SELEÇÃO RECORRENTE COM ENDOGAMIA
EM DUAS POPULAÇÕES DE MILHO (*zea mays* L.)

JOSÉ RAIMUNDO BONADIE MARQUES
Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

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

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Março - 1988

M357s

Marques, José Raimundo Bonadie

Seleção recorrente com endogamia em duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1988. 145p. ilustr.

Diss.(Mestre) - ESALQ
Bibliografia

1. Milho - Endogamia. 2. Milho - População.
3. Milho - Seleção. I. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Piracicaba.

CDD 633.15

SELEÇÃO RECORRENTE COM ENDOGAMIA
EM DUAS POPULAÇÕES DE MILHO (*Zea mays* L.)

José Raimundo Bonadie Marques

Aprovada em 17/03/88

Comissão Julgadora:

Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho	ESALQ/USP
Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Junior	ESALQ/USP
Prof. Dr. Lázaro José Chaves	EA/UFGO

Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho
Orientador

À minha esposa e filho

Aos meus pais, irmãos, tios e primos

À memória de meu primo, Alfredo.

DEDICO.

AGRADECIMENTOS

- Ao Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO pela orientação segura, amizade e incentivo durante o decorrer do curso;
- À Comissão Executiva do Plano da Lavoura Cacaueira (CEPLAC), pela oportunidade de aperfeiçoamento técnico oferecida, a nível de pós-graduação;
- Ao amigo e companheiro Paulo de Souza Gonçalves, pelos incentivos e inúmeros favores que gentilmente me prestou, durante minha estada em Piracicaba;
- Aos colegas Ailton Ribeiro e Angela M. Maluf pela colaboração prestada durante o desenvolvimento deste trabalho e, essencialmente, pela grande amizade;
- À Bibliotecária Nilce T.P. Sigrist e ao Sérgio Roberto Bertin, pela ajuda na revisão da literatura citada e na computação dos dados, respectivamente;
- Ao Miotto, Benedito, Marcos e Nivaldo, pelo auxílio na condução dos trabalhos experimentais;
- Aos funcionários do Departamento de Genética pela atenção e colaboração, prestados durante o período de estudo.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	viii
SUMMARY	xi
1. INTRODUÇÃO	01
2. REVISÃO DE LITERATURA	04
2.1. Seleção recorrente	04
2.1.1. Considerações gerais	04
2.1.2. Seleção recorrente sem endogamia ...	06
2.1.3. Seleção recorrente com endogamia ...	07
2.1.4. Efeitos da seleção recorrente na eficiência de obtenção de linhagens ...	11
2.2. Estimativas da variância genética em populações de milho	14
2.3. Coeficiente de herdabilidade em populações de milho	20
3. MATERIAL E MÉTODOS	23
3.1. Material	23
3.2. Métodos	24
3.2.1. Seleção massal estratificada	24
3.2.2. Primeiro ciclo de seleção com endogamia	25
3.2.2.1. Obtenção das progêneses S_1 .	25
3.2.2.2. Avaliação das progêneses S_1 .	26
3.2.2.3. Recombinação das progêneses S_1 .	29
3.2.3. Segundo ciclo de seleção com endogamia	30
3.2.3.1. Obtenção das progêneses S_1 ..	30
3.2.3.2. Avaliação das progêneses S_1 .	31
3.2.3.3. Recombinação das progêneses S_1 .	32

3.2.4. Terceiro ciclo de seleção com endogamia	33
3.2.4.1. Obtenção das progênes S_2 ..	33
3.2.4.2. Avaliação das progênes S_2 .	34
3.3. Análises estatístico genéticas	36
3.4. Determinação da precisão de estimativas ...	43
3.5. Depressão por endogamia	44
3.6. Distribuição das frequências	45
4. RESULTADOS	46
4.1. Resultados gerais do primeiro ciclo de seleção	46
4.2. Resultados gerais do segundo ciclo de seleção	50
4.3. Resultados gerais do terceiro ciclo de seleção	54
5. DISCUSSÃO	61
5.1. Produção	61
5.1.1. Valores médios	62
5.1.2. Estimativas de parâmetros genéticos.	70
5.1.2.1. Estimativas de parâmetros genéticos em progênes S_1 do primeiro ciclo de seleção .	72
5.1.2.2. Estimativas de parâmetros genéticos em progênes S_1 do segundo ciclo de seleção ..	76
5.1.2.2. Estimativas de parâmetros genéticos em progênes S_2 do terceiro ciclo de seleção .	80
5.2. Outros caracteres	86
5.2.1. Valores médios	86
5.2.2. Estimativas de parâmetros genéticos	87

5.3. Considerações finais	89
6. CONCLUSÕES	92
TABELAS	95
FIGURAS	117
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	131

SELEÇÃO RECORRENTE COM ENDOGAMIA
EM DUAS POPULAÇÕES DE MILHO (*Zea mays* L.)

Autor: JOSÉ RAIMUNDO BONADIE MARQUES

Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

RESUMO

As populações de milho ESALQ-PB 2 (grãos dentados) e ESALQ-PB 3 (grãos duros ou "flint") após um ciclo de seleção massal estratificada foram submetidas a um processo cíclico de seleção recorrente com endogamia, objetivando conhecer o comportamento destas populações como tais e dos seus potenciais como fonte de linhagens endogâmicas vigorosas para utilização em esquema de produção de híbridos.

Para cada uma das populações, foram avaliados os caracteres de peso de campo, peso de três espigas e peso de grãos, além de três caracteres de planta e dois caracteres de espiga, sendo que somente o caráter peso de campo foi avaliado nos três ciclos de seleção, tendo sido os demais avaliados em um ciclo.

Os dados que fundamentaram esta pesquisa foram coletados a partir de três ciclos de seleção para a produção de grãos. No primeiro ciclo foram avaliadas 1000 progênies S_1 em dez lâminas simples 10 x 10 duplicados. No ciclo seguinte avaliaram-se 400 progênies S_1 em quatro lâminas

simples 10 x 10 triplicados. E, no último ciclo foram avaliados 490 progênies S_2 das referidas populações em dez lâminas simples 7 x 7 duplicados. Durante os ciclos de seleção, empregou-se como testemunhas a variedade "Piranão" (1º ciclo); as populações parentais, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3 (2º ciclo); e os híbridos duplos comerciais, Cargill 511 e Continax 322 (3º ciclo). Adicionalmente, foram estudados os efeitos de irradiação no primeiro ciclo e da depressão por endogamia no segundo ciclo.

Além da estimação de médias, a realização de análises de variância permitiu a obtenção de estimativas de outros parâmetros populacionais, tais como: variância genética aditiva (σ_A^2); coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas (h^2) e de médias de progênies (h_X^2); coeficientes de variação experimental (CV_e) e genético (CV_g); índice de variação ($\hat{\theta} = CV_g/CV_e$); e erro padrão da média (s_m). Também, foram elaborados histogramas de distribuição de médias para todos os caracteres estudados nas duas populações.

Dentre as estimativas de interesse destacaram-se as da variância genética aditiva em $(g/planta)^2$ para o peso de campo, que foram entre os limites (tomados sob duas hipóteses) de 114,0 a 142,5 e 125,9 a 157,4 no primeiro ciclo, 119,9 a 149,9 e 111,0 a 138,7 no segundo ciclo, e 219,2 a 246,6 e 234,4 a 263,7 no terceiro ciclo, para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3, respectivamente. Além disso, no primeiro ciclo também foram incluídas amostras irradiadas,

cujas estimativas foram de 182,8 a 228,6 e 89,9 a 112,3 para ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3, respectivamente. Também foi determinada no segundo ciclo a depressão por endogamia para os caracteres peso de campo e peso de grãos cujos valores foram de 43,82% e 43,72% para ESALQ-PB 2; e 42,49% e 49,44% para ESALQ-PB 3, respectivamente.

Uma análise global dos resultados mostrou evidências de progresso no comportamento das linhagens endogâmicas durante os ciclos de seleção. Além disso, uma análise da estrutura genética das duas populações nos ciclos de seleção leva a inferir que ambas apresentam um bom potencial para a obtenção de linhagens endogâmicas vigorosas, muito embora tenha sido detectada após dois ciclos de seleção com endogamia, a presença de uma acentuada carga genética potencial devida à presença de genes deletérios.

RECURRENT SELECTION WITH INBREEDING IN
TWO MAIZE (*Zea mays* L.) POPULATIONS

Author: JOSÉ RAIMUNDO BONADIE MARQUES
Adviser: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

SUMMARY

The maize populations ESALQ-PB 2 (yellow dent) and ESALQ-PB 3 (orange flint) after one cycle of stratified mass selection were submitted to recurrent selection under inbreeding, aiming to know the properties of these populations "per se" and their potential as source of vigorous inbred lines in hybrid programs.

For each population the following traits were evaluated: field weight, weight of three ears and kernel yield; three plant characters and two ear characters; only field weight was evaluated in the three selection cycles, and the others evaluated in one cycle.

The experimental data were obtained during three selection cycles for yield. At the first cycle 1000 S_1 progenies were evaluated in ten double 10 x 10 lattices. In the second cycle 400 S_1 progenies were evaluated in four triple 10 x 10 lattices. Finally, in the last cycle 490 S_2 progenies were evaluated in ten double 7 x 7 lattices. During the selection cycles the variety 'Piranão' (1st cycle), the

parental populations, ESALQ-PB 2 and ESALQ-PB 3 (2nd cycle) and the double-cross Cargill 511 and Contimax 322 (3rd cycle) were used as checks. It was also studied the irradiation effects in the first cycle and inbreeding depression in the second cycle.

Besides the means, the analyses of variance allowed the estimation of population parameters, such as: additive genetic variance ($\hat{\sigma}_A^2$), heretability coefficient at individual (h^2) and progenies mean basis (h_x^2); experimental and genetic coefficients of variation (CV_e and CV_g); variation index ($\hat{\theta} = CV_g/CV_e$) and mean standard erros (s_m). Also the distributions of progeny means were presented in histograms for all characters studied.

The estimates of additive genetic variance, in $(g/plant)^2$, for field weight, were pointed out, that were between the limits (taken under two hypothesis): 114.0 to 142.5 and 125.9 to 157.4 in the first cycle; 119,9 to 149,9 and 111.0 to 138.7 in the second cycle; and 219.2 to 246.6 and 234.4 to 263.7 in the third cycle, for the populations ESALQ-PB 2 and ESALQ-PB 3, respectively. In the first cycle, it was also included irradiated samples, and the respectives estimates were 182,8 to 228.6 and 89.9 to 122.3 for ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. At the second cycle it was also determined the inbreeding depression effects for the characters field weight and grain yield, which were 43.82% and 43.72% for

ESALQ-PB 2; and 42.49% and 49.44% for ESALQ - PB 3, respectively.

An overall analysis of the results showed evidence of progress in the performance of the inbred lines during the selection cycles. An analysis of the genetic structure of the two populations in the selection cycles, showed that both populations present a good potential as source of vigorous inbred lines, though an expressive part of the potential genetic load still remained after two cycles of selection under inbreeding.

1. INTRODUÇÃO

O desenvolvimento de métodos genético-estatísticos causou grande impacto no direcionamento dos programas de melhoramento, com bastante ênfase para a cultura do milho. Essas novas técnicas permitiram isolar de maneira mais eficiente o efeito ambiental, resultando num maior progresso de seleção. PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987); HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) apresentaram e discutiram diversos métodos de melhoramento de populações de milho, os quais, em suma, visam fundamentalmente ao aumento da frequência de alelos favoráveis. Contudo, é requisito fundamental para o sucesso do programa, que a população-base apresente suficiente variabilidade genética, principalmente do tipo aditiva, que está diretamente relacionada com o progresso por seleção.

O melhoramento de populações, via seleção recorrente, tem sido reconhecido como um procedimento útil tanto para a obtenção de variedades melhoradas (LONNQUIST, 1952; PATERNIANI, 1963) como para aumentar o potencial de populações como fonte de linhagens endogâmicas para a utilização em

híbridos (HALLAUER, 1973; SUWANTARADON & EBERHART, 1974; GARDNER, 1972; HARRIS et alii, 1972; MARTIN & GARDNER, 1976).

Dentre os diversos métodos de seleção recorrente, a escolha depende de diferentes fatores, tais como, a estrutura genética das populações, os objetivos do programa, os caracteres a serem selecionados, as condições experimentais, etc. Quando se tem por objetivo o melhoramento de populações como fonte de linhagens endogâmicas, HALLAUER (1978) salienta que o método com famílias S_2 é recomendável, pois possibilita a seleção contra genes deletérios nas fases endogâmicas, bem como possibilita a integração com um programa de híbridos, através da avaliação da capacidade de combinação das linhagens S_2 . MIRANDA FILHO (1981) também salienta este aspecto e apresenta comparações que mostram as vantagens do método para o melhoramento de populações.

No Brasil, são escassos os programas de melhoramento visando o aumento do potencial de populações como fonte de linhagens. Em vista disso, o presente projeto de pesquisa tem como objetivo o melhoramento simultâneo, via seleção recorrente, de duas populações geneticamente divergentes como fontes de linhagens endogâmicas vigorosas e com boas características agrônômicas, para posterior utilização em um programa de obtenção de híbridos superiores.

Nesta etapa, visou-se a avaliação de três ciclos de seleção quanto a seus aspectos como: efeito da seleção e variabilidade genética presente nos vários ciclos com relação ao caráter produção; efeitos da irradiação e da de-

pressão por endogamia, no 1º e 2º ciclos, respectivamente. No último ciclo de seleção (3º ciclo) além da produção, outros caracteres de interesse agrônômico foram avaliados a fim de se conhecer melhor a estrutura das populações e obter informações adicionais sobre o potencial das mesmas nos ciclos subseqüentes.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. SELEÇÃO RECORRENTE

2.1.1. Considerações gerais

A seleção recorrente, denominação proposta por JENKINS (1940) e HULL (1945), tem sido empregada em programas de melhoramento de milho e baseia-se no fato de que os indivíduos superiores de uma população são selecionados e em seguida intercruzados entre si, para se obter a população do primeiro ciclo. Na população resultante, o processo é repetido, obtendo-se o ciclo seguinte. O conceito de seleção recorrente é bastante amplo e significa um processo contínuo de melhoramento, onde cada ciclo envolve três fases distintas, com exceção da seleção massal: a) obtenção de progênies; b) avaliação de progênies e, c) recombinação das progênies selecionadas (HALLAUER, 1980). Sob esse conceito, inúmeros métodos de seleção se enquadram no conceito de seleção recorrente. Desse modo, a seleção massal e os demais esquemas de melhoramento populacional baseados nos testes de progênies são na verdade modalidades de seleção recorrente. Es-

ses métodos foram inclusive utilizados no passado, embora sem a denominação atual.

Os métodos de seleção recorrente são dividi dos basicamente em dois grandes grupos, segundo MOLL & STUBER (1974): a) melhoramento intrapopulacional, onde a seleção visa o melhoramento do comportamento "per se" das populações e, b) melhoramento interpopulacional, sendo que neste caso a seleção objetiva o melhoramento das populações em combinações híbridas. Principalmente depois que os estudos de genética quantitativa mostraram que grande parte da variância genética presente nas populações de milho era aditiva, diversos esquemas de seleção têm sido propostos pelos melhoristas de milho. Revisões detalhadas de cada método, podem ser encontradas em PENNY et alii (1963), LONNQUIST (1965), SPRAGUE & EBERHART (1977), HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981), PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987), entre outros.

Segundo HALLAUER (1980) a escolha de determinado esquema de seleção dependerá do objetivo do programa, ou seja, obtenção de melhores variedades ou de híbridos superiores. Se o objetivo fôr a obtenção de uma variedade ou a adaptação de um germoplasma exótico, pode-se dar ênfase ao melhoramento intrapopulacional. Por outro lado, se a finalidade fôr o melhoramento do potencial da população para extração de linhagens superiores e conseqüentemente obtenção de híbridos, o melhoramento interpopulacional parece ser o mais apropriado. No entanto, as combinações dos métodos intra e interpopulacional também pode ser usadas.

Nesta revisão serão relatados apenas os diferentes esquemas de melhoramento intrapopulacional que, basicamente envolvem quatro sistemas fundamentais de seleção, a saber: a) seleção massal; b) seleção baseada no comportamento de famílias de meios irmãos; c) seleção baseada no comportamento de famílias de irmãos germanos e; d) seleção baseada no comportamento de progênies autofecundadas, S_1 , S_2 , etc. Este último método de melhoramento é que está diretamente relacionado com o objetivo da presente pesquisa.

2.1.2. Seleção recorrente sem endogamia

Uma série de trabalhos relatados na literatura mostra que a seleção recorrente pode conduzir a um aumento da probabilidade de obtenção de linhagens superiores, assim como o melhoramento da própria população, nos diferentes esquemas de seleção sem endogamia (GARDNER, 1976; HALLAUER & SEARS, 1969; VENCovsky *et alii*, 1970; PATERNIANI, 1967; DARRAH, 1975; MOLL & STUBER, 1971; COMPTON, 1977, entre outros).

Dentre estes esquemas, a seleção massal tem sido utilizada e se mostrado eficiente no melhoramento de populações de milho, conforme informações fornecidas por PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987), que realizaram um levantamento do progresso observado por ciclo de seleção massal em diversas populações de milho. Em todas as populações referidas constatarem-se ganhos por ciclo com diferentes magnitu-

des, variando de 0,9 a 23,5% para o caráter produção. Anteriormente HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) também apresentaram um resumo dos progressos obtidos em diferentes populações de milho, onde verifica-se ganhos médios variando de -1,0 até 19,1%, com a seleção massal com base na produção de grãos.

Com relação a seleção baseada no comportamento de famílias de meios irmãos, HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) e PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987) compilaram resultados dos progressos obtidos em diversas populações de milho, onde se observam ganhos por ciclo de seleção com valores variando de 2,0 a 13,6% e de 1,8 a 13,6%, respectivamente, para produção de grãos.

Resultados promissores foram também obtidos pelo emprego do método de seleção baseado em progênies de irmãos germanos, conforme relataram diversos autores (LONNQUIST, 1961; SILVA & LONNQUIST, 1968; MOLL & STUBER, 1971, GENTER, 1976; COMPTON, 1977; JINAHYON & MOORE, 1973, entre outros). Tais referências são encontradas em HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) e PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987), sendo que os ganhos obtidos por ciclo de seleção para produção de grãos variaram de 2,5 a 10,6%.

2.1.3. Seleção recorrente com endogamia

No melhoramento de populações de milho têm sido utilizadas progênies endogâmicas obtidas através de au-

tofecundações sucessivas. Durante este processo tanto os caracteres desejáveis quanto os indesejáveis dos parentais são fixados nas diferentes progênies autofecundadas. Os caracteres indesejáveis não sendo adaptativos contribuem para a redução do potencial de produção enquanto que os favoráveis tendem a ser preservados (JENKINS, 1936; STEBBINS, 1957). PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987) citam que o uso de progênies endogâmicas no melhoramento de populações de milho é recomendável para caracteres de baixa herdabilidade, devido a endogamia conduzir ao aumento da variância genética entre progênies e a um aumento do progresso esperado por ciclo de seleção. O método requer polinizações controladas e em termos de tamanho efetivo é o menor de todos, quando comparado com o mesmo número de progênies selecionadas por outros métodos.

Como relatado no item anterior, existem inúmeros esquemas que são utilizados no melhoramento de populações de milho e têm apresentado resultados satisfatórios de progresso por seleção, conforme mostrados por SPRAGUE & EBERHART (1978), HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981), PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987). Dentre estes, o esquema de seleção com famílias endogâmicas apresenta um aspecto favorável, que é a possibilidade de seleção contra genes letais ou deletérios (HALLAUER, 1980). Em consequência disso, as populações melhoradas quando autofecundadas apresentarão menor depressão por endogamia. De uma maneira geral, as populações de milho, atualmente disponíveis no Brasil, apresentam uma acentuada carga genética, que sob autofecundações se expressa em uma sensível de-

pressão por endogamia. VIANA *et alii* (1982) relataram valores de depressão por endogamia variando de 42 a 58% em diversas populações introduzidas. GERALDI & VENCovsky (1980) reportaram valores de depressão por endogamia para produção de grãos variando de 36,7 a 54,8% entre nove populações brasileiras de milho. MIRANDA FILHO (1981) observou uma depressão de 38,1% na variedade comercial de milho Centralmex. Mais recentemente LIMA *et alii* (1984) mostraram valores de depressão variando de 27,0 a 57,3% em 32 populações brasileiras de milho.

O método de seleção baseado no comportamento de progênies S_1 tem apresentado bons resultados. Dentre os resultados de literatura, podem ser mencionados os trabalhos de GENTER & ALEXANDER (1966), LONNQUIST (1967), LONNQUIST & CASTRO (1967), GENTER (1971); BURTON *et alii* (1971), HALLAUER (1980). Na Tabela 1 são apresentados os resultados obtidos por estes autores.

HALLAUER (1980) salienta que o método de seleção baseado no comportamento de progênies S_2 apresenta outras vantagens, pois além de explorar uma maior porção da variabilidade genética, oferece oportunidade de avaliação da capacidade de combinação das linhagens.

Para MIRANDA FILHO (1981) a utilização de famílias endogâmicas pode ser convenientemente explorada nas populações que apresentam baixa depressão por endogamia e que a condução de gerações de seleção sob endogamia resultam em menores decréscimos na produção. O maior intervalo por ciclo juntamente com as dificuldades inerentes ao método podem ser compensados pelo maior progresso esperado por ciclo

de seleção. Uma comparação teórica entre o uso de progênies S_2 e de famílias de meios irmãos, como unidades de seleção no melhoramento intrapopulacional, é apresentado pelo autor. Também o uso de progênies S_2 , além de melhorar a população "per se", via seleção recorrente, pode integrar-se a um programa de híbridos onde as progênies S_2 podem ser simultaneamente avaliadas para capacidade geral de combinação.

Tabela 1. Resultados obtidos por seleção recorrente em progênies S_1 para produção de grãos, em diversas populações de milho.

Número de populações	Número de ciclos	Progresso por ano (%)	Referência
1	1	10,4	GENTER & ALEXANDER (1966)
1	1	3,6	LONNQUIST (1967)
1	1	2,7	LONNQUIST & CASTRO (1967)
5	4	1,7	BURTON et alii (1971)
1	1	2,5	GENTER (1971)
3	-	4,8	HALLAUER (1930)
3	-	4,7	HALLAUER (1930)
3	-	5,2	HALLAUER (1930)
3	-	5,4	HALLAUER (1930)

Um programa assim integrado, pode ser conduzido como ilustrado a seguir:

1ª fase (verão)	S_0 : autofecundação
2ª fase (inverno)	S_1 : autofecundação
3ª fase (verão)	S_2 : i) avaliação de progênes S_2 ii) obtenção de top-cross (S_2 x testador)
4ª fase (inverno)	Recombinação de progênes S_2
5ª fase (verão)	S_0 : autofecundação (início do 2º ciclo de seleção recorrente)
	Avaliação da capacidade de combinação de progênes S_2 .

Este método tem sido utilizado e se mostrando eficiente no melhoramento de populações de milho, conforme mostram os resultados relatados na literatura (HORNER et alii, 1969; HORNER et alii, 1973; HORNER et alii, 1976; HALLAUER, 1980). Na Tabela 2 são apresentados os resultados obtidos por estes autores.

2.1.4. Efeitos da seleção recorrente na eficiência de obtenção de linhagens

Um aspecto importante do método de seleção recorrente é seu efeito no melhoramento do potencial de populações de milho como fonte de linhagens para obtenção de híbridos. Estudos teóricos têm sugerido que o aumento na frequência de alelos favoráveis também aumenta a oportunidade para o desenvolvimento de híbridos superiores.

Tabela 2. Resultados obtidos por seleção recorrente em progê-
nias S₂ para produção de grãos, em diversas popula-
ções de milho.

Número de populações	Número de ciclos	Progresso por ano (%)	Referência
1	3	5,2	HORNER et alii (1969)
1	5	0,5	HORNER et alii (1973)
1	7	0,8	HORNER et alii (1976)
3	-	3,9	HALLAUER (1980)
3	-	4,0	HALLAUER (1980)
3	-	4,4	HALLAUER (1980)
3	-	4,5	HALLAUER (1980)

Alguns resultados experimentais mostram que a seleção recorrente pode conduzir a um aumento na proporção de linhagens endogâmicas superiores. HALLAUER (1973) verificou que no cruzamento entre duas populações, somente 1% das progênes de irmãos germanos (híbridos duplos "cripticos") excediam a média de produção das testemunhas; após um ciclo de seleção recorrente recíproca, 46% das progênes excederam a média das testemunhas e 16% apresentaram produção diferenciada de um ou mais desvios - padrão em relação às testemunhas. SUWANTARADON & EBERHART (1974) observaram que os híbridos produzidos a partir de duas variedades melhoradas foram significativamente mais produtivos do que o híbrido in-

tervarietal; o híbrido entre as variedades melhoradas produziu cerca de 90% em relação aos melhores híbridos comerciais, e o melhor híbrido obtido foi cerca de 18% superior ao híbrido intervarietal.

GARDNER (1972) desenvolveu linhagens a partir da variedade parental Hays-Golden (HG), da mesma população após doze ciclos de seleção massal, da população irradiada após treze ciclos de seleção e de uma subpopulação selecionada para prolificidade. As linhagens desenvolvidas foram superiores às de HG, respectivamente, em 11,4; 10,0 e 10,6%, quando cruzadas com o testador OH 43; e 10,7, 8,0 e 7,7% quando cruzadas com o testador N7A x N7B.

Resultados semelhantes foram observados por HARRIS et alii (1972), avaliando linhagens S₁ como tais e em cruzamentos após nove ciclos de seleção massal para produção de grãos da população Hays-Golden. Estes autores mostraram que tanto as linhagens quanto os "test crosses" obtidos a partir da população selecionada foram superiores em produção média, em relação aos respectivos tipos de progênie obtidas a partir da variedade original. Do mesmo modo, MARTIN & GARDNER (1976) observaram que os híbridos simples, triplos e duplos, obtidos da população Hays-Golden selecionada (controle e irradiada) foram superiores aos respectivos híbridos da população original, respectivamente em 9,3 e 7,4% para a produção de grãos e 7,4 e 17,6% para a prolificidade.

Apesar de diversos trabalhos mostrarem o aumento do potencial das linhagens em combinações híbridas, a

partir do melhoramento, via seleção recorrente, não se dispõem de informações do comportamento de linhagens "per se".

2.2. ESTIMATIVAS DA VARIÂNCIA GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE MILHO

Foi FISHER (1918) quem primeiro reconheceu que a variância genética ou hereditária, em uma população panmítica podia ser decomposta em três componentes: a) variância genética aditiva, devido aos efeitos médios dos genes; b) variância genética dominante, originada de interações entre alelos do mesmo loco; c) variância epistática, associada a interações não-alélicas. Posteriormente uma série de trabalhos deram continuidade aos iniciados por FISHER (1918), como o de WRIGHT (1921) estudando o efeito da endogamia; COCKERHAM (1954) e KEMPTHORNE (1955), que apresentaram a decomposição da variância hereditária baseados em um esquema fatorial incluindo os efeitos epistáticos; COCKERHAN (1956) e SCHNELL (1963) que trabalharam com efeitos de ligação. COCKERHAN & WEIR (1973) e WEIR & COCKERHAN (1976) com estudos envolvendo dois locos, conforme também citam HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) e SOUZA JUNIOR (1983).

Apesar da decomposição da variância genética ter sido desenvolvida por FISHER (1918), as estimativas destes componentes somente se revestiram de grande importância para o milho, quando foram sugeridos por COMSTOCK & ROBINSON

(1948 e 1952) os delineamentos genético - estatísticos. Os resultados obtidos com o emprego desses delineamentos para a produção de grãos e outros caracteres de interesse no milho evidenciaram a existência de suficiente variabilidade genética do tipo aditiva e permite obter progressos com a seleção, mesmo com a utilização de métodos simples de melhoramento como a seleção massal. Desse modo, foi feita uma reavaliação dos métodos convencionais de melhoramento de populações de modo a introduzir modificações capazes de isolar o efeito ambiental, possibilitando assim um melhoramento gradativo e contínuo, bem como uma exploração mais ampla do potencial genético das populações em estudo.

Diversas pesquisas têm apontado a variância genética aditiva como a principal componente da variância genética total da produção, especialmente em populações de polinização livre, indicando um predomínio do efeito gênico do tipo aditiva e justificando o emprego de métodos de seleção intrapopulacionais (GARDNER, 1963; EBERHART *et alii*, 1966; OBILANA & HALLAUER, 1974; RAMALHO, 1977; OBILANA *et alii*, 1979; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981).

Recentemente, HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) realizaram um amplo levantamento das estimativas da variância genética aditiva em 99 trabalhos e para cinco populações de milho e evidenciaram a existência de suficiente variabilide

dade genética aditiva para a produção de grãos. Em todas as populações constataram estimativas maiores para as variâncias genéticas, obtendo um valor médio de 468,8 (gramas/planta)². Este valor corresponde a 61,2% da variância genética aditiva, ficando 38,8% para a variância de dominância, já que se assumiu a ausência de epistase e de efeitos de ligação.

No Brasil tem-se utilizado mais frequentemente o esquema de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, principalmente no Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ). RAMALHO (1977) apresenta um resumo de vários trabalhos com as estimativas obtidas em diversas populações de milho da ESALQ, onde verifica-se uma estimativa média da variância genética aditiva no valor de 320 (gramas/planta)², para o caráter produção de grãos. Este mesmo autor, considera que o uso de progênies de meios irmãos embora não forneça estimativa de variância de dominância, é de grande valor, porque permite estimar a variância genética aditiva, o que viabiliza entre outras coisas, verificar quais são as possibilidades de êxito na seleção e as alterações na variância genética aditiva com o decorrer dos ciclos de seleção.

Segundo RAMALHO (1977) as alterações nos componentes da variância genética com os ciclos de seleção se revestem de especial significância para avaliar as possibilidades futuras de respostas à seleção nas populações de milho. LIMA (1977), por exemplo, obteve estimativas da variância genética aditiva em populações de milho, usando famílias de meios irmãos da população ESALQ-VD-2 e observou que os valores 438,83; 377,81 e 344,32 (gramas/planta)² não decresceram significativamente nos dois ciclos de seleção, sendo detectado um progresso médio esperado por ciclo no valor de 8,15%.

Por sua vez, MIRANDA FILHO (1974) mostrou a potencialidade de sete populações para a formação do Composto ESALQ - PB 1, e posteriormente (MIRANDA FILHO, 1977 e 1979) efetuou avaliação com famílias de meios irmãos, mostrando estimativas bastante similares na avaliação de dois ciclos de seleção, chegando à conclusão de que haveria sucesso em se obter uma população bastante melhorada, haja vista a variabilidade genética aditiva existente para todos os caracteres estudados.

Resultados de diversas publicações referentes a dez diferentes populações de milho, demonstram a presença de variabilidade genética capaz de se conseguir progressos com a seleção (GERALDI, 1977; CRISÓSTOMO, 1978; RISSI, 1980; SANTOS, 1985; SAMPAIO, 1986).

As estimativas obtidas para as variâncias genéticas aditivas, por estes autores, variaram de 87,72 à 626,04 (gramas/planta)² para o caráter produção de grãos.

Na Tabela 3 encontram-se alguns resultados que foram extraídos de HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) para as estimativas de variância genética aditiva em progênes endogâmicas.

Tabela 3. Estimativas da variância genética aditiva (σ_A^2) amplitudes e médias, para produção (gramas/planta)², por ciclo de seleção recorrente em progênes S_2 .

População	Número de ciclos	Variância aditiva	
		Amplitude	Média
BSSS 13	2	257,6 a 350,8	302,5
BSK	8	120,7 a 389,0	241,2

De acordo com LIMA & PATERNIANI (1977) além da produção, os caracteres de altura de planta, altura de inserção da espiga e acamamento devem ser considerados como os principais dentro das prioridades estabelecidas para o melhoramento de milho. As plantas de porte mais baixo conferem vantagens como maior resistência ao acamamento, facilidades de colheita e possibilidade de plantio mais denso.

Recentemente, HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) realizaram um extenso levantamento das estimativas das variâncias genéticas para esses caracteres, mostrando que a maior proporção da variância genética total pode ser atribuída aos efeitos aditivos. As estimativas médias de variância aditiva obtidas de 45 e 52 trabalhos, foram 212,90 e 152,70 (cm/planta)², respectivamente, para altura de planta e altura de espiga.

Na literatura encontramos um grande número de resultados de componentes de variância genética, conforme relatados por diversos autores (ROBINSON *et alii*, 1951; LINDSEY *et alii*, 1962; COMPTON *et alii*, 1965; HALLAUER, 1971; OBILANA & HALLAUER, 1977, entre outros). Nestes trabalhos, verifica-se que as estimativas para as variância genética aditiva referente ao caráter altura de planta oscilaram entre 63,0 e 641,5 (centímetros/planta)². Já para altura de espiga as estimativas das variância genética aditiva estão compreendidas entre 86,8 e 483,3 (centímetros/planta)².

No Brasil, estão se intensificando os estudos sobre o caráter número de ramificações do pendão, visando melhorar a eficiência produtiva do milho, alguns trabalhos já evidenciaram resultados bastante animadores, como os relatados por GERALDI (1977), ANDRADE & MIRANDA FILHO (1979), LORDELO (1982), AGUILAR MORÁN (1984), onde pode-se verificar que as estimativas obtidas para as variância genética aditiva variaram de 6,50 a 43,9 (ramificações/planta)².

Os caracteres da espiga são em grande número e têm sido subdivididos em secções, para efeito de classificação de germoplasma (PATERNIANI & GOODMAN, 1977), sendo no entanto, considerados na presente pesquisa os caracteres mais relacionados com os componentes da produção: comprimento de espiga (CE) e diâmetro da espiga (DE). Alguns resultados obtidos na literatura para o comprimento de espiga, referentes à estimativas da variância genética aditiva, em (centímetros/espiga)² mostram amplitudes de variação de $90,00 \times 10^{-2}$ a $352,40 \times 10^{-2}$ (SANTOS, 1935). HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) encontraram, num total de 36 trabalhos, estimativas médias no valor de $152,40 \times 10^{-2}$ (centímetros/espiga)² para a variância genética aditiva.

Com referência ao caráter diâmetro de espiga, SANTOS (1935) apresenta um amplo levantamento, onde verifica-se que as estimativas obtidas para a variância genética aditiva tiveram uma amplitude de variação entre $1,81 \times 10^{-2}$ a $12,00 \times 10^{-2}$ (centímetros/espiga)². No levantamento realizado por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981), a estimativa média da variância genética aditiva foi de $4,60 \times 10^{-2}$ (centímetros/espiga)² para o caráter em questão.

2.3. COEFICIENTE DE HERDABILIDADE EM POPULAÇÕES DE MILHO

De acordo com FALCONER (1960), herdabilidade é uma importante propriedade de caracteres quantitativos

pela razão de ser uma função da relação entre valores fenotípicos e valores genotípicos. DUDLEY & MOLL (1962) discutiram o uso da estimativa da herdabilidade em programas de melhoramento de plantas. HANSON (1963) definiu-a como a fração da variância observada pela qual a hereditariedade é responsável, destacando que sua unidade básica de referência é o indivíduo. O conceito da herdabilidade em termos de melhoramento, leva em conta a unidade de seleção e estima a fração da variabilidade fenotípica que representa o efeito genotípico transmissível às progênes.

Caracterizando a relatividade do valor das estimativas médias de herdabilidade no melhoramento de plantas, ROBINSON (1963) enfatiza que seu valor depende estreitamente do tamanho da parcela, da densidade do plantio e do número de repetições. Segundo o autor, a comparação de estimativas de herdabilidade para um caráter particular, obtidos por vários autores, é de utilidade duvidosa. HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) à partir de um grande número de estimativas, apresentaram uma herdabilidade média, a nível de parcelas para uma série de caracteres de milho, dentre os quais produção de grãos: 18,7%; altura de planta: 56,9%; altura de espiga: 66,2%; comprimento de espiga: 38,1%; diâmetro de espiga: 36,1%; e para o número de ramificações do pendão as estimativas dos coeficientes de herdabilidade estiveram compreendidos entre 30,7% e 67,5%. Os autores destacaram a relatividade destes valores, apresentando os dados específicos da

análise da variedade sintética BSSS, onde grandes diferenças são observadas.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. MATERIAL

Para a execução do presente trabalho, foram utilizadas duas populações de milho, de base genética ampla, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3, originalmente denominadas de Composto Dentado - Planta Baixa e Composto Flint - Planta Baixa, as quais foram obtidas, respectivamente, a partir de cruzamentos entre as populações Composto Dentado e Composto Flint com sete variedades de porte baixo. O Composto Dentado foi obtido no Departamento de Genética (ESALQ/USP) a partir de 12 populações de milho, representativos de germoplasmas do México, da América Central e da América do Sul, dando início à formação de uma população altamente heterogênea, constituída essencialmente de milhos dentados, amarelos e brancos da raça Tuxpeño (PATERNIANI, 1970). O Composto Flint foi obtido simultaneamente a partir de cruzamento entre 18 populações de milho brancos e amarelos, de endosperma duro, sendo constituído, principalmente de germoplasma de origem cubana e colombiana (QUEIROZ, 1969; MIRANDA FILHO, 1974).

Durante o período de 1971 a 1973, foram utilizadas sete variedades de porte reduzido de planta visando

a introdução de poligenes para porte baixo nas duas populações mencionadas, com o objetivo de aumentar a variabilidade para altura de planta e de espiga, deste modo, obtendo-se novos compostos com ampla variabilidade para aqueles caracteres (MIRANDA FILHO, 1974; MIRANDA FILHO & VENCovsky, 1973).

Como testemunhas foram utilizados no decorrer deste programa, os híbridos comerciais Cargill 511 e Continmax 322, a variedade Piranão, além das populações parentais, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3.

3.2. MÉTODOS

O programa de melhoramento consistiu da obtenção, avaliação e recombinação de linhagens endogâmicas das duas populações, em um processo cíclico (seleção recorrente com endogamia). Cada ciclo de seleção foi completado em dois anos, prevendo-se para este trabalho a análise de três ciclos, envolvendo progênies S_1 e S_2 de cada uma das populações mencionadas, conforme detalhamento que se segue.

3.2.1. Seleção massal estratificada

Ambas as populações foram submetidas a um ciclo de seleção massal estratificada, após quatro gerações de recombinação e seleção branda para características agronômicas.

Assim, foram plantadas no primeiro ano 1977/78 em dois lotes isolados, utilizando-se de 12 a 15 mil plantas com uma densidade de 50 mil plantas/ha. Cerca de vinte dias após o florescimento foi praticada a seleção massal dentro dos estratos, em cada lote. Os estratos tiveram dimensão de aproximadamente 50 m² (uma linha de 50 metros), portanto maior do que o planejado precisamente (10 m²), devido à pequena declividade do terreno. A intensidade de seleção foi pouco variável entre os estratos, obtendo-se de 10 a 20 plantas (espigas) selecionadas por estrato. A seleção foi feita com base nas características agronômicas (porte baixo, resistência à doenças e acamamento, etc) e na prolificidade e potencial produtivo. As espigas selecionadas foram transportadas para o laboratório onde foram descartadas aquelas com características indesejáveis. Como resultado final desta seleção, obtiveram-se 662 espigas para o Composto Dentado-PB e 645 espigas para o composto Flint-PB.

Em novembro de 1977, amostra de sementes das plantas S₀ de cada uma das populações foram irradiadas com raios-gama da fonte de Cobalto (Co⁶⁰), do Centro de Energia Nuclear na Agricultura (CENA) em Piracicaba-SP. Irradiaram-se 100 sementes de cada progênie com a dose de 10.000 R.

3.2.2. Primeiro ciclo de seleção com endogamia

3.2.2.1. Obtenção das progênies S₁

Foi conduzido no ano agrícola de 1978, no cam

po experimental da ESALQ, situado no município de Piracicaba, SP. Neste local, foram plantadas sementes irradiadas e não irradiadas de cada população. Por ocasião do florescimento foram autofecundadas cerca de 2.500 plantas S_0 que apresentavam características agronômicas desejáveis. Na colheita dos materiais autofecundados foram novamente selecionadas as melhores plantas por tratamento de cada população e posteriormente no laboratório descartaram-se as espigas inferiores.

3.2.2.2. Avaliação das progênes S_1

Foi conduzido no ano agrícola de 1979, no Bairro de Água Santa, município de Piracicaba, SP. Foram estudadas 300 progênes S_1 não irradiadas e 200 progênes S_1 irradiada de cada população em duas repetições. O referido material foi dividido em conjuntos de 100 progênes S_1 , sendo estes avaliados através do delineamento em látice simples 10×10 , conforme COCHRAN & COX (1957), num total de dois e três experimentos respectivamente para as duas populações controle e irradiadas, cujas identificações, no texto, obedecem às seguintes designações:

Experimento 1º, 2º, 3º - que corresponde a um código com três dígitos, onde o primeiro identifica o ciclo de seleção, o segundo a população (ESALQ-PB 2 = 1 e ESALQ - PB 3 = 2) e o terceiro o número do experimento. Exemplo: experimento 1.2.1 - 1º ciclo, população 2 experimento nº 1.

O plantio deste ensaio foi efetuado em solos classificados como terra roxa estruturada. O espaçamento adotado foi de 1 metro entre fileiras e 0,20 metros entre plantas dentro de fileiras, sendo a unidade experimental constituída por uma fileira de 5 metros de comprimento. Cada cova recebeu duas sementes; 15 dias após a germinação realizou-se o desbaste para uma planta por cova, procurando-se aproximar do estande ideal de 25 plantas por parcela. Os tratamentos culturais obedeceram aos padrões de cultivo racionais.

Neste ciclo de seleção utilizou-se como testemunha, a variedade comercial "Piranão" sendo sua distribuição nas áreas experimentais, realizada de maneira sistemática, no início, meio e final de cada repetição, para cada uma das populações estudadas.

Após o completo desenvolvimento das plantas foi feita a contagem do número de plantas por parcela (estande) e após a colheita apenas foram anotados o peso das espigas despalhadas, correspondentes a cada parcela experimental, conforme discriminação mostrada a seguir.

- Peso de campo (PC) - as espigas despalhadas de cada parcela foram devidamente identificadas e transportadas para o laboratório em sacos apropriados, onde se procedeu a pesagem em balança da marca Chatillon com capacidade máxima para sessenta libras e sensibilidade ao nível de décimos. Posteriormente, os valores das pesagens foram convertidos em quilogramas.

Após a pesagem de cada parcela foram retiradas ao acaso amostras de grãos nos dez experimentos. A determinação do teor de umidade dos grãos foi realizada em um aparelho "Steinlite", constatando-se igualmente, para cada população uma boa uniformização na umidade dos grãos por tratamentos, em torno de 14,17%. Devido aos resultados obtidos, optou-se pela não realização de correções nos teores de umidade dos grãos.

Em função das variações de estande apresentadas pelas parcelas de todos os experimentos, foram realizadas correções para o estande ideal de 25 plantas, utilizando-se do método de correção por covariância (STEEL & TORRIE, 1960) modificado por MIRANDA FILHO ^{1/} e utilizada por AGUILAR MORÁN (1984) e MARTINS (1986). Desta forma, as análises de variância e covariância para estande e produção foram realizadas como blocos casualizados. Desta análise foi estimado o coeficiente de regressão linear (b), calculado com a soma de quadrados residual da análise de variância para estande (SQ_x) e com a soma de produtos residual da análise de covariância estande x produção (SP_{xy}), isto é, $b = SP_{xy} / SQ_x$, sendo x e y referentes ao estande e produção, respectivamente. Assim, a presente correção foi efetuada ao nível de totais de parcelas ao invés de média de tratamentos, segundo procedimento dado a seguir.

^{1/} MIRANDA FILHO, J.B. (ESALQ/USP) - Departamento de Genética, Piracicaba. Comunicação Pessoal, 1987.

$$P_c = P - b (x - 25), \text{ onde:}$$

P_c = peso médio de espigas corrigido para o estande ideal (25 plantas);

P = peso de espigas observado;

b = coeficiente de regressão linear do peso de espigas em relação as variações de estande;

x = estande observado.

3.2.2.3. Recombinação das progênes S_1

Mediante a aplicação de uma intensidade de seleção (k) variável entre os tratamentos, dirigida ao caráter peso de campo, foram selecionadas, de cada população as progênes mais produtivas do primeiro ciclo de seleção, sendo 49 ($k = 24,5\%$) e 74 ($k = 24,7\%$) respectivamente da população irradiada e não irradiada ESALQ-PB 2 e 58 ($k = 29,0\%$) e 75 ($k = 25,0\%$) respectivamente da população irradiada e não irradiada ESALQ-PB 3. As sementes remanescentes destas progênes S_1 , irradiadas e não irradiadas foram utilizadas para a formação de dois lotes isolados de recombinação, um para cada população, sendo os mesmos instalados em março de 1980, no município de Jaboticabal, SP. Nestes lotes, o inter cruzamento das progênes S_1 foi realizado observando-se a proporção de 2 fileiras femininas (despendoadas, representando as progênes S_1 selecionadas): 1 fileira masculina (não despendoadada, composta por uma mistura de sementes de todas as

progênes S_1 irradiadas e não irradiadas selecionadas). Por ocasião da colheita, efetuada em agosto de 1980, foram obtidas 200 espigas de cada lote, colhidas de plantas competitivas das fileiras femininas, possuidora de características agrônomicas desejáveis. As referidas espigas foram debulhadas individualmente, sendo parte de seus grãos armazenados em câmara seca e parte utilizada no plantio dos experimentos relativos do segundo ciclo de seleção.

3.2.3. Segundo ciclo de seleção com endogamia

3.2.3.1. Obtenção das progênes S_1

Foi conduzido no ano agrícola de 1982 no campo experimental da ESALQ, situada no município de Piracicaba, SP. Neste ciclo, a exemplo do anterior foram autofecundados cerca de 2000 plantas que apresentavam características agrônomicas desejáveis. Obtendo-se de cada população, por autofecundação, cerca de 200 progênes S_1 .

3.2.3.2. Avaliação das progênes S_1

No ano agrícola de 1983, foi efetuado o plantio dos ensaios na Estação Experimental Caterpillar aos 05.10.83 em solos de média fertilidade. Foram estudadas 200 progênes S_1 de cada população, divididas em conjuntos de 100 progênes e avaliadas com base no delineamento em látice sim

ples 10 x 10 triplicado, num total de dois experimentos por população, conforme as seguintes designações:

ESALQ-PB 2: experimentos 2.1.1. e 2.1.2.

ESALQ-PB 3: experimentos 2.2.1. e 2.2.2.

Afora o tamanho das parcelas, que compreende ram linhas simples de quatro metros de comprimento e um total de 20 plantas, segundo um estande ideal, as mesmas considerações feitas para o ciclo anterior, referentes ao espaçamento utilizado, número de sementes e plantas por cova (após o desbaste), bem como os tratos culturais, são aplicados aqui. Como testemunhas foram utilizadas as populações parentais, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3, sendo sua distribuição no campo experimental feita de forma sistemática. Em cada experimento estas testemunhas foram repetidas no início, no meio e no final de cada repetição.

Nesta etapa do presente trabalho, foram anotados os dados de dois caracteres para cada uma das populações, peso de campo (PC) e peso de grãos (PG), conforme discriminação mostrada a seguir:

- Peso de campo (PC) - após a colheita, as espigas despalhadas foram levadas para o laboratório e pesadas em balança eletrônica com sensibilidade para dois grammas;

- Peso de grãos - as espigas de cada parcela foram debulhadas, e os grãos foram pesados na mesma balança já mencionada. Após a pesagem de cada parcela, foram retirada

dos ao acaso, 18 amostras de grãos de cada experimento, para posterior determinação de umidade.

A determinação do teor de umidade dos grãos foi feita de maneira idêntica ao ciclo anterior, constatando-se igualmente para ambas populações uma boa uniformização na umidade das progênes S_1 , ao redor de 14,35%.

Em decorrência das variações de estande manifestadas pelas unidades experimentais dos diversos ensaios os pesos de campo a eles associados foram corrigidos para um estande ideal de 20 plantas, através do método de correção por covariância, modificado, relatado anteriormente. Estas correções foram efetuadas para cada experimento, individualmente, ao nível de totais de parcelas.

3.2.3.3. Recombinação das progênes S_1

Neste ciclo, mediante aplicação de uma intensidade de seleção de 15% dirigida ao caráter peso de campo, foram selecionados, de cada população, as 30 progênes mais produtivas do segundo ciclo de seleção. Sementes remanescentes destas progênes deram formação a dois lotes isolados de recombinação, um para cada população, sendo os mesmos instalados em 1984, no município de Matão, SP. Os lotes de recombinação foram instalados à semelhança do ciclo anterior. Por ocasião da colheita, foram obtidas 300 espigas de cada lote, colhidas de plantas competitivas das fileiras femininas, possuidoras de características agronômicas desejáveis.

As espigas selecionadas foram debulhadas individualmente, sendo parte de seus grãos armazenados em câmara seca e parte utilizada no plantio dos experimentos referentes ao ciclo de seleção seguinte.

3.2.4. Terceiro ciclo de seleção com endogamia

3.2.4.1. Obtenção das progênes S_2

No ano agrícola de 1984/1985 foram plantadas no campo experimental da ESALQ, sementes das duas populações em lotes isolados de aproximadamente 5.000 m². Após o florescimento foram autofecundadas cerca de 1.500 plantas S_0 que apresentavam características agronômicas desejáveis. Na colheita dos materiais autofecundados foram novamente selecionadas as melhores plantas com base nas características de espiga e posteriormente no laboratório descartaram-se as inferiores.

Por esse processo obtiveram-se aproximadamente 300 espigas de cada lote, cujas sementes foram plantadas em dois lotes isolados na mesma área experimental, sendo que cada fileira se constituía numa progênie S_1 . A seleção foi praticada com base nas características agronômicas (porte, resistência ao acamamento, resistência a doenças, etc.) das progênes S_1 , autofecundando-se as melhores plantas das melhores progênes. Após a colheita e no laboratório selecionaram-se 245 progênes S_2 , respectivas de 196 famílias S_1 .

de cada população. Portanto uma relação média de 1,25 progênies S_2 para 1 progênie S_1 .

3.2.4.2. Avaliação das progênies S_2

As 245 progênies S_2 de cada população foram avaliadas em ensaios de produção efetuadas no ano agrícola de 1986/1987 no Bairro de Água Santa, município de Piracicaba, SP, em cinco lântices simples 7x7 duplicados, conforme as designações a seguir:

ESALQ-PB 2: experimentos 3.1.1 a 3.1.5

ESALQ-PB 3: experimentos 3.2.1 a 3.2.5

Também neste ciclo o tamanho das parcelas diferiu dos ciclos anteriores; compreenderam linhas simples de dois metros de comprimento e um total de 10 plantas, segundo um estande ideal, as mesmas considerações feitas para os ciclos anteriores, referentes ao espaçamento adotado, número de sementes e plantas por cova (após o desbaste), bem como os tratos culturais, são aplicados aqui. Como testemunhas foram empregados os híbridos comerciais Cargill 511 e Contimax 322, sendo sua distribuição no campo experimental feita de maneira alternada no início, meio e final de cada repetição.

Neste ciclo foram anotados os dados de sete caracteres em cada uma das populações, conforme discriminação mostrada a seguir:

- Peso de Campo (PC) - Referente a espigas despalhadas de todas as plantas de cada parcela experimental. Foi determinado com balança eletrônica, já descrita.

- Peso de espigas (PE) - Foram tomadas três espigas aleatoriamente entre aquelas consideradas de desenvolvimento normal. Em seguida as espigas foram pesadas na mesma balança já mencionada.

- Altura de planta (AP) e de espiga (AE) - Em cada parcela foram escolhidas ao acaso cinco plantas competitivas; sendo a altura de planta a distância em metros entre a superfície do solo e a inserção da última folha; e a altura de espiga a distância em metros entre a superfície do solo e a inserção da primeira espiga.

- Comprimento de espiga (CE) e diâmetro de espiga (DE) - Após a tomada do peso de espigas, foram selecionadas ao acaso, três espigas para a realização destas mensurações. Para isto, utilizou-se de uma caixa com uma régua fixada na parte central, paralela ao lado maior da caixa. O CE e DE foram tomados em centímetros, o primeiro, colocando-se individualmente as espigas sobre a régua e o segundo, colocando-se as três espigas lado a lado, em disposição alternada, em relação ao topo e à base dos mesmos, sendo medido o comprimento total de duas porções centrais. Ambas as mensurações foram divididas pelo número de espigas resultando no comprimento e diâmetro médio.

- Número de ramificações do pendão (NRP) - Após a completa liberação do pólen, cinco plantas competitivas foram to

madadas ao acaso dentro de cada parcela. Os pendões foram cortados na parte basal e em seguida efetuou-se a contagem do número total de ramificações, para cada um dos pendões.

Na determinação do teor de umidade dos grãos procedeu-se de maneira similar aos dois ciclos anteriores, verificou-se igualmente, para ambas populações, teores de umidade bastante uniforme, ao redor de um valor médio geral de 13,43%.

Como nos ciclos anteriores, as unidades experimentais dos diversos ensaios apresentaram variações quanto ao estande final. Deste modo, foram realizadas correções para o estande ideal de 10 plantas, utilizando-se do método de correção por covariância, modificado, relatado anteriormente no primeiro ciclo de seleção. Estas correções foram efetuadas para cada experimento, individualmente, ao nível de totais de parcelas.

3.3. ANÁLISES ESTATÍSTICO GENÉTICAS

As análises de látice foram realizadas no microcomputador do Departamento de Genética da ESALQ/USP, segundo o procedimento de COCHRAN & COX (1957). Foram realizadas as análises de variância para oito caracteres: peso de campo (PC), peso de espigas (PE), peso de grãos (PG), altura de planta (AE), altura de espiga (AE), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE) e número de ramificações do

pendão (NRP). Dentre estes, apenas o caráter peso de campo (PC) foi avaliado nos três ciclos de seleção.

Para cada um dos caracteres, as análises de variância obedeceram ao delineamento em lâtilice, empregando o seguinte modelo matemático:

$$Y_{ijk} = u + p_i + q_j + b_{k(j)} + e_{ijk},$$

onde:

Y_{ijk} : média da progênie i no bloco k da repetição j ;

u : média geral;

p_i : efeito aleatório da progênie i ; ($i = 1, 2, \dots, s$);

q_j : efeito aleatório da repetição j ($j = 1, 2, \dots, r$)

b_{jk} : efeito aleatório do bloco k , dentro da repetição j
($k = 1, 2, \dots, b$);

e_{ijk} : erro experimental associado à parcela ik , dentro da repetição j ; $e_{ijk} \sim N(0, \sigma^2)$.

Nos casos onde não houve eficiência do lâtilice em relação a blocos ao acaso as análises de variância obedeceram ao seguinte modelo matemático:

$$Y_{ij} = u + t_i + b_j + e_{ij}, \text{ sendo:}$$

Y_{ij} = valor médio do caráter Y na progênie i da repetição j
(válida para qualquer variável estudada);

u = média geral das progênies, no experimento;

t_i = efeito aleatório da progênie i ; ($i = 1, 2, \dots, s$);
 $E(t_i) = 0$ e $E(t_i^2) = \sigma_p^2$

b_j = efeito aleatório de repetições, $j = 1, 2, \dots, r$
 $E(b_j) = 0$ e $E(b_j^2) = \sigma_b^2$;

e_{ij} = erro experimental associado à parcela ij .

$$e_{ij} \sim N(0, \sigma^2).$$

Para os caracteres cujos dados foram coletados em plantas individuais, incluiu-se uma fonte de variação referente aos efeitos dos indivíduos avaliados à partir de amostras obtidas dentro de parcelas. Esta fonte de variação, nos casos em que seu cálculo pôde ser realizado, foi estimada independentemente, sendo posteriormente, introduzida na análise.

Os experimentos que compreenderam progênes de uma mesma população foram analisados, também, de forma agrupada, através das médias aritméticas dos quadrados médios provenientes das análises de variância individuais. Vale mencionar que não houve necessidade de se utilizar, no processo de agrupamento, médias ponderadas, pois os quadrados médios apresentaram, para cada fonte de variação, igual número de graus de liberdade.

Os esquemas das análises de variância e as esperanças matemáticas dos quadrados médios, individuais e/ou agrupadas, referentes aos caracteres PC, PE, PG, CE e DE, encontram-se na Tabela 4. De acordo com esta tabela, considerando-se as análises que não incluíram a variação dentro de progênes, tem-se que as estimativas das variâncias genéticas entre progênes ($\hat{\sigma}_p^2$) e do erro experimental ($\hat{\sigma}^2$) foram obtidas para cada população pelo seguinte processo:

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

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

Tabela 4. Esquema da análise de variância segundo o delineamento em lâtigo ou blocos casualizados com as esperanças dos quadrados médios $E(QM)$.

F.V.	G.L.	QM	$E(QM)^*$	F
Progênes <u>a/</u>	g_1	Q_1	$\sigma^2 + r\sigma_p^2$	Q_1/Q_2
Erro <u>a/</u>	g_2 <u>b/</u>	Q_2	σ^2	-

* unidades para peso de campo (PC), peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG) foram totais de parcelas e para o comprimento de espiga (CE) e diâmetro de espiga (DE) foram médias de parcelas;

a/ Fontes de variação equivalem a progênes (ajustadas) e erro intrabloco, respectivamente, no delineamento em lâtigo.

b/ Para produção tem-se $g'_2 = g_2 - 1$, devido à correção por covariância.

A partir destas estimativas primárias, foram calculadas as estimativas das variâncias genética aditivas ($\hat{\sigma}_A^2$) considerando as hipóteses de presença ($\sigma_D^2 = \sigma_A^2$) e ausência dos efeitos de dominância ($\sigma_D^2 = 0$), bem como do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênes (h_x^2).

para as progênies S_1 e S_2 de cada população, conforme da
do a seguir:

Parâmetro	Hipótese	Progênies S_1 ($F = 0,5$)	Progênies S_2 ($F = 0,75$)
σ_A^2	1) $\sigma_A^2 = \sigma_D^2$	$\sigma_{A_1}^2 = \frac{4}{5} \sigma_P^2$	$\sigma_{A_1}^2 = \frac{16}{27} \sigma_P^2$
	2) $\sigma_D^2 = 0$	$\sigma_{A_2}^2 = \sigma_P^2$	$\sigma_{A_2}^2 = \frac{2}{3} \sigma_P^2$
$h_{\bar{x}}^2$	1) $\sigma_A^2 = \sigma_D^2$	$r\sigma_{A_1}^2/Q_1$	$r(\frac{3}{2})\sigma_{A_1}^2/Q_1$
	2) $\sigma_D^2 = 0$	$r\sigma_{A_2}^2/Q_1$	$r(\frac{3}{2})\sigma_{A_2}^2/Q_1$

$\sigma_{A_1}^2$ e $\sigma_{A_2}^2$: estimativas da variância genética aditiva sob as hipóteses correspondentes;

F : coeficiente de endogamia; equivale à probabilidade de homozigose por descendência.

As estimativas de variâncias, conforme formulações acima referidas, foram obtidas com base nas seguintes definições (LANKEY & HALLAUER, 1987).

$$\text{Progênies } S_1: \sigma_P^2 = \sigma_A^2 + \frac{1}{4} \sigma_D^2 + D_1 + D_2$$

$$\text{Progênies } S_2: \sigma_P^2 = \frac{3}{2} \sigma_A^2 + \frac{3}{16} \sigma_D^2 + \frac{5}{2} D_1 + \frac{9}{16} D_2;$$

onde os componentes de variância são definidos como segue; considerando-se um loco com dois alelos (COCKERHAM & MATZINGER, 1985):

- variância aditiva: $\sigma_A^2 = 2p(1-p)[a+(1-2p)d]^2$
- variância dominante: $\sigma_D^2 = 4p^2(1-p)^2d^2$
- covariância entre efeitos aditivos e efeitos dominantes nos homozigotos: $D_1 = 2p(1-p)(2p-1)[a+(1-2p)d]d$
- variância dos efeitos dominantes nos homozigotos: $D_2 = 4p(1-p)(1-2p)^2d^2$

sendo p a frequência do alelo favorável; a e d os efeitos de homozigotos e heterozigotos, conforme o modelo dado por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981). Note-se que para $p = q = 0,5$ ambos D_1 e D_2 se anulam, e a variância aditiva estimada a partir de progênies endogâmicas equivale à variância aditiva populacional.

Para os demais caracteres as esperanças matemáticas dos quadrados médios das análises de variância, individuais e/ou agrupadas, encontram-se na Tabela 5. Nesta tabela constam as análises que compreenderam a variação dentro de progênies e foram determinadas de maneira idêntica as estimativas dos parâmetros σ^2 , σ_p^2 , σ_A^2 e h_x^2 . Além destes, determinou-se a variância dentro de progênies ($\hat{\sigma}_d^2$), do erro ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$) e o coeficiente de herdabili-

Tabela 5. Quadro da análise de variância segundo o delineamento em látice ou blocos ao acaso com as esperanças dos quadrados médios $E(QM)$, ao nível de médias de parcelas, considerando a fonte de variação dentro.

F.V.	G.L.	QM	$E(QM)$	F
Progênes <u>a/</u>	g_1	Q_1	$(\sigma_d^2/n) + \sigma_e^2 + r\sigma_p^2$	Q_1/Q_2
Erro <u>a/</u>	g_2	Q_2	$(\sigma_d^2/n) + \sigma_e^2$	nQ_2/Q_3
Dentro	g_3	Q_3	σ_d^2	

σ_d^2 = variância fenotípica entre plantas, dentro de progênes;

σ_e^2 = variância do erro ambiental entre parcelas;

σ^2 = variância do erro experimental entre parcelas, ao nível de médias, sendo
 $\sigma^2 = (\sigma_d^2/n) + \sigma_e^2$;

n = número de plantas avaliadas por parcela (AP, AE e NRP; $n = 5$);

r = número de repetições;

a/ fontes de variação equivalem a progênes (ajustadas) e erro intrabloco respectivamente, no delineamento em látice.

dade ao nível de plantas ($\hat{h}^2$), onde adotou-se o seguinte procedimento:

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

$$\hat{\sigma}_e^2 = Q_2 - (Q_3/n)$$

$$\hat{h}^2 = \sigma_A^2 / (\sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2)$$

A partir destas estimativas foram obtidos os coeficientes de variação genética (CV_g) e experimental (CV_e), erro padrão da média (s_m), assim como o índice de variação (θ), conforme procedimento relatado por VENCovsky (1978), a seguir:

$$CV_g\% = (\hat{\sigma}_p / \bar{x}) \cdot 100;$$

$$CV_e\% = (\hat{\sigma}_e / \bar{x}) \cdot 100;$$

$$s_m = \sqrt{Q_2/r}$$

$$\theta = CV_g\% / CV_e\%;$$

onde: $\bar{x}$ refere-se à estimativa da média de um determinado caráter, em um dado experimento ou grupo de experimentos.

3.4. DETERMINAÇÃO DA PRECISÃO DE ESTIMATIVAS

Foram estimadas as variâncias associadas às

estimativas de variâncias genéticas aditiva para os caracteres de produção mediante o emprego de procedimentos descritos por BARBIN & PIMENTEL GOMES (1971), VELLO & VENCovsky (1974), que se resume na seguinte fórmula:

$$V(\sigma_p^2) = \frac{1}{r^2} [V(Q_1) + V(Q_2) - \text{COV}(Q_1, Q_2)],$$

onde os símbolos V e COV se referem a variâncias e covariâncias, respectivamente.

Na expressão anterior, as covariâncias entre os quadrados médios Q_1 e Q_2 são nulos porque eles têm distribuição independente. Deste modo, as variâncias das estimativas foram calculadas por

$$V(\sigma_p^2) = \frac{1}{r^2} \left[\frac{2 Q_1^2}{g_1 + 2} + \frac{2 Q_2^2}{g_2 + 2} \right]$$

Assim, os desvios padrões das estimativas de variâncias aditivas para cada ciclo de seleção foram calculadas a partir de $V(\sigma_p^2)$ com as devidas transformações de unidade.

3.5. DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA

Nos ciclos onde se utilizou as populações originais, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3, calculou-se a depressão por

endogamia (DE%) através da seguinte fórmula:

$$DE\% = \frac{\bar{S}_1 - \bar{S}_0}{\bar{S}_0} \times 100 \quad \text{onde,}$$

$\bar{S}_0$ = média da população não endógama;

$\bar{S}_1$ = média das progênes endógamas.

Para se avaliar o intervalo entre os maiores e os menores desvios relativos às progênes S_1 em relação a população não endógama utilizaram-se os valores extremos das progênes S_1 .

3.6. DISTRIBUIÇÃO DAS FREQUÊNCIAS

As distribuições das frequências dos valores relativos a produção, peso de campo (g/planta) para as progênes endógamas e selecionadas de cada população nos três ciclos de seleção, são apresentados através dos histogramas, juntamente com as médias e as amplitudes de variações.

Para os demais caracteres são apresentados gráficos de distribuições de médias para um único ciclo de seleção, bem como para a distribuição dos desvios relativos das progênes S_1 em relação a população não endógama.

4. RESULTADOS

Para uma melhor comparação, os resultados das análises de variância, valores médios de produção, bem como as estimativas dos componentes de variância genética, foram organizados por ciclo de seleção. Por outro lado, é necessário salientar que somente o caráter peso de campo foi avaliado nos três ciclos de seleção com endogamia, tendo sido os demais caracteres avaliados em um ciclo.

4.1. RESULTADOS GERAIS DO PRIMEIRO CICLO DE SELEÇÃO

Neste ciclo, é interessante ressaltar que os resultados das análises de variância, valores médios das progênies S_1 e as estimativas de parâmetros genéticos referem-se apenas ao caráter peso de campo para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3.

Nas Tabelas de 6 a 9 encontram-se os resultados das análises de variância das progênies S_1 , irradiadas e não irradiadas, considerando o delineamento em blocos ca-

sualizados em virtude da baixa eficiência mostrada pelos lâ-
tices. Nelas também são apresentados os coeficientes de va-
riação experimental ($CV_e\%$), coeficientes de variação genéti-
co ($CV_g\%$), erro padrão da média (s_m), bem como o índice de varia-
ção (θ) obtidos entre os experimentos para as amostras não irradiadas.

As análises de variâncias individuais e agru-
padas detectaram diferenças estatísticas altamente significa-
tivas entre progênies S_1 irradiadas e não irradiadas nas duas
populações, excluindo-se a do experimento 1.2.5 da população
ESALQ-PB 3 irradiada que apresentou diferença significati-
va ao nível de 0,05 de probabilidade.

Os valores dos coeficientes de variação expe-
rimental obtidos nos experimentos variaram de 12,1 a 25,3%.
Para as progênies S_1 não irradiadas das duas populações mos-
traram coeficientes médios (12,1 a 18,5%), enquanto que as
progênies S_1 irradiadas das duas populações apresentaram coe-
ficientes de variação experimental considerados altos (19,3
a 25,3%). Estes valores, encontram-se nos níveis aceitáveis de experi-
mentação agrícola. Na análise agrupada, os valores dos coefici-
entes de variação, mostraram percentuais da mesma magnitu-
de para as progênies S_1 não irradiadas com valores idênti-
cos de 15,6% e de quase as mesmas magnitudes para as progê-
nies irradiadas com valores de 22,6 e 21,4%, respectivamen-
te, para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3.

Os valores dos coeficientes de variação gené-
ticos individuais, foram bem mais elevados para as progênies
 S_1 irradiadas, em ambas as populações, os quais apresenta-

ram uma amplitude de variação entre 9,4 a 19,8%. Na análise agrupada de variância, o coeficiente de variação genético para as progênes S_1 não irradiadas da população ESALQ-PB 2 foi de 13,4%, valor este, inferior ao encontrado para a população ESALQ-PB 3 (14,6%). Já o CV_g para as progênes irradiadas da população ESALQ-PB 2 mostrou maior percentual ($CV_g = 22,6\%$) em relação as progênes irradiadas da população ESALQ-PB 3 ($CV_g = 21,4\%$). Por outro lado, o índice de variação para as progênes S_1 não irradiadas das duas populações, variaram de 0,74 a 1,18 nos experimentos e na agrupada ficando em torno de $\theta = 0,90$.

Nas Tabelas 10 e 11 estão apresentados os valores médios de produção (g/planta) observados para as progênes S_1 irradiadas e não irradiadas de cada população. Nessas tabelas encontram-se também a média geral da testemunha (Piranão), bem como as percentagens dessas progênes em relação à média da testemunha.

A Tabela 10 mostra os valores médios das progênes S_1 não irradiadas para cada população, verificando-se uma amplitude de 80,86 a 95,40 para a população ESALQ-PB2 e de 79,12 a 90,78 para a população ESALQ-PB 3. Com relação a média geral, as progênes S_1 da população ESALQ-PB 2 (89,20) apresentaram comportamento um pouco superior à média das progênes S_1 da população ESALQ-PB 3, a qual apresentou um valor médio de 85,85. Na comparação com a média da testemunha, estes valores correspondem a 63,76 e 66,60%, respectivamente, para as populações ESALQ-PB2 e ESALQ-PB 3.

No referente às progênies S_1 irradiadas (Tabela 11) a amplitude dos valores médios foi de 82,59 a 86,15 e de 64,32 a 83,94 correspondendo, respectivamente, às populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. Em relação à média geral, as progênies S_1 , irradiadas da população ESALQ-PB 2 (84,37), também apresentaram comportamento superior às progênies S_1 da outra população (74,13), e estes valores em relação à média da testemunha correspondem a 59,71 e 59,30%, respectivamente, para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3.

As Figuras 1 e 2 fornecem uma melhor visualização da distribuição das médias de progênies S_1 não irradiadas e irradiadas para as duas populações, bem como as respectivas progênies S_1 selecionadas para formação do ciclo subsequente.

Na Tabela 12, estão apresentados os resultados das estimativas de variâncias genética aditiva, em $(g/planta)^2$ e do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias das progênies S_1 irradiadas e não irradiadas, resultantes da análise agrupada para as duas populações. As estimativas de variância genética aditiva para as progênies S_1 não irradiadas foram de 114,0 a 142,5 para a ESALQ-PB 2, sendo inferiores em relação às estimativas das progênies S_1 da população ESALQ-PB 3 cujos valores apresentados foram de 125,5 a 157,4. Já as estimativas de variância genética aditiva entre progênies S_1 irradiadas foram de 89,9 a 112,3 para a população ESALQ-PB 3, enquanto um aumento considerável dessa estimativa foi observado para as progênies S_1

da população ESALQ-PB 2 com valores entre 182,8 a 228,6. Na comparação das σ_A^2 entre progênie S₁ irradiadas e não irradiadas dentro da mesma população, observou-se que na ESALQ - PB 2 as estimativas do grupo não irradiadas foram superiores ao grupo irradiadas enquanto que na população ESALQ-PB 2 ocorreu situação inversa, as progênie S₁ não irradiadas apresentaram estimativas bastante inferiores em relação ao grupo irradiado.

Para as progênie S₁ não irradiadas, as estimativas do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias apresentaram quase as mesmas magnitudes de uma população para outra, com percentuais de 47,58 a 59,47%, e 50,92 a 63,64%, respectivamente, para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. No referente as progênie S₁ irradiadas, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade apresentaram variações mais elevadas entre as populações, com percentuais entre 44,51 a 55,64%, e 37,67 a 47,09%, respectivamente, para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. Na comparação dos coeficientes de herdabilidade dentro das populações, verificou-se que tanto na ESALQ-PB 2 quanto na ESALQ-PB 3, as progênie S₁ não irradiadas apresentaram percentuais superiores em relação ao grupo irradiado.

4.2. RESULTADOS GERAIS DO SEGUNDO CICLO DE SELEÇÃO

Os valores e significâncias dos quadrados mé-

dios obtidos nas análises individuais e agrupadas de variância para os caracteres de peso de campo e peso de grãos das progênes S_1 de cada população encontram-se nas Tabelas 13 e 14. Nesta etapa da pesquisa, as análises de variância concernentes aos dois caracteres foram efetuadas com base no delineamento em látice, devido ao citado delineamento ter mostrado eficiência superior a 110% em todos os experimentos.

As análises de variâncias individuais e agrupadas revelaram diferenças significativas para efeitos de progênes pelo teste F para todos os caracteres, como pode ser observado nas Tabelas 13 e 14. Os caracteres peso de campo e peso de grãos, respectivamente, na população ESALQ-PB 2 com valores de F correspondente a 2,66** e 2,84** e na população ESALQ-PB 3 com valores de 2,42** e 2,59** mostraram diferenças significativas entre progênes ao nível de 0,01 de probabilidade.

Nas duas populações estudadas, os valores dos coeficientes de variação experimental obtidos nos experimentos para os dois caracteres foram considerados médios (15,7 a 18,6%), indicando uma precisão experimental aceitável, em virtude de relacionarem-se a ensaios agrícolas de campo. Na análise agrupada os coeficientes de variação para os caracteres peso de campo e peso de grãos da população ESALQ-PB 2, com valores de 15,7 e 16,8%, respectivamente, mostraram-se inferiores em relação aos coeficientes da população ESALQ-PB 3, que por sua vez apresentaram valores de 17,0 e 18,3%, respectivamente, para o peso de campo e de grãos.

Com relação ao coeficiente de variação genética dos dois caracteres as progênes S_1 da população ESALQ-PB 3 mostraram maiores percentuais em relação às progênes S_1 da população ESALQ-PB 2, tanto para peso de campo quanto para peso de grãos. Por outro lado, o índice de variação para o caráter peso de campo variou de 0,65 a 0,84 para a população ESALQ-PB 2 e de 0,67 a 0,71 para a população ESALQ-PB 3, enquanto que a variação do peso de grãos ficou ao redor de 0,80 para ambas populações.

Os valores médios (g/planta) obtidos dos dois caracteres avaliados para as duas populações, a média geral das testemunhas (ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3), bem como as percentagens das progênes S_1 em relação à média das testemunhas, encontram-se na Tabela 15. Para o caráter peso de campo e amplitude dos valores médios foi de 101,7 a 108,1 para a população ESALQ-PB 2 e de 96,18 a 105,0 para a população ESALQ-PB 3. Com relação à média geral, a média das progênes S_1 da população ESALQ-PB 2 (104,9) foi superior a das progênes S_1 da população ESALQ-PB 3, cujo valor foi de 100,6. Na comparação com a média das testemunhas estes valores correspondem a 56,16 e 57,52%, respectivamente, para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. Os valores médios relacionados com o caráter peso de grãos, o qual apresentou uma amplitude de variação de 80,55 a 84,80 e com média geral de 82,68 para as progênes S_1 da população ESALQ-PB 2 e de 73,33 a 81,64 e com média geral de 77,49 para as progênes S_1 da população ESALQ-PB 3. Em relação à média das testemu-

nhas, estes valores correspondem a 55,27 e 53,96%, respectivamente, para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3.

A distribuição das médias dos caracteres peso de campo e peso de grãos das progênes S_1 para as duas populações, é evidenciada nas Figuras 3 e 5, podendo-se verificar também na Figura 3 a distribuição das médias das progênes S_1 selecionadas.

Na Tabela 16, estão apresentadas as estimativas de variância genética aditiva $(g/planta)^2$ e do coeficiente de herdabilidade ao nível de plantas para os dois caracteres estudados. Para o peso de campo, as estimativas de variância genética aditiva encontram-se situadas entre os valores de 119,9 a 149,9 para a população ESALQ-PB 2 e de 110,0 a 138,7 para a população ESALQ-PB 3. Os valores das estimativas de variância genética aditiva para o caráter peso de grãos foram de 95,2 a 119,0 para a população ESALQ-PB 2 e de 85,2 a 106,5 para a população ESALQ-PB 3.

Referindo-se as estimativas do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias para os dois caracteres estudados nas duas populações. Observou-se que para o caráter peso de campo os coeficientes foram 49,87 a 62,34% para a população ESALQ-PB 2 e de 47,01 a 58,76% para a população ESALQ-PB 3. Para o peso de grãos foram de 51,80 a 64,75% para a população ESALQ-PB 2 e de 49,14 a 61,42% para a população ESALQ-PB 3.

Na Tabela 17 encontra-se a depressão média devido a uma geração de autofecundação, bem como os desvios

relativos das progênes S_1 em relação à população não endôga ma para os dois caracteres estudados. Para o peso de campo e de grãos a depressão endogâmica média foram 43,82 e 43,72%, e de 42,49 e 49,44%, respectivamente para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. Quanto aos desvios, observou-se que para o caráter peso de campo estes variam com percentuais de 18,58 a 73,23%, e de 17,46 a 65,07% e para o peso de grãos com percentuais de 15,17 a 76,34% e de 22,53 a 76,08%, respectivamente, para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3.

As Figuras 6 e 7 mostram a distribuição de frequência dos valores relativos (desvio em relação a população original) para os caracteres peso de campo e peso de grãos das progênes S_1 nas duas populações.

4.3. RESULTADOS GERAIS DO TERCEIRO CICLO DE SELEÇÃO

Os resultados das análises de variância referentes aos experimentos e agrupados, relacionados aos caracteres peso de campo, peso de espigas, altura de planta, altura de espiga, comprimento de espiga, diâmetro de espiga e número de ramificações do pendão, estão apresentados nas Tabelas 18 a 22. Nas referidas tabelas, também encontram-se os coeficientes de variação experimental ($CV_e\%$), coeficientes de variação genético ($CV_g\%$), índice de variação ($\hat{\theta}$), além do erro padrão da média (s_m) para o caráter peso de campo, obtidos entre os experimentos.

À semelhança do que ocorrem na primeira etapa desta pesquisa, as análises de variância aqui, também obedeceram ao delineamento de blocos casualizados, dado que em termos gerais a eficiência mostrada pelo delineamento em lâ-tice não foi observada (sendo na maioria das análises, inferiores à 100,0%) para os sete caracteres avaliados.

Referindo-se às análises de variâncias individuais e agrupadas, observa-se que foram detectadas diferenças estatísticas significativas para efeitos de progênes S_2 para totalidade dos caracteres analisados. Com respeito ao peso de campo e de espigas, respectivamente, na população ESALQ-PB 2 com valores de F correspondente a 2,52** e 3,00** e na população ESALQ-PB 3 com valores 4,46** e 3,27** detectaram diferenças altamente significativas entre progênes. Os valores e significâncias dos quadrados médios obtidos pelo teste F para altura de planta, altura de espiga, comprimento de espiga, diâmetro de espiga e número de ramificações do pendão revelaram diferenças significativas ao nível de 0,01 de probabilidade entre progênes S_2 para as duas populações de milho em estudo.

Os valores dos coeficientes de variação experimental obtidos nas análises agrupada, para todos os caracteres oscilaram entre baixos, médios e altos, indicando uma precisão aceitável, em virtude de relacionarem-se os ensaios agrícolas de campo. Os caracteres peso de campo e peso de espiga mostraram coeficientes considerados altos, tanto para as progênes S_2 da população ESALQ-PB 2 (PC = 26,0% e

PE = 23,0%), quanto às progênes S_2 da população ESALQ-PB 3 (PC = 24,2% e PE = 20,3%). Entretanto, os caracteres altura de planta, comprimento de espiga foram os que mostraram os coeficientes mais baixos, com intervalo de variação de 7,1 a 9,6% para as duas populações. Já para os caracteres altura de espiga e número de ramificações do pendão, os coeficientes de variação oscilaram entre 10,2 a 19,9% nas populações, sendo considerados médios em experimentação de campo.

Com relação ao coeficiente de variação genética dos caracteres relacionados com produção, observa-se que as progênes S_2 da população ESALQ-PB 2 apresentaram menores percentuais em relação às progênes da população ESALQ-PB 3, para o caráter peso de campo. Entretanto, para o peso de espiga, ocorreu o inverso, as progênes S_2 da população ESALQ-PB 2 mostraram maiores percentuais em relação às progênes S_2 da população ESALQ-PB 3. Quanto ao índice de variação para os caracteres citados, os mesmos giraram em torno de $\theta = 1,00$ para as duas populações avaliadas.

Os valores médios (g/planta) dos sete caracteres avaliados para as duas populações, a média geral das testemunhas (Cargill 511 e Contimax 322), bem como as percentagens das progênes S_2 em relação à média das testemunhas, encontram-se nas Tabelas 23 e 24. Para o caráter peso de campo o intervalo dos valores médios foi de 73,98 a 93,14 e de 73,83 a 83,62, respectivamente, para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. Com relação à média geral, o valor apresentado pelas progênes S_2 da população ESALQ-PB 2 (84,83)

foi superior em relação às progênes S_2 da população ESALQ-PB 3, cujo valor foi de 73,84. Na comparação com a média das testemunhas, estes valores correspondem a 45,98 e 37,59% respectivamente, para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. Para o caráter peso de espiga, o qual apresentou um intervalo de variação de 96,31 a 119,2 e com média geral de 110,7 das progênes S_2 da população ESALQ-PB 2 e de 93,63 a 114,3 e com média geral de 102,6 das progênes S_2 para a população ESALQ-PB 3. Estes valores quando comparados com a média das testemunhas, correspondem a 52,32 e 45,04%, respectivamente, para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3.

A Tabela 24 apresenta os valores médios relacionados com cinco dos sete caracteres avaliados. Quanto aos caracteres da planta, nota-se que as progênes S_2 da população ESALQ-PB 2 com média geral de 1,83 (m/planta), 0,98 (m/planta) e 21,2 (Nº ramificações/planta), respectivamente, para altura de planta, altura de espiga e número de ramificações do pendão, apresentaram os mais elevados valores em relação às progênes S_2 da população ESALQ-PB 3, cujas médias para os respectivos caracteres foram 1,72 (m/planta), 0,95 (m/planta) e 15,6 (Nº de ramificações/planta). Estes valores, quando comparados com a média das testemunhas, correspondem a 87,1, 87,5 e 124% para a população ESALQ-PB 2 e 86,9, 89,6 e 86,7% para a população ESALQ-PB 3 respectivamente. Por outro lado, as progênes S_2 das duas populações apresentaram médias gerais mais semelhantes para o comprimento e diâmetro de espiga (15,2 cm e 3,72 cm por planta, respectiva

mente, 14,2 e 3,96 cm por planta, respectivamente). Em relação à média das testemunhas, estes valores correspondem a 81,7 e 85,2% para a população ESALQ-PB 2 e a 75,5 e 86,1% para a população ESALQ-PB 3, respectivamente.

A distribuição das médias das progênies S_2 testadas e selecionadas para o caráter peso de campo, é evidenciada na Figura 4, enquanto que as Figuras 8 a 13 mostram a distribuição das médias para os demais caracteres.

Nas Tabelas 24 e 25 encontram-se as estimativas da variância genética aditiva e dos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias e de plantas individuais das progênies referentes aos caracteres peso de campo, peso de espiga, altura de planta, altura de espiga, comprimento de espiga, diâmetro de espiga e número de ramificações do pendão resultantes da análise agrupada para as duas populações.

No referente aos caracteres de produção, as estimativas de variância genética aditiva $(g/planta)^2$ para o peso de campo foram de 219,2 a 246,6 na população ESALQ-PB 2 e de 234,4 a 263,7 na população ESALQ-PB 3. Com relação ao peso de espiga as estimativas de variância genética aditiva foram de 394,0 a 443,2 na população ESALQ-PB 2 e de 293,2 a 329,2 na população ESALQ-PB 3.

Considerando os caracteres da planta, pode-se verificar que as estimativas de variância genética aditiva entre as progênies S_2 para a altura de planta foram 0,01183 a 0,0131 na população ESALQ-PB 2 e de 0,013 a 0,0146 $(metros/planta)^2$ na população ESALQ-PB 3. Para o caráter altura de

espiga as estimativas da variância foram de 0,0098 a 0,0111 para a população ESALQ-PB e de 0,0059 a 0,0067 (metros/planta)² para a população ESALQ-PB 3, respectivamente. No referente ao número de ramificações do pendão as estimativas de variâncias genética aditiva foram de 10,8 a 12,1 para a população ESALQ-PB 2, sendo bastante inferiores em relação às estimativas das progêneses S_2 (ESALQ-PB 3), cujos valores encontram-se situados entre 21,8 a 24,5 (Nº ramificações / planta)².

Referindo-se aos caracteres da espiga observa-se que as estimativas de variância genética aditiva para o comprimento de espiga foram de 0,8304 a 0,9342 para a população ESALQ-PB 2 e de 0,9946 a 1,119 (centímetros/planta)² para a população ESALQ-PB 3. Para o caráter diâmetro de espiga as estimativas de variância genética aditiva foram mais semelhantes 0,0446 a 0,0502 e 0,0473 a 0,0532 (centímetros/planta)², respectivamente, para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3.

As estimativas do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias das progêneses S_2 para peso de campo, apresentaram percentuais entre 53,64 a 60,35%, e 60,39 a 67,95%, respectivamente, nas populações ESALQ-PB-2 e ESALQ-PB 3. Por outro lado, uma maior variação foi observada para peso de espiga, que apresentou valores percentuais entre 73,90 a 83,13%, e 61,74% a 69,30% respectivamente, para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3.

No que diz respeito às estimativas do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias, os valores obtidos para o comprimento de espiga foram de 53,47 a 60,15%, e 59,72 a 67,19%, respectivamente, para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3, sendo que para o diâmetro de espiga estes valores foram de 52,26 a 58,79% (ESALQ-PB 2) e de 57,65 a 64,85% (ESALQ-PB 3).

Quanto aos caracteres da planta, além do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias, também foi obtido o coeficiente ao nível de plantas individuais para três caracteres. As estimativas do coeficiente de herdabilidade para altura de planta exibiram valores entre 55,01 a 61,88%, e 64,08 a 72,09% ao nível de médias de progênes S_2 , e 17,78 a 20,00% e 22,67 a 25,50% ao nível de plantas individuais, respectivamente, para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. Os valores encontrados para as estimativas do coeficiente de herdabilidade do caráter altura de espiga ao nível de médias estiveram ao redor de 65% para as duas populações; ao nível de plantas individuais, as estimativas estiveram em torno de 20%, sendo o valor mais elevado 23,95% para a população ESALQ-PB 3. Com relação ao número de ramificações do pendão, as estimativas do coeficiente de herdabilidade foram de 70,24 a 79,02%, e 77,93 a 87,67% ao nível de médias de progênes S_2 e 24,48 a 27,54% e 30,30 a 34,08% ao nível de plantas individuais, respectivamente para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3.

5. DISCUSSÃO

A presente pesquisa visa essencialmente o aumento do potencial de duas populações de milho, de maneira que propicie a extração de linhagens endogâmicas para posterior integração em um programa de obtenção de híbridos. Para tanto, utilizou-se de parâmetros genético-estatísticos para avaliação da média e da variação genética do caráter produção nos três ciclos de seleção com endogamia. Em relação aos outros caracteres, foram tomados no terceiro ciclo a fim de caracterizar as populações através da avaliação de progênes S_2 naquele estágio.

5.1. PRODUÇÃO

O termo produção, de uma maneira geral, é caracterizado na literatura pelo peso de espigas ou peso de grãos. Entretanto, no momento da discussão dos resultados este termo referiu-se primeiramente ao peso de espiga avaliada em totais de parcela em todos os ciclos, e denominado de

peso de campo. Também utilizou-se o peso de grãos no segundo ciclo e o peso de três espigas no terceiro ciclo para a avaliação da produção.

5.1.1. Valores médios

As médias das progênes S_1 não irradiadas e irradiadas obtidas no primeiro ciclo de seleção da população ESALQ-PB 2 foram superiores às progênes S_1 não irradiadas e irradiadas da população ESALQ-PB 3, respectivamente em 3,6 e 13,8%. Quanto as percentagens em relação à média da testemunha, as progênes S_1 irradiadas das duas populações mostraram percentuais inferiores quando comparadas com as progênes S_1 não irradiadas. Estes decréscimos já eram esperados, pois, além dos efeitos depressivos causados pela endogamia somaram-se os efeitos prejudiciais da irradiação, provavelmente devido ao aparecimento de genes recessivos deletérios. No entanto, esses efeitos negativos que surgem logo após a irradiação, podem ser superados por ciclos sucessivos de seleção recorrente (HARRIS et alii, 1972; GARDNER, 1972; MARTIN & GARDNER, 1976).

Com relação a distribuição de médias nas duas populações (Figuras 1 e 2), observou-se que as progênes S_1 irradiadas foram bem inferiores às das progênes S_1 não irradiadas, evidenciando as diferenças de médias e de variabilidade expressas nas populações e amostras estudadas.

De acordo com os dados da EMBRAPA/CNPMS (1985/

1986) a população ESALQ-PB 1 produziu em média 8,0% mais que o híbrido "Hmd 7974", este, por sua vez produziu em média 10% mais em relação ao Piranão. Por outro lado, MIRANDA FILHO (1974) mostrou que as produções preditas das populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3 foram em média, respectivamente 7,4 e 3,6% maiores em relação à população ESALQ-PB 1. Portanto, de posse destas informações, verifica-se que as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3 têm maiores potenciais produtivos quando comparadas com a variedade testemunha. Consequentemente, as percentagens médias em relação às populações parentais seriam menores do que as obtidas em relação à testemunha (Piranão) utilizada neste ciclo.

No segundo ciclo de seleção, as médias das progênies S_1 referentes aos caracteres peso de campo e peso de grãos da população ESALQ-PB 2 foram superiores às da população ESALQ-PB 3, respectivamente em 4,3 e 6,7%. Comparando-se as médias das progênies e a média das testemunhas (populações parentais), observa-se que para o peso de campo a população ESALQ-PB 2 apresentou menores percentagens do que a população ESALQ-PB 3, ocorrendo o inverso para o caráter peso de grãos. Isto pode ser atribuído ao comportamento diferencial apresentado pelas testemunhas quanto à produção nos diferentes experimentos. O rendimento de grãos (peso de grãos / peso de campo) foi de aproximadamente 70%; observa-se que este valor refere-se a progênies endogâmicas, contrastando com valores observados em materiais não endogâmicos onde o rendimento de grãos está em torno de 80 a 85% (MIRANDA FILHO^{1/}).

^{1/} MIRANDA FILHO, J.B. (ESALQ/USP) - Departamento de Genética, Piracicaba. Comunicação Pessoal, 1987.

Observando-se a distribuição das médias de progênies S_1 das duas populações (Figura 3), pode ser notado que a população ESALQ-PB 2 teve um comportamento mais ou menos semelhante ao da população ESALQ-PB 3 com relação ao peso de campo. No entanto, para o caráter peso de grãos, as progênies S_1 da população ESALQ-PB 2 apresentaram amplitude de variação levemente superior as progênies S_1 da população ESALQ-PB 3. Porém, em ambas as populações a variabilidade entre progênies foi suficientemente ampla, indicando um alto potencial para uma seleção efetiva entre progênies.

A perda de vigor resultante da autofecundação em plantas de polinização cruzada, é mais acentuada nas primeiras gerações e torna-se progressivamente menor nas gerações subsequentes. Essa redução de vigor, é devido aos genes recessivos de efeitos desfavoráveis presentes no conjunto gênico de uma determinada população e que estão mascaradas pelos alelos dominantes em locos heterozigotos (JENKINS, 1936; STEBBINS, 1957). Deste modo, se uma população apresenta a maioria dos seus locos com dominância e uma alta frequência em heterozigose, é de se esperar uma depressão de vigor pronunciada (MOTA, 1974), com alterações maiores sobre a média do caráter quando os alelos dominante e recessivo de um locos ocorrerem com frequências iguais ($p = q = 0,5$) na população (VELLO, 1984).

Como pode ser observado na presente pesquisa, a comparação entre o desempenho médio das progênies S_1 e a população não endógama aqui realizada foi feita apenas no se

gundo ciclo de seleção, pois, foram usadas como testemunhas as populações parentais, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. Os resultados dessas comparações indicam que as duas populações apresentaram acentuada carga genética e isto foi verificado através da depressão endogâmica que foram de 42,49 e 43,82% para o peso de campo e de 43,72 a 49,24% para o peso de grãos nas populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3, respectivamente. De acordo com CROW & KIMURA (1970) a constituição genética de um indivíduo inclui uma quantidade de genes recessivos deletérios, denominada de carga genética, a qual pode ser exposta parcialmente pelo modo natural de reprodução em uma população panmítica; esta porção da carga genética é denominada de "carga expressa" $\frac{1}{2}$. A porção da carga que é retida na forma de heterozigotos é denominada de "carga potencial" $\frac{1}{2}$. Assim, sob autofecundação parte da carga potencial é exposta e parte continua retida na forma de heterozigotos. Diversos autores têm relatado os efeitos depressivos causados pela endogamia (GENTER, 1971; HALLAUER e SEARS, 1973; GOOD e HALLAUER, 1977; GERALDI & VENCovsky, 1980; MIRANDA FILHO, 1981 e VIANA et alii, 1982, entre outros). Mais recentemente, LIMA et alii (1984) mostraram valores de depressão variando de 27,0 a 57,9% em 32 populações brasileiras de milho.

Estes valores expressivos de redução na produção aqui obtidos, indicam que as populações ESALQ-PB 2 e

^{1/} Os termos "carga expressa" e "carga potencial" referem-se aos originais "expressed load" e "hidden load", definidos por CROW & KIMURA.

ESALQ-PB 3 apresentam a maioria dos seus locos com dominância em alta frequência de heterozigose, tendo ainda, muita carga genética, evidenciando que após um ciclo de seleção muitos genes deletérios ainda persistem nas populações. Por esta razão, é de se esperar que a exposição destas populações para um alto nível de homozigose via seleção recorrente com endogamia, aumente os seus potenciais genéticos como fonte de linhagens endogâmicas vigorosas em programas de milho híbrido.

Os desvios relativos das progênes S_1 em relação à população não endógama entre 200 famílias de cada população, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3 mostraram intervalos de 17,46 a 73,23% para o caráter peso de campo e de 15,17 a 76,34% para o peso de grãos. Segundo FALCONER (1960) as linhagens S_1 individuais diferem em maior ou menor extensão na mudança do valor médio, o que é explicado pela flutuação das frequências gênicas. Isto sugere que os valores mais baixos correspondem a plantas possuindo, originalmente, mais genes em homozigose, as quais devem contribuir para um aumento de probabilidade de extração de linhagens superiores.

MEGHJI et alii (1984) apresentaram um aspecto semelhante ao relacionarem heterozigose e depressão causada pela endogamia. Esses autores argumentaram que o conjunto de híbridos da década de 70 tiveram maior depressão endogâmica quando comparados com os híbridos dos anos 30 e 50, respectivamente e sugeriram que os dos anos 70 são heterozigotos em maior número de locos responsáveis pela produção, ou

seja, devem possuir diferentes locos favoráveis em diferentes híbridos.

Verificando-se a distribuição de desvios relativos das progênes S_1 em relação à população não endógama (Figuras 6 e 7) pode ser notado que as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3 tiveram comportamento similar para ambos os caracteres. Esses desvios evidenciam que o maior valor excede quatro vezes o menor valor para o peso de campo e mais de cinco vezes para o peso de grãos. Tais valores indicam que as linhagens individuais com genótipos superiores, particularmente se eles são homozigotos para muitos genes favoráveis, carregarão poucos genes deletérios que depressão menos a produção durante a endogamia do que plantas com genótipos médios ou inferiores (GENTER, 1971).

VELLO (1984) salienta que o aumento da frequência de genótipos homozigotos, via endogamia, traria como benefício o aumento da variabilidade genética na população e, HALLAUER, 1980, apresentando um aspecto favorável, que é a possibilidade de seleção contra genes letais ou deletérios. O sucesso depende da obtenção de linhagens endogâmicas de qualidade superior e a possibilidade de discriminação entre os indivíduos mais homozigotos e menos homozigotos na geração S_1 , podendo fazer com que o objetivo seja alcançado mais rapidamente (CHASE & NANDA, 1969).

Com referência ao terceiro ciclo de seleção, verificou-se que os valores médios das progênes S_2 obtidos para os caracteres peso de campo e peso de espiga da popula-

ção ESALQ-PB 2 foram maiores do que às da população ESALQ-PB 3, respectivamente, em 6,2 e 7,9%. Na comparação com a média das testemunhas, os percentuais apresentados pelas progênies S_2 da população ESALQ-PB 2 superaram os das progênies S_2 da população ESALQ-PB 3, não só para o peso de campo como também para o peso de espiga.

Nas Figuras 4 e 8 estão apresentados os gráficos da distribuição de médias das famílias S_2 para cada população. Constatou-se que para o caráter peso de espiga as duas populações tiveram comportamento mais ou menos semelhantes. Com relação ao peso de campo, verificou-se que as amplitudes de variação para as duas populações permaneceram as mesmas, porém superiores quando comparadas com os das progênies autofecundadas dos ciclos anteriores, demonstrando um aumento da variabilidade entre médias de progênies. Estes resultados são promissores e mostram que o método de seleção com famílias S_2 se apresenta conveniente à extração de linhagens superiores, pois segundo HALLAUER (1980); e MIRANDA FILHO (1981) libera maior porção da variabilidade genética.

Assim como no primeiro, neste ciclo de seleção também foram utilizados como testemunhas híbridos duplos comerciais (Cargill 511 e Contimax 322) e de acordo com MIRANDA FILHO (1986) estes materiais produzem de 25 a 30% mais que as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. Consequentemente, as percentagens em relação às populações parentais seriam superiores do que as obtidas em relação às testemunhas (Cargill 511 e Contimax 322) utilizadas neste ciclo.

Referindo-se às produções das famílias endogâmicas obtidas nos três ciclos de seleção, observou-se que mesmo sob os efeitos depressivos da endogamia houve uma tendência de acréscimo nos valores médios a cada ciclo de seleção. Essa tendência evidencia que a seleção aqui adotada, onde as linhas selecionadas a cada ciclo de seleção foram recombina-
das, foi eficiente para reduzir a frequência dos alelos recessivos deletérios, ou seja, em aumentar a frequência de alelos favoráveis nas duas populações. HORNER *et alii* (1969) também mostraram que a seleção recorrente com famílias S_2 foi eficiente para reduzir os efeitos de endogamia. Resultados similares foram obtidos por GENTER & ALEXANDER (1966) e DUCLOS & CRANE (1968) para dois e um ciclo de seleção recorrente com progênes S_1 , respectivamente.

Quanto à eficiência relativa da seleção nos três ciclos, não foi possível estabelecer um modelo comparativo com precisão. Entretanto, sabe-se que as progênes S_2 (terceiro ciclo) expõem maior porção da carga genética potencial da população, dando oportunidade para uma seleção mais efetiva no sentido de eliminação de genes deletérios. Por outro lado, a um nível maior de endogamia ($F = 0,75$) as progênes S_2 apresentam maior depressão na média dos caracteres, em relação a S_1 , e portanto as médias de produção não são diretamente comparáveis entre o segundo e terceiro ciclos. HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) mostraram que na média de várias populações a depressão esperada na produção com 50% de homozigose por descendência ($F = 0,50$) foi de 57,58 g/planta. Para o nível

de 75% de homozigose por descendência a depressão esperada foi de 86,38g/planta. No presente trabalho a depressão por endogamia no segundo ciclo de seleção para peso de campo foi de 81,9 g/planta na população ESALQ-PB 2 e de 74,3 g/planta na população ESALQ-PB 3. Portanto, nas progênies S_2 ($F = 0,75$) os valores esperados de depressão seriam de 122,85 e 111,45 g/planta, respectivamente, sob a hipótese de não alteração nas propriedades genéticas das populações. Inversamente, considerando o mesmo grau de depressão no segundo e terceiro ciclos, as médias estimadas de progênies S_1 no terceiro ciclo seriam de 139,0 e 126,6 g/planta para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3, respectivamente. Deste modo, embora os resultados experimentais sejam referentes a diferentes ambientes (locais e anos) nos diferentes ciclos, as evidências são favoráveis à aceitação da hipótese de progresso na produção das linhagens endogâmicas no decorrer do programa de seleção recorrente.

5.1.2. Estimativas de parâmetros genéticos

Na obtenção das estimativas das variâncias genéticas aditivas das progênies autofecundadas, considerou-se que os alelos de um loco na população ocorreram com frequências iguais, ou seja, $\bar{p} = \bar{q} = 0,5$, sendo $\bar{p}$ a frequência gênica dos locos segregantes (COCKERHAN, 1963). Nas situações onde as frequências dos alelos diferem deste valor, o desvio

da variância genética aditiva, ao nível de um loco é de $\beta = 2p(1-p)(p-0,5)[ad + 1,5(1-2p)d^2]$ para as famílias S_1 , onde a e d referem-se a efeitos genotípicos devidos a homozigotos e heterozigotos, respectivamente (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981). O desvio β tem equivalência com as quantidades D_1 e D_2 , definidas por COCKERHAM (1983), sendo D_1 a covariância de efeitos aditivos e efeitos de dominância dos homozigotos e D_2 é a variância dos efeitos de dominância dos homozigotos; deste modo a variância entre S_1 inclui $D_1 + 1/8 D_2$ em adição a $\sigma_A^2 + 1/4 \sigma_D^2$. Do mesmo modo, para famílias S_2 , existe um desvio dessa natureza; assim a variância de S_2 inclui $5/3 D_1 + 9/16 D_2$ em adição a $3/2 \sigma_A^2 + 3/16 \sigma_D^2$. (LANKEY & HALLAUER, 1987). Além disso, devido ao fato de progênie endogâmicas não expressarem diretamente a variância genética aditiva, suas estimativas foram calculadas sob duas hipóteses, as quais geraram os limites superior e inferior, onde se encontra compreendida a sua verdadeira estimativa. Em ambos os casos, considerou-se também desprezível a variância devido a efeitos epistáticos.

Cabe ainda ressaltar, que as estimativas das variâncias genética aditiva para todos os caracteres aqui apresentados foram obtidos de experimentos conduzidos em apenas um local e num único ano, assim, foram superestimados devido ao componente de variação resultante da interação genó-

tipo pelo ambiente (σ_{AE}^2) que não pôde ser isolado. De acordo com GARDNER (1963) este componente de variância de interação pode atingir a mais de 50% do valor da estimativa da variância genética aditiva. Por outro lado, MOLL & ROBINSON (1967) argumentaram que para uma estimativa ter validade ela deve ser obtida em, pelo menos, dois locais ou dois anos. Deste modo, as estimativas de variância obtidas no presente trabalho são restritas ao programa de seleção recorrente, conduzido em um único local sendo as progênes avaliadas em um único ano.

5.1.2.1. Estimativas de parâmetros genéticos em progênes S_1 do primeiro ciclo seleção

Considerando as estimativas de variância genética aditiva obtidas para o caráter peso de campo, observou-se que as progênes S_1 não irradiadas da população ESALQ-PB 2 mostraram de um modo geral, uma menor variabilidade genética que as progênes S_1 de ESALQ-PB 3. Quanto às estimativas das progênes S_1 irradiadas, pode ser observado que as magnitudes para a população ESALQ-PB 2 foram bem mais elevadas que a ESALQ-PB 3. Portanto, pode-se então notar que a

irradiação foi benéfica para o aumento de variabilidade genética, haja vista que a ESALQ-PB 2 irradiada apresentou maiores estimativas de variância genética aditiva em relação à população ESALQ-PB 3. PATERNIANI et alii (1973) utilizando da irradiação em progênies de meios irmãos da variedade Centralmex, observaram também que as estimativas de variância genética aditiva na amostra irradiada em comparação com a não irradiada, mostrou-se cerca de 83% maior no primeiro ano e 48% maior no segundo.

Por outro lado, para se ter uma idéia dos efeitos causados pela irradiação nas populações em questão, procurou-se comparar as estimativas de variância genética aditiva das amostras irradiadas e não irradiadas dentro da mesma população. Desse modo, constatou-se que as estimativas para a população ESALQ-PB 2 não irradiada foi de menor magnitude que a amostra irradiada. Para a população ESALQ-PB 3, contudo, observou-se o contrário ou seja, as estimativas da amostra não irradiada foram maiores em relação à amostra irradiada. Tais resultados evidenciam que a população ESALQ-PB 2 mostrou-se mais sensível aos efeitos da irradiação que a população ESALQ-PB 3. Uma provável explicação para esta diferença de comportamento seria de que a população ESALQ-PB 2 deve possuir, em média, maiores frequências dos alelos favoráveis em relação aos da população ESALQ-PB 3 e sob os efeitos da irradiação acarretou um aumento da variabilidade genética naquela população. De fato, o

efeito da irradiação sobre a variabilidade genética depende da estrutura da população. Por exemplo, nos locos sem dominância a máxima variância genética ocorre com frequência alélica $p = 0,5$; como a irradiação atua no sentido de diminuir a frequência dos alelos favoráveis, a variância deve aumentar para os locos com $p > 0,5$ e diminuir para os locos com $p < 0,5$. Quando existe dominância, as consequências são similares, com a diferença de que o ponto de máxima variância depende do grau de dominância; por exemplo, com dominância completa a máxima variância aditiva ocorre no ponto $p = 1/4$ (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981).

Uma vez que o erro padrão das estimativas da variância genética aditiva é de grande valia ao se fazer inferência a respeito de uma dada estimativa, este foi estimado para as amostras irradiadas e não irradiadas nas duas populações. Para ambos os casos, pode ser observado que, proporcionalmente, as menores estimativas da variância genética aditiva estava associada a maiores erros.

Para os coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de progênes relativas as estimativas das amostras não irradiadas foram maiores para a população ESALQ - PB 3 enquanto que para as amostras irradiadas a população ESALQ - PB 2 exibiu valores mais elevados, indicando que a irradiação promoveu um aumento da variabilidade genética nesta população, conforme já discutido anteriormente. Efetuando-se comparação entre as amostras, na mesma população observou-se que os coeficientes de herdabilidade para as amostras não irradiadas

das apresentaram maiores magnitudes que as irradiadas, sendo esses valores considerados relativamente altos e portanto, convenientes para a seleção de linhagens endogâmicas. Vale ressaltar ainda que, no presente caso, os valores mais elevados das estimativas de herdabilidade relativas aos grupos não irradiadas corresponderam aos menores coeficientes de variação experimental. Tais resultados são discordantes com os relatados por VALOIS (1982) para as progênes S_1 da variedade Centralmex, onde os maiores coeficientes de herdabilidade estão associados aos maiores coeficientes de variação experimental.

A variação genética existente entre progênes foi estimada pelo coeficiente de variação genética, que mostrou maiores valores para as progênes S_1 irradiadas das populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3, em relação às progênes S_1 não irradiadas das mesmas populações. Esses valores, quando comparados com os dados de populações panmíticas em geral, mostraram boa variação genética e que pode ser explorada através da seleção. Deve-se ressaltar ainda que não houve tendência de correspondência entre esses valores encontrados e as estimativas das variâncias genéticas aditivas das progênes S_1 não irradiadas correspondentes.

A relação entre o coeficiente de variação genética e o coeficiente de variação experimental, medido através do índice de variação, foi estimada apenas para as amostras não irradiadas uma vez que este índice não refletiria, em realidade a variabilidade genética existente nas populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3, em razão dos altos coefi-

cientes de variação experimental (22,6 e 21,4%) observado para as amostras irradiadas. De acordo com VENCOVSKY (1978) quando essa relação está próxima ou superior a 1,0, em ensaios de progênies de milho, maiores serão as possibilidades de sucesso da seleção. A julgar pelos valores aqui obtidos, pode-se afirmar que as duas populações apresentam condições altamente favoráveis de incremento genético do caráter em questão. De fato, o menor erro experimental e a maior herdabilidade associados a esse caráter evidenciaram essa afirmativa.

5.1.2.2. Estimativas de parâmetros genéticos em progênies S_1 do segundo ciclo de seleção

Neste ciclo de seleção, observou-se que as estimativas de variância genética aditiva baseadas em progênies S_1 para o caráter peso de campo foram de magnitudes semelhantes, nas populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3, indicando a existência de variabilidade genética considerável, passíveis de serem utilizadas em ciclos subsequentes de seleção. Com respeito ao peso de grãos, verificou-se que as progênies S_1 da população ESALQ-PB 2 apresentaram valores de maior magnitude que as progênies S_1 da outra população. Deve-se assinalar ainda que as estimativas de variância genética concernentes a este ciclo, associaram-se a erros comparativamente menores que os das progênies S_1 não irradiadas

do primeiro ciclo de seleção, em razão do uso de um maior número de repetições envolvidas em suas quantificações.

Num estudo comparativo envolvendo duas estruturas de famílias na variedade Centralmex, MIRANDA FILHO (1981) mostrou que as progênes S_1 apresentaram maiores valores de variância genética que às progênes de irmãos germanos. Analisando o comportamento de progênes S_1 e de meios irmãos desta mesma variedade, oriunda de quatro ciclos de seleção recorrente entre e dentro de famílias de meios irmãos, MOTA (1974) verificou que a variância genética entre progênes S_1 apresentou valores mais altos do que o liberado entre progênes de meios irmãos. Ainda na variedade Centralmex, após seis ciclos de seleção recorrente entre e dentro de famílias de meios irmãos, VALOIS & MIRANDA FILHO (1982) mostraram que a variância entre progênes S_1 foi superior aos demais métodos de avaliação de irmãos germanos, com o valor de $354,94 \text{ (g/planta)}^2$ para a variância genética aditiva, valor este bem superior quando comparado aos obtidos neste ciclo para as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. Assim, esses valores apresentados pelas progênes S_1 confirmam a maior capacidade dessas famílias na liberação da variância genética, conforme os comentários de PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987).

Para os caracteres de peso de campo e peso de grãos as estimativas dos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de progênes S_1 , tiveram valores superiores para a população ESALQ-PB 2. Os valores de herdabilidade das

progênes S_1 nos dois caracteres foram de aproximadamente 65%, supondo ausência de dominância. Isso significa que grande parte da variação observada entre médias de progênes S_1 é devida a efeitos genéticos e que a seleção para estes caracteres deve ser eficiente, através do uso deste tipo de famílias. Do mesmo modo ao que ocorreu no primeiro ciclo, os maiores coeficientes de herdabilidade associaram-se a coeficientes de variação experimental mais baixos, mostrando que o ambiente exerceu menor influência sobre a expressão fenotípica destes caracteres, o que pode ser observado pela alta significância dos quadrados médios entre progênes S_1 , referentes aos citados caracteres das populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3.

Com relação aos coeficientes de herdabilidade pode-se constatar que as estimativas obtidas para as progênes S_1 no presente ciclo mostraram-se coerentes com as apresentadas por MOTA (1974), e com os relatados por VALOIS (1982). Convém ressaltar ainda que esses coeficientes de herdabilidade ao nível de médias com progênes S_1 mostraram valores superiores aos baseados em famílias de meios irmãos e irmãos germanos (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1987; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981; VALOIS, 1982).

Quanto às estimativas dos coeficientes de variação genética, observou-se que os valores para as progênes S_1 de ambas as populações foram da mesma magnitude, tanto para o peso de campo (11,7 e 11,7%) como para o peso de grãos (13,2 e 13,3%), porém foram inferiores quando compara

das com aquelas citadas por MOTA (1974) e VALOIS (1982). Assim como no ciclo anterior, neste também, não houve uma tendência de associação entre estas estimativas e as das variâncias genéticas aditivas, o que segundo RAMALHO (1977) pode ser atribuído as diferenças nas produções médias das populações que prejudicam a utilização do coeficiente de variação genética para a comparação da variabilidade genética livre presente, em diferentes populações ou diferentes ciclos de seleção de uma mesma população.

De acordo com VENCOVSKY (1975) ^{1/} citado por SOARES FILHO (1987), uma maneira de contornar tal problema seria através da utilização do índice de variação para se comparar a variabilidade genética de populações, o qual dá a proporção da variância genética entre progênes em relação ao erro residual, além de eliminar a influência da média populacional nas comparações a serem realizadas. SILVA & LONNQUIST (1969) utilizaram um procedimento semelhante na comparação da variação genética em diferentes ciclos de seleção. Os valores dos coeficientes $\hat{\theta}$ encontrados neste ciclo não diferiram muito daqueles estimados por VALOIS (1982). Deve-se acrescentar ainda que os menores erros experimentais e os maiores coeficientes de herdabilidade, associaram-se aos maiores índices de variação.

^{1/} VENCOVSKY, R. (ESALQ/USP - Departamento de Genética, Piracicaba). Relatório de viagem enviado à FAPESP, 1975.

5.1.2.3. Estimativas de parâmetros genéticos em progênes S_2 do terceiro ciclo de seleção

Através das estimativas de variância genética aditiva para o caráter peso de campo, pode-se observar que as progênes S_2 da população ESALQ-PB 2 mostraram valores mais baixos que as progênes S_2 da população ESALQ-PB 3. Por outro lado, as estimativas de variância genética aditiva para o peso de espigas foram mais altas na população ESALQ-PB 2. Conforme pode se constatar neste ciclo, as estimativas baseadas em progênes S_2 para as duas populações, associaram-se a erros comparativamente maiores que as progênes S_1 dos ciclos anteriores, como resultante das técnicas experimentais utilizadas neste ciclo, principalmente referentes a menor número de repetições ($r = 2$) e parcelas menores (10 plantas por parcela). Acrescente-se que o fato dessas famílias possuírem maior capacidade de liberação de variância genética (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1987; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981; MIRANDA FILHO, 1981), elas devem apresentar uma interação genótipo com o ambiente mais acentuada, o que acarreta em uma maior imprecisão das estimativas de sua variância genética aditiva.

Os trabalhos encontrados na literatura para estimativas de parâmetros genéticos entre famílias S_2 , são raros, dificultando assim uma comparação mais precisa com os resultados aqui obtidos. Mesmo assim, pode-se constatar que

os resultados obtidos no presente trabalho mostraram-se coerentes com os apresentados por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981). Deve-se ressaltar que estes autores apresentaram resultados obtidos com linhagens endogâmicas originadas das variedades sintéticas BSSS 13 e BSK(S) em vários ciclos de seleção recorrente com famílias S_2 , e tendo estes materiais uma menor frequência de genes deletérios a influência das flutuações ambientais são menores quando comparadas com as populações do presente estudo. Portanto, supõe-se que as estimativas de variância genética aditiva para sintéticos sejam de maior precisão em relação as famílias S_2 de populações ou variedades de polinização livre como as utilizadas no presente estudo.

As magnitudes das estimativas dos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de progênes S_2 foram elevadas para os caracteres peso de campo e peso de espiga, demonstrando mais uma vez a potencialidade das duas populações para o melhoramento. Tais estimativas estão de acordo com as apresentadas por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) onde também constatarem coeficientes de herdabilidade altos nas duas variedades sintéticas avaliadas. Semelhantemente ao que ocorreu nos ciclos anteriores, os mais altos coeficientes de herdabilidade das populações em questão, associaram-se a coeficientes de variação experimental mais baixos.

Com relação às estimativas dos coeficientes de variação genética, observou-se que os maiores percentuais

foram apresentados pelas progênies S_2 da população ESALQ-PB 2 tanto para o peso de campo como também para o peso de espigas. Como se pode constatar, também neste ciclo, não houve uma concordância perfeita entre essas estimativas e as das variâncias genéticas aditivas o que é atribuído as diferenças nas produções médias das populações, já discutido anteriormente no item 5.1.2.2. Em relação à grandeza dos coeficientes de variação genética, obtidos por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981), para progênies S_2 de duas variedades sintéticas, já comentadas, verifica-se que as estimativas correspondente às progênies S_2 das populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3 foram de maiores magnitudes.

No que diz respeito aos índices de variação genética, verificou-se que os seus valores foram altos para ambos os caracteres e quando comparados com os apresentados por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) para progênies S_2 de duas variedades sintéticas, confirmam que tanto a população ESALQ-PB 2 como a ESALQ-PB 3 possuem um alto grau de variabilidade genética livre, para o melhoramento de seus potenciais como fonte futura de extração de linhagens endogâmicas vigorosas. Foi observado novamente que, os menores erros experimentais e os maiores coeficientes de herdabilidade correspondem aos maiores valores do coeficiente $\hat{\sigma}$.

Confrontando as estimativas de variância

genética aditiva referente aos três ciclos de seleção, excluindo-se as das amostras irradiadas do primeiro ciclo, observou-se que apenas a população ESALQ-PB 3 mostrou uma redução de 13,4% na variância genética aditiva do primeiro para o segundo ciclo de seleção. Para a população ESALQ-PB 2, contudo, observou-se o contrário, ou seja, um aumento de 5,2% na estimativa da variância genética aditiva para o segundo ciclo em relação ao primeiro. Presume-se que este comportamento da variância genética aditiva no segundo ciclo, seja consequência da irradiação, a qual atuando de maneira desfavorável permitiu uma maior discriminação entre as progênes S_1 do primeiro ciclo na população ESALQ-PB 3, conforme pode ser visualizado na Figura 2. Com relação ao último ciclo de seleção, as estimativas de variância genética aditiva nas duas populações mostraram um aumento acentuado.

LANKEY & HALLAUER (1987) observaram que a variância entre progênes S_2 foram menores do que a de progênes S_1 em algumas das populações estudadas. Os autores atribuíram estas discrepâncias a várias causas, a saber: 1) Efeito do componente D_1 que é 2,5 vezes maior em S_2 em relação a S_1 ; de fato, $D_1 = 0$ para $p = 0,5$ e $D_1 < 0$ para $p < 0,5$ e neste caso pode contribuir para diminuir a estimativa da variância aditiva em S_2 , a qual para $p = 0,5$ expressa 1,5 vezes mais a variância aditiva em relação a S_1 ; 2) efeito de amostragem inadequado devido a seleção visual na obtenção de progênes S_2 ; 3) erros associados a estimativas da variância.

No presente trabalho, foram comparadas as estimativas de variância aditiva, em vez da variância genética entre progênies, nos diversos ciclos de seleção. Portanto, não é esperado uma alteração acentuada na variância aditiva, exceto pelo efeito da seleção. Neste aspecto, deve-se ressaltar que a variância aditiva pode, aumentar ou diminuir sob efeito da seleção direcionada para aumento da frequência (p) de alelos favoráveis. Por exemplo com dominância completa o valor máximo da variância aditiva ocorre no ponto $p = 1/4$ (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981). Deste modo, para locos com frequência acima de $1/4$ a variância tende a diminuir com a seleção, e o contrário ocorre para alelos com frequência $p < 1/4$. Para outros níveis de dominância existem, do mesmo modo, pontos de frequência alélica que resultam em máxima variância. Os componentes D_1 e D_2 e o erro associado a estimativa também podem ter contribuído para a maior variância observada em S_2 , conforme salientado por LANKEY & HALLAUER (1987). Entretanto, é provável que a principal causa da maior variância em S_2 seja atribuída ao maior grau de endogamia no terceiro ciclo de seleção; de fato, sob um coeficiente de endogamia $F = 0,75$ aumenta a probabilidade de exposição da carga genética potencial, sendo que a presença de genes deletérios de grande efeito podem causar distorções pronunciadas na estimativa da variância em relação ao valor previsto. Em vista dos resultados obtidos, é razoável supor que as populações em estudo ainda são portadoras de acentuada carga genética.

Referindo-se ao coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênes do caráter peso de campo, verificou-se que suas estimativas de uma maneira geral, apresentaram-se razoáveis para a amostra irradiada da população ESALQ-PB 3 e altas nas demais situações, de acordo com a classificação apresentada por VENCOVSKY (1973). Esses valores de herdabilidades aqui obtidos, indicam que a variabilidade genética foi mantida nas populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3 durante os sucessivos ciclos de seleção com endogamia. Com relação ao terceiro ciclo, apesar de apresentar um maior valor da variância aditiva o coeficiente de herdabilidade não apresentou diferença sensível em relação aos demais ciclos, para ambas as populações. Tal resultado se deve ao fato da menor precisão experimental no terceiro ciclo, conforme se constatou pela magnitude dos coeficientes de variação experimental. Uma medida mais adequada da precisão experimental é o erro padrão da média (s_m), pois expressa mais realisticamente a variação casual das estimativas de médias porque inclui o número de repetições; com relação a esta estatística, as médias estimadas no terceiro ciclo foram as que apresentaram a menor precisão, sendo que o erro padrão da média influi diretamente no coeficiente de herdabilidade ao nível de média de progênes, pois :
$$h_m^2 = c\sigma_A^2 \cdot (\sigma_p^2 + s_m^2)^{-1}.$$

5.2. OUTROS CARACTERES

5.2.1. Valores médios

Com relação aos caracteres altura de planta, altura de espiga, número de ramificações do pendão, comprimento de espiga e diâmetro de espiga, verificou-se que os valores médios das progênes S_2 foram menores em relação a média das testemunhas, em ambas populações. No caso de ramificações do pendão, para a população ESALQ-PB 2, observou-se um maior valor médio nas progênes S_2 quando comparado com a média das testemunhas; para a população ESALQ-PB 3 a média deste caráter também foi menor que a testemunha. Para estes caracteres, não se tem informações, neste trabalho, sobre a depressão por endogamia. Porém, sabe-se que para estes caracteres ocorre depressão por endogamia menos pronunciadas do que para a produção de grãos, em razão da alta herdabilidade e do menor grau médio de dominância envolvidos (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981; KASSOUF & MIRANDA FILHO, 1986). Os resultados mostrados por HALLAUER & SEARS (1973) e MOTA (1974), também indicam que houve um decréscimo, sob endogamia, nos valores médios de progênes S_1 para os caracteres altura de planta, altura de espiga, comprimento de espiga e diâmetro de espiga. Neste trabalho, o estudo dos caracteres mencionados foi no sentido de fornecer informações sobre a expressão dos mesmos nas populações com coeficiente de endogamia $F = 0,75$.

Nas Figuras 9 a 13 os histogramas de distribuição das médias indicam amplitudes de variação semelhantes para as progênies S_2 de ambas populações, exceto para o caráter número de ramificações do pendão onde os limites são menores para a população ESALQ-PB 2. Em contraste, as progênies autofecundadas da população ESALQ-PB 3 apresentaram uma maior dispersão em torno da média geral. Portanto, pode-se dizer que a população ESALQ-PB 3 apresentou maior variabilidade para este caráter. Por outro lado, o menor valor médio do número de ramificações do pendão na população ESALQ-PB 3, não está de acordo com diversos resultados, os quais são indicativos de que as populações de grãos tipo "flint" (duro) apresentam, em geral, pendões maiores do que as do tipo dentado (GERALDI, 1977; PATERNIANI et alii, 1982; SEGOVIA, 1983; AGUILAR MORÁN, 1984; SOARES FILHO, 1987).

5.2.2. Estimativas de parâmetros genéticos

Considerando a variância genética aditiva, observou-se que para todos os caracteres, com exceção da altura de espiga, as estimativas baseadas em progênies S_2 da população ESALQ-PB 2 superaram às referentes da população ESALQ-PB 3. Isso indica que as duas populações em questão mostraram considerável quantidade de variabilidade genética para melhorar esses caracteres. Convém ressaltar que as

estimativas de variância genética aditiva para esses caracteres baseados em famílias S_2 são raras na literatura, e as poucas existentes dificultam uma comparação mais precisa com as estimativas obtidas no presente estudo.

Para o coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênes S_2 , as estimativas foram consideradas altas para todos os caracteres avaliados, apresentando quase as mesmas magnitudes nas populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3 para o diâmetro de espiga, número de ramificações do pendão, comprimento de espiga e altura de espiga, indicando dessa maneira que o ambiente exerceu pouca influência sobre os mesmos. KASSOUF & MIRANDA FILHO (1986) mostraram um elevado valor para o coeficiente de herdabilidade ao nível de famílias, variando de 66,3 a 89,5% para progênes S_1 e de 65,8 a 87,0% para progênes de irmãos germanos. MOTA (1974) por sua vez, encontrou também elevados coeficientes de herdabilidades em famílias S_1 , para os caracteres altura de planta (88,11%), altura de espiga (73,41%), comprimento de espiga (73,64%) e diâmetro de espiga (73,41%) na variedade Centralmex.

No caso dos coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas, verificou-se que as progênes S_2 da população ESALQ-PB 3 apresentaram valores relativamente superiores para os caracteres altura de planta e número de ramificações do pendão. Para a altura de espiga, as progênes S_2 da população ESALQ-PB 2 mostraram estimativas de maior magnitude.

5.3. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O programa de seleção recorrente nas populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3, conforme analisado neste trabalho, tem por finalidade a obtenção de populações base como fonte de linhagens endogâmicas vigorosas para a utilização em híbridos. Para esse fim, utilizou-se o esquema de seleção recorrente com endogamia (progênes S_1 e S_2), o qual, como já enfatizado, apresenta a vantagem de dar oportunidade à seleção contra genes recessivos deletérios, que são responsáveis pelo baixo padrão de comportamento de linhagens endogâmicas. Por outro lado, a utilização de progênes endogâmicas resulta em menor precisão experimental nos ensaios de avaliação de progênes o que, contudo, pode ser parcialmente compensado pela maior expressão da variância genética aditiva e consequentemente maior progresso esperado por seleção, em relação ao uso de progênes não endogâmicas (MIRANDA FILHO, 1981).

A utilização de duas populações geneticamente contrastantes tem por objetivo a exploração da heterose ao nível interpopulacional no final do programa. Nesta fase do programa, contudo, utilizou-se o esquema de seleção recorrente intrapopulacional, pois não é possível a utilização de progênes endogâmicas como unidade de seleção. A exploração da heterose ao nível interpopulacional se fará por ocasião da avaliação da capacidade de combinação das linhagens em combinações híbridas, quando cada população será utilizada como testadora das linhagens da população oposta.

Um programa de seleção recorrente sob endogamia, conforme o delineado neste trabalho, deve conduzir a um aumento expressivo da probabilidade de obtenção de linhagens vigorosas para a utilização em híbridos. Como é sabido, o valor genético de linhagens endogâmicas é, em sua maior parte, avaliado em combinações híbridas quando há oportunidade de expressão de sua capacidade de combinação e do seu valor heterótico. Entretanto, o padrão de comportamento das linhagens "per se" também é importante e pode, em muitos casos, ser limitante em programas de híbridos. De fato, a viabilidade e o custo de produção de sementes básicas está diretamente vinculado à produtividade das linhagens femininas (produtoras de sementes), nos programas que visam a utilização de híbridos duplos. Do mesmo modo, nos programas de híbridos triplos, o vigor e a produtividade da linhagem masculina também são importantes nos campos de produção de sementes comerciais pois o padrão de vigor da linhagem masculina, nestes casos, pode comprometer a polinização além de oferecer menor produção de grãos, a qual geralmente é computada no custo de produção.

Finalmente, pode-se afirmar que a viabilidade de utilização de híbridos simples em escala comercial depende, em grande parte, do padrão de vigor das linhagens parentais, particularmente de linhagens femininas. Nos Estados Unidos, a utilização de híbridos duplos foi amplamente aceita e aparentemente se revelava como o único meio de utilização de linha

gens endogâmicas em híbridos. Entretanto, a melhoria das práticas culturais e o desenvolvimento de linhagens mais vigorosas permitiram a introdução de híbridos simples em escala comercial naquele país. Além disso, os híbridos duplos requerem quatro linhagens parentais enquanto que os híbridos simples requerem somente duas; conseqüentemente, a pressão de seleção é maior quando se selecionam linhagens para obtenção de híbridos simples (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981). COCKERHAM (1961) também mostrou teoricamente que a variabilidade genética e o ganho genético esperado é maior para híbridos simples do que para híbridos duplos. Deste modo, a utilização de híbridos simples parece ser uma alternativa viável e recomendável quando são respeitados outros fatores no processo de produção de grãos de milho. No Brasil, os programas de obtenção e utilização de linhagens endogâmicas encontram-se em fase bastante adiantada de pesquisa. Entretanto, as pesquisas que contribuem para melhorar o comportamento de linhagens endogâmicas deverão resultar em maior probabilidade de sucesso nos programas de seleção de híbridos.

6. CONCLUSÕES

Nas condições do presente trabalho, as interpretações dos resultados obtidos permitiram apontar as seguintes conclusões:

a. As progênies S_1 das amostras irradiadas das duas populações estudadas mostraram valores médios mais baixos para o peso de campo que as das amostras não irradiadas, indicando que o efeito da irradiação influenciou negativamente nas médias das populações, provavelmente devido ao aparecimento de genes recessivos deletérios, em adição à carga genética já existente.

b. A redução dos valores médios para os caracteres peso de campo e peso de grãos em ambas as populações ficou evidenciada pela comparação com as populações parentais não endogamas ou com as testemunhas.

c. A acentuada depressão endogâmica no último ciclo de seleção, indica que progressos adicionais podem ser obtidos pela eliminação de genes deletérios remanescentes.

d. As análises dos três ciclos de seleção mostraram evidências de progressos na produção de progênes endogâmicas de ambas as populações, em decorrência principalmente da eliminação de alelos recessivos deletérios.

e. As estimativas da variância genética aditiva foram maiores no último ciclo de seleção (progênes S_2) para ambas as populações, em decorrência do maior grau de endogamia ($F = 0,75$) que leva a maior probabilidade de exposição de genes deletérios e conseqüentemente a distorções nas estimativas de variâncias; outros fatores podem ter contribuído para as maiores variâncias em S_2 .

f. A utilização de limite nas estimativas de variâncias segundo as hipóteses de ausência ou presença de dominância, mostrou-se adequada tendo em vista que a amplitude dos limites não excederam à dos erros associados as estimativas.

g. A variabilidade genética, expressa pela magnitude dos coeficientes de herdabilidade, mostrou-se praticamente constante nas duas populações com o decorrer dos três ciclos de seleção com endogamia.

h. Os resultados presentemente obtidos, particularmente aqueles provenientes do estudo dos parâmetros genéticos, colocam as populações como muito promissoras para programas de melhoramento intrapopulacional e abre perspectivas para os métodos interpopulacionais.

i. Em vista dos resultados obtidos no presente trabalho, é razoável supor que as populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3 ainda são portadoras de acentuada carga genética. Portanto, é de se esperar que a exposição destas populações para um alto nível de homozigose via seleção recorrente com endogamia, aumente os seus potenciais genéticos como fonte de linhagens endogâmicas vigorosas para utilização em programas de milho híbrido.

T A B E L A S

Tabela 6. Análise de variância, coeficientes de variação experimental (CV_e) e genético (CV_g), índice de variação ($\theta = CV_g/CV_e$) calculados com totais de parcela ($kg/5m^2$) e erro padrão da média (s_m) em g/planta para o caráter peso de campo das progênes S_1 não irradiadas no primeiro ciclo de seleção da população de milho ESALQ-PB2.

Experi- mentos	Blocos		Tratamentos		Erro		$CV_e\%$	$CV_g\%$	$\hat{\theta}$	s_m
	g.l	QM ⁺	gl	QM ⁺	gl	QM ⁺				
1.1.1.	1	129,2	99	329,5**	98	158,3	16,7	12,2	0,74	11,2
1.1.2	1	136,3	99	279,6**	98	127,1	15,6	12,1	0,77	10,1
1.1.3	1	1320,0	99	289,3**	98	78,7	13,9	16,1	1,16	7,9
Agrupada	3	528,6	297	299,5**	294	121,4	15,6	13,4	0,86	9,8

⁺ valores multiplicados por 10^3 ;

** significativo ao nível de 0,01 de probabilidade.

Tabela 7. Análise de variância, coeficientes de variação experimental (CV_e) e genético (CV_g), índice de variação ($\hat{\theta} = CV_g/CV_e$) calculados com totais de parcela ($kg/5m^2$) e erro padrão da média (s_m) em g/planta para o caráter peso de campo das progênies S_1 não irradiadas do primeiro ciclo de seleção da população de milho ESALQ-PB3.

Experi- mentos	Blocos		Tratamentos		Erro		$CV_e \%$	$CV_g \%$	$\hat{\theta}$	s_m
	g.l	QM ⁺	gl	QM ⁺	gl	QM ⁺				
1.2.1.	1	1432,00	99	380,9**	98	100,3	14,5	17,1	1,18	9,0
1.2.2.	1	36,24	99	247,8**	98	103,5	14,2	11,8	0,83	9,1
1.2.3.	1	97,98	99	298,8**	98	133,3	18,5	14,5	0,79	10,3
Agrupada	3	522,00	297	309,2**	294	112,4	15,62	14,6	0,94	9,5

+ valores multiplicados por 10^3 ;

** significativo ao nível de 0,01 de probabilidade.

Tabela 8. Análise de variância, coeficientes de variação experimental (CV_e) e genético (CV_g) calculados com totais de parcela ($kg/5m^2$) e erro padrão da média (s_m) em g/planta para o caráter peso de campo das progênes S_1 irradiadas do primeiro ciclo de seleção da população de milho ESALQ-PB2.

Experi- mentos	Blocos		Tratamentos		Erro		$CV_e\%$	$CV_g\%$	s_m
	g.l	QM ⁺	gl	QM ⁺	gl	QM ⁺			
1.1.4.	1	157,6	99	547,4**	98	296,1	25,3	16,5	15,4
1.1.5.	1	201,0	99	479,5**	98	159,4	19,3	19,4	11,3
Agrupada	2	179,3	198	513,5**	196	227,8	22,6	17,9	13,5

+ valores multiplicados por 10^3 ;

** significativo ao nível de 0,01 de probabilidade.

Tabela 9. Análise de variância, coeficientes de variação experimental (CV_e) e genético (CV_g) calculados com totais de parcela ($kg/5m^2$) e erro padrão da média (s_m) em g/planta para o caráter peso de campo das progênes S_1 irradiadas do primeiro ciclo de seleção da população de milho ESALQ-PB3.

Experi- mentos	Blocos		Tratamentos		Erro		$CV_e \%$	$CV_g \%$	s_m
	gl	QM^+	gl	QM^+	gl	QM^+			
1.2.4.	1	381,6	99	301,0**	98	97,49	19,4	19,8	8,8
1.2.5.	1	15,8	99	295,4*	98	218,0	22,3	9,4	13,2
Agrupada	2	198,7	198	298,2**	196	157,8	21,4	14,3	11,2

+ valores multiplicados por 10^3 ;

*,** significativo ao nível de 0,05 e 0,01 de probabilidade, respectivamente.

Tabela 10. Médias de produção correspondentes ao peso de campo das progênes S_1 não irradiadas do primeiro ciclo de seleção (mp) de duas populações de milho ESALQ-PB2 e ESALQ-PB3, média de testemunha (mt) e percentagens em relação a média da testemunha (m%).

ESALQ-PB2				ESALQ-PB3			
Experi mentos	Peso de campo (g/planta)			Experi mentos	Peso de campo (g/planta)		
	mp	mt*	m%		mp	mt*	m%
1.1.1	95,40	140,1	68,09	1.2.1	87,66	120,2	72,93
1.1.2	91,33	141,0	64,77	1.2.2	90,78	128,7	70,54
1.1.3	80,86	138,7	58,30	1.2.3	79,12	137,8	57,42
Média	89,20	139,9	63,76	-	85,85	128,9	66,60

* testemunha: Piranão

Tabela 11. Médias de produção correspondentes ao peso de campo das progênes S_1 irradiadas do primeiro ciclo de seleção (mp) de duas populações de milho ESALQ-PB2 e ESALQ-PB3, média de testemunha (mt) e percentagens em relação a média da testemunha (m%).

Experi- mentos	ESALQ-PB2			ESALQ-PB3			
	Peso de campo (g/planta)			Peso de campo (g/planta)			
	mp	mt*	m%	mp	mt*	m%	
1.1.4	86,15	142,9	60,29	1.2.4	64,32	128,5	50,50
1.1.5	82,59	139,6	59,16	1.2.5	83,94	121,5	69,09
Média	84,37	141,3	59,71	-	74,13	125,0	59,30

* testemunha: Piranão

Tabela 12. Estimativas da variância genética aditiva (σ_A^2) e do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias (h_x^2) para o caráter peso de campo de progênies S_1 no primeiro ciclo de seleção nas populações ESALQ-PB2 e ESALQ-PB3.

População	$\hat{\sigma}_A^2$ a/		h_x^2 %	
	(1)	(2)	(1)	(2)
ESALQ-PB2 (NI)	114,0 $\pm$ 29,0	142,5 $\pm$ 36,3	47,6	59,5
(IR)	182,8 $\pm$ 50,6	228,6 $\pm$ 63,2	44,5	55,6
ESALQ-PB3 (NI)	125,9 $\pm$ 29,6	157,4 $\pm$ 37,0	50,9	63,6
(IR)	89,9 $\pm$ 30,4	112,3 $\pm$ 38,0	37,7	47,1

a/ valores convertidos em g/planta pelo produto da constante ($10^6/25^2$);

(1), (2): hipóteses $\sigma_D^2 = \sigma_A^2$ e $\sigma_D^2 = 0$, respectivamente;

(NI), (IR): amostras não irradiadas e irradiadas, respectivamente;

Tabela 13. Análise de variância, coeficientes de variação experimental (CV_e) e genético (CV_g), índice de variação ($\hat{\theta} = CV_g/CV_e$), eficiência do látice (Ef) e erro padrão da média (s_m) em g/planta para os caracteres peso de campo e peso de grãos das progêneses S_1 do segundo ciclo de seleção da população de milho ESALQ-PB2.

Experimentos	Peso de campo (kg/ 4 m ²)								
	Trat. ajust.		Erro intrablocos		$CV_e\%$	$CV_g\%$	$\hat{\theta}$	s_m	Ef %
	gl	QM ⁺	gl	QM ⁺					
2.1.1	99	261,3**	170	115,8	15,7	10,2	0,65	9,8	110,3
2.1.2	99	315,9**	170	101,6	15,7	13,1	0,84	9,2	113,6
Agrupada	198	288,6**	340	108,7	15,7	11,7	0,74	9,5	
	Peso de grão (kg/ 4m ²)								
	Trat. ajust.		Erro intrablocos		$CV_e\%$	$CV_g\%$	$\hat{\theta}$	s_m	Ef %
	gl	QM ⁺	gl	QM ⁺					
2.1.1	99	203,0**	170	83,93	17,1	11,8	0,69	8,5	110,7
2.1.2	99	238,1**	170	71,56	16,6	14,6	0,88	7,7	115,8
Agrupada	198	220,6**	340	77,74	16,9	13,2	0,78	8,1	

⁺ valores multiplicados por 10³;

** significativo ao nível de 0,01 de probabilidade.

Tabela 14. Análise de variância, coeficientes de variação experimental (CV_e), genético (CV_g), índice de variação ($\hat{\theta} = CV_g/CV_e$), eficiência do látice (Ef) e erro padrão da média (s_m) em g/planta para os caracteres peso de campo e peso de grãos das progêneses S_1 do segundo ciclo de seleção da população de milho ESALQ-PB3.

Experimentos	Peso de campo (kg /4 m ²)								
	Trat. ajust.		Erro intrablocos		$CV_e\%$	$CV_g\%$	$\hat{\theta}$	s_m	Ef %
	gl	QM ⁺	gl	QM ⁺					
2.2.1	99	311,2**	170	124,9	16,8	11,9	0,71	10,2	116,8
2.2.2	99	255,5**	170	108,8	17,2	11,5	0,67	9,5	111,2
Agrupada	198	283,3**	340	116,8	17,0	11,7	0,69	9,9	-
	Peso de grãos (kg /4 m ²)								
	Trat. ajust.		Erro intrablocos		$CV_e\%$	$CV_g\%$	$\hat{\theta}$	s_m	Ef %
	gl	QM ⁺	gl	QM ⁺					
2.2.1	99	235,8**	170	86,13	18,0	13,7	0,76	8,5	111,7
2.2.2	99	180,4**	170	74,45	18,6	12,8	0,69	7,9	112,4
Agrupada	198	208,1**	340	80,29	18,3	13,3	0,73	8,2	-

+ valores multiplicados por 10³;

** significativo ao nível de 0,01 de probabilidade.

Tabela 15 . Médias de produção correspondentes ao peso de campo (PC) e peso de grãos (PG) das progêneses S_1 do segundo ciclo de seleção (mp) de duas populações de milho ESALQ-PB2 e ESALQ-PB3, médias de testemunhas (mt) e percentagens em relação a média das testemunhas (m%).

Experi- mentos	ESALQ-PB2						Experi- mentos	ESALQ-PB3					
	PC (g/planta)			PG (g/planta)				PC (g/planta)			PG (g/planta)		
	mp	mt*	m %	mp	mt*	m %		mp	mt*	m %	mp	mt*	m %
2.1.2	108,1	186,4	55,99	84,80	162,0	52,34	2.2.1	105,0	187,2	56,09	81,64	154,9	52,70
2.1.2	101,7	187,2	54,33	80,55	150,6	53,49	2.2.2	96,2	162,7	59,11	73,33	132,2	55,47
Média	104,9	186,8	56,16	82,68	149,6	55,27	-	100,6	174,9	57,52	77,49	143,6	53,96

* testemunhas: população original ESALQ-PB2 e ESALQ-PB3.

Tabela 16. Estimativas da variância genética aditiva (σ_A^2) e do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias (h_x^2) para os caracteres peso de campo (PC) e peso de grãos (PG) das progênes S_1 no segundo ciclo de seleção nas populações de milho ESALQ-PB2 e ESALQ-PB3.

População	Caráter	$\hat{\sigma}_A^2$ a/		h_x^2 %	
		(1)	(2)	(1)	(2)
ESALQ-PB2	PC	119,9 ± 28,2	149,9 ± 35,3	49,9	62,3
	PG	95,2 ± 21,4	119,0 ± 26,7	51,8	64,7
ESALQ-PB3	PC	111,0 ± 27,8	138,7 ± 34,8	47,0	58,8
	PG	85,2 ± 20,3	106,5 ± 25,4	49,1	61,4

a_/ Valores convertidos em g/planta pelo produto da constante ($10^6/20^2$)

(1), (2): hipóteses $\sigma_D^2 = \sigma_A^2$ e $\sigma_D^2 = 0$, respectivamente.

Tabela 17. Amplitude da depressão por endogamia^E para os caracteres de peso de campo (PC) e peso de grãos (PG) das progênes S_1 do segundo ciclo de seleção de duas populações de milho ESALQ-PB2 e ESALQ-PB3

Caráter	ESALQ-PB2			ESALQ-PB3		
	Menor valor %	Maior valor %	Média de progênes %	Menor valor %	Maior valor %	Média de progênes %
PC	18,58	73,23	43,82	17,46	65,07	42,49
PG	15,17	76,34	43,72	22,53	76,08	49,44

E: Desvios relativos das progênes S_1 em relação à população não endógama (vide item 3.5)

Tabela 18. Análise de variância, coeficientes de variação experimental (CV_e) e genético (CV_g), índice de variação ($\hat{\theta} = CV_g/CV_e$) calculados com totais de parcela ($kg/2m^2$) e erro padrão da média (s_m) em g/planta para o caráter peso de campo das progênes S_2 do terceiro ciclo de seleção da população de milho ESALQ-PB2.

Experi- mentos	Bloco		Tratamentos		Erro		CV_e (%)	CV_g (%)	$\hat{\theta}$	s_m
	gl	QM ⁺	gl	QM ⁺	gl	QM ⁺				
3.1.1.	1	3,60	48	119,4**	47	37,49	23,3	24,3	1,05	13,7
3.1.2.	1	63,93	48	134,6**	47	58,82	29,7	23,8	0,80	17,2
3.1.3.	1	74,82	48	99,76*	47	62,01	27,1	14,9	0,55	17,6
3.1.4.	1	1,00	48	134,7**	47	56,29	25,5	21,2	0,83	16,8
3.1.5.	1	30,75	48	124,5**	47	28,44	22,8	29,6	1,30	11,9
Agrupada	5	34,82	240	122,6**	235	48,61	26,0	22,7	0,87	15,6

+ valores multiplicados por 10^3 ;

*,** significativo ao nível de 0,05 e 0,01 de probabilidade, respectivamente.

Tabela 18. Análise de variância, coeficientes de variação experimental (CV_e) e genético (CV_g), índice de variação ($\hat{\theta} = CV_g/CV_e$) calculados com totais de parcela ($kg/2m^2$) e erro padrão da média (s_m) em g/planta para o caráter peso de campo das progênes S_2 do terceiro ciclo de seleção da população de milho ESALQ-PB2.

Experi- mentos	Bloco		Tratamentos		Erro		CV_e (%)	CV_g (%)	$\hat{\theta}$	s_m
	gl	QM ⁺	gl	QM ⁺	gl	QM ⁺				
3.1.1.	1	3,60	48	119,4**	47	37,49	23,3	24,3	1,05	13,7
3.1.2.	1	63,93	48	134,6**	47	58,82	29,7	23,8	0,80	17,2
3.1.3.	1	74,82	48	99,76*	47	62,01	27,1	14,9	0,55	17,6
3.1.4.	1	1,00	48	134,7**	47	56,29	25,5	21,2	0,83	16,8
3.1.5.	1	30,75	48	124,5**	47	28,44	22,8	29,6	1,30	11,9
Agrupada	5	34,82	240	122,6**	235	48,61	26,0	22,7	0,87	15,6

+ valores multiplicados por 10^3 ;

*,** significativo ao nível de 0,05 e 0,01 de probabilidade, respectivamente.

Tabela 19. Análise de variância, coeficientes de variação experimental (CV_e) e genético (CV_g), índice de variação ($\hat{\theta} = CV_g/CV_e$) calculados com totais de parcela ($kg/2m^2$) e erro padrão da média (s_m) em g/planta para o caráter peso de campo das progênes S_2 do terceiro ciclo de seleção da população de milho ESALQ-PB3.

Experi- mentos	Blocos		Tratamentos		Erro		$CV_e(\%)$	$CV_g(\%)$	$\hat{\theta}$	s_m
	gl	QM ⁺	gl	QM ⁺	gl	QM ⁺				
3.2.1.	1	291,6	48	120,3**	47	24,40	21,2	29,7	1,40	11,0
3.2.2.	1	143,5	48	123,5**	47	42,32	27,1	26,6	0,98	14,5
3.2.3.	1	142,8	48	116,0**	47	41,58	24,5	23,2	0,95	14,4
3.2.4.	1	12,8	48	90,3**	47	32,94	21,7	20,3	0,93	12,8
3.2.5.	1	70,9	48	131,8**	47	45,33	25,7	25,1	0,98	15,0
Agrupada	5	132,3	240	116,4**	235	37,31	24,2	24,9	1,03	13,6

+ valores multiplicados por 10^3 ;

** significativos ao nível de 0,01 de probabilidade, respectivamente.

Tabela 20. Análise de variância, coeficientes de variação experimental (CV_e) e genético (CV_g) e índice de variação ($\hat{\theta} = CV_g/CV_e$) para o caráter peso de espiga ($kg/2m^2$) das progênes S_2 do terceiro ciclo de seleção da população de milho ESALQ-PB2.

Experi- mentos	Blocos		Tratamentos		Erro		$CV_e(\%)$	$CV_g(\%)$	$\hat{\theta}$
	gl	QM ⁺	gl	QM ⁺	gl	QM ⁺			
3.1.1.	1	3,84	48	12,35**	48	4,644	21,8	19,8	0,91
3.1.2.	1	0,09	48	21,14**	48	4,643	19,4	25,9	1,33
3.1.3.	1	36,45	48	14,02**	48	6,691	22,9	16,9	0,74
3.1.4.	1	0,11	48	24,14**	48	7,138	24,1	26,1	1,08
3.1.5.	1	30,33	48	15,76**	48	6,049	26,9	24,1	0,90
Agrupada	5	14,17	240	17,48**	240	5,833	23,0	23,0	1,00

+ valores multiplicados por 10^3 ;

** significativo ao nível de 0,01% de probabilidade.

Tabela 21. Análise de variância, coeficientes de variação experimental (CV_e) e genético (CV_g), e índice de variação ($\hat{\theta} = CV_g/CV_e$) para o caráter peso de espiga ($Kg/2m^2$) das progênes S₂ do terceiro ciclo de seleção da população de milho ESALQ-PB3.

Experi- mentos	Blocos		Tratamentos		Erro		CV_e (%)	CV_g (%)	$\hat{\theta}$
	gl	QM ⁺	gl	QM ⁺	gl	QM ⁺			
3.2.1.	1	16,20	48	12,07**	48	4,201	23,1	22,3	0,97
3.2.2.	1	1,61	48	13,60**	48	4,682	22,9	22,3	0,98
3.2.3.	1	1,12	48	12,71**	48	3,388	17,0	19,9	1,17
3.2.4.	1	0,16	48	11,60**	48	2,906	18,0	21,8	1,22
3.2.5.	1	0,01	48	14,14**	48	4,404	21,1	22,2	1,05
Agrupada	5	3,821	240	12,82**	240	3,916	20,3	21,7	1,07

+ valores multiplicados por 10^3 ;

** significativo ao nível de 0,05% de probabilidade.

Tabela 22. Quadrados médios[£] e coeficientes de variação experimental para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), diâmetro de espiga (DE), comprimento de espiga (CE) e número de ramificações do pendão (NRP) das progênes S₂ do terceiro ciclo de seleção de duas populações de milho, ESALQ-PB2 e ESALQ-PB3.

Experi- mentos	ESALQ-PB2					Experi- mentos	ESALQ-PB3				
	AP ⁺	AE ⁺	DE ⁺	CE ⁺	NRP		AP ⁺	AE ⁺	DE ⁺	CE ⁺	NRP
Quadrados Médios											
3.1.1	83,61**	39,00**	229,6**	483,5**	41,01**	3.2.1	73,13**	32,54**	272,0**	641,0**	89,51**
3.1.2	69,72**	61,01**	350,5**	392,5**	64,53**	3.2.2	52,24**	30,59**	283,4**	575,7**	148,3**
3.1.3	70,06**	45,93**	216,5**	502,9**	42,11**	3.2.3	53,91**	32,46**	181,7**	507,4**	68,02**
3.1.4	90,56*	53,74**	260,8**	391,3**	39,95**	3.2.4	68,61**	26,94**	227,5**	365,7**	59,90**
3.1.5	71,09**	40,67**	221,9*	559,7**	42,20**	3.2.5	57,01**	27,74	266,8**	408,2**	53,28**
Agrupada	77,01**	48,07**	255,9**	466,0**	45,96**		60,98**	30,66**	246,3**	499,6**	83,80**
Coef. de Variação											
3.1.1	5,8	7,7	8,1	9,7	15,6	3.2.1	6,8	9,3	8,6	10,6	16,9
3.1.2	7,6	12,5	6,7	10,7	18,2	3.2.2	8,3	11,8	7,8	9,3	13,3
3.1.3	10,2	11,9	7,7	9,4	19,0	3.2.3	5,0	7,4	7,9	7,6	12,0
3.1.4	12,9	19,0	8,7	9,1	24,8	3.2.4	7,5	11,9	7,4	7,2	14,5
3.1.5	7,1	10,2	9,6	8,6	22,1	3.2.5	7,7	10,4	8,9	7,0	18,5
Agrupada	9,1	12,8	8,2	9,5	19,9		7,1	10,2	7,8	8,4	15,2

⁺ valores multiplicados por 10³

*,** significativos aos níveis de 0,05 e 0,01 de probabilidade, respectivamente.

£ graus de liberdade (gl) do quadrado médio; para todos os caracteres temos: gl de progênes = 48; gl do erro = 48

Tabela 23. Médias de produção correspondentes ao peso de campo (PC) e peso de espigas (PE) das progênes S_2 do terceiro ciclo de seleção (mp) de duas populações de milho ESALQ-PB2 e ESALQ-PB3; médias de testemunhas (mt) e percentagens em relação a média das testemunhas (m%).

Experi- mentos	ESALQ-PB2						Experi- mentos	ESALQ-PB3					
	PC (g/planta)			PE (g/planta)				PC (g/planta)			PE (g/planta)		
	mp	mt*	m%	mp	mt*	m%		mp	mt*	m%	mp	mt*	m%
3.1.1.	83,28	199,4	41,76	104,3	207,9	50,17	3.2.1	73,83	201,2	36,69	93,63	243,1	38,52
3.1.2	81,80	175,0	46,74	116,8	202,5	57,68	3.2.2	75,88	216,6	35,03	99,60	213,6	46,63
3.1.3	91,93	180,9	50,82	119,2	207,9	57,34	3.2.3	83,14	233,8	35,56	114,3	229,0	49,91
3.1.4	93,14	178,5	52,18	116,8	215,9	54,10	3.2.4	83,62	207,2	40,36	100,6	227,4	44,24
3.1.5.	73,98	188,7	39,21	96,3	224,0	43,00	3.2.5	82,73	203,3	40,69	104,7	225,8	46,38
Média	84,83	184,5	45,98	110,7	211,6	52,32	-	79,84	212,4	37,59	102,6	227,8	45,04

* testemunhas: Cargill 511 e Continax 322

Tabela 24. Valores médios correspondentes aos caracteres de altura de planta (AP), altura de espiga (AE), diâmetro de espiga (DE), comprimento de espiga (CE) e número de ramificações do pen-dão (NRP) das progênies S_2 do terceiro ciclo de seleção (mp) de duas populações de milho ESALQ-PB2 e ESALQ-PB3, médias de testemunhas (mt) e percentagens em relação a média das tes-temunhas (m%).

Experi- mentos	ESALQ-PB2					Experi- mentos	ESALQ-PB3				
	AP	AE	DE	CE	NRP		AP	AE	DE	CE	NRP
3.1.1	1,78	0,93	3,66	15,2	21,2	3.2.1	1,70	0,94	3,89	14,2	17,7
3.1.2	1,84	0,97	3,81	14,9	21,5	3.2.2	1,81	1,02	3,99	14,4	15,8
3.1.3	1,91	1,04	3,96	15,4	22,1	3.2.3	1,71	0,94	4,07	14,7	14,8
3.1.4	1,81	0,96	3,78	15,4	20,1	3.2.4	1,72	0,93	3,99	14,4	15,1
3.1.5	1,80	0,98	3,75	15,2	21,0	3.2.5	1,67	0,93	3,87	13,5	14,4
mp	1,83	0,98	3,79	15,2	21,2	mp	1,72	0,95	3,96	14,2	15,6
mt*	2,10	1,12	4,45	18,6	17,1	mt*	1,98	1,06	4,60	18,8	18,0
m %	87,10	87,5	85,2	81,7	124,0	m %	86,90	89,60	86,10	75,5	86,7

* testemunhas: Cargill 511 e Contimax 322

Tabela 25. Estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) e do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias ($h^2_{\bar{x}}$) e de plantas individuais (h^2) para os caracteres peso de campo (PC), peso de espiga (PE), diâmetro de espiga (DE), comprimento de espiga (CE), altura de planta (AP), altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NRP) das progêies S_2 do terceiro ciclo de seleção da população de milho ESALQ-PB2.

Caracteres	$\hat{\sigma}_A^2$		$h^2_{\bar{x}} \%$		$h^2 \%$	
	(1)	(2)	(1)	(2)	(1)	(2)
PC <u>b/</u>	219,2 $\pm$ 87,60	246,6 $\pm$ 131,40	53,6	60,4	-	-
PE <u>c/</u>	394,0 $\pm$ 133,50	443,2 $\pm$ 200,30	73,9	83,1	-	-
DE <u>a/</u>	44,6 $\pm$ 18,45	50,2 $\pm$ 27,67	52,3	58,8	-	-
CE <u>a/</u>	830,4 $\pm$ 334,40	934,2 $\pm$ 501,60	53,5	60,2	-	-
AP <u>a/</u>	11,8 $\pm$ 5,37	13,3 $\pm$ 8,06	55,0	61,9	17,8	20,0
AE <u>a/</u>	9,8 $\pm$ 3,35	11,1 $\pm$ 5,02	61,4	69,1	21,3	24,0
NRP	10,8 $\pm$ 3,13	12,1 $\pm$ 4,69	70,2	79,0	24,5	27,5

(1) - presença de dominância ($\hat{\sigma}_D^2 = \hat{\sigma}_A^2$)

(2) - ausência de dominância ($\hat{\sigma}_D^2 = 0$)

a/ - valores multiplicados por 10^3

b/ - valores convertidos em g/planta pelo produto da constante ($10^6/10^2$)

c/ - valores convertidos em g/espiga pelo produto da constante ($10^6/3^2$)

Tabela 26. Estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) e do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias ($h_{\bar{x}}^2$) e de plantas individuais (h^2) para os caracteres peso de campo (PC), peso de espiga (PE), diâmetro de espiga (DE), comprimento de espiga (CE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NRP) das progêneses S_2 , do terceiro ciclo de seleção da população de milho ESALQ-PB3.

Caracteres	$\hat{\sigma}_A^2$		$h_{\bar{x}}^2$ %		h^2 %	
	(1)	(2)	(1)	(2)	(1)	(2)
PC <u>b/</u>	234,4 ± 81,20	263,7 ± 121,80	60,4	68,0	-	-
PE <u>c/</u>	293,2 ± 100,70	329,9 ± 151,10	61,7	69,3	-	-
DE <u>a/</u>	47,3 ± 17,37	53,2 ± 26,06	57,6	64,8	-	-
CE <u>a/</u>	994,6 ± 350,50	1119,0 ± 525,80	59,7	67,2	-	-
AP <u>a/</u>	13,0 ± 4,22	14,6 ± 6,33	64,1	72,1	22,7	25,5
AE <u>a/</u>	5,9 ± 2,10	6,7 ± 3,16	59,3	66,7	18,6	20,9
NRP	21,8 ± 5,62	24,5 ± 8,44	77,9	87,7	30,3	34,1

(1)- presença de dominância ($\hat{\sigma}_D^2 = \hat{\sigma}_A^2$)

(2)- ausência de dominância ($\hat{\sigma}_D^2 = 0$)

a/ - valores multiplicados por 10^3

b/ - valores convertidos em g/planta pelo produto da constante ($10^6/10^2$)

c/ - valores convertidos em g/espiga pelo produto da constante ($10^6/32$)

F I G U R A S

Figura 1. Distribuição das médias para peso de campo (g/planta) das progênies S_1 não irradiadas testadas e selecionadas do primeiro ciclo de seleção de duas populações de milho, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. N = tamanho da amostra, $\bar{x}$ = média de progênies e AV = amplitude de variação (intervalo de classe = 10, 0).

Figura 2. Distribuição das médias para peso de campo (g/planta) das progênies S_1 irradiadas testadas e selecionadas do primeiro ciclo de seleção de duas populações de milho, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. N = tamanho da amostra, $\bar{x}$ = média das progênies e AV = amplitude de variação (intervalo de classe = 10,0).

Figura 3. Distribuição das médias para peso de campo (g/planta) das progênies S_1 testadas e selecionadas do segundo ciclo de seleção de duas populações de milho, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. N = tamanho da amostra, $\bar{x}$ = média das progênies e AV = amplitude de variação (intervalo de classe = 10,0).

Figura 4. Distribuição das médias para peso de campo (g/planta) das progênies S_2 testadas e selecionadas do terceiro ciclo de seleção de duas populações de milho, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. N = tamanho da amostra, $\bar{x}$ = médias das progênies e AV = amplitude de variação (intervalo de classe = 10,0).

Figura 5. Distribuição das médias para peso de grãos (kg/4m²) das progê-
 nies S₁ do segundo ciclo de seleção de duas populações de mi-
 lho, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. N = tamanho da amostra, $\bar{x}$ = mé-
 dia de progênes e AV = amplitude de variação (intervalo de
 classe = 0,10).

Figura 6. Distribuição de frequência dos valores relativos (desvio em relação a população parental) para o caráter peso de campo (kg/4m²) das progênes S₁ do segundo ciclo de seleção de duas populações de milho, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. N = tamanho da amostra e AV = amplitude de variação (intervalo de classe = 0,20).

Figura 7. Distribuição de frequência dos valores relativos (desvio em relação a população parental) para o caráter peso de grãos (kg/4m²) das progênes S₁ do segundo ciclo de seleção de duas populações de milho, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. N = tamanho da amostra e AV = amplitude de variação (intervalo de classe = 0,20).

Figura 8. Distribuição das médias para peso de espigas (kg/3 espigas) das progêneses S₂ do terceiro ciclo de seleção de duas populações de milho, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. N = tamanho da amostra, $\bar{x}$ = média de progêneses e AV = amplitude de variação (intervalo de classe = 0,10).

Figura 9. Distribuição das médias para altura de planta (m/planta) das progêneses S_2 do terceiro ciclo de seleção de duas populações de milho, ESALQ-PB 2 ESALQ-PB 3. N = tamanho da amostra, $\bar{x}$ = média de progêneses e AV = amplitude de variação (intervalo de classe = 0,10).

Figura 10. Distribuição das médias para altura de espiga (m/planta) das progêneses S_2 do terceiro ciclo de seleção de duas populações de milho, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. N = tamanho da amostra, $\bar{x}$ = média de progêneses e AV = amplitude de variação (intervalo de classe = 0,10).

Figura 11. Distribuição das médias para o número de ramificações do pendão das progênies S₂ do terceiro ciclo de seleção de duas populações de milho, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. N = tamanho da amostra, $\bar{x}$ = média de progênies e AV = amplitude de variação (intervalo de classe = 3,00).

Figura 12. Distribuição das médias para o comprimento de espiga (cm/espiga) das progêneses S_2 do terceiro ciclo de seleção de duas populações de milho, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. N = tamanho da amostra, $\bar{x}$ = média de progêneses e AV = amplitude de variação (intervalo de classe = 1,00).

Figura 13. Distribuição das médias para o diâmetro de espiga (cm/espiga) das progênes S₂ do terceiro ciclo de seleção de duas populações de milho, ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3. N = tamanho da amostra, $\bar{x}$ = média de progênes e AV = amplitude de variação (intervalo de classe = 0,20).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGUILAR MORÁN, J.F. Avaliação do potencial genético de linhagens e respectivos testadores obtidos de duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1984. 118p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- ANDRADE, J.A.C. & MIRANDA FILHO, J.B. Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres do pendão na população ESALQ-PB 1 de milho. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, 15: 15-21, 1979.
- BARBIN, D. & PIMENTEL GOMES, F. Variância do coeficiente de herdabilidade obtido a partir de análise de variância segundo o modelo de blocos incompletos. Ciência e Cultura, São Paulo, 23(1): 80-3, 1971.
- BURTON, J.W.; PENNY, L.H.; HALLAUER, A.R.; EBERHART, S.A.. Evaluation of synthetic populations developed from a maize variety (BSK) by two methods of recurrent selection. Crop Sci., Madison, 11: 361-5, 1971.
- CHASE, S.S. & HALLAUER, A.R. Rapid inbreeding in maize. Economic Botany, New York, 23(2): 165-73, 1969.

- COCHRAN, W.G. & COX, G.M. Experimental designs. 2.ed. New York, John Wiley & Sons, 1957. 611p.
- COCKERHAM, C.C. An extension of the concept of partitioning hereditary variance of analysis of covariance among relatives when epistasis is present. Genetics, Austin, 39: 859-82, 1954.
- COCKERHAM, C.C. Effects of linkage on the covariances between relatives. Genetics, Austin, 41: 138-41, 1956.
- COCKERHAM, C.C. Implications of genetic variances in a hybrid breeding program. Crop Sci., Madison, 1: 47-52, 1961.
- COCKERHAM, C.C. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W.D. & H.F. ROBINSON, ed. Statistical genetics and plant breeding. Washington. National Academy of Sciences - National Research Council, 1963. p.53-94.
- COCKERHAM, C.C. Covariances of relatives from self-fertilization. Crop Sci., Madison, 23: 1177-80, 1983.
- COCKERHAM, C.C. & MATZINGER, D.F. Selection response based on selfed progenies. Crop Sci., Madison, 25: 483-8, 1985.
- COCKERHAM, C.C. & WEIR, B.S. Descent measures for two loci with some applications. Theor. Pop. Biol., Berlin, 4: 330-4, 1973.
- COMPTON, W.A. Full-sib family selection in krug under irrigation in Lincoln, Nebraska: Four cycles of progress. Nort. Cent. Corn Brred. Res. Comm. (NCR-2) Rep. Mimeogr. Library, Iowa State Univ., Ames, 1977. p.1-10.

- COMPTON, W.A.; GARDNER, C.O.; LONNQUIST, J.H. Genetic variability in two open-pollinated varieties of corn (*Zea mays* L.) and their F_1 progenies. Crop Sci., Madison, 5: 505-8, 1965.
- COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations. Biometrics, Washington, 4: 254-66, 1948.
- COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. Estimation of average dominance of genes. In: GOWEN, J.W. Heterosis. Ames, Iowa State College Press, 1952. p.494-516.
- CRISÓSTOMO, J.R. Estimaco de parmetros genticos visando seleo em dois compostos de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1978. 71p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- CROW, J.F. & KIMURA, M. An introduction to population genetics theory. New York, Harper & Row, 1970. 591p.
- DARRAH, L.L. Maize genetics. In: EAST AFR. AGRIC: AND FOR. RES. ORGAN. Annual report 1975. s.l., 1976.
- DUCLOS, L.A. & CRANE, P.L. Comparative performance of top crosses and S_1 progeny for improving populations of corn (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 8: 191-4, 1968.
- DUDLEY, J.W. & MOLL, R.H. Interpretation and use of estimates of heridability and genetic variances in plant breeding. Crop Sci., Madison, 9: 257-62, 1969.
- EBERHART, S.A.; MOLL, R.H.; ROBINSON, H.F.; COCKERHAM, C.C. Epistatic and other genetic variances in two varieties of maize. Crop Sci., Madison, 6: 275-80, 1966.

- EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo. Ensaio Nacional de milho precoce; resultados do ano agrícola de 1985/86. Sete Lagoas, s.d. n.p.
- FALCONER, D.S. Introduction to quantitative genetics. New York, Ronald Press, 1960. 430p.
- FISHER, R.A. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. Trans. Roy. Soc. Edin., London, LII(15), 1918.
- GARDNER, C.O. Estimates of genetic parameters in cross-fertilizing plant and their implications in plant and their implications in plant breeding. In: HANSON, W.D. & H.F. ROBINSON, ed. Estatistical genetics and plant breeding. Washington. National Academy of Sciences - National Research Council, 1963. p.225-52.
- GARDNER, C.O. Performance of hybrids involving selected S_2 lines from Hays Golden and mass selected populations of corn selected populations of corn. Agron. abstr., Madison, 7, 1972 (Resumos).
- GARDNER, C.O. Quantitative genetic studies and population improvement in maize and sorghum. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, Ames, 1976. Proceedings. s.n.t. p.475-89.
- GENTER, C.F. Recurrent selection for yield in the F_2 of maize single cross. Crop Sci., Madison, 16: 350-2, 1976.
- GENTER, C.F. Yields of S_1 lines from original and advanced synthetic varieties of maize. Crop Science, Madison, 11: 821-4, 1971.

- GENTER, C.F. & ALEXANDER, M.W. Development and selection of productive S_1 inbred lines of corn (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 6: 429- 31, 1966.
- GERALDI, I.O. Estimaco de parmetros genticos de caracteres do pendo em milho (*Zea mays* L.) e perspectivas de melhoramento. Piracicaba, 1977. 103p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- GERALDI, I.O. & VENCOVSKY, R. Depresso por endogamia em populaes de milho. In: REUNIO BRASILEIRA DE MILHO E SORGO, 13., Londrina, 1980. Resumos. Londrina, IAPAR, 1980. p.45.
- GOMES, F.P. Curso de estatstica experimental. 10 ed. Piracicaba, Nobel, 1982. 430p.
- GOOD, R.L. & HALLAUER, A.R. Inbreeding depression in maize by selfing and full-sibbing. Crop Science, Madison, 17: 933-40, 1977.
- 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. Hybrid development and population improvement in maize by reciprocal full-sib selection. Egyptian J. Gen. and Cytology, Alexandria, 2: 84-101, 1973.
- HALLAUER, A.R. Relation of quantitative genetics of applied maize breeding. Rev. Bras. Genetica, Ribeiro Preto, 3: 207-33, 1980.

- HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative genetics in maize breeding. Ames, Iowa State University Press, 1981. 468p.
- HALLAUER, A.R. & SEARS, J.H. Changes in quantitative traits associated with inbreeding in a synthetic variety of maize. Crop Science, Madison, 13: 327-30, 1973.
- HALLAUER, A.R. & SEARS, J.H. Mass selection for yield in two varieties of maize. Crop Sci., Madison, 9: 47-50, 1969.
- HARRIS, R.E.; GARDNER, C.O.; COMPTON, W.A. Effects of mass selection and irradiation in corn measured by random S_1 lines and their testcrosses. Crop Science, Madison, 12: 594-8, 1972.
- HORNER, E.S.; CHAPMAN, W.H.; LUTRICK, M.C.; LUNDY, H.W. Comparison of selection based on yield of topcross progenies and of S_2 progenies in maize (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 9: 539-43, 1969.
- HORNER, E.S.; LUNDY, H.W.; LUTRICK, M.C.; CHAPMAN, W.H. Comparisons of three methods of recurrent selection in maize. Crop Sci., Madison, 13: 485-9, 1973.
- HORNER, E.S.; LUTRICK, M.C.; CHAPMAN, W.H.; MARTIN, F.G.. Effect of recurrent selection for combining ability with a single cross in maize. Crop Science, Madison, 16: 5-8, 1976.
- HULL, F.H. Recurrent selection and specific combining ability in corn. J. Am. Soc. Agron., Washington, 37: 134-45, 1945.

JENKINS, M.T. Corn improvement. Washington, USDA, 1936. p.455-522 (Yearbook of Agriculture).

JENKINS, M.T. The segregation of genes affecting yield of grain in maize. Jour. Amer. Soc. Agron., Washington, 32: 55-63, 1940.

JINAHYON, S. & MOORE, C.L. Recurrent selection techniques for maize improvement in Thailand. Agron. Abst., Madison, : 7, 1973.

LAMKEY, K.R. & HALLAUER, A.R. Heritability estimated from recurrent selection experiments in maize. Maydica, Bergamo, 32: 61-78, 1987.

LIMA, M. & PATERNIANI, E. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em progênies de meio irmãos de milho (*Zea mays* L.) ESALQ VD-2 MI-HSIII e suas implicações no melhoramento. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, 11: 84-9, 1977.

LIMA, M.; MIRANDA FILHO, J.B.; GALLO, P.B. Inbreeding depression in Brazilian populations of maize (*Zea mays* L.). Maydica, Bergamo, 29: 203-15, 1984.

LIMA, M.; GIMENES-FERNANDES, N.; MIRANDA FILHO, J.B.; PEREIRA, J.C.V.A. Introduction of maize (*Zea mays* L.) germplasms as sources for downy mildew (*Peronosclerospora sorghi*) resistance. Maydica, Bergamo, 27: 159-68, 1982.

LINDSEY, M.F.; LONNQUIST, J.H.; GARDNER, C.O. Estimates of genetic variance in open-pollinated varieties of corn-belt corn. Crop Sci., Madison, 2: 105-8, 1962.

LONNQUIST, J.H. Recurrent selection. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 7., Chicago, 1952. Proceedings, Washington, American Seed Trade Association, 1952. p.20-30.

LONNQUIST, J.H. Progress from recurrent selection procedures for the improvement of corn populations. Nebraska Agric. Expt. Sta. Res., 1961. 33p. (Bulletin, 197).

LONNQUIST, J.H. Métodos de seleccion útiles para mejoramiento dentro de poblaciones. Fitotecnica Latino - americana, São José, 2: 1-10, 1965.

LONNQUIST, J.H. Intrapopulation improvement; combination S_1 and HS selection. Maize-5. Mexico, CIMMYT, 1967.

LONNQUIST, J.H. & CASTRO, M. Relation of intrapopulation genetic effects to performance of S_1 lines of maize. Crop Sci., Madison, 7: 361-4, 1967.

LORDELO, J.A.C. Parâmetros genéticos das populações de milho Piranão VD-2 e Piranão VF-1. Piracicaba, 1982. 63p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

KASSOUF, A.L. & MIRANDA FILHO, J.B. Variabilidade e endogamia na população de milho ESALQ-PB1. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15., Maceió, 1984. Anais. Brasília, EMBRAPA/DDT, 1986. p.119-31.

KEMPTHORNE, O. The theoretical values of correlations between relatives in random mating populations. Genetics, Austin, 40: 153-67, 1955.

- MARTIN, P.R. & GARDNER, C.O. Comparison of hybrids derived from maize populations after nine cycles of mass selection for yield. Agron. Abstr., Madison, 56, 1976 (Resumos).
- MARTINS, C. da 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).
- MEGHJI, M.R.; DUDLEY, J.W.; LAMBER, R.J.; SPRAGUE, G.F. Inbreeding depression, inbred and hybrid grain yields, and other traits of maize genotypes representing three eras. Crop Science, Madison, 24: 545-9, 1984.
- MIRANDA FILHO, J.B. Cruzamentos dialélicos 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. Avaliação de famílias de meios irmãos na população ESALQ PB-1. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, 11: 90-4, 1977.
- MIRANDA FILHO, J.B. Avaliação de famílias de meios irmãos do segundo ciclo de seleção da população ESALQ-PB 1 de milho. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, 13: 149-58, 1979.
- MIRANDA FILHO, J.B. Seleção e métodos de melhoramento. In: REUNIÃO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE GENÉTICA, 14., Jaboticabal, 1981. Anais. Jaboticabal, UNESP, 1981. p. 145-50.

- MIRANDA FILHO, J.B. Avaliação de híbridos intervarietais de milho no esquema de cruzamento dialélico parcial. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15., Maceió, 1984. Anais. Brasília, EMBRAPA/DDT, 1986. p.195-201.
- MIRANDA FILHO, J.B. & VENCovsky, R. Predição de médias na formação de alguns compostos de milho visando a produção de grãos e o porte da planta. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, 7: 117-26, 1973.
- MOLL, R.H. & ROBINSON, H.R. Quantitative genetic investigations of yield of maize. Der Zuchter, Berlin, 37: 192-9, 1967.
- MOLL, R.H. & STUBER, C.W. Quantitative genetics - empirical results relevant to plant breeding. Advances in Agronomy, New York, 26: 277-313, 1974.
- MOLL, R.H. & STUBER, C.W. Comparisons of response of to alternative selection procedures initiated with two populations of maize (*Zea mays* L.). Crop Sci., Madison, 11: 706-11, 1971.
- MOTA, M.G.C. Comportamento de progênie de meios irmãos e S_1 na variedade de milho (*Zea mays* L.) Centralmex. Piracicaba, 1974. 73p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- OBILANA, A.T. & HALLAUER, A.R. Estimation of variability quantitative traits in BSSS by using unselected maize in-breed lines. Crop Sci., Madison, 14: 99-103, 1974.
- OBILANA, A.T. & HALLAUER, A.R. Comparisons of estimates of genetic variability in Iowa Stiff Stalk Synthetic of maize. Maydica, Bergamo, 22: 159-72, 1977.

- OBILANA, A.T.; HALLAUER, A.R.; SMITH, O.S. Estimated genetic variability in a maize interpopulation. J. of Heredity, Washington, 70: 127-32, 1979.
- PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a brazilian population of maize (*Zea mays* L.). Crop Sci., Madison, 17: 212-6, 1967.
- PATERNIANI, E. Melhoramento de populações de milho. Ciência e Cultura, São Paulo, 21: 3-10, 1969.
- PATERNIANI, E. & GOODMAN, M.M. Races of maize in Brazil and adjacent areas. México, CIMMYT, 1977. 95p.
- PATERNIANI, E. & MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., ed. Melhoramento e produção de milho. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1, p.217-74.
- PATERNIANI, E.; CASTRO, E.M.; RISSI, R. Competição entre populações de milho normais e braquiéticos. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, 16: 15-24, 1982.
- PATERNIANI, E.; ANDO, A.; MIRANDA FILHO, J.B.; VENCovsky, R. Efeitos de raios-gama no comportamento e na variância de progênies de meios irmãos em milho. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, 7: 161-7, 1973.
- PENNY, L.H.; RUSSEL, W.A.; SPRAGUE, G.F.; HALLAUER, A.R. Recurrent selection. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.F., ed. Statistical genetics and plant breeding. Washington, National Academy of Sciences, 1963. p.362-67.

- QUEIROZ, M.A. Correlações genéticas e fenotípicas em progênies de meios irmãos (*Zea mays*, L.) e suas implicações com o melhoramento. Piracicaba, 1969. 71p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endogamas. Piracicaba, 1977. 122p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- RISSI, M.A.P. Estimação de parâmetros genéticos em duas subpopulações da variedade de milho (*Zea mays* L.) Piranão. Piracicaba, 1980. 87p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Genotypic and phenotypic correlations in corn and their implications in selections. Agron. J., Madison, 43: 282-7, 1951.
- ROBINSON, P. Heritability; a second look. In: HANDSON, W.D. & ROBINSON, H.F., ed. Statistical genetics and plant breeding. Washington, National Academy of Science, 1963.
- SAMPAIO, N.F. Propriedades genéticas e potencial para o melhoramento dos compostos de milho (*Zea mays* L.) ESALQ PB-4 e ESALQ-PB 5. Piracicaba, 1986. 105p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SANTOS, M.X. Estudo do potencial genético de duas raças brasileiras de milho (*Zea mays* L.) para fins de melhoramento. Piracicaba, 1985. 186p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

- SCHNELL, F.W. The covariance between relatives in the presence of linkage. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.F. (eds). Statistical Genetics and Plant Breeding, Washington, National Academy of Science, 1963.
- SEGOVIA, V.F.S. Avaliação da seleção massal em ambos os sexos para prolificidade em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1983. 91p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SILVA, W.J. & LONNQUIST, J.H. Genetic variances in populations developed from full-sib and S_1 testcross progeny selections in an open - pollinated variety of maize. Crop Sci., Madison, 8: 201-4, 1968.
- SOARES FILHO, W.S. Características fenotípicas e genéticas das populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico Piranão-DV2B e Piranão-VF 1B. Piracicaba, 1987. 185p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).
- SOUZA JUNIOR, C.L. Variabilidade genética em milho (*Zea mays* L.) e relações com a seleção recorrente intra e interpopulacional. Piracicaba, 1983. 151p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- 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.
- STEBBINS, G.L. Self-fertilization and population variability in the higher plants. Amer. Nat., Lancaster, 91: 337 - 54, 1957.

- STEEL, R.G.D. & TORRIE, J.H. Principles and procedures of statistics. New York, McGraw-Hill Book, 1960. 481p.
- SUWANTARADON, K. & EBERHART, S.A. Developing hybrids from two improved maize populations. Theor. Appl. Genetics, Berlin, 44: 206-10, 1974.
- VALOIS, A.C.C. Eficiência comparativa de quatro métodos de seleção em uma população melhorada de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1982. 119p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- VALOIS, A.C.C. & MIRANDA FILHO, J.B. Comportamento de variância na cultivar do milho Centralmex. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, 16: 181 - 8, 1982.
- VELLO, N.A. Endogamia. Piracicaba, USP/ESALQ/Instituto de Genética, 1984. 29p. (Publicação Didática, 1).
- VELLO, N.A. & VENCOVSKY, R. Variâncias associadas às estimativas de variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, 8: 238-48, 1974.
- VENCOVSKY, R. Princípios de genética quantitativa. Piracicaba, USP/ESALQ/Instituto de Genética, 1973. 97p. (Publicação Didática).
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E., ed. Melhoramento e produção de milho no Brasil. Campinas, Fundação Cargill, 1978. cap. 5, p.122-201.

- VENCOVSKY, R.; ZINSLY, J.R.; VELLO, N.A. Efeito da populaçãõ 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 de Estado dos Negócios da Agricultura, 1970. p.36-8.
- VIANA, R.T.; GAMA, E.E.G.; NASPOLINI FILHO, V.; MORO, J.R.; VENCOVSKY, R. Inbreeding depression of several introduced populations of maize (*Zea mays* L.). Maydica, Bergamo, 27: 151-7, 1982.
- 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.
- WRIGHT, S. Systems of mating. Genetic, Austin, 6: 111 - 78, 1921.