA, A.T.; HALLAUER, A.R.; SMITH, O.S. Estimated genetic variability in a maize interpopulation. Journal of Heredity, Washington, 70: 127-32, 1979.
- PACKER, D.; TERASAWA JR, F.; PELLICANO, I.J.; RESENDE, M.V.D. de; FUSTINONI, R.; GODOI, R.E.Z. de. Caracterização das populações de milho (*Zea mays* L.) do Centro Nacional de Pesquisa do Milho e Sorgo (CNPMS). Piracicaba, ESALQ/USP. Depto. de Genética, 1989. 34p.
- PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays*, L.). Crop Science, Madison, 17: 212-6, 1967.
- PATERNIANI, E. Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no melhoramento do milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1968a. 92p. (Câtedra - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- PATERNIANI, E. Cruzamentos interracialis de milho. Relatório Científico do Departamento de Genética/ESALQ, Piracicaba, (2): 108-10, 1968b.
- PATERNIANI, E. Heterose em cruzamentos intervarietais de milho. Relatório Científico do Departamento de Genética/ESALQ, Piracicaba, (4): 95-100, 1970.

- PATERNIANI, E. Seleção recorrente recíproca com plantas prolíficas. Relatório Científico do Departamento de Genética/ESALQ, Piracicaba, (5): 129-32, 1971.
- PATERNIANI, E. Seleção recorrente recíproca. In: CONGRESSO LATINOAMERICANO DE GENÉTICA, 1980. ATLAS. p.445-52.
- PATERNIANI, E. & LONNQUIST, J.H. Heterosis in interracial crosses of corn. Crop Science, Madison, 3: 504-7, 1963.
- PATERNIANI, E. & VENCovsky, R. Reciprocal recurrent selection in maize (*Zea mays* L.) based on testcrosses of half - sib families. Maydica, Bergamo, 22: 141-52, 1977.
- PATERNIANI, E. & VENCovsky, R. Reciprocal recurrent selection based on half-sib progenies and prolific plants in maize (*Zea mays* L.). Maydica, Bergamo, 23: 209-19, 1978.
- PATERNIANI, E. & MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de Populações. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., ed. Melhoramento e Produção do Milho. Campinas, Fundação Cargill, 1987, v.1, p.217-74.
- PENNY, L.H. Improving combining ability by recurrent selection. In: HYBRID CORN INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 14., Chicago, 1959. Proceedings. Chicago, American Seed Trade Association, 1959. p.7-11.
- PENNY, L.H. & EBERHART, S.A. Twenty years of reciprocal recurrent selection with two synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 11: 900-3, 1971.
- ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Genotypic and fenotypic correlations in corn and their implications in selection. Agronomy Journal, Madison, 43: 282-7, 1951.

ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Genetic variances in open-pollinated varieties of corn. Genetics, Princeton, 40: 45-60, 1955.

ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; KHALIL, A.; HARVEY, P. H. Dominance versus overdominance in heterosis: Evidence from crosses between open-pollinated varieties of maize. American Naturalist, Lancaster, 90: 127-31, 1956.

ROBINSON, H.F.; KHALIL, A.; COMSTOCK, R.E.; COCKERHAM, C.C. Joint interpretation of heterosis and genetic variances in two open-pollinated varieties of corn and their crosses. Genetics, Princeton, 67: 137-49, 1958.

SCHNELL, F.W. The covariance between relatives in the presence of linkage. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H. F., ed. Statistical Genetics and Plant Breeding, Washington, National Academy of Science, 1963, p.468-83.

SHULL, G.H. The composition of a field of maize. American Breeders Association Report, 4: 296-301, 1908.

SHULL, G.H. A pure line method of corn breeding. American Breeders Association Report, 5: 51-9, 1909.

SILVA, J. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho Cateto Colombia Composto. Piracicaba, 1969. 74p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

SINGH, M.; KHEHRA, A.S.; DHILLON, B.S. Estimates of gene frequencies in two heterotic maize populations. Theoretical and Applied Genetics, Berlín, 69: 179-86, 1984.

- SOUZA JÚNIOR, C.L. Análise de cruzamentos dialélicos e predição de compostos de milho (*Zea mays* L.) braquiótico. Piracicaba, 1981. 102p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SOUZA JÚNIOR, C.L. Variabilidade genética em milho (*Zea mays* L.) e relações com a seleção recorrente intra e inter populacional. Piracicaba, 1983. 151p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SOUZA JÚNIOR, C.L. Reciprocal recurrent selection with half-sib progenies obtained alternately from non - inbred (S_0) and inbred (S_1) plants in maize (*Zea mays* L.). Maydica, Bergamo, 32: 19-31, 1987.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. Variâncias genéticas interpopulacionais e suas relações com a obtenção e seleção de híbridos. Piracicaba, 1988. 140p. (Livre-Docência - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SOUZA JÚNIOR, C.L. & MIRANDA FILHO, J.B. Alterações na heterose via seleção intra e interpopulacional. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, 20: 1197-201, 1985.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. & MIRANDA FILHO, J.B. Genetic variability in two maize (*Zea mays* L.) populations and its relationship with intra and interpopulation recurrent selection. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 12: 271-85, 1989.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. & VENCovsky, R. Covariância entre parentes na presença da interação genótipo-ambiente. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA A EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, 3., REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO BRASILEIRA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA, 34., Lavras, 1989. Resumos: conferências - comunicações. Lavras, ESAL, 1989. p.50-1.

- SOUZA JÚNIOR, C.L. & ZINSLY, J.R. Relative genetic potential of brachytic maize (*Zea mays* L.) varieties of breeding populations. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 8: 523-33, 1985.
- SOUZA JÚNIOR, C.L.; GERALDI, I.O.; ZINSLY, J.R. Correlações genéticas e fenotípicas entre seis caracteres da população de milho (*Zea mays* L.) Suwan. Relatório Científico do Departamento de Genética/ESALQ, Piracicaba, (14): 146- 52, 1980a.
- SOUZA JÚNIOR, C.L.; GERALDI, I.O.; ZINSLY, J.R. Influence of tassel size on the expression of prolificacy in maize (*Zea mays* L.). Maydica, Bergamo, 30: 321-8, 1985.
- SOUZA JÚNIOR, C.L.; MIRANDA FILHO, J.B.; ZINSLY, J.R. Potencial genético de dois compostos de milho (*Zea mays* L.) para a obtenção de híbridos. Relatório Científico do Departamento de Genética/ESALQ, Piracicaba, (14): 153-62, 1980b.
- SPRAGUE, G.F. Corn Breeding. In: SPRAGUE, G.F., ed. Corn and corn improvement. Madison, American Society of Agronomy, 1955. p.221-92.
- SPRAGUE, G.F. Estimates of genetic variations in two open-pollinated varieties of maize and their reciprocal F_1 hybrids. Crop Science, Madison, 4: 332-4, 1964.
- SPRAGUE, G.F. & EBERHART, S.A. Corn breeding. In: SPRAGUE, G.F., ed. Corn and corn improvement. Madison, American Society of Agronomy, 1977. p.305-62.
- SPRAGUE, G.F. & FEDERER, W.T. A comparison of variance components in corn yield trials. 2. Error, year x variety, location x variety and variety components. Agronomy Journal, Madison, 43: 535-41, 1951.

- STEEL, R.G.D. & TORRIE, J.H. Principles and procedures of statistics. New York, Mc-Graw-Hill Book, 1960. 481p.
- STUBER, C.W. Characterization and estimation of genetic parameters in the interpopulation formed by crossing two populations of maize. Raleigh, 1965. 105p. (PhD - North Carolina State University).
- STUBER, C.W. & COCKERHAM, C.C. Gene effects and variances in hybrid populations. Genetics, Princeton, 54: 1279-86, 1966.
- STUBER, C.W.; MOLL, R.H.; HANSON, W.D. Genetic variances and interrelationships of six traits in a hybrid population of *Zea mays* L. Crop Science, Madison, 6: 455-8, 1966.
- THOMAS, W.I. & GRISSON, D.G. Cycle evaluation of reciprocal recurrent selection for popping volume, grain yield and resistance to root looging in popcorn. Crop Science, Madison, 1: 197-200, 1961.
- THOMPSON, D.L. & HARVEY, P.H. Progress from recurrent and reciprocal recurrent selection for yield in corn. Agronomy Abstract, Madison, p.54-5, 1960.
- TORREGROZA, M.; ARIAS, E.; DIAZ, C.; ARBOLEDA, F. Evaluation of reciprocal recurrent selection in germplasm sources of highland Latin American maizes. Agronomy Abstracts, Davis, p.20, 1972.
- TROYER, A.F. & HALLAUER, A.R. Analysis of a set of early flint varieties of maize. Crop Science, Madison, 8: 581-4, 1968.

- VELLO, N.A. & VENCOVSKY, R. Variâncias associadas às estimativas de variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade. Relatório Científico do Departamento de Genética/ESALQ, Piracicaba, (8): 238-48, 1974.
- VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR, W. E., ed. Melhoramento e Genética. São Paulo, EDUSP, 1969. cap. 1, p.17-37.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., ed. Melhoramento e Produção do Milho. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1, p.137-209.
- VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J.B.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., Raleigh, 1987. Proceedings. Sunderland, Sinauer Associates, 1988. p.465-77.
- VENCOVSKY, R.; ZINSLEY, J.R.; VELLO, N.A. Efeito da seleção massal estratificada em duas populações de milho e no cruzamento entre elas. In: REUNIÃO BRASILEIRA DE MILHO, 8., Porto Alegre, 1970. Resumos. Porto Alegre, Secretaria do Estado dos Negócios da Agricultura, 1970. p.36-8.
- VIANA, R.T.; GOMES e GAMA, E.E.; NASPOLINI FILHO, V.; MORO, J.R.; VENCOVSKY, R. Inbreeding depression of several introduced populations of maize (*Zea mays* L.). Maydica, Bergamo, 27: 151-8, 1982.
- WEBER, O.D. & LONNQUIST, J.H. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays*, L.). Crop Science, Madison, 7: 651-5, 1967.

WEIR, V.S. & COCKERHAM, C.C. Two locus theory in quantitative genetics. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, Ames, 1976. Proceedings, s.n.t., p.247-69.

WELLHAUSEN, E.J. Exotic germplasm for improvement of corn belt maize. In: HYBRID CORN INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 20., Chicago, 1965. Proceedings. Chicago, American Seed Trade Association, 1965. p.31-45.

WRIGHT, S. Systems of mating. Genetics, Princeton, 6: 111-78, 1921.

T A B E L A S

Tabela 7. Valores médios obtidos para peso de espigas despalhadas (g/planta), para as duas populações, híbridos interpopulacionais, testemunhas e heterose em relação à média dos pais (hmp) e em relação ao pai superior (hps), para cada local e para média dos locais.

População	Goiânia	Sete Lagoas	Londrina	Média geral
BR-105	159,76	134,86	120,05	141,85
BR-106	185,13	188,22	140,00	177,33
BR-106xBR-105 ^a	209,23[±20,96]	202,26[±25,49]	-	205,74[±29,98]
BR-105xBR-106 ^b	197,76[±19,03]	200,04[±33,69]	168,58[±20,03]	188,59[±28,54]
(a+b)/2	203,50	201,15	168,58	197,17
hmp	31,06(18,01)	39,61(24,52)	38,56(22,55)	37,58(23,55)
hps	18,37(9,92)	12,93(6,87)	28,58(20,41)	19,84(11,19)
Testemunhas:				
BR-301	175,98	173,94	146,94	169,35
XL-670	182,82	178,51	113,03	167,13
$\bar{X}$ Testemunhas	179,40	176,23	129,99	168,24

^a BR-106 utilizada como fêmea.

^b BR-105 utilizada como fêmea.

Valores entre parênteses: valores de heterose em porcentagem.

Valores entre colchetes: desvio padrão da média.

Tabela 8. Valores médios obtidos para altura da planta (cm), para as duas populações, híbridos interpopulacionais, testemunhas e heterose em relação à média dos pais (hmp) e em relação ao pai superior (hps), para cada local e para média dos locais.

População	Goiânia	Sete Lagoas	Londrina	Média geral
BR-105	217,09	184,58	214,17	203,50
BR-106	227,08	202,92	219,17	215,83
BR-106xBR-105 ^a	226,26[± 9,61]	194,40[±12,81]	-	210,33[±27,68]
BR-105xBR-106 ^b	218,39[± 7,81]	203,04[±10,64]	215,25[± 7,80]	212,23[±11,04]
(a+b)/2	222,33	198,72	215,25	211,28
hmp	0,25(0,11)	4,97(2,57)	-1,42(-0,66)	1,62(0,77)
hps	-4,75(-2,09)	-4,20(-2,07)	-3,92(-1,79)	-4,55(-2,11)
Testemunhas:				
BR-301	211,67	189,17	205,83	201,50
XL-670	227,92	207,08	223,33	218,67
$\bar{X}$ Testemunhas	219,80	198,13	214,58	210,09

^a BR-106 utilizada como fêmea.

^b BR-105 utilizada como fêmea.

Valores entre parênteses: valores de heterose em porcentagem.

Valores entre colchetes: desvio padrão da média.

Tabela 9. Valores médios obtidos para altura da espiga (cm), para as duas populações, híbridos interpopulacionais, testemunhas e heterose em relação à média dos pais (hmp) e em relação ao pai superior (hps), para cada local e para média dos locais.

População	Goiânia	Sete Lagoas	Londrina	Média geral
BR-105	115,00	92,92	117,50	106,67
BR-106	126,67	104,58	125,67	117,63
BR-106xBR-105 ^a	124,10[±10,09]	98,42[± 9,46]	-	111,26[±19,15]
BR-105xBR-106 ^b	119,50[± 6,92]	107,64[± 9,30]	123,85[± 6,60]	115,63[±10,29]
(a+b)/2	121,80	103,03	123,85	113,45
hmp	0,97(0,80)	4,28(4,33)	2,27(1,86)	1,30(1,16)
hps	-4,87(-3,84)	-1,55(-1,48)	-1,82(-1,45)	-4,18(-3,55)
Testemunhas:				
BR-301	110,00	97,92	115,00	106,17
XL-670	127,08	109,17	126,67	119,83
$\bar{X}$ Testemunhas	118,54	103,54	120,83	113,00

^a BR-106 utilizada como fêmea.

^b BR-105 utilizada como fêmea.

Valores entre parênteses: valores de heterose em porcentagem.

Valores entre conchetes: desvio padrão da média.

Tabela 10. Valores médios obtidos para Índice de espigas, para as duas populações, híbridos interpopulacionais, testemunhas e heterose em relação à média dos pais (hmp) e em relação ao pai superior (hps), para cada local e para média dos locais.

População	Goiânia	Sete Lagoas	Londrina	Média geral
BR-105	1,13	1,15	1,07	1,13
BR-106	1,08	1,09	1,01	1,07
BR-106xBR-105 ^a	1,26[±0,138]	1,22[±0,137]	-	1,24[±0,181]
BR-105xBR-106 ^b	1,25[±0,124]	1,25[±0,128]	1,18[±0,167]	1,23[±0,145]
(a+b)/2	1,26	1,24	1,18	1,24
hmp	0,16(14,03)	0,12(10,71)	0,14(13,46)	0,14(12,73)
hps	0,13(11,50)	0,09(7,83)	0,11(10,28)	0,11(9,73)
Testemunhas:				
BR-301	1,13	1,09	1,13	1,11
XL-670	1,17	1,14	1,07	1,14
$\bar{X}$ Testemunhas	1,15	1,11	1,10	1,13

^a BR-106 utilizada como fêmea.

^b BR-105 utilizada como fêmea.

Valores entre parênteses: valores de heterose em porcentagem.

Valores entre conchetes: desvio padrão da média.

Tabela 11. Valores, significâncias e esperanças dos quadrados médios obtidos nas análises de variâncias por local, para peso de espigas despalhadas (g/planta), das progênes de meios irmãos interpopulacionais, para as duas populações.

F.V.	BR-106 (♀) (população 1)		BR-105 (♀) (população 2)	
	G.L.	Q.M.	G.L.	Q.M.
Goiânia				
Repetições	1	15.035,85360	1	23.823,52000
Progenies	168	930,92188**	120	805,37271*
Erro efetivo	168	391,45122	120	635,51785
C.V. (%)	9,45702		12,74300	
Sete Lagoas				
Repetições	1	41.253,29200	1	16.650,29800
Progenies	168	1.377,19336**	120	2.525,13028**
Erro efetivo	168	889,28064	120	1.635,55300
C.V. (%)	14,74530		20,21080	
Londrina				
Repetições			1	10.672,70200
Progenies			120	893,10883*
Erro efetivo			120	681,66880
C.V. (%)			15,48230	

* Significativo ao nível de 10% de probabilidade.

** Significativo ao nível de 1% de probabilidade.

Tabela 12. Valores, significâncias e esperanças dos quadrados médios obtidos nas análises de variâncias por local, para altura da planta (cm), das progênes de meios irmãos interpopulacionais, para as duas populações.

F.V.	BR-106($\bar{q}$) (população 1)		BR-105($\bar{q}$) (população 2)	
	G.L.	Q.M.	G.L.	Q.M.
Goiania				
Repetições	1	8.722,16000	1	34.271,50000
Progênes	168	184,54627**	120	121,99795**
Erro efetivo	168	71,49520	120	63,27990
C.V. (%)	3,73701		3,64253	
Sete Lagoas				
Repetições	1	23.980,40000	1	436,46000
Progênes	168	328,25221*	120	226,53751*
Erro efetivo	168	240,46900	120	199,76500
C.V. (%)	7,97690		6,96121	
Londrina				
Repetições			1	50,01000
Progênes			120	121,83387*
Erro efetivo			120	89,98070
C.V. (%)			4,40593	

* Significativo ao nível de 10% de probabilidade.

** Significativo ao nível de 1% de probabilidade.

Tabela 13. Valores, significâncias e esperanças dos quadrados médios obtidos nas análises de variâncias por local, para altura da espiga (cm), das progênes de meios irmãos interpopulacionais, para as duas populações.

F.V.	BR-106(q) (população 1)			BR-105(q) (população 2)		
	G.L.	Q.M.		G.L.	Q.M.	
			Goiânia			
Repetições	1	9.447,88000		1	4.486,63000	
Progênes	168	203,75887**		120	95,72991**	
Erro efetivo	168	101,88300		120	59,40570	
C.V. (%)	8,13331			6,45002		
			Sete Lagoas			
Repetições	1	5.890,60372		1	6.983,45000	
Progênes	168	178,91737**		120	172,93868ns	
Erro efetivo	168	124,24975		120	167,90000	
C.V. (%)	11,32568			12,03740		
			Londrina			
Repetições				1	771,18000	
Progênes				120	87,04608*	
Erro efetivo				120	59,90000	
C.V. (%)				6,24904		

* Significativo ao nível de 10% de probabilidade.

** Significativo ao nível de 1% de probabilidade.

ns Não significativo

Tabela 14. Valores, significâncias e esperanças dos quadrados médios obtidos nas análises de variâncias por local, para índice de espigas, das progenies de meios irmãos interpopulacionais, para as duas populações.

F.V.	BR-106(q) (população 1)		BR-105(q) (população 2)	
	G.L.	Q.M.	G.L.	Q.M.
Goiânia				
Repetições	1	0,06000	1	0,10000
Progenies	168	0,38106**	120	0,03088*
Erro efetivo	168	0,01398	120	0,02059
C.V. (%)	9,37372		11,49340	
Sete Lagoas				
Repetições	1	1,06000	1	0,10000
Progenies	168	0,03781**	120	0,03291*
Erro Efetivo	168	0,02117	120	0,02193
C.V. (%)	11,91880		11,86570	
Londrina				
Repetições			1	0,00000
Progenies			120	0,05595*
Erro efetivo			120	0,05146
C.V. (%)			19,28560	

* Significativo ao nível de 10% de probabilidade.

** Significativo ao nível de 1% de probabilidade.

Tabela 15. Valores, significâncias e esperanças dos quadrados médios obtidos nas análises de variâncias para a combinação de locais 2 a 2, para peso de espigas despalhadas (g/planta), altura da planta (cm), altura da espiga (cm) e para índice de espigas, das progenies de meios irmãos interpopulacionais para a população 2.

F.V.	L1 x L2		L1 x L3		L2 x L3	
	G.L.	Q.M.	G.L.	Q.M.	G.L.	Q.M.
Peso de espigas						
Locais (L)	1	616,07936	1	103.125,90200	1	119.790,97400
Progenies (P)	120	1.896,26693**	120	1.140,74949**	120	2.003,26095**
L x P	120	1.434,22254*	120	557,72197ns	120	1.415,02346*
Erro médio	240	1.135,53543	240	658,59330	240	1.158,61090
C.V. (%)	13,45910		9,11360		14,42710	
Altura da planta						
Locais (L)	1	28.516,00000	1	1.190,00000	1	18.048,00000
Progenies (P)	120	208,15000**	120	161,78330**	120	208,20000**
L x P	120	140,43340ns	120	82,31660ns	120	140,20000ns
Erro médio	240	131,52245	240	76,63030	240	144,87285
C.V. (%)	3,97680		2,95890		4,00330	
Altura da espiga						
Locais (L)	1	16.966,500000	1	2.294,00000	1	31.778,00000
Progenies (P)	120	157,84160*	120	124,53340**	120	143,32500*
L x P	120	110,81260ns	120	58,23340ns	120	116,65000ns
Erro médio	240	113,65285	240	59,65285	240	113,90000
C.V. (%)	6,55410		4,43480		6,59800	
Índice de espigas						
Locais (L)	1	0,00000	1	0,63380	1	0,62220
Progenies (P)	120	0,03840**	120	0,05760**	120	0,05440**
L x P	120	0,02540*	120	0,02960ns	120	0,03440ns
Erro médio	240	0,02126	240	0,03602	240	0,03669
C.V. (%)	9,01520		10,01950		10,81910	

* Significativo ao nível de 10% de probabilidade; ** Significativo ao nível de 1% de probabilidade; ns Não significativo.

Tabela 16. Valores, significâncias e esperanças dos quadrados médios obtidos nas análises conjuntas de variância, para peso de espigas (g/planta), altura da planta (cm), altura da espiga (cm) e índice de espigas, das progênes de meios irmãos interpopulacionais, para as duas populações.

F.V.	BR-106 (O) (população 1)		BR-105 (O) (população 2)	
	G.L.	Q.M.	G.L.	Q.M.
Peso de espigas				
Locais (L)	1	8.219,81664	2	75.405,96200
Progênes (P)	168	1.534,46448**	120	1.954,58240**
L x P	168	773,67026*	240	1.126,32170*
Erro médio	336	640,35448	360	984,23320
C.V. (%)	12,30047		16,52000	
Altura da planta				
Locais (L)	1	171.608,00000	2	7.969,50000
Progênes (P)	168	347,00000**	120	228,71600**
L x P	168	165,82140ns	240	120,70000ns
Erro médio	336	155,98220	360	117,67500
C.V. (%)	5,93795		5,11135	
Altura da espiga				
Locais (L)	1	111.495,52400	2	17.017,50000
Progênes (P)	168	272,11600**	120	165,31660**
L x P	168	110,55000ns	240	95,25840ns
Erro médio	336	113,06638	360	95,73660
C.V. (%)	9,55713		8,44973	
Índice de espigas				
Locais (L)	1	0,76760	2	0,41880
Progênes (P)	168	0,17083**	120	0,06020**
L x P	168	0,12420**	240	0,02980ns
Erro médio	336	0,01760	360	0,03132
C.V. (%)	10,69879		14,38818	

* Significativo ao nível de 10% de probabilidade; ** Significativo ao nível de 1% de probabilidade; ns Não significativo.

Tabela 17. Estimativas obtidas a nível interpopulacional, das variâncias genéticas entre progênes (σ^2_p), variâncias aditivas (σ^2_A), variâncias fenotípicas entre médias de progênes ($\sigma^2_{\bar{F}}$), desvio padrão fenotípico entre médias de progênes ($\sigma^2_{\bar{F}}$) e herdabilidade ao nível de médias de progênes de meios irmãos ($h^2(\bar{x})$), para peso de espigas (g/planta), altura da planta (cm), altura da espiga (cm) e para Índice de espigas, para a população 1 (BR-106p) nos locais Goiânia e Sete Lagoas.

Parâmetros	Peso de espigas	Altura da planta	Altura da espiga	Índice de espigas ($\times 10^2$)
BR-106(p) - População 1 (Goiânia)				
σ^2_{p12}	269,75 $\pm$ (54,77)	56,53 $\pm$ (10,73)	59,94 $\pm$ (12,35)	1,21 $\pm$ (0,22)
σ^2_{A12}	719,29 $\pm$ (146,05)	150,73 $\pm$ (28,62)	135,83 $\pm$ (32,95)	3,21 $\pm$ (0,59)
$\sigma^2_{\bar{F}12}$	456,46	92,27	101,88	1,905
$\sigma^2_{\bar{F}12}$	21,27	9,61	10,09	13,803
$h^2(\bar{x})$	0,59 $\pm$ (0,06)	0,61 $\pm$ (0,06)	0,50 $\pm$ (0,08)	0,63 $\pm$ (0,06)
BR-106(p) - População 1 (Sete Lagoas)				
σ^2_{p12}	243,96 $\pm$ (88,91)	43,89 $\pm$ (22,07)	27,33 $\pm$ (11,81)	0,832 $\pm$ (0,235)
σ^2_{A12}	650,55 $\pm$ (237,08)	117,04 $\pm$ (58,85)	78,89 $\pm$ (31,50)	2,218 $\pm$ (0,627)
$\sigma^2_{\bar{F}12}$	688,60	164,13	89,46	1,89065
$\sigma^2_{\bar{F}12}$	26,24	12,81	9,41	13,75007
$h^2(\bar{x})$	0,35 $\pm$ (0,10)	0,27 $\pm$ (0,11)	0,31 $\pm$ (0,11)	0,44 $\pm$ (0,09)

Os valores entre parênteses referem-se às precisões das estimativas obtidas.

Tabela 18. Estimativas obtidas a nível interpopulacional, das variâncias genéticas entre progênes (σ^2_p), variâncias aditivas (σ^2_A), variâncias fenotípicas entre médias de progênes (σ^2_F), desvio padrão fenotípico entre médias de progênes (σ^2_F) e herdabilidade ao nível de médias de progênes de meios irmãos ($h^2(\bar{x})$), para peso de espigas despalhadas (g/planta), altura da planta (cm), altura de espiga (cm) e para Índice de espigas, para a população 2 (BR-105p) nos locais Goiás, Sete Lagoas e Londrina.

Parâmetros	Peso de espigas	Altura da planta	Altura da espiga	Índice de espigas ($\times 10^2$)
BR-105(p) - População 2 (Goiânia)				
σ^2_{p21}	84,93 $\pm$ (65,68)	29,36 $\pm$ (8,80)	18,06 $\pm$ (7,21)	0,5146 $\pm$ (0,200)
σ^2_{A21}	226,47 $\pm$ (175,15)	78,29 $\pm$ (23,47)	48,43 $\pm$ (19,23)	1,3723 $\pm$ (0,600)
σ^2_{F21}	402,80	60,99	47,86	1,544
σ^2_{F21}	20,07	7,81	6,92	12,4256
$h^2(\bar{x})$	0,21 $\pm$ (0,14)	0,48 $\pm$ (0,09)	0,38 $\pm$ (0,11)	0,33 $\pm$ (0,12)
BR-105(p) - População 2 (Sete Lagoas)				
σ^2_{p21}	444,79 $\pm$ (192,60)	13,39 $\pm$ (19,34)	2,52 $\pm$ (15,43)	0,549 $\pm$ (0,300)
σ^2_{A21}	1.186,10 $\pm$ (513,60)	35,70 $\pm$ (51,57)	6,72 $\pm$ (41,15)	1,465 $\pm$ (0,700)
σ^2_{F21}	1262,38	113,27	86,47	1,646
σ^2_{F21}	35,53	10,64	9,30	12,822
$h^2(\bar{x})$	0,35 $\pm$ (0,12)	0,12 $\pm$ (0,16)	0,03 $\pm$ (0,18)	0,33 $\pm$ (0,12)
BR-105(p) - População 2 (Londrina)				
σ^2_{p21}	105,72 $\pm$ (71,93)	15,93 $\pm$ (9,70)	13,57 $\pm$ (6,76)	0,225 $\pm$ (0,487)
σ^2_{A21}	281,92 $\pm$ (191,81)	42,47 $\pm$ (25,86)	36,19 $\pm$ (18,03)	0,599 $\pm$ (1,299)
σ^2_{F21}	446,48	60,92	43,52	2,7975
σ^2_{F21}	21,13	7,80	6,60	16,7258
$h^2(\bar{x})$	0,24 $\pm$ (0,14)	0,26 $\pm$ (0,13)	0,31 $\pm$ (0,12)	0,08 $\pm$ (0,17)

Os valores entre parênteses referem-se as precisões das estimativas obtidas.

Tabela 19. Estimativas obtidas a nível interpopulacional das variâncias genéticas entre progênes (σ^2_p) e interações com locais (σ^2_{pl}), variâncias aditivas (σ^2_A) e interações com locais (σ^2_{Al}), variâncias fenotípicas entre médias de progênes (σ^2_F), desvio padrão fenotípico entre médias de progênes (σ^2_F) e herdabilidade ao nível de médias de progênes de meios irmãos ($h^2_{(\bar{x})}$), para peso de espigas despalhadas (g/planta), altura da planta (cm), altura da espiga (cm) e para índice de espigas para a combinação de locais L1 x L2 da população 2.

Parâmetros	Peso de espigas	Altura da planta	Altura da espiga	Índice de espigas (x102)
BR-105(p) - População 2 (Goiânia x Sete Lagoas)				
σ^2_{p21}	115,51±(76,10)	16,93±(8,04)	11,76±(6,17)	0,325±(0,147)
σ^2_{A21}	308,03±(202,93)	45,14±(21,43)	31,35±(16,46)	0,867±(0,393)
σ^2_{pl21}	149,34±(105,33)	4,46±(10,80)	-	0,207±(0,188)
σ^2_{Al21}	398,25±(280,88)	11,88±(28,79)	-	0,552±(0,501)
σ^2_{F21}	474,07	52,04	39,46	0,960
σ^2_{F21}	21,77	7,21	6,28	9,798
$h^2_{(\bar{x})}$	0,24±(0,14)	0,33±(0,12)	0,30±(0,13)	0,34±(0,12)

Os valores entre parênteses referem-se as precisões das estimativas obtidas.

Tabela 20. Estimativas obtidas a nível interpoblacional das variâncias genéticas entre progênies (σ^2_p) e interações com locais (σ^2_{pL}), variâncias aditivas (σ^2_A) e interações com locais (σ^2_{AL}), variâncias fenotípicas entre médias de progênies (σ^2_F), desvio padrão fenotípico entre médias de progênies (σ^2_F) e herdabilidade ao nível de médias de progênies de meios irmãos ($h^2_{(\bar{x})}$), para peso de espigas despalhadas (g/planta), altura da planta (cm), altura da espiga (cm) e para índice de espigas para a combinação de locais L1 x L3 da população 2.

Parâmetros	Peso de espigas	Altura da planta	Altura da espiga	Índice de espigas (x102)
BR-105(q) - População 2 (Goiânia x Londrina)				
σ^2_{p21}	145,76±(40,64)	19,87±(5,81)	16,58±(4,40)	0,700±(0,207)
σ^2_{A21}	388,69±(104,39)	52,98±(15,49)	44,20±(11,73)	1,867±(0,503)
σ^2_{pL21}	-	2,84 (6,32)	-	-
σ^2_{AL21}	-	7,58 (16,85)	-	-
σ^2_{F21}	285,19	40,45	31,13	1,440
σ_{F21}	16,89	6,36	5,58	12,000
$h^2_{(\bar{x})}$	0,51±(0,09)	0,49±(0,09)	0,53±(0,09)	0,49±(0,09)

Os valores entre parênteses referem-se as precisões das estimativas obtidas.

Tabela 21. Estimativas obtidas a nível interpopulacional, das variâncias genéticas entre progênies (σ^2_p) e interações com locais (σ^2_{pL}), variâncias aditivas (σ^2_A) e interações com locais (σ^2_{AL}), variâncias fenotípicas entre médias de progênies (σ^2_F), desvio padrão fenotípico entre médias de progênies ($\sigma^2_{\bar{F}}$) e herdabilidade ao nível de médias de progênies de meios irmãos ($h^2(\bar{x})$), para peso de espigas despalhadas (g/planta), altura da planta (cm), altura da espiga (cm) e para índice de espigas para a combinação de locais $L_2 \times L_3$ da população 2.

Parâmetros	Peso de espigas	Altura da planta	Altura da espiga	Índice de espigas ($\times 10^2$)
BR-105(ϕ) - População 2 (Sete Lagoas x Londrina)				
σ^2_{p21}	147,06 $\pm$ (78,51)	17,00 $\pm$ (8,03)	6,67 $\pm$ (5,92)	0,500 $\pm$ (0,206)
σ^2_{A21}	392,16 $\pm$ (209,35)	45,33 $\pm$ (21,43)	17,78 $\pm$ (15,77)	1,300 $\pm$ (0,549)
σ^2_{pL21}	128,21 $\pm$ (104,78)	-	1,38 $\pm$ (9,09)	-
σ^2_{AL21}	341,88 $\pm$ (279,42)	-	3,61 $\pm$ (24,23)	-
$\sigma^2_{\bar{F}21}$	500,82	52,05	35,83	1,360
σ^2_{F21}	22,38	7,21	5,99	11,662
$h^2(\bar{x})$	0,29 $\pm$ (0,13)	0,33 $\pm$ (0,12)	0,19 $\pm$ (0,15)	0,37 $\pm$ (0,11)

Os valores entre parênteses referem-se as precisões das estimativas obtidas.

Tabela 22. Estimativas obtidas a nível interpoblacional das variâncias genéticas entre progênies (σ_p^2) e interações com locais ($\sigma_{p\ell}^2$), variâncias aditivas (σ_A^2) e interações com locais ($\sigma_{A\ell}^2$), variâncias fenotípicas entre médias de progênies (σ_F^2), desvio padrão fenotípico entre médias de progênies (σ_F^2) e herdabilidade ao nível de médias de progênies de meios irmãos ($h^2(\bar{x})$) e variâncias genéticas aditivas ($\sigma_{A(12)}^2$) e interações com locais ($\sigma_{A\ell(12)}^2$), para peso de espigas despalhadas (g/planta), altura da planta (cm), altura da espiga (cm) e para índice de espigas para a análise conjunta dos cruzamentos entre as populações BR-105xBR-106a.

Parâmetros	Peso de espigas	Altura da planta	Altura da espiga	Índice de espigas ($\times 10^2$)
BR-106 (q) - População 1				
σ_p^2	190,20 $\pm$ (46,60)	45,29 $\pm$ (10,43)	49,39 $\pm$ (7,69)	1,165 $\pm$ (0,573)
σ_{A12}^2	507,20 $\pm$ (124,26)	120,79 $\pm$ (27,81)	107,71 $\pm$ (21,24)	3,107 $\pm$ (1,527)
$\sigma_{p\ell 12}^2$	66,66 $\pm$ (48,65)	4,92 $\pm$ (10,81)	-	5,330 $\pm$ (0,677)
$\sigma_{A\ell 12}^2$	177,75 $\pm$ (129,74)	13,12 $\pm$ (28,83)	-	14,213 $\pm$ (1,805)
σ_F^2	383,62	86,75	68,03	4,270
σ_F^2	19,59	9,31	8,25	20,664
$h^2(\bar{x})$	0,50 $\pm$ (0,08)	0,52 (0,07)	0,59 $\pm$ (0,06)	0,27 $\pm$ (0,11)
BR-105 (q) - População 2				
σ_p^2	138,04 $\pm$ (45,07)	18,00 $\pm$ (5,21)	11,68 $\pm$ (3,81)	0,507 $\pm$ (0,136)
σ_{A21}^2	368,12 $\pm$ (120,18)	48,00 $\pm$ (13,89)	31,14 $\pm$ (10,16)	1,351 $\pm$ (0,363)
$\sigma_{p\ell 21}^2$	71,04 $\pm$ (62,92)	1,51 $\pm$ (7,02)	-	-
$\sigma_{A\ell 21}^2$	189,45 $\pm$ (167,79)	4,03 $\pm$ (18,71)	-	-
σ_F^2	325,76	38,12	27,65	1,003
σ_F^2	18,05	6,17	5,25	10,017
$h^2(\bar{x})$	0,42 $\pm$ (0,09)	0,47 $\pm$ (0,08)	0,42 $\pm$ (0,09)	0,51 $\pm$ (0,08)
BR-105 e BR-106 são testadores recíprocos um do outro.				
$\sigma_{A(12)}^2$	437,66	84,395	69,43	2,23
$\sigma_{A\ell(12)}^2$	183,60	26,710	-	7,11

Os valores entre parênteses referem-se às precisões das estimativas obtidas.

Tabela 23. Valores médios dos locais onde se deseja o progresso ($\bar{x}$), progresso esperado para as populações 1 e 2 em ganhos diretos (Gs)* e progresso com a seleção em porcentagem da média original dos locais para onde se deseja o progresso (%Gs) para as variáveis, peso de espigas despalhadas (g/planta), altura da planta (cm), altura da espiga (cm) e para índice de espigas (esp/planta).

Progresso com seleção	Peso de espigas			Altura da planta			Altura da espiga			Índice de espigas		
	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs
BR-106(p) - População 1												
Gs (1/1)	209,23	10,97	5,24	226,26	5,16	2,28	124,10	4,43	3,57	1,26	0,077	6,08
Gs (2/2)	202,26	8,16	4,03	194,40	3,01	1,55	58,42	2,74	2,78	1,22	0,053	4,35
Gs (1,2/1,2) ⁺	205,74	10,01	4,87	210,33	4,50	2,14	111,26	4,29	3,86	1,24	0,046	3,71
BR-105(p) - População 2												
Gs (1/1)	197,76	3,71	1,88	218,39	3,30	1,51	119,50	2,30	1,92	1,250	0,036	2,88
Gs (2/2)	200,04	10,99	5,49	203,04	1,10	0,54	107,64	0,24	0,22	1,250	0,038	3,04
Gs (3/3)	168,58	4,39	2,60	215,25	1,79	0,83	123,85	1,80	1,45	1,180	0,012	0,99
Gs (1,2/1,2)	198,90	7,67	3,86	210,72	2,33	1,11	113,67	1,54	1,35	1,250	0,038	3,00
Gs (1,3/1,3)	183,17	6,26	3,42	216,82	2,93	1,35	121,68	2,55	2,10	1,215	0,039	3,22
Gs (2,3/2,3)	184,31	8,28	4,49	209,15	1,93	0,92	115,75	1,08	0,93	1,215	0,033	2,74
Gs (1,2,3/1,2,3)	188,79	7,84	4,15	212,23	2,63	1,24	117,00	1,94	1,66	1,227	0,042	3,44

* Considerou-se a mesma intensidade de seleção (10%) e seleção truncada.

+ Gs(1,2/1,2): A população em questão é avaliada nos locais 1 e 2 e estima-se o progresso com a seleção na média dos locais.

Tabela 24. Valores médios dos locais onde se deseja o progresso ($\bar{x}$), progresso esperado para a população 1 por ciclo de seleção (Gs)* e progresso com a seleção em porcentagem da média original dos locais para onde se deseja o progresso (%Gs) para as variáveis, peso de espigas despalhadas (g/planta), altura da planta (cm), altura da espiga (cm) e para Índice de espigas.

Progresso com seleção	Peso de espigas			Altura da planta			Altura da espiga			Índice de espigas		
	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs
Gs(2/1)	202,26	7,74	3,83	194,40	4,14	2,13	98,42	3,51	3,57	1,22	0,074	6,07
Gs(1,2/1)	205,74	9,36	4,55	210,33	4,65	2,21	111,26	3,50	3,15	1,24	0,075	6,08
Gs(1/2)	209,23	6,36	3,04	226,26	3,10	1,37	124,10	3,75	3,02	1,26	0,074	5,90
Gs(1,2/2)+	205,74	7,26	3,55	210,33	3,05	1,45	111,26	3,25	2,92	1,24	0,064	5,14
Gs(1/1,2)	209,23	10,30	4,92	226,26	4,80	2,12	124,10	4,86	3,92	1,26	0,050	4,00
Gs(2/1,2)	202,26	9,72	4,81	194,40	4,20	2,16	98,42	3,72	3,78	1,22	0,042	3,48

* Considerou-se a mesma intensidade de seleção (10%) e seleção truncada.

+ Gs(1,2/2): A população 1 é avaliada no local 2 e estima-se o progresso esperado com a seleção na média dos locais 1 e 2.

Tabela 25. Valores médios dos locais para onde se deseja o progresso ($\bar{x}$), progresso esperado para a população 2 por ciclo de seleção (Gs)* e progresso com a seleção em porcentagem da média original dos locais para onde se deseja o progresso (%Gs) para as variáveis, peso de espigas despalhadas(g/planta), altura da planta(cm), altura da espiga(cm) e para índice de espigas.

Progresso com seleção	Peso de espigas			Altura da planta			Altura da espiga			Índice de espigas		
	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs
Gs(2/1)	200,04	5,05	2,52	203,04	1,90	0,94	107,64	1,49	1,38	1,250	0,023	1,84
Gs(3/1)	168,58	6,37	3,78	215,25	2,23	1,04	123,85	2,10	1,70	1,180	0,049	4,19
Gs(1,2/1)	198,90	4,38	2,20	210,72	2,60	1,23	113,57	1,90	1,67	1,250	0,030	2,37
Gs(1,3/1)	183,17	5,04	2,75	216,82	2,77	1,28	121,68	2,20	1,81	1,215	0,043	3,53
Gs(2,3/1)+	184,31	5,74	3,11	209,15	2,05	0,98	115,75	1,80	1,56	1,215	0,036	2,98
Gs(1,2,3/1)	188,79	5,05	2,67	212,33	2,48	1,17	117,00	1,97	1,68	1,227	0,036	2,95
Gs(1/2)	197,76	2,85	1,44	218,39	1,40	0,64	119,50	1,11	0,93	1,250	0,022	1,78
Gs(3/2)	168,58	3,63	2,15	215,25	1,40	0,65	123,85	0,63	0,51	1,180	0,034	2,90
Gs(1,2/2)	198,90	6,92	3,48	210,72	1,25	0,69	113,57	0,67	0,59	1,250	0,030	2,39
Gs(1,3/2)	187,13	3,24	1,77	216,82	1,40	0,65	121,68	0,87	0,71	1,215	0,028	2,32
Gs(2,3/2)	184,31	7,31	3,97	209,15	1,25	0,60	115,75	0,43	0,37	1,215	0,036	2,95
Gs(1,2,3/2)	188,79	5,82	3,08	212,23	1,30	0,61	117,00	0,66	0,56	1,227	0,031	2,56
Gs(1/3)	183,17	6,05	3,06	218,39	2,24	1,03	119,50	2,20	1,84	1,215	0,037	2,94
Gs(2/3)	184,31	6,11	3,05	203,04	1,91	0,94	107,64	0,89	0,83	1,215	0,026	2,01

* Considerou-se a mesma intensidade de seleção (10%) e seleção truncada.

+ Gs(2,3/1): A população 2 é avaliada no local 1 e estima-se o progresso esperado com a seleção na média dos locais 2 e 3.

Tabela 26. Valores médios dos locais para onde se deseja o progresso ($\bar{x}$), progresso esperado para a população 2 por ciclo de seleção (Gs)* e progresso com a seleção em porcentagem da média original dos locais para onde se deseja o progresso (%Gs) para as variáveis, peso de espigas destalhadas (g/planta), altura da planta (cm), altura da espiga (cm) e para Índice de espigas.

Progresso com seleção	Peso de espigas			Altura da planta			Altura da espiga			Índice de espigas		
	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs
Gs(1,2/3)	198,90	6,08	3,06	210,72	2,07	0,98	113,57	1,55	1,36	1,250	0,031	2,52
Gs(1,3/3)	183,17	5,22	2,85	216,82	2,01	0,93	121,58	2,00	1,64	1,215	0,024	2,00
Gs(2,3/3)	184,31	5,25	2,85	209,15	1,85	0,88	115,75	1,35	1,17	1,215	0,019	1,56
Gs(1,2,3/3)	188,79	5,52	2,92	212,23	1,98	0,93	117,00	1,63	1,39	1,227	0,025	2,03
Gs(1/1,2)	197,76	4,04	2,04	218,39	2,82	1,29	119,50	2,09	1,75	1,250	0,038	3,01
Gs(2/1,2)	200,04	11,09	5,64	203,04	1,84	0,91	107,64	1,00	0,93	1,250	0,039	3,13
Gs(3/1,2)	168,58	5,90	3,50	215,25	2,24	1,04	123,85	1,62	1,31	1,180	0,046	3,89
Gs(1,3/1,2)	183,17	4,97	2,71	216,82	2,53	1,17	121,68	1,86	1,53	1,215	0,046	3,76
Gs(2,3/1,2)	184,31	8,60	4,67	209,15	2,04	0,98	115,75	1,31	1,13	1,215	0,046	3,82
Gs(1,2,3/1,2) ⁺	188,79	7,08	3,75	212,23	2,30	1,08	117,00	1,57	1,34	1,227	0,043	3,55
Gs(1/1,3)	197,76	5,99	3,03	218,39	3,40	1,56	119,50	2,73	2,28	1,250	0,044	3,55
Gs(2/1,3)	200,04	6,82	3,41	203,04	2,34	1,15	107,64	1,45	1,35	1,250	0,030	2,41
Gs(3/1,3)	163,58	6,53	3,87	215,25	2,47	1,15	123,85	1,19	0,96	1,180	0,034	2,87
Gs(1,2/1,3)	198,90	6,41	3,22	210,72	2,79	1,32	113,57	2,09	1,84	1,250	0,037	2,98

* Considerou-se a mesma intensidade de seleção (10%) e seleção truncada.

⁺ Gs(1,2,3/1,2): A população 2 é avaliada nos locais 1 e 2 e estima-se o progresso esperado com a seleção na média dos 3 locais.

Tabela 27. Valores médios dos locais para onde se deseja o progresso ($\bar{x}$), progresso esperado para a população 2 por ciclo de seleção (Gs)* e progresso com a seleção em porcentagem da média original dos locais para onde se deseja o progresso (%Gs) para as variáveis, peso de espigas despalhadas(g/planta), altura da planta(cm), altura da espiga(cm) e para índice de espigas.

Progresso com seleção	Peso de espigas			Altura da planta			Altura da espiga			Índice de espigas		
	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs
Gs(2,3/1,3)	184,31	6,68	3,62	209,15	2,40	1,15	115,75	1,91	1,65	1,215	0,032	2,63
Gs(1,2,3/1,3)	188,79	6,45	3,42	212,23	2,74	1,29	117,00	2,18	1,86	1,227	0,036	2,94
Gs(1/2,3) ⁺	197,76	5,12	2,59	218,39	2,24	1,03	119,50	2,08	1,74	1,250	0,033	3,09
Gs(2/2,3)	200,04	11,60	5,80	203,04	2,05	1,01	107,64	0,67	0,62	1,250	0,039	3,16
Gs(3/2,3)	168,58	4,96	2,94	215,25	2,00	0,93	123,85	1,48	1,19	1,180	0,027	2,31
Gs(1,2/2,3)	198,90	8,36	4,21	210,72	2,04	0,97	113,57	1,37	1,21	1,250	0,039	3,12
Gs(1,3/2,3)	183,17	5,04	2,75	216,82	2,12	0,98	121,68	1,78	1,46	1,215	0,033	2,71
Gs(1,2,3/2,3)	188,79	7,23	3,83	212,23	2,03	0,96	117,00	1,41	1,21	1,227	0,035	2,86
Gs(1/1,2,3)	197,76	5,61	2,84	218,39	3,14	1,44	119,50	2,59	2,17	1,250	0,045	3,60
Gs(2/1,2,3)	200,04	11,46	5,73	203,04	2,24	1,10	107,64	1,17	1,09	1,250	0,040	3,21
Gs(3/1,2,3)	168,58	6,46	3,83	215,25	2,99	1,39	123,85	2,05	1,66	1,180	0,042	3,53
Gs(1,2/1,2,3)	198,90	8,54	4,29	210,72	2,69	1,28	113,57	1,88	1,66	1,250	0,043	3,40
Gs(1,3/1,2,3)	183,17	6,03	3,29	216,82	2,82	1,30	121,68	2,32	1,91	1,215	0,043	3,56
Gs(2,3/1,2,3)	184,31	8,96	4,86	209,15	2,37	1,13	115,75	2,28	1,97	1,215	0,041	3,36

* Considerou-se a mesma intensidade de seleção (10%) e seleção truncada.

+ Gs(1/2,3): A população 2 é avaliada nos locais 2 e 3 e estima-se o progresso esperado com a seleção no local 1.

Tabela 28. Valor médio das populações 1 e 2 para a soma dos locais ($\bar{x}$), progresso esperado com seleção no híbrido interpopulacional ($Gs(12)$)* por ciclo de seleção e progresso com seleção em porcentagem da média geral (%Gs) para as variáveis, peso de espigas despalhadas (g/planta), altura da planta (cm), altura da espiga (cm) e para Índice de espigas.

Progresso com seleção	Peso de espigas				Altura da planta				Altura da espiga				Índice de espigas			
	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs	$\bar{x}$	Gs	%Gs	%Gs
Gs(12) [L1]	203,50	14,68	7,21	222,33	8,46	3,81	121,80	6,73	5,53	1,26	0,113	8,97				
Gs(12) [L2] ⁺	201,15	19,15	9,52	198,72	4,11	2,07	103,03	2,98	2,89	1,24	0,091	7,34				
Gs(12) [L1L2]	202,33	17,68	8,74	210,53	6,83	3,24	112,42	5,83	5,19	1,25	0,084	6,72				
Gs(12) [‡]	197,17	17,85	9,05	211,28	7,13	3,37	114,72	6,23	5,43	1,24	0,088	7,10				
<hr/>																
Gs(12) [L2/L1]	201,15	12,79	6,36	198,72	6,04	3,04	103,03	5,00	4,85	1,24	0,097	7,82				
Gs(12) [L1/L2]	203,50	9,21	4,53	222,33	4,50	2,02	121,80	4,86	3,99	1,26	0,096	7,62				
Gs(12) [L1/L1L2]	203,50	14,34	7,05	222,33	7,62	3,43	121,80	6,95	5,71	1,26	0,088	6,98				
Gs(12) [L2/L1L2]	201,15	21,01	10,44	198,72	6,04	3,04	103,03	4,72	4,58	1,24	0,081	6,53				
Gs(12) [L1L2/L1]	202,33	13,74	6,79	210,53	7,25	3,44	112,42	5,40	4,80	1,25	0,105	8,40				
Gs(12) [L1L2/L2]	202,33	14,18	7,01	210,53	4,30	2,04	112,42	3,92	3,49	1,25	0,094	7,52				

* Considerou-se a intensidade de seleção de 10% e seleção truncada.

+ Gs(12)[L2]: Progresso esperado no híbrido interpopulacional quando as duas populações são avaliadas e selecionadas no local 2.

‡ Gs(12): Progresso esperado no híbrido interpopulacional quando as avaliações e seleções são feitas em todos os locais propostos.

F I G U R A S

Figura 1. Distribuição de frequências do caráter peso de espigas, para a população 1, para os locais 1 e 2 (Goiânia e Sete Lagoas) e para a média dos locais, respectivamente.

Figura 2. Distribuição de frequências do caráter peso de espigas, para a população 2, para os locais 1 e 2 (Goiânia e Sete Lagoas), respectivamente.

Figura 3. Distribuição de frequências do caráter peso de espigas, para a população 2, para o local 3 (Londrina), e para a média de locais (L_1 , L_2 e L_3), respectivamente.

Figura 4. Distribuição de frequências do caráter altura da planta, para a população 1, para os locais 1 e 2 (Goiânia e Sete Lagoas) e para a média dos locais, respectivamente.

Figura 5. Distribuição de frequências do caráter altura da planta, para a população 2, para os locais 1 e 2 (Goiânia e Sete Lagoas), respectivamente.

Figura 6. Distribuição de frequências do caráter altura da planta, para a população 2, para o local 3 (Londrina), e para a média de locais (L_1 , L_2 e L_3).

Figura 7. Distribuição de frequências do caráter altura da espiga, para a população 1, para os locais 1 e 2 (Goiânia e Sete Lagoas), e para a média de locais, respectivamente.

Figura 8. Distribuição de frequências do caráter altura da espiga, para a população 2, para os locais 1 e 2 (Goiânia e Sete Lagoas), respectivamente.

Figura 9. Distribuição de frequências do caráter altura da espiga, para a população 2, para o local 3 (Londrina), e para a média de locais (L_1 , L_2 e L_3), respectivamente.

Figura 10. Distribuição de frequências do caráter índice de espigas, para a população 1, para os locais 1 e 2 (Goiânia e Sete Lagoas) e para a média de locais, respectivamente.

Figura 11. Distribuição de frequências do caráter Índice de espigas, para a população 2, para os locais 1 e 2 (Goiânia e Sete Lagoas), respectivamente.

Figura 12. Distribuição de frequências do caráter índice de espigas, para a população 2, para o local 3 (Londrina), e para a média de 10 cais (L₁, L₂ e L₃), respectivamente.

Figura 13. Distribuição teórica dos valores esperados dos híbridos simples e duplos obtidos a partir do cruzamento entre linhagens das duas populações, para os locais 1 e 2 - Goiânia-GO e Sete Lagoas-MG, respectivamente.

Figura 14. Distribuição teórica dos valores esperados dos híbridos simples e duplos obtidos a partir do cruzamento entre linhagens das duas populações, para as médias de 2 e 3 locais (L_1 e L_2) - Goiânia-GO e Sete Lagoas-MG, e (L_1 , L_2 e L_3) - Goiânia-GO, Sete Lagoas-MG e Londrina-PR, respectivamente.