AVALIAÇÃO DE OITO CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE NA
POPULAÇÃO DE MILHO (*zea mays* L.) SUWAN DMR

TELMO CANTON
Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. ROLAND VENCovsky

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

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Outubro - 1988

C232a Canton, Telmo
Avaliação de oito ciclos de seleção recorrente na
população de milho (*Zea mays* L.) Suwan DMR. Piracicaba, 1988.
112p. ilus.

Diss. (Mestre) - ESALQ
Bibliografia

1. Milho - Melhoramento. 2. Milho - População - Variação genética. 3. Milho - Seleção - Avaliação. I. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

CDD 633.15

AVALIAÇÃO DE OITO CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE NA POPULAÇÃO
DE MILHO (*Zea mays* L.) SUWAN DMR

Telmo Canton

Aprovada em: 24/11/88

Comissão Julgadora:

Prof. Dr. Roland Vencovsky	ESALQ/USP
----------------------------	-----------

Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho	ESALQ/USP
--	-----------

Prof. Dr. Paulo Yoshio Kageyama	ESALQ/USP
---------------------------------	-----------

Prof. Dr. Roland Vencovsky
Orientador

Aos meus pais MARIA e DANILO
e aos meus irmãos

OFEREÇO.

À minha esposa MÍRIA
e às minhas filhas CAROLINA,
FLÁVIA e HELOÍSA

DEDICO.

AGRADECIMENTOS

- Ao Prof. Dr. ROLAND VENCOVSKY, pela orientação constante, amizade e incentivo;
- À Empresa Catarinense de Pesquisa Agropecuária (EMPASC), pela oportunidade de aperfeiçoamento e pelo apoio prestado;
- Aos colegas Dr^a Maria Elisabeth Guedes Diáz Dávalos e Dr. Carlos Alberto Ceretta, pelo apoio prestado na coleta dos dados de campo e ao fornecimento das demais informações;
- À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela bolsa de estudos concedida;
- À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), pelo auxílio prestado;
- Ao Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho, pelas contribuições e pela amizade;
- Ao colega Dr. Luciano Lourenço Nass, pelos incentivos, auxílio e amizade;
- À bibliotecária Nilce T. Puga, pelo auxílio na citação bibliográfica, pela amizade e pela ajuda;
- Às funcionárias da biblioteca do Departamento de Genética, Olívia Razera Pachene e Terezinha J.L. Barrete, pela colaboração prestada;

Às colegas, Dr^ª Ana Maria R. Cassiolato e Dr^ª Tânia Marta C. dos Santos, pela amizade e pelo auxílio prestado à família;

À Gerda Spruck, na qualidade de Secretária do Departamento de Genética, pelas contribuições;

Aos professores e funcionários do Departamento de Genética, da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE TABELAS	vii
RESUMO	xii
SUMMARY	xv
 1. INTRODUÇÃO	 01
 2. REVISÃO DE LITERATURA	 05
2.1. Seleção recorrente em milho	05
2.1.1. Considerações gerais	05
2.1.2. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos	 07
2.2. Estimativas dos componentes da variância ge nética em populações de milho	 09
2.3. Efeitos da seleção sobre a variabilidade genética	17
2.4. Progresso genético com a seleção	21
 3. MATERIAL E MÉTODOS	 27
3.1. Material	27
3.1.1. A população de milho Suwan DMR e os híbridos comerciais	 27
3.1.2. Avaliação das famílias de meios ir- mãos e seleção recorrente intrapopu- lacional	 30
3.2. Métodos	38
3.2.1. Análises estatísticas e genéticas ..	38
3.2.2. Estimativas do progresso genético ..	47
3.2.3. Tamanho efetivo populacional	50
 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	 54
4.1. Considerações gerais	54

Página

4.2. Estimativas dos parâmetros relacionados com variabilidade genética e efeitos da seleção	60
4.3. Progresso genético com a seleção	70
4.4. Tamanho efetivo populacional	79
5. CONCLUSÕES	86
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	88
APÊNDICE	100

LISTA DE TABELAS

TABELA Nº		Página
01	Progressos genéticos obtidos através da seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, para a produtividade de grãos, em diversas populações de milho.	10
02	Estimativas de parâmetros para o caráter peso de espigas (g/planta) relativas a 58 ensaios com famílias de meios irmãos, conduzidos no Brasil	13
03	Estimativas da relação entre variância fenotípica dentro de famílias ($\hat{\sigma}_d^2$) e variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$) para a produtividade de grãos em diversas populações de milho. Estimativas da variância aditiva $(g/pl)^2$ ajustadas para a mesma produtividade de grãos (144 g/pl)	15
04	Comparação entre progresso genético esperado e observado em diversas populações de milho. Produtividade de grãos	24
05	Relação dos híbridos comerciais utilizados como testemunhas nos ensaios de avaliação das famílias de meios irmãos dos diversos ciclos de seleção da população Suwan DMR	29

TABELA Nº

Página

06	Número de repetições, número de parcelas por repetição com a mesma testemunha, área das parcelas experimentais e estande ideal, nos ensaios de avaliação dos diversos ciclos (anos) de seleção, do milho Suwan DMR. Chapecó - SC	37
07	Número de famílias avaliadas e selecionadas e número de plantas selecionadas para a composição das fileiras masculinas, nos diversos ciclos de seleção da população de milho Suwan DMR. Chapecó - SC	38
08	Modelo da análise da variância adaptado a partir de VENCOVSKY (1987a) com as esperanças dos quadrados médios para os parâmetros de interesse	40
09	Modelo da análise da variância adaptado a partir de FEDERER (1951), com as esperanças dos quadrados médios para os parâmetros de interesse	42
10	Quadrados médios (gramas de grãos/parcela ao nível de totais) e respectivos graus de liberdade obtidos das análises individuais dos experimentos para cada ciclo de seleção. População de milho Suwan DMR. Chapecó - SC	101

TABELA Nº

Página

11	Estande observado por parcela, número de repetições, produtividade média de grãos ($\bar{Y}$), coeficiente de variação da média geral dos ensaios $[C.V.(\bar{Y})]$ e coeficiente de variação da média de cada tratamento $[C.V.(\bar{Y}_i)]$ nos diversos ciclos de seleção. População de milho Suwan DMR. Chapecó - SC	102
12	Diferencial de seleção (g/planta e porcentagem) entre e dentro de famílias de meios irmãos e para a composição das fileiras masculinas (machos), nos diversos ciclos de seleção. Produtividade de grãos. População de milho Suwan DMR. Chapecó - SC	103
13	Porcentagem de seleção entre e dentro de famílias, para a composição das fileiras masculinas e porcentagem total. 1 - porcentagem real de seleção e 2 - porcentagem de seleção para o caráter produtividade de grãos, supondo seleção truncada. População de milho Suwan DMR. Chapecó - SC	104
14	Produtividade (kg/ha) de grãos da população Suwan DMR e dos híbridos comerciais utilizados como testemunhas, observada nos diversos ciclos de seleção. Chapecó-SC	105

- 15 Estimativas da variância fenotípica ao nível de médias de famílias ($\hat{\sigma}_F^2$) e ao nível de plantas ($\hat{\sigma}_P^2$) e, estimativas da variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$) e fenotípica dentro de parcelas ($\hat{\sigma}_d^2$), para $t = 5$ (1) e $t = 10$ (2), considerando diversos ciclos de seleção para o caráter produtividade de grãos. População de milho Suwan DMR. Chapecó - SC 106
- 16 Estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) para peso de grãos, original e ajustada, em gramas²/planta² e (gramas/0,2m²)² e coeficientes de variação da $\hat{\sigma}_A^2$ [C.V. ($\hat{\sigma}_A^2$)]. Estande observado e produção média de grãos ($\bar{Y}$), nos diversos ciclos de seleção. População de milho Suwan DMR. Chapecó - SC 107
- 17 Estimativas do coeficiente de variação experimental (C.V._e), do coeficiente de variação genética (C.V._g) e do índice de variação "b" (C.V._g/C.V._e) para os diversos ciclos de seleção, obtidas a partir das análises de variância ao nível de totais de parcelas, para o caráter produtividade de grãos, da população de milho Suwan DMR. Chapecó - SC 108

18	Estimativas para a produtividade de grãos: do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, ao nível de médias de famílias ($\hat{h}_m^2$) e ao nível de plantas individuais ($\hat{h}_i^2$); do coeficiente de variação da h_m^2 $[C.V.(h_m^2)]$. Tamanho efetivo em relação a geração imediatamente anterior (N_e) e em relação ao segundo ciclo de seleção (N_e'), da população de milho Suwan DMR. Chapecó - SC	109
19	Estimativas do progresso genético esperado e contribuição relativa de cada modalidade de seleção, sobre o progresso total para os ciclos de seleção da população de milho Suwan DMR. Produtividade de grãos . Chapecó - SC	110
20	Estimativas do progresso genético para os diversos ciclos de seleção. Produtividade de grãos. População de milho Suwan DMR. Chapecó - SC	111
21	Progresso genético acumulado para o caráter produtividade de grãos a partir do terceiro ciclo de seleção (ciclo 3): $G_{s_{ea}}$ - progresso esperado; $G_{s_{eaj}}$ - progresso esperado, ajustado pela equação de regressão; $G_{s_{oa}}$ - progresso observado e $G_{s_{oaj}}$ - progresso observado, ajustado pela equação de regressão. O segundo ciclo foi considerado como 100.	112

**AVALIAÇÃO DE OITO CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE NA POPULAÇÃO
DE MILHO (*Zea mays* L.) SUWAN DMR**

Autor: TELMO CANTON

Orientador: Prof. Dr. ROLAND VENCovsky

RESUMO

Na presente pesquisa foi feita uma avaliação da seleção recorrente intrapopulacional no milho Suwan DMR envolvendo oito ciclos de seleção, com o objetivo principal de estimar o progresso genético esperado e o observado e a disponibilidade de variabilidade genética para a seleção em ciclos posteriores. Além disso, foram desenvolvidas as expressões para o cálculo do tamanho efetivo populacional (N_e), adequadas ao método de seleção utilizado, sendo que o N_e foi estimado a partir do terceiro ciclo de seleção, considerando o segundo ciclo como referência.

Para tanto, foram utilizados os dados obtidos do programa de melhoramento da população de milho Suwan DMR, conduzido pela Empresa Catarinense de Pesquisa Agropecuária (EMPASC) em Chapecó-SC, no período de 1979/80 a 1986/87.

O programa foi conduzido utilizando-se o método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, sem sementes remanescentes (SEDFMISSR), com exceção do segundo ciclo que foi obtido por seleção massal estratificada. O mé-

todo de SEDFMISSR foi conduzido com duas modificações em relação ao método original: a) realização simultânea, na mesma área experimental, das etapas de avaliação, seleção e recombinação; b) para a composição das fileiras masculinas, foi realizada uma seleção prévia de espigas no laboratório, de maneira que nem todas as famílias sob avaliação contribuíssem como parentais masculinos.

A utilização de delineamento experimental (blocos casualizados) incorporada nos ensaios de avaliação a partir do terceiro ciclo de seleção e as testemunhas (híbridos comerciais) a partir do segundo ciclo.

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos foram obtidas a partir das esperanças dos quadrados médios, considerando, quando necessária, a correção da produtividade de grãos por covariância em função do estande observado. O progresso esperado (G_{se}) foi estimado utilizando-se o diferencial de seleção, e o observado (G_o) foi obtido em função das testemunhas comuns presentes nos ensaios de avaliação dos diversos ciclos de seleção.

Considerando os últimos cinco ciclos de seleção, obtiveram-se as estimativas médias (e amplitudes) para a produtividade de grãos: coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de famílias: $\hat{h}_m^2 (\%) = 39,08$ (29,07 a 42,31); coeficiente de herdabilidade ao nível de plantas: $\hat{h}_i^2 (\%) = 16,52$ (12,52 a 22,05); $(C.V._g / C.V._e) = 0,51$ (0,46 a 0,61); variância genética aditiva: $\hat{\sigma}_A^2 (g/planta)^2 = 316$ (70 a 653);

Gs_e (%/ciclo) = 5,52 (2,48 a 7,50); Gs_o (%/ciclo) = 5,95 (-7,07 a 19,09); progresso esperado acumulado: Gs_{ea} (%) = 27,6; progresso observado acumulado: Gs_{oa} (%) = 29,8; porcentagem de seleção entre e dentro de famílias: 33,75 (15,29 a 68,63) e 4,99 (3,54 a 6,58), respectivamente; tamanho efetivo populacional: N_e = 193 (135 a 349); produtividade média de grãos: $\bar{Y}$ (g/planta) = 117,8 (66,8 a 186).

Apesar da população original Suwan DMR ser considerada de base genética bastante estreita, as estimativas da variância genética aditiva desta população foram comparáveis às estimativas médias obtidas para as populações brasileiras de ampla base genética.

Particularmente importante, foi a verificação de que a variância genética aditiva não sofreu alterações que possam ser atribuídas à seleção, mantendo-se em magnitude bastante razoável para assegurar êxito na seleção em ciclos posteriores.

O método de seleção utilizado proporcionou a manutenção de um N_e relativamente alto, de um dado ciclo para outro, mesmo utilizando baixa porcentagem de seleção.

EVALUATION OF EIGHT CYCLES OF RECURRENT SELECTION IN THE CORN
POPULATION (*Zea mays* L.) SUWAN DMR

Author: TELMO CANTON

Adviser: Prof. Dr. ROLAND VENCOVSKY

SUMMARY

The effect of eight cycles of recurrent selection, applied to the Suwan DMR corn population, was investigated. The main interest was to verify the effect of selection concerning the expected and realized genetic progress on grain yield and the amount of genetic variability still available, to permit further progress. In addition, specific expression of the effective population size (N_e) were developed, according to the selection procedure adopted. The second cycle population was taken as reference point to calculate N_e .

The Institution EMPASC (a research organization of the State of Santa Catarina for agriculture and livestock, Chapecô, SC, Brazil), through its corn population improvement program, provided the necessary data for this work. The period between 1979/80 and 1986/87 was covered.

Selection among and within half sib families (SAWHSF) was the basic scheme applied, except for the obtention of the second cycle where a simple stratified mass selection was used..

SAWHSF was conducted with two modifications, in relation to the original scheme, namely: a) evaluation of progenies, selection and intercrossing of superior plants, as basic steps of such a scheme, were carried out all in the same area; b) to compose the male rows, a previous selection of ears was made in the laboratory, such that not the whole set of progenies under evaluation contributed as male parents.

Progenies were evaluated in randomized complete blocks with replications only after the second cycle and checks (commercial hybrids) incorporated in the progeny tests, only after the first cycle.

Estimates of phenotypic and genotypic components of variation were obtained through the analyses of variance. In the case of higher stand variation, the covariance procedure was also applied. In all cases estimates were calculated considering expected values of mean squares.

Selection differentials were taken to obtain expected progresses estimates (G_{s_e}). The inclusion of common checks in trials of subsequent years, permitted estimating realized gains (G_{s_o}).

Considering the last five cycles of selection, the following estimates (and ranges) could be obtained for grain yield: coefficient of heritability on a progeny mean basis: $\hat{h}_m^2(\%) = 39.08$ (29.07 to 42.31); coefficient of heritability on a plant basis: $\hat{h}_i^2(\%) = 16.52$ (12.52 to 22.05); $(C.V.g)/(C.V.e) = 0.51$ (0.46 to 0.61); additive genetic

variance: $\hat{\sigma}_A^2$ (g/pl)² = 316 (70 to 653); Gs_e (%/cycle) = 5.52 (2.48 to 7.50); Gs_o (%/cycle) = 5.95 (-7.07 to 19.09); accumulated expected progress: Gs_{ea} (%) = 27.6; accumulated observed progress: Gs_{oa} (%) = 29.8; percentage of selection among and within progenies: 33.75 (15.29 to 68.63) and 4.99 (3.54 to 6.58), respectively; effective population size per cycle: N_e = 193 (135 to 349); average grain yield: $\bar{Y}$ (g/pl) = 117.8 (66.8 to 186.0).

Despite the very narrow genetic base of the original population Suwan DMR, its additive genetic variance was comparable to additive variances found for broader base populations of corn in Brazil.

Particularly important was the finding that changes in the amount of additive genetic variance could not be attributed to selection. In fact, after the eight cycles the genetic variance is still sufficiently large to guarantee additional gains, through selection.

The selection scheme here adopted permitted the maintenance of relatively high N_e values, from one cycle to the next, despite the relatively low selection percentages chosen throughout the program.

1. INTRODUÇÃO

O melhoramento de populações de milho ou de qualquer outra espécie alógama, via seleção recorrente, tem como finalidade principal a obtenção de uma população melhorada, ou seja, de um cultivar de polinização aberta, para uso direto pelos produtores ou para a utilização em programas visando a obtenção de híbridos.

Populações melhoradas se caracterizam por apresentar frequência mais elevada dos alelos favoráveis, que é uma consequência da seleção recorrente. No entanto, o sucesso do melhoramento depende essencialmente da magnitude da variância genética aproveitável pela seleção que, por sua vez, é função dependente do caráter e da população em estudo. Além disso, uma série de outros fatores interferem no aproveitamento desta variância genética disponível e consequentemente no progresso genético ao final de um programa de melhoramento. Dentre estes fatores, são considerados de importância relevante a precisão dos experimentos de avaliação, o método de seleção empregado, a proporção de famílias ou indivíduos selecionados em cada geração de seleção e o tamanho efe-

tivo populacional, mantido ao longo do programa de melhoramento.

Dentro deste enfoque é que surgiu e se consolidou a genética quantitativa, como uma ferramenta de grande utilidade para os melhoristas, auxiliando na definição do melhor critério a ser adotado em função do material genético e das condições disponíveis para a condução de um programa de melhoramento. O desenvolvimento de métodos estatísticos e genéticos proporcionaram a constatação de ampla variabilidade genética aproveitável pela seleção em populações de milho, bem como permitiram o surgimento de diversos esquemas de seleção recorrente. Estes esquemas se caracterizam principalmente pela maior ou menor facilidade de condução e pelo progresso genético que proporcionam por geração de seleção, como pode ser observado em PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987) e VENCOVSKY (1987a).

O método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos tem sido amplamente utilizado em programas de melhoramento de milho no Brasil, em função da eficiência que tem demonstrado e também pela facilidade de condução. De maneira geral, o número de famílias avaliadas em cada geração de seleção tem sido relativamente elevado, e conforme VENCOVSKY et alii (1988b), o tamanho efetivo populacional não tem comprometido a longevidade dos programas de melhoramento.

Via de regra, os cultivares híbridos apresen-

tam maior potencial produtivo em condições de ambientes favoráveis à cultura do milho. Em função disso, tem sido recomendada a utilização de cultivares de polinização aberta, para produtores localizados em regiões consideradas marginais para o cultivo do milho ou para aqueles produtores com insuficiente disponibilidade de recursos os quais, consequentemente, não adotam níveis adequados de tecnologia na condução das lavouras. Com este propósito, foi conduzido o programa de melhoramento com a população de milho Suwan DMR, que resultou numa variedade de polinização aberta, a saber, EMPASC 152 OESTE, que vem sendo cultivada principalmente nos estados da região Sul do Brasil.

O programa de melhoramento com a população de milho Suwan DMR continua em andamento. Seu início ocorreu na safra agrícola de 1979/80, utilizando-se principalmente o método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, sem sementes remanescentes. Apesar disso, até o momento não foi feito um estudo mais detalhado dos efeitos da seleção em relação à estrutura genética populacional e à perspectiva de resposta futura à seleção. Ademais, em função de já terem sido realizados oito ciclos de seleção, considerou-se que um tal estudo poderia ser importante como contribuição para a genética e o melhoramento.

Sendo assim, o presente estudo compreendeu uma investigação dos efeitos da seleção recorrente com famílias de meios irmãos, sobre o comportamento e a estrutura genéti-

ca da população de milho Suwan DMR em melhoramento na Empresa Catarinense de Pesquisa Agropecuária (EMPASC), Chapecó-SC.

A pesquisa objetivou, especificamente, mensurar as alterações genéticas e agronômicas alcançadas e a disponibilidade de variabilidade genética para a seleção em ciclos posteriores. O interesse maior concentrou-se nas seguintes avaliações para a produtividade de grãos:

a) A variabilidade genética através dos ciclos de seleção, medida pela magnitude da variância genética aditiva, do coeficiente de herdabilidade e outros parâmetros afins;

b) O progresso genético esperado e o progresso genético observado para os diversos ciclos de seleção e as contribuições de cada modalidade de seleção para o progresso genético;

c) O tamanho efetivo populacional de cada geração de seleção em relação ao ciclo anterior e em relação ao ciclo inicial de referência.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. SELEÇÃO RECORRENTE EM MILHO

2.1.1. Considerações gerais

HULL (1945) foi quem propôs a expressão "Seleção Recorrente" embora JENKINS (1940) tenha utilizado uma modalidade do método. A expressão foi proposta para designar todo o processo de seleção, em programas contínuos de melhoramento que envolve as fases de obtenção de genótipos, avaliação e recombinação dos genótipos superiores. Originalmente a expressão foi utilizada para designar alguns esquemas específicos de seleção mas, atualmente, são designados de seleção recorrente todos os esquemas cíclicos de seleção que envolvem as fases acima mencionadas (HALLAUER, 1980).

Os métodos de seleção recorrente são divididos em dois grupos distintos segundo MOLL & STUBER (1974): a) melhoramento intrapopulacional, onde a seleção objetiva o melhoramento do comportamento per si das populações; b) melhoramento interpopulacional; neste caso o objetivo é o melhoramento do híbrido (F_1) entre duas populações. Obviamen-

te neste caso também é interessante o melhoramento per si das populações.

Principalmente depois de os estudos de genética quantitativa terem mostrado que a maior proporção da variância genética em populações de milho era de natureza aditiva, diversos métodos de seleção foram propostos, com a finalidade de facilitar o aproveitamento deste componente do progresso genético. Revisões detalhadas para cada método são encontradas em PENNY et alii (1963), LONNQUIST (1965), SPARGUE & EBERHART (1977), HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981), PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987), entre outros.

Uma vez definido o objetivo do programa de melhoramento, deve-se considerar uma série de fatores para a escolha do esquema ou método de seleção a ser empregado. Na maioria das vezes não é possível optar por um dado método teoricamente mais eficiente, pois aspectos de infra-estrutura, disponibilidade de recursos, condições climáticas, entre outros, não podem ser desprezados. Segundo HALLAUER (1980), quando o objetivo do programa é o melhoramento do potencial de populações para extração de linhagens e conseqüente obtenção de híbridos, o melhoramento interpopulacional parece ser o mais indicado. Por outro lado, se a finalidade do programa é a obtenção de variedades melhoradas ou a adaptação de germoplasma exótico, deve-se dar preferência ao melhoramento intrapopulacional. Métodos combinados de melhoramento intra e interpopulacional também pode ser usados (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1987).

No Brasil, a seleção recorrente tem desempenhado um papel importante no melhoramento do milho. Recentemente VENCOVSKY *et alii* (1988b) concluíram que em média a contribuição da seleção recorrente para o acréscimo da produtividade de grãos, no período compreendido entre 1964 e 1984, foi de 2,7% ao ano.

Em função da natureza do programa de melhoramento em estudo e dos objetivos propostos, na presente revisão serão relatados, de preferência, os aspectos referentes ao melhoramento intrapopulacional com destaque para o método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos.

2.1.2. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos

O esquema de seleção espiga por fileira foi introduzido no melhoramento do milho por Hopkins (1899) citado por PATERNIANI (1969). O método consistia, basicamente, na avaliação de espigas em fileiras individuais, sendo que a seleção era praticada entre e dentro de famílias, colhendo-se as espigas das melhores plantas. Inicialmente, o método foi utilizado em um programa de seleção divergente para teor de óleo e proteína e os resultados deste programa, ainda em andamento, vem sendo publicados periodicamente, a exemplo de DUDLEY (1977).

Em função da ineficiência do método de seleção espiga por fileira, para o melhoramento de caracteres de baixa herdabilidade, a exemplo da produtividade de grãos na cultura do milho, LONNQUIST (1964) sugeriu o método de seleção espiga por fileira modificado. As principais alterações introduzidas em relação ao esquema anterior foram: a avaliação das famílias em ensaios com repetições de preferência em mais de um local e recombinação em lotes com isolamento reprodutivo. Conforme salienta LONNQUIST (1964), o método é essencialmente uma seleção entre e dentro de famílias; em razão disso, PATERNIANI (1967) propôs a denominação de "Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos", publicando os primeiros resultados com este método.

Na sua proposição original, o método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, não previa a utilização de sementes remanescentes, o que representava a realização de um ciclo de seleção por geração de cultivo. Neste caso como demonstra VENCOSKY (1969), tanto a seleção entre como a seleção dentro de famílias é realizada somente no sexo feminino. Outra alternativa é a condução do método com sementes remanescentes (duas gerações por ciclo de seleção), onde a seleção entre famílias é feita nos dois sexos, mas a seleção dentro de famílias continua somente no sexo feminino, para caracteres avaliados após o florescimento.

WEBEL & LONNQUIST (1967) conduziram o método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos sem sementes remanescentes, utilizando-se da mesma área experimen-

tal tanto para a avaliação como para a recombinação das famílias. Os autores salientam que esta metodologia demanda muito trabalho principalmente com despendoamento e colheita do material, uma vez que devem ser selecionadas plantas de praticamente todas as famílias, pois a seleção entre famílias depende essencialmente da pesagem do material após a colheita. Metodologia semelhante foi utilizada na condução do programa objeto deste trabalho.

O método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos tem apresentado bons resultados no melhoramento do caráter produtividade de grãos em milho, sendo atualmente bastante utilizado. Dentre os resultados obtidos podem ser destacados os trabalhos de PATERNIANI (1967), WEBEL & LONNQUIST (1967), PATERNIANI (1968), DARRAH et alii (1972), SEGOVIA (1976), COMPTON & BAHADUR (1977), LIMA & PATERNIANI (1977), MIRANDA (1977), SAWAZAKI (1979), POMMER & GERALDI (1983) e SANTOS & NASPOLINI FILHO (1986a e 1986b). Na Tabela 1 estão sintetizados os resultados obtidos por estes autores.

2.2. ESTIMATIVAS DOS COMPONENTES DA VARIÂNCIA GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE MILHO

A estimativa dos componentes de variância genéticos tem sido uma das grandes contribuições da genética

Tabela 1. Progressos genéticos obtidos através da seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, para a produtividade de grãos, em diversas populações de milho.

População	Número de ciclos	Ganho por ciclo (%)	Referências
Hays Golden	4	9,40	WEBEL & LONNQUIST (1967)
Dente Paulista	3	13,60	PATERNIANI (1967)
Piramex	4	3,80	PATERNIANI (1968)
Kitale Composite	6	2,20	DARRAH et alii (1972)
Centralmex	6	2,00	SEGOVIA (1976)
Hays Golden	10	5,26	COMPTON & BAHADUR (1977)
Tuxpeño	3	10,80	LIMA & PATERNIANI (1977)
IAC-1	8	1,90	MIRANDA et alii (1977)
IAC-Maya	13	2,84	SAWAZAKI (1979)
IAC-Maya 0 ₂	4	4,50	POMMER & GERALDI (1983)
IAC-1 0 ₂	4	10,70	POMMER & GERALDI (1983)
Dentado Composto			
Nordeste	3	2,70	SANTOS & NASPOLINI FILHO (1986a)
Flint Composto			
Nordeste	3	5,10	SANTOS & NASPOLINI FILHO (1986b)

quantitativa para o melhoramento, pois fornece subsídios na tomada de decisões durante o planejamento e condução dos programas de melhoramento. Auxilia, também, na escolha da população base e do método de seleção, bem como permitindo avaliações para definir a viabilidade da continuação de um programa em andamento (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981).

O sucesso de um programa está em primeiro lugar na dependência da magnitude da variabilidade genética aproveitável na seleção. Vários métodos tem sido utilizados para a obtenção das estimativas dos componentes da variância genética, mas os que mais se destacaram pela contribuição que trouxeram, em ordem de importância, foram os delineamentos I, II e III de COMSTOCK & ROBINSON (1948 e 1952), que utilizam-se de diversos tipos de famílias de maneira que torna-se possível estimar a variância genética aditiva, a variância de dominância e o grau médio de dominância.

O método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos tem sido amplamente utilizado, embora não permita estimar a variância genética de dominância. Sua grande virtude é a possibilidade de estimar a variância genética aditiva que permite ao melhorador de plantas, verificar as chances de êxito na seleção e acompanhar as alterações na variabilidade genética, no decorrer dos sucessivos ciclos de seleção (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981 e VENCOSKY, 1987a).

Segundo FALCONER (1960) a variância genética aditiva é a principal componente nas relações de semelhança entre parentes e por conseguinte, o principal determinante das propriedades genéticas da população e da resposta da população à seleção. O autor define variância genética aditiva como sendo a variância dos valores genéticos e ressalta que na prática o que interessa é o parcelamento entre variância genética e variância fenotípica total, cujo quociente entre a primeira e a segunda é denominado de coeficiente de herdabilidade.

Na literatura existem muitos trabalhos que relatam as estimativas dos componentes da variância genética e fenotípica em populações de milho (RAMALHO, 1977; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981; VENCOVSKY et alii, 1988a; entre outros). Particularmente importantes são os resultados apresentados por VENCOVSKY et alii (1988b), que relatam estimativas médias obtidas a partir de 58 ensaios conduzidos com famílias de meios irmãos em condições brasileiras (Tabela 2). Os autores salientam que os valores da variância genética aditiva e conseqüentemente da herdabilidade e do progresso esperado com a seleção são superestimados. Isto principalmente devido à interação genótipo x ambientes e à pressuposição de seleção truncada na estimativa do progresso esperado, uma vez que a grande maioria dos ensaios foram conduzidos num único local e a seleção entre famílias realizada para vários caracteres simultaneamente.

Tabela 2. Estimativas de parâmetros para o caráter peso de espigas (g/planta) relativas a 58 ensaios com famílias de meios irmãos, conduzidos no Brasil.

Parâmetros	Média	Amplitude
$\hat{\sigma}_A^2$ (g/pl) ²	309	41 a 753
$\hat{h}_i^2$ (%)	11,0	1,5 a 29,0
$\bar{Y}$ (g/pl)	120	69 a 246
C.V.e (%)	16,3	7,8 a 23,3
C.V.g (%)	7,3	-
C.V.g/C.V.e	0,45	-
G_S (%/geração)	4,90	-

Fonte: VENCOVSKY et alii (1988a)

PACHECO (1987) confirma uma das hipóteses acima, tendo verificado que mesmo com famílias de meios irmãos a interação genótipo x ambiente é de proporção elevada, interferindo significativamente na magnitude da variância genética aditiva estimada a partir de ensaios conduzidos num único local. Segundo GARDNER (1963), o componente da variância de interação pode atingir a mais de 50% do valor da estimativa da variância genética aditiva.

Para estimar a herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas necessita-se da estimativa da variância fenotípica dentro de famílias. Normalmente, ela é estimada a partir da relação $\hat{\sigma}_d^2/\hat{\sigma}_e^2$ tomada como sendo igual a 10, onde $\hat{\sigma}_d^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$ significam a estimativa da variância fenotípica dentro de famílias ao nível de plantas e a estimativa da variância ambiental entre parcelas ao nível de plantas, respectivamente. Na verdade esta relação depende das condições experimentais e da variabilidade genética da população. Na Tabela 3 observa-se a amplitude da relação $\hat{\sigma}_d^2/\hat{\sigma}_e^2$ para a produtividade de grãos, juntamente com a estimativa da variância genética aditiva. Observa-se neste caso, que existe uma concordância bastante expressiva entre a magnitude da relação $\hat{\sigma}_d^2/\hat{\sigma}_e^2$ com a estimativa da variância genética, isto é, quanto maior a $\hat{\sigma}_A^2$ maior a magnitude da relação $\hat{\sigma}_d^2/\hat{\sigma}_e^2$. Os coeficientes de variação experimental foram muito semelhantes, excluindo-se as variações na produtividade média.

Alguns trabalhos foram conduzidos no Brasil com o objetivo de se conhecer a estrutura genética da população de milho Suwan DMR. Assim, SOUZA JUNIOR et alii (1980), MÔRO et alii (1981b) e SOUZA JUNIOR (1983) obtiveram para a produtividade de grãos, num estande de aproximadamente 50 mil plantas/ha, as seguintes estimativas, respectivamente: estimativa da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$): 254, 380 e 181 (gramas/planta)²; produtividade média ($\bar{Y}$): 38, 131 e 113 (gramas/planta). Os autores mencionados avaliaram a varia-

Tabela 3. Estimativas da relação entre variância fenotípica dentro de famílias (σ_d^2) e variância ambiental entre parcelas (σ_e^2) para a produtividade de grãos em diversas populações de milho. Estimativas da variância aditiva (g/pl)² ajustadas para a mesma produtividade média de grãos (144 g/pl).

População	σ_d^2/σ_e^2	σ_A^2 (g/pl) ² (ajustada)	REFERÊNCIA
Composto Dentado	9,9	497	CARMO (1969)
Composto Dentado (Progs Brancas)	5,0	168	QUEIROZ (1969)
Composto Dentado (Progs Amarelas)	4,2	209	QUEIROZ (1969)
Composto Dentado	8,38	453	MIRANDA FILHO et alii (1972)
Composto Flint	6,61	251	MIRANDA FILHO et alii (1972)
Composto Flint (Brancô)	9,50	289	SUAREZ LECZANO (1976)
ESALQ-HVI-MII-HSI	10,3	434	CUNHA (1976)
ESALQ PB-4	18,0	832	SAMPAIO & MIRANDA FILHO (1988)
ESALQ PB-5	8,0	317	SAMPAIO & MIRANDA FILHO (1988)

bilidade genética para outros caracteres de interesse, além da produtividade de grãos, dentre eles: a prolificidade, a altura da planta e da espiga; o número de dias para o florescimento e o teor de umidade na colheita, concluindo que o milho Suwan DMR apresenta alto potencial de resposta à seleção.

MÔRO (1982), NASPOLINI FILHO & VENCovsky (1982) e SOUZA JUNIOR et alii (1986) avaliaram a potencialidade da população de milho Suwan DMR para a obtenção de linhagens e híbridos. Os autores destacaram que o material mostrou-se bastante promissor para tal fim. MÔRO (1982) e LIMA et alii (1982) estimaram a depressão por endogamia da população original, para a produtividade de grãos, após uma geração de autofecundação em 49,5% e 42,0%, respectivamente. Após um ciclo de seleção com famílias de irmãos germanos ocorreu uma redução na depressão por endogamia de 49,5% para 40,4% (MÔRO, 1982). Estes resultados evidenciam que a população de milho Suwan DMR possui uma elevada carga genética apesar de ter sido sintetizada a partir de famílias S_1 promissoras. No entanto, conforme VIANNA et alii (1982), na média geral, as populações brasileiras apresentam valores de depressão por endogamia bem superiores à população Suwan DMR.

2.3. EFEITOS DA SELEÇÃO SOBRE A VARIABILIDADE GENÉTICA

O acompanhamento da magnitude da variabilidade genética, através dos ciclos de seleção, é um fator importante pois ele permite avaliar as possibilidades futuras de resposta à seleção, nas populações em estudo. FALCONER (1960), VENCovsky (1978a) e HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) entre outros, demonstram que a magnitude da variância genética aditiva para um determinado caráter está diretamente correlacionada com a frequência gênica na população, sendo portanto propriedade da população e do caráter considerado. Neste raciocínio, MOLL & STUBER (1974) comentam que há possibilidades de aumento da variância genética aditiva nos ciclos iniciais de seleção, se a frequência dos alelos favoráveis for baixa (populações pouco melhoradas). Contudo, o mais provável segundo eles é a redução da variância genética, limitando o sucesso da seleção nos ciclos posteriores.

Na prática, os ensaios de avaliação dos diferentes ciclos de seleção são conduzidos em anos diferentes em sua grande maioria. Este procedimento dificulta uma avaliação mais precisa da variabilidade genética. Quando isso acontece, diversos parâmetros devem ser considerados simultaneamente, tais como: a magnitude da variância genética aditiva; o coeficiente de herdabilidade; os coeficientes de variação genética e ambiental e a razão entre ambos; a média do caráter nos diversos ciclos; a precisão das estimativas e

o estande observado por unidade de área (SUBANDI & COMPTON, 1974; RAMALHO, 1977; VENCOVSKY, 1978a e HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981).

Os resultados das alterações da variância genética pela seleção, mostrados na literatura, são bastante divergentes. A diminuição da variância genética foi observada por PATERNIANI (1967), WEBEL & LONNQUIST (1967), SILVA & LONNQUIST (1968), VENCOVSKY (1968), HALLAUER (1970), MIRANDA FILHO (1979), SAWAZAKI (1979), SANTOS & NASPOLINI FILHO (1986b), entre outros. Os autores observaram que via de regra, a maior redução ocorreu após o primeiro ciclo de seleção, com tendência de ela manter-se constante nos ciclos seguintes. Segundo WEBEL & LONNQUIST (1967) e VENCOVSKY (1968), isso ocorre devido à fixação de grande parte dos genes de efeito pronunciado pela seleção inicial, sendo a estabilização posterior atribuída à liberação da variância aditiva latente em função da recombinação.

A constância da variabilidade genética através dos ciclos de seleção foi constatada por MOLL & ROBINSON (1966), LONNQUIST *et alii* (1966), DARRAH *et alii* (1972), MIRANDA *et alii* (1977), LIMA & PATERNIANI (1977), HALLAUER (1981), entre outros. DARRAH *et alii* (1972) não encontraram nenhuma indicação de diminuição da variância genética em seis populações, após seis ciclos de seleção, entre e dentro de famílias de meios irmãos. Segundo HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981), a mudança de frequência gênica em função da seleção

é muito pequena em caracteres quantitativos e em consequência a variância genética é pouco ou quase nada alterada a curto prazo.

SILVA (1969) e SEGOVIA (1976) relataram aumento da variância genética com o avanço dos ciclos de seleção. Atribuíram o fato à origem híbrida das populações trabalhadas, que provavelmente continham muitos genes ligados em fase de repulsão e após sucessivas recombinações provocaram maior liberação de variabilidade genética. Nesta suposição, o aumento da variabilidade genética não pode ser atribuído à seleção mas sim a ausência do equilíbrio de Hardy-Weinberg.

MÔRO (1982) obteve 800 famílias de irmãos germanos da população de milho Suwan DMR. Após a avaliação selecionou 13 famílias, que foram recombinadas para obtenção da população do primeiro ciclo de seleção. Observou que a variância genética da população do primeiro ciclo foi superior à variância genética da população original. No entanto, o coeficiente de variação genético da população original foi maior. O autor destaca que a população de milho Suwan DMR, mesmo sob forte pressão de seleção (1,63%) demonstrou capacidade de manter a variabilidade genética.

Embora os resultados dos efeitos da seleção sobre a variabilidade genética sejam controvertidos, existem evidências suficientes da capacidade de resposta à seleção do milho. O melhor exemplo disso são os resultados relatados por DUDLEY (1977) mostrando a existência de variabilidade genética significativa após 70 gerações de seleção di

vergente para teor de óleo e proteína na variabilidade de milho "Butt White".

A longevidade de um esquema de seleção recorrente tem uma relação muito estreita com a manutenção de variabilidade genética disponível, ao longo dos ciclos de seleção. Se a seleção for atuante e capaz de alterar a frequência gênica, a partir de um dado momento muitos alelos estarão fixados e a tendência lógica será a redução da variabilidade genética. Conforme ENFIELD et alii (1969), além da seleção, a deriva genética também contribui para alterar a variância genética aditiva. O autor salienta que a redução esperada na variância genética aditiva em função da deriva genética é dependente do tamanho efetivo populacional mantido ao longo do programa de melhoramento, na seguinte proporção: $(1 - \frac{1}{2N_e})^t$. Nesta expressão, N_e é o tamanho efetivo populacional e t o número de gerações de cruzamento ao acaso (número de ciclos de seleção realizados).

ENFIELD et alii (1969) apresentam o resultado de 20 gerações de seleção para peso de pupa em *Tribolium castaneum*. A população de origem foi sintetizada a partir de duas linhagens endogâmicas. Um tamanho efetivo populacional de 75 foi mantido constante no período. Os autores observaram um progresso genético, após as 20 gerações, de 40,8% distribuído linearmente nos ciclos de seleção, indicando que não houve redução da variância genética aditiva.

VENCOVSKY (1987b) destaca que o conceito de tamanho efetivo populacional está relacionado com a representatividade genética contida numa amostra, em relação à geração imediatamente anterior. Assim sendo, o tamanho efetivo está relacionado ao tamanho genético da população e não ao número de indivíduos que a compõem, ou seja, ele representa o número de indivíduos que participam do acasalamento para a formação da geração seguinte. Quando o tamanho efetivo for pequeno, poucos indivíduos participam efetivamente da geração de acasalamento, podendo ocorrer problemas com a oscilação genética e com a endogamia na geração subsequente. Uma tal redução de N_e nem sempre é recuperável na geração seguinte (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981).

2.4. PROGRESSO GENÉTICO COM A SELEÇÃO

As expressões do progresso genético esperado com a seleção são baseadas na regressão linear entre a unidade de seleção e o valor genotípico dos indivíduos da população melhorada (VENCOVSKY, 1978a) ou, segundo EMPIG et alii (1972), baseiam-se na regressão da frequência gênica sobre o valor genotípico. Consequentemente está implícita a covariância genética entre indivíduos que estão submetidos à seleção (unidade de seleção) e os seus descendentes (população melhorada).

FISHER (1918) demonstrou que a covariância genética entre parentes é função de quantidades diferentes dos

componentes da variância genética a nível intrapopulacional. Assim, nos processos de seleção intrapopulacionais a covariância genética entre a unidade de seleção e os indivíduos da população é função linear apenas da variância genética aditiva.

EBERHART (1970) apresenta uma expressão que permite verificar quais os fatores que afetam o progresso esperado com a seleção:

$$GS = \frac{1}{y} \text{ (PHD)}$$

onde; GS: progresso esperado com a seleção, por ano;

y: número de anos necessários, por ciclo de seleção;

P: valor dependente do grau de controle parental;

H: herdabilidade que é estimada por σ_A^2/σ_F^2 , sendo σ_A^2 e σ_F^2 a variância genética aditiva e a variância fenotípica presente na unidade de seleção, respectivamente;

D: diferencial de seleção que é igual a $(\bar{X}_S - \bar{X})$, sendo $\bar{X}_S$ a média dos indivíduos ou famílias selecionadas e $\bar{X}$ a média geral da população. Para a seleção truncada $D = k\sigma_F$, sendo k o diferencial de seleção estandardizado e σ_F o desvio padrão fenotípico da unidade de seleção.

A expressão apresentada é importante porque permite comparar a resposta esperada e a observada após a seleção. A concordância entre ambas é dependente, principalmente, da precisão com que são obtidas as estimativas dos componentes H e D da expressão e da precisão das comparações entre os ciclos de seleção. A interação genótipo x anos não está incluída na expressão mas contribui para as discordâncias entre resposta esperada e observada (PATERNIANI, 1968).

Na Tabela 4, são apresentadas algumas comparações entre as respostas esperada e observada com a seleção em diversas populações de milho. De maneira geral, estas comparações têm apresentado concordância satisfatória, mas deve ser destacado que a metodologia de avaliação varia muito de um trabalho para outro. Na maioria dos casos, não foram desenvolvidos experimentos específicos para a comparação dos diferentes ciclos, sendo portanto, os diversos ciclos avaliados em anos diferentes. Quando isso acontece, os efeitos de anos não são bem estimados devido ao baixo número de testemunhas comuns de um ano para outro, presentes nos ensaios de avaliação.

VENCOVSKY (1968) observou que obtém-se melhor concordância entre resposta esperada e observada, utilizando-se a variância genética aditiva média dos vários ciclos envolvidos para estimar o progresso genético esperado, se houver evidência que a seleção não alterou a quantidade de variância aditiva ao longo dos ciclos.

Tabela 4. Comparação entre progresso genético esperado e observado em diversas populações de milho. Produtividade de grãos.

População	Número de ciclos	Progresso esperado (%/ciclo)	Progresso observado (%/ciclo)	REFERÊNCIAS
Hays Golden	4	8,39	9,44	WEBEL & LONNQUIST (1967)
Dente Paulista	3	14,50	12,40	VENCOVSKY (1968)
Centralmex	3	3,25	3,30	SEGOVIA (1976)
Hays Golden	10	4,87	5,26	COMPTON & BAHADUR (1977)
Hays Golden	15	3,08	3,00	GARDNER (1977)
Tuxpeño	4	8,15	10,80	LIMA & PATERNIANI (1977)
IAC-1	8	8,80	1,86	MIRANDA et alii (1977)
IAC-Maya	13	5,62	2,84	SAWAZAKI (1979)
Dent. Comp. Nord.	3	10,34	2,70	SANTOS & NASPOLINI FILHO (1986a)

LIMA et alii (1982) avaliaram a resposta para a produtividade de grãos da população de milho Suwan DMR após dois ciclos de seleção massal estratificada, obtendo um ganho observado de 3,65% por ciclo. Na Tabela 1, estão relacionados os progressos obtidos por ciclo com seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, realizada em várias populações de milho.

Outro aspecto importante é o progresso genético esperado com a seleção quando tratado em termos de limite de seleção. Neste contexto, conforme PEREIRA & VENCovsky (1986), a probabilidade de atingir o limite de seleção, ou seja, o esgotamento da variabilidade genética com o máximo aproveitamento, está na dependência da herdabilidade do caráter, do tamanho efetivo populacional, da porcentagem de seleção, da frequência inicial dos alelos favoráveis na população e do número e efeito dos genes que governam o caráter. Conforme os autores, condições experimentais inadequadas reduzem a herdabilidade do caráter, comprometendo irreversivelmente o teto seletivo quando são mantidos tamanhos efetivos populacionais inadequados. Eles concluem que o produto $N_e h$ é um bom indicador de quanto se deve aumentar o tamanho efetivo (N_e) quando a herdabilidade (h^2) diminui como consequência da baixa precisão experimental, para se obter a mesma probabilidade de atingir o limite de seleção. Consciente ou inconscientemente, nos programas conduzidos no Brasil cujas condições experimentais não são muito boas, tem-se mantido tama-

nhos efetivos relativamente altos (200 a 500), conforme HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981).

De acordo com BAKER & CURNOW (1969), RAWLINGS (1970) e PEREIRA & VENCOVSKY (1986), tamanhos efetivos entre 30 a 50 não devem comprometer o sucesso com a seleção em programas de melhoramento a médio e a longo prazo.

De acordo com VENCOVSKY et alii (1988a), na maioria dos programas de melhoramento conduzidos com famílias de meios irmãos no Brasil, tem-se adotado uma proporção de seleção de 20% entre famílias e 10% dentro de famílias. RAMALHO (1977) apresenta a contribuição relativa da seleção entre famílias de meios irmãos sobre o progresso genético para essas proporções de seleção, em três populações de milho com diferentes magnitudes de herdabilidade (no sentido restrito ao nível de plantas). O autor mostra que a contribuição da seleção entre famílias é maior na população com menor herdabilidade, demonstrando, desta forma, que a seleção dentro de famílias decresce de importância à medida que a variabilidade genética vai se esgotando.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. MATERIAL

3.1.1. A população de milho Suwan DMR e os híbridos comerciais

O material básico deste trabalho foi a população de milho Suwan DMR, constituída por germoplasma do Caribe e sintetizada na Tailândia, através da recombinação de 16 progênies S_1 selecionadas para resistência a *Sclerospora sorghi* (MÔRO, 1982). Foi introduzida no Brasil em 1976, através do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS) da EMBRAPA (MÔRO et alii, 1981a), por apresentar características agronômicas promissoras, tais como: plantas de porte baixo; ciclo intermediário; bom comportamento nos ensaios regionais de variedades; grãos amarelos-alaranjados do tipo semi-duro; baixa depressão por endogamia e resistência ao "downy mildew". A partir de 1979, este germoplasma foi incorporado ao programa de melhoramento de populações de milho da Empresa Catarinense de Pesquisa Agropecuária (EMPASC), Cha-

pecô-SC, utilizando-se basicamente da seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos sem sementes remanescentes, conforme descrito no item "Avaliação das famílias de meios irmãos e seleção recorrente intrapopulacional". O número de famílias avaliadas em cada ciclo de seleção e outras informações úteis, são apresentados na Tabela 7.

Com o propósito de avaliar o progresso genético observado através dos ciclos de seleção, foram utilizados híbridos comerciais nos ensaios de avaliação das famílias de meios irmãos. Para tanto, foram escolhidos híbridos de cultivo representativo no Estado de Santa Catarina e com características agronômicas semelhantes à população de milho Suwan DMR, especialmente, com relação ao porte da planta e ao período decorrido da emergência ao florescimento (ciclo). Na Tabela 5, estão relacionados os híbridos que participaram em cada ciclo seletivo e suas origens.

As principais características agronômicas, dos híbridos comerciais utilizados neste estudo, são descritas por GUEDES DIÁZ et alii (1983) e CANTON et alii (1986).

Os ensaios de avaliação das famílias de meios irmãos e os métodos de seleção utilizados durante a condução do programa de melhoramento foram incluídos no item material. Assim foram enquadrados, porque não foram desenvolvidos para a elaboração da dissertação e na verdade se constituíram no material de estudo.

Tabela 5. Relação dos híbridos comerciais utilizados como testemunhas nos ensaios de avaliação das famílias de meios irmãos dos diversos ciclos de seleção da população de milho Suwan DMR.

Ciclo <u>a/</u>	Híbrido <u>b/</u>
2	Pioneer 6872 Agrocerees 64
3	Pioneer 6872 Agrocerees 64 SAVE 342
4	Pioneer 6872 Agrocerees 64-A XL 560
5	Pioneer 6872 Agrocerees 64-A XL 560
6	Pioneer 6872 Agrocerees 64-A XL 560
7	Pioneer 6875 Agrocerees 64-A XL 560

a/ Nos ensaios de avaliação do ciclo original e do primeiro ciclo de seleção, não foram incluídas testemunhas (híbridos comerciais).

b/ Os híbridos com a sigla SAVE e XL são produzidos pela Secretaria da Agricultura do Estado do Rio Grande do Sul e Braskalb S.A., respectivamente. Os demais levam o nome da empresa produtora.

3.1.2. Avaliação das famílias de meios irmãos e seleção recorrente intrapopulacional

O programa de melhoramento da população de milho Suwan DMR teve início no ano agrícola de 1979/80 em Chapecó-SC, no Centro de Pesquisa para Pequenas Propriedades (CPPP), unidade estadual da Empresa Catarinense de Pesquisa Agropecuária (EMPASC). Inicialmente foram recebidas 384 famílias de meios irmãos do CNPMS/EMBRAPA, que constituíram a base do programa que vem sendo desenvolvido.

Para a concretização deste trabalho, foram considerados oito ciclos de seleção, assim obtidos:

Ciclo 1 (1979/80) - Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos sem sementes remanescentes (SEDFMISSR);

Ciclo 2 (1980/81) - Seleção massal estratificada;

Ciclo 3 (1981/82) - SEDFMISRR;

Ciclo 4 (1982/83) - SEDFMISRR;

Ciclo 5 (1983/84) - SEDFMISRR;

Ciclo 6 (1984/85) - SEDFMISRR;

Ciclo 7 (1985/86) - SEDDMISRR;

Ciclo 8 (1986/87) - SEDFMISRR;

A seleção das famílias e das plantas dentro das famílias, em todos os ciclos, foi realizada com base na produtividade de grãos após seleção para os principais caracteres agronômicos de interesse, tais como: altura da planta e

da espiga; posição relativa da espiga na planta; reação a doenças foliares, de colmo e de espigas; resistência do colmo e do sistema radicular e empalhamento. Em consequência disso, foi praticada uma seleção não truncada para a produtividade de grãos.

Durante a condução do programa foram utilizados basicamente dois métodos de seleção: seleção massal estratificada, conforme LONNQUIST (1960) e o método de seleção espiga-por-fileira modificado (LONNQUIST, 1964), denominado de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos por PATERNIANI (1967).

A seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos foi conduzida sem o uso de sementes remanescentes e com duas modificações em relação ao método originalmente proposto. A primeira modificação refere-se à seleção das plantas para a composição das fileiras masculinas, necessárias durante a fase de recombinação. Normalmente as fileiras masculinas são compostas por uma mistura equitativa de sementes de todas as plantas selecionadas no ciclo anterior. A modificação introduzida foi uma seleção massal entre as plantas selecionadas. Portanto, somente as plantas superiores, dentre as selecionadas, forneceram sementes para a formação das fileiras masculinas. O esquema de campo para a recombinação foi o usual, ou seja, uma fileira masculina para três fileiras femininas. A segunda modificação, foi a realização simultânea, no mesmo experimento, das fases de avaliação e re-

combinação das famílias de meios irmãos. Esta alternativa apresenta como vantagem a possibilidade de se realizar maior pressão de seleção dentro de famílias, quando comparado com o método original. Em contrapartida, existem desvantagens, principalmente, com relação à demanda de mão de obra para o despendoamento, maior área experimental para um mesmo número de famílias avaliadas e, talvez a ocorrência de problemas na avaliação das famílias em anos de clima anormal que dificul tam a distribuição do pólen.

Na safra agrícola de 1979/80 foi avaliada a população original e obtido o primeiro ciclo de seleção. Foram avaliadas e recombinadas, em lote isolado de despendoamento, 384 famílias de meios irmãos, empregando-se o método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, com uma única repetição. As parcelas foram formadas por uma linha de 5,25 metros de comprimento, utilizando-se o espaçamento de um metro entre linhas e 25 centímetros entre covas. Foram semeadas duas sementes por cova, permanecendo, após o desbaste, uma planta por cova ou o equivalente a 40.000 plantas/ha. Após a avaliação para os caracteres agrônômicos descritos anteriormente, foram selecionadas 34 famílias. Na avaliação do ciclo original não foram incluídas testemunhas.

O segundo ciclo de seleção foi obtido na safra agrícola de 1980/81. De cada família selecionada no ciclo anterior, foram utilizadas 380 sementes, para a composição de um "bulk". Foi semeada uma área de 1634 m², dividi-

da em estratos de 11 m^2 . Realizou-se o desbaste para um estande ideal de 66.666 plantas/ha. A seleção dentro de estratos resultou na escolha de 399 plantas competitivas. Também nesta fase não foram utilizadas testemunhas.

Na safra agrícola de 1981/82 foi avaliado o segundo ciclo e obtido o terceiro ciclo de seleção. Foram avaliadas e recombinadas 399 famílias de meios irmãos. Utilizou-se o método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, com uma única repetição. As parcelas foram compostas por uma linha de oito metros de comprimento. O espaçamento entre linhas foi de um metro e entre covas de 20 centímetros. Foram semeadas duas sementes por cova, com desbaste para uma planta por cova, resultando num estande ideal de 50.000 plantas/ha. Os híbridos comerciais Pioneer 6872 e Agroceres 64, foram utilizados como testemunhas intercalares, de maneira que a cada cinco parcelas com famílias de meios irmãos, foi semeada uma parcela de um dos híbridos. Após a avaliação para caracteres agronômicos de interesse, foram selecionadas 57 famílias, sendo que a seleção dentro de famílias resultou na escolha de 132 plantas.

O terceiro ciclo de seleção foi avaliado em 1982/83. Simultaneamente foi obtido o quarto ciclo de seleção, empregando-se o método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos sem sementes remanescentes. Foram avaliadas e recombinadas 132 famílias, no delineamento de blocos ao acaso, com duas repetições. As fileiras masculi-

nas foram formadas com sementes provenientes de 67 famílias dentre as 132 avaliadas e recombinadas. Cada parcela foi constituída por uma fileira de seis metros de comprimento, com espaçamento de um metro entre linhas e 20 centímetros entre covas. Foram semeadas duas sementes por cova realizando-se o desbaste para um estande ideal de 50.000 plantas/ha. Os híbridos Pioneer 6872, SAVE 342 e Agrocere 64 foram utilizados como testemunhas fazendo parte do delineamento experimental, sendo que, em cada repetição, existiam três parcelas de cada híbrido. Foram selecionadas 51 famílias e dentro destas famílias escolhidas 167 plantas superiores.

Em 1983/84 avaliou-se o quarto ciclo de seleção, ao mesmo tempo obteve-se o quinto ciclo através da avaliação e recombinação de 167 famílias em blocos ao acaso com duas repetições, pelo método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. As fileiras masculinas foram compostas por 65 famílias entre as 167 avaliadas e recombinadas. As parcelas experimentais foram constituídas por uma fileira de seis metros de comprimento, espaçadas de um metro. A semeadura foi realizada em covas distantes 20 centímetros, com duas sementes por cova e posterior desbaste para estande ideal de 50.000 plantas/ha. Os híbridos comerciais Pioneer 6872, Agrocere 64-A e XL 560 foram utilizados como testemunhas incluídos no delineamento experimental. Incluíram-se também três parcelas de cada híbrido dentro de cada repetição. Na seleção entre famílias foram escolhidas 32, resultando com a se-

leção dentro de famílias, 68 novas famílias de meios irmãos.

Prosseguindo o programa, em 1984/85 realizou-se a avaliação do quinto ciclo e a obtenção do sexto ciclo. Foram avaliadas e recombina^{da}s 68 famílias de meios irmãos, pelo mesmo método do ciclo anterior. Foi empregado o delineamento experimental de blocos ao acaso com três repetições, em parcelas de cinco metros de comprimento. Nesta ocasião todas as famílias entraram na composição das fileiras masculinas. O esquema de semeadura e desbaste foi idêntico ao utilizado na etapa anterior. As testemunhas permaneceram constantes, mas somente com duas parcelas em cada repetição. Na seleção entre famílias foram escolhidas 19, resultando com a seleção dentro de famílias, 51 novas famílias de meios irmãos.

Em 1985/86 avaliou-se o sexto ciclo de seleção e obteve-se o sétimo ciclo, através da avaliação e recombinação de 51 famílias de meios irmãos. As fileiras masculinas foram constituídas por sementes provenientes de 19 famílias. Os demais dados são idênticos aos do ciclo anterior. Foram selecionadas 35 famílias, resultando após a seleção dentro de famílias, 145 novas famílias de meios irmãos.

Em 1986/87 avaliou-se o sétimo ciclo e obteve-se o oitavo ciclo de seleção. Foram avaliadas e recombina^{da}s 145 famílias de meios irmãos, em blocos ao acaso com três repetições, pelo mesmo método de seleção empregado no ciclo

anterior. As fileiras masculinas foram constituídas por 74 famílias, entre as 145 avaliadas e recombinadas. As parcelas experimentais foram constituídas por uma fileira de cinco metros e 25 centímetros de comprimento. O espaçamento entre linhas foi de um metro e entre covas de 25 centímetros. Foram semeadas duas sementes por cova e realizou-se o desbaste para uma planta por cova, resultando no estande ideal desejado de 40.000 plantas/ha. Os híbridos comerciais utilizados como testemunhas foram Pioneer 6875, Agrocere 64-A e XL 560, novamente incluídos no delineamento experimental. Foram selecionadas 31 famílias que culminaram na escolha de 142 plantas por ocasião da seleção dentro de famílias.

O peso de grãos por parcela foi avaliado em todos os ciclos de seleção, juntamente com a determinação do teor de umidade. As plantas selecionadas por parcelas também foram devidamente pesadas. O peso de grãos por parcela e por planta selecionada foi corrigido para 14 por cento de umidade, com base no teor de umidade observado a nível de parcelas.

No ensaio de avaliação do sétimo ciclo de seleção, foi determinado o peso de grãos de plantas individuais competitivas, em todas as famílias da primeira repetição, com o propósito de se obter uma estimativa da variância fenotípica dentro de famílias de meios irmãos. As plantas dentro de cada família foram tomadas ao acaso, em número que variou entre sete a 12 plantas.

O estande por parcela foi determinado nos ensaios de avaliação a partir do quarto ciclo de seleção. Esta determinação é útil principalmente quando existem problemas com estande nos experimentos de avaliação das famílias, porque permite ajustar a produtividade de grãos para um estande padrão.

As Tabelas 6 e 7 permitem uma melhor compreensão do desenvolvimento do programa.

Tabela 6. Número de repetições, número de parcelas por repetição com a mesma testemunha, área das parcelas experimentais e estande ideal, nos ensaios de avaliação dos diversos ciclos (anos) de seleção da população de milho Suwan DMR. Chapecó-SC.

Ciclo	Ano Agrícola	Número de repetições	Número de parcelas (testemunhas)	Área da parcela (m ²)	Estande ideal
0	1979/80	1	-	5,25	40.000
1	1980/81	-	-	-	66.667
2	1981/82	1	40	8,00	50.000
3	1982/83	2	3	6,00	50.000
4	1983/84	2	3	6,00	50.000
5	1984/85	3	2	5,00	50.000
6	1985/86	3	2	5,00	50.000
7	1986/87	3	2	5,25	40.000

Tabela 7. Número de famílias avaliadas e selecionadas, número de plantas selecionadas e número de plantas selecionadas para a composição das fileiras masculinas, nos diversos ciclos (anos) de seleção. População de milho Suwan DMR. Chapecô-SC.

Ciclo	Ano Agrícola	Número de famílias avaliadas	Número de famílias selecionadas	Número de plantas selecionadas	Número de plantas selec. comp. fil. masc.
0	1979/80	384	34	-	-
1	1980/81	-	-	399	399
2	1981/82	399	57	132	67
3	1982/83	132	51	167	65
4	1983/84	167	32	68	68
5	1984/85	68	19	51	19
6	1985/86	51	35	145	74
7	1986/87	145	31	142	142

3.2. MÉTODOS

3.2.1. Análises estatísticas e genéticas

Nos ensaios de avaliação das famílias de meios irmãos a partir do quarto ciclo de seleção, foi registrado o estande em todas as parcelas. Verificou-se que o estande apresentava variações que poderiam comprometer as estima-

tivas dos parâmetros genéticos. Sendo assim, optou-se pelo ajuste do peso de grãos das parcelas em função do estande médio observado, utilizando-se o método de correção por covariância de STEEL & TORRIE (1960). Através deste método, foi determinado o coeficiente de regressão linear ($b_{x/y}$). Antes de se realizar o referido ajuste, foi obtido o teste t (STEEL & TORRIE, 1960) para avaliar a significância de $b_{x/y}$. O nível de significância considerado foi de 0,10. Com este procedimento foi ajustado o peso de grãos por parcela nos ensaios de avaliação do quinto, sexto e sétimo ciclos de seleção, através da fórmula geral que segue:

$$Y_c = Y - b_{x/y} (X - \bar{X}) \quad \text{onde;}$$

- Y_c : peso de grãos por parcela corrigido para o estande médio observado;
- Y : peso observado de grãos por parcela;
- $b_{x/y}$: coeficiente de regressão linear do peso de grãos por parcela em relação às variações do estande;
- X : estande observado e;
- $\bar{X}$: estande médio observado nas parcelas de cada experimento.

As análises de variância foram realizadas ao nível de total de parcelas considerando apenas o peso de grãos. Todos os ensaios de avaliação a partir de 1982/83, foram conduzidos em blocos casualizados, sendo que as testemunhas foram incluídas no delineamento adotado.

Para os ensaios de avaliação realizados em 1982/83 e 1983/84, as estimativas dos parâmetros genéticos juntamente com os demais componentes de variação foram obtidas através das esperanças dos quadrados médios, conforme modelo apresentado na Tabela 8, adaptado a partir de VENCOSKY (1987a).

Tabela 8. Modelo da análise de variância, adaptado a partir de VENCOSKY (1987a), com as esperanças dos quadrados médios para os parâmetros de interesse.

Fontes de variação	QM	E(QM)	
		Ao nível de totais	Ao nível de plantas
Blocos	-	-	
Famílias	Q_1	$\sigma^2 + r\sigma_p^2$	$n\sigma_d^2 + n^2\sigma_e^2 + n^2 r \sigma_m^2$
Testemunhas (T)	-	-	
F vs T	-	-	
Resíduo	Q_2	σ^2	$n\sigma_d^2 + n^2\sigma_e^2$
Dentro	Q_3		$\hat{\sigma}_d^2$

onde,

- r : número de repetições;
- n : número de plantas por parcela;
- Q_1 : quadrado médio das famílias;
- Q_2 : quadrado médio do erro;
- Q_3 : quadrado médio dentro de famílias;
- $\hat{\sigma}_d^2$: estimativa da variância fenotípica dentro de parcelas ao nível de plantas;
- σ^2 : estimativa da variância ambiental entre parcelas ao nível de totais;
- $\hat{\sigma}_e^2$: estimativa da variância ambiental entre parcelas ao nível de plantas;
- $\hat{\sigma}_p^2$: estimativa da variância genética entre famílias de meios irmãos ao nível de totais;
- $\hat{\sigma}_m^2$: estimativa da variância genética entre famílias de meios irmãos ao nível de plantas.

O peso de grãos por parcela, dos ensaios de avaliação conduzidos a partir de 1984 / 85 foi corrigido em função do estande observado. Portanto, as estimativas dos parâmetros genéticos e dos demais componentes de variação foram obtidas através das esperanças dos quadrados médios, de acordo com o modelo proposto por FEDERER (1951), demonstrado na Tabela 9.

As estimativas da variância fenotípica dentro de parcelas ao nível de plantas ($\hat{\sigma}_d^2$) foram obtidas através da relação $t = \hat{\sigma}_d^2 / \hat{\sigma}_e^2$ variando de 5 a 10, conforme sugestão de MIRANDA FILHO (1977). Exceção foi feita no ensaio de avaliação do sétimo ciclo de seleção, onde esta foi estimada com dados reais.

De posse destas informações, foram obtidas as seguintes estimativas:

$\hat{\sigma}_A^2 = 4 \hat{\sigma}_m^2$: estimativa da variância genética aditiva ao nível de plantas;

$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_m^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2$: estimativa da variância fenotípica ao nível de plantas;

$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_m^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{r} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{rn}$: estimativa da variância fenotípica ao nível de médias de famílias;

$\hat{h}_1^2 = \hat{\sigma}_A^2 / \hat{\sigma}_F^2$: estimativa da herdabilidade no sentido restrito, ao nível de plantas;

Tabela 9. Modelo da análise de variância, adaptado a partir de FEDERER (1951), com as esperanças dos quadrados médios para os parâmetros de interesse.

Fontes de variação	QM	E (QM)	
		ao nível de totais	ao nível de plantas
Blocos	-		
Famílias (F)	Q'_1	$\sigma^2 + \frac{r\sigma^2}{p-1} \left(p-1 - \frac{T_{xx}}{T_{xx}+E_{xx}} \right)$	$n\sigma_d^2 + n^2\sigma_e^2 + \frac{n^2 r\sigma_m^2}{p-1} \left(p-1 - \frac{T_{xx}}{T_{xx}+E_{xx}} \right)$
Testemunhas (T)	-		
F vs T	-		
Resíduo	Q'_2	σ^2	$n\sigma_d^2 + n^2\sigma_e^2$
Dentro	Q_3		σ_d^2

sendo, Q'_1 : quadrado médio das famílias (ajustado);

Q'_2 : quadrado médio do resíduo (ajustado);

p : número de famílias de meios irmãos avaliadas;

T_{xx} : soma de quadrados de famílias, obtido na análise da variância para o estande;

E_{xx} : soma de quadrados do resíduo obtido na análise da variância do estande.

$\hat{h}_m^2 = \hat{\sigma}_A^2 / \hat{\sigma}_F^2$: estimativa da herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias de famílias;

$C.V._g(\%) = (\hat{\sigma}_m / \bar{Y}) \times 100$: Coeficiente de variação genética, sendo $\bar{Y}$ a média da população ao nível de plantas;

$C.V._e(\%) = (\sqrt{Q_2/n^2} / \bar{Y}) \times 100$ ou $(\sqrt{Q'_2/n^2} / \bar{Y}) \times 100$: coeficiente de variação ambiental;

"b" = $\hat{\sigma}_p / \sigma$: índice de variação genética.

A variância genética aditiva também foi estimada em (gramas/0,20 metros²)². Foi transformada nesta unidade, com o objetivo de eliminar a influência das variações do número de plantas por unidade de área, observadas nos ensaios de valiação dos diferentes ciclos de seleção e, com isso, facilitar as comparações. Este critério foi utilizado por SUBANDI & COMPTON (1974). O denominador (área 0,20m²) foi adotado por representar a área ocupada por uma planta de milho, em densidade normal (50.000 plantas/ha). Além disso, para contornar os problemas das variações de produtividade de grãos observadas nos diferentes ciclos, foi feito o ajuste da variância genética aditiva com base na média geral dos ensaios ao nível de plantas, de maneira semelhante ao critério utilizado por GHINI & MIRANDA FILHO (1979). Este procedimento facilita bastante as comparações da variância genética aditiva estimada para os diversos ciclos de seleção.

Os erros associados às estimativas da variância genética aditiva e às estimativas da herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias de famílias foram obtidos conforme VELLO & VENCOVSKY (1974).

Com exceção do sétimo ciclo de seleção, todas as estimativas que envolveram a $\hat{\sigma}_e^2$ e a $\hat{\sigma}_d^2$ foram obtidas para as duas relações, a saber: $\hat{\sigma}_d^2/\hat{\sigma}_e^2 = 5$ e $\hat{\sigma}_d^2/\hat{\sigma}_e^2 = 10$; posteriormente foi obtida a média.

Os erros associados às estimativas da média geral das famílias avaliadas e da média de cada família avaliada ao nível de plantas foram calculados com base nas expressões fornecidas por VENCOVSKY¹, adaptadas a partir de SNEDECOR (1967), descritas a seguir:

Erro associado à estimativa da média geral das famílias avaliadas $s(\bar{Y})$:

$$s(\bar{Y}) = \left(\frac{QM \text{ blocos}}{n^2 rp} \right)^{1/2} = \left(\frac{\hat{\sigma}_d^2}{nrp} + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{rp} + \frac{\sigma_b^2}{r} \right)^{1/2}$$

Erro associado à estimativa da média de cada família avaliada $s(\bar{Y}_i)$:

$$s(\bar{Y}_i) = \left(\frac{\hat{\sigma}_e^2}{r} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{nr} + \frac{\hat{\sigma}_b^2}{r} \right)^{1/2}$$

sendo, $\bar{Y}_i$: média de cada família avaliada, ao nível de plantas;

¹ VENCOVSKY, R. (Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP, Piracicaba, SP). Comunicação pessoal, 1988.

- p: número de parcelas por repetição;
 $\hat{\sigma}_b^2$: estimativa da variância de blocos ao nível de plantas.

Para ambos os casos, partiu-se do pressuposto da repetição dos ensaios em ambientes semelhantes e com as mesmas famílias.

Os sistemas de avaliação utilizados nos três ciclos iniciais não foram adequados para obtenção das estimativas dos componentes genéticos e fenotípicos, visto que, as famílias de meios irmãos representativas da população original e do segundo ciclo foram avaliadas somente com uma repetição e o segundo ciclo foi obtido por seleção massal estratificada. No entanto, considerou-se de interesse avaliar o efeito da seleção praticada também nestes três primeiros ciclos, principalmente, em termos de progresso genético esperado. Para atingir este propósito, obtiveram-se as estimativas médias, da variância entre famílias de meios irmãos ($\hat{\sigma}_m^2$), da variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$) e da variância fenotípica dentro de parcelas ($\hat{\sigma}_d^2$), considerando os ensaios de avaliação conduzidos a partir de 1982/83. Tal procedimento foi utilizado em função da constatação posterior de que a variância genética aditiva estimada nos ciclos de seleção conduzidos de 1982/83 a 1986/87 não sofreu grandes alterações em função da seleção.

As estimativas médias, mencionadas anteriormente, foram obtidas pela ponderação dos quadrados médios e das

esperanças dos quadrados médios, considerando os ensaios de avaliação do terceiro ao sétimo ciclos de seleção, seguindo sugestão de VENCovsky¹. Obteve-se a estimativa da produção média de grãos por planta ($\bar{Y}_1$) referente a estes ciclos de seleção e posteriormente obtiveram-se outras estimativas médias, tais como: $\hat{h}^2$; $\hat{h}_i^2$; $\overline{C.V.}_e$; $\overline{C.V.}_g$ e " $\hat{b}$ "

Utilizando-se destas estimativas médias foram estimadas a variância ambiental entre parcelas e a variância fenotípica dentro de parcelas para os ciclos de seleção de 1979/80, 1980/81 e 1981/82, levando-se em conta a produção média de grãos de cada ciclo. As estimativas da variância entre famílias de meios irmãos foram obtidas multiplicando-se o $\overline{C.V.}_g$ pela produção média de grãos (g/planta) de cada ciclo e o resultado elevado ao quadrado. As estimativas da variância ambiental entre parcelas foram obtidas multiplicando-se $\hat{\sigma}_e/\bar{Y}_1$ pela produção média (g/planta) observada em cada ciclo e o resultado elevado ao quadrado. Finalmente, as estimativas da variância fenotípica dentro de parcelas foram obtidas multiplicando-se $\hat{\sigma}_d/\bar{Y}_1$ pela média observada em cada um dos ciclos de seleção e o resultado elevado ao quadrado.

O estudo da evolução da variabilidade genética através dos ciclos de seleção para a produtividade de grãos foi realizado considerando principalmente o índice de variação " b " e a herdabilidade no sentido restrito, tanto ao nível de médias de famílias como ao nível de plantas. RAMALHO (1977) salienta que a utilização do índice de varia-

ção "b" é uma prática mais adequada do que o uso do valor absoluto da variância genética aditiva, pois ele independe da média geral dos ensaios.

3.2.2. Estimativas do progresso genético

O diferencial de seleção e a porcentagem de seleção (entre e dentro de famílias de meios irmãos, entre as plantas selecionadas para a composição das fileiras masculinas e entre plantas na seleção massal estratificada) foram calculados em todos os ciclos de seleção, conforme VENCOVSKY (1987a).

A porcentagem de seleção foi obtida de duas maneiras diferentes: porcentagem total de seleção que expressa a proporção efetiva de plantas selecionadas e a porcentagem de seleção supondo seleção truncada para o peso de grãos. Neste caso quantificando a influência da seleção para vários caracteres sobre a porcentagem de seleção para o peso de grãos, na suposição de seleção truncada.

Na suposição de seleção truncada, a porcentagem de seleção foi obtida de maneira inversa, fazendo - se $ds/\sigma_F = k$ (VENCOVSKY, 1987a), sendo ds e σ_F , o diferencial de seleção e o desvio padrão fenotípico, respectivamente. A constante k é um valor tabelado e corresponde a uma determinada porcentagem de seleção.

VENCOVSKY (1987a) recomenda a utilização do diferencial de seleção para estimar o progresso genético no caso de seleção não truncada. Segundo o autor, a utilização da porcentagem de seleção nestas circunstâncias, estaria superestimando o progresso genético esperado.

As estimativas do progresso genético esperado foram obtidas conforme os métodos de seleção utilizados na condução do programa de melhoramento. Assim sendo, o progresso genético esperado com a seleção massal estratificada foi calculado conforme VENCOVSKY (1987a). Para a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos sem sementes remanescentes, com as modificações descritas anteriormente, foi utilizada a seguinte expressão geral, VENCOVSKY¹:

$$G_{se} = \frac{ds_1 (1/8) \hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_F^2} + \frac{ds_2 (3/8) \hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_d^2} + \frac{ds'_3 (1/2) \hat{\sigma}_{A'}^2}{\hat{\sigma}_{F'}^2}$$

onde, : progresso genético esperado, por ciclo de seleção;

ds_1 : diferencial de seleção entre famílias de meios irmãos;

ds_2 : diferencial de seleção entre plantas dentro de famílias de meios irmãos;

ds'_3 : diferencial de seleção entre plantas selecionadas para a composição das fileiras masculinas.

Os componentes do último termo da expressão do progresso referem-se sempre ao ciclo imediatamente anterior, sendo que a existência deste termo $\left[ds'_3 (1/2) \hat{\sigma}_{A'}^2 / \hat{\sigma}_{F'}^2 \right]$ está

na dependência da seleção para a composição das fileiras masculinas no ciclo anterior. É importante ressaltar que o efeito desta seleção se manifesta após a etapa de recombinação. Assim sendo, o progresso genético esperado com a seleção para a composição das fileiras masculinas num determinado ciclo deve ser acrescido ao progresso genético esperado com a seleção entre e dentro de famílias realizada no ciclo seguinte.

As estimativas do progresso observado com a seleção foram obtidas a partir das testemunhas comuns presentes nos ensaios de avaliação das famílias selecionadas dos diversos ciclos de seleção, de acordo com metodologia utilizada por VENCOVSKY et alii (1988b). A produtividade de cada ciclo de seleção foi expressa em relação à produtividade das testemunhas comuns. Ressalta-se no entanto, que as testemunhas foram incluídas somente a partir de 1981/82. Assim sendo, a média das famílias avaliadas neste ciclo, que representam a seleção praticada no ciclo de 1980/81, foi considerada como igual a 100.

Para melhor compreensão da resposta à seleção foram obtidas as estimativas dos progressos médios (observado e esperado) por ciclo de seleção ajustadas pela equação de regressão linear (STEEL & TORRIE, 1960). Utilizou-se da expressão $Y_{ai} = \alpha + \beta X_i$ sendo:

X_i : ciclos de seleção ($X_i = 2, 3, 4, 5, 6$ e 7);

- β : coeficiente de regressão linear, que representa o progresso porcentual por ciclo de seleção;
- Y_{ai} : produção média de cada ciclo ajustada pela equação de regressão e expressa em porcentagem;
- α : ponto de interseção da linha de regressão com a ordenada e representa a produção média ajustada, em porcentagem das famílias avaliadas em 1981/82.

O uso da regressão, para ajustar o progresso genético esperado e observado, foi aplicado somente a partir da inclusão das testemunhas nos ensaios de avaliação. Assim sendo, em ambos os casos, o segundo ciclo de seleção foi considerado igual a 100.

O erro associado à estimativa de β foi obtido conforme STEEL & TORRIE (1960).

3.2.3. Tamanho efetivo populacional

A determinação do tamanho efetivo populacional (N_e) foi realizada, principalmente, devido à preocupação com o pequeno número de famílias e plantas selecionadas em alguns ciclos de seleção, fato este que poderia comprometer a representatividade genética do material utilizado durante a condução do programa de melhoramento.

As expressões aqui apresentadas foram desenvolvidas a partir de VENCOSKY (1978b) e, somente são úteis para estimar o tamanho efetivo relativo a geração imediatamente

te anterior, em programas de melhoramento conduzidos pelo método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos sem sementes remanescentes, respeitando as seguintes situações: número variável de famílias avaliadas através dos ciclos; número variável de plantas selecionadas por família e; número igual de sementes por família utilizadas para a composição das fileiras masculinas no lote de recombinação, na geração onde é praticada a seleção.

Foi utilizada a expressão geral do tamanho efetivo

$$N_e = \frac{4N_m \cdot N_f}{N_m + N_f}$$

sendo, N_m e N_f os tamanhos efetivos referentes aos descendentes masculinos e femininos respectivamente, na geração seguinte. Tem-se que:

$$N_m = \frac{2}{\frac{1}{S_2 \bar{F}_2} + \frac{1}{M_2 P_2}} \quad e$$

$$N_f = \frac{4 S_1 \bar{F}_1}{D_f} \quad \text{onde,}$$

$$D_f = \frac{S_1 \bar{F}_1}{S_2 \bar{F}_2} \left[1 + (1-u) \bar{F}_2 \right] + 3 \frac{S_1 \bar{F}_1}{M_2} - 1 + S_1 \bar{F}_1 \left(\frac{1}{S_2 \bar{F}_2} + \frac{1}{M_2 P_2} \right)$$

$$e \quad u = \frac{S_2}{S_1 \bar{F}_1}$$

Os termos tem o seguinte significado:

- u: proporção de seleção entre famílias;
- $S_1\bar{F}_1$: número inicial de genitoras (plantas) das quais são geradas $S_1\bar{F}_1$ famílias;
- S_1 : número de famílias selecionadas na geração anterior;
- $\bar{F}_1$: número médio de plantas selecionadas dentro das S_1 famílias selecionadas na geração anterior;
- S_2 : número de famílias selecionadas, dentre as $S_1\bar{F}_1$ famílias avaliadas;
- $\bar{F}_2$: número médio de plantas selecionadas por família (é variável de família para família);
- $S_2\bar{F}_2$: número total de plantas filhas que compõem a geração seguinte, após a seleção;
- M_2 : número de genitores masculinos. É uma proporção de $S_1\bar{F}_1$, ou o número de plantas selecionadas para a composição das fileiras masculinas no lote de recombinação;
- P_2 : número de sementes contribuídas por genitor (M_2) para a formação do lote masculino no campo de recombinação. Cada genitor contribui com um mesmo número de sementes;
- M_2P_2 : número total de plantas que polinizaram as $S_2\bar{F}_2$ plantas selecionadas.

Além disso, foi estimado o tamanho efetivo, de cada geração de seleção, em relação ao primeiro ciclo considerado. Utilizou-se, para tanto, a seguinte fórmula (VENCOVSKY, 1988):

$$\frac{1}{N'_e} \approx \frac{1}{N_{e1}} + \frac{1}{N_{e2}} + \dots + \frac{1}{N_{en}}$$

N_{e1} e N_{en} são os tamanhos efetivos do terceiro e do último ciclos, respectivamente.

O tamanho efetivo médio foi obtido pela média harmônica, de acordo com CROW & KIMURA (1970).

Para efeito de estimativa do tamanho efetivo (N'_e) foi considerado como geração de referência a população representativa do segundo ciclo de seleção (1981/82).

Os dados disponíveis não permitiram o cálculo do tamanho efetivo populacional para o primeiro e segundo ciclos de seleção.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. CONSIDERAÇÕES GERAIS

Os principais resultados de interesse, obtidos no presente trabalho, estão resumidos nas Tabelas 10 a 21.

Alguns aspectos devem ser comentados inicialmente, para uma melhor compreensão da discussão posterior. Através da análise das Tabelas 10, 11, 14 e 16, observa-se que ocorreram variações relativamente elevadas, quanto ao número de famílias avaliadas, número de repetições, número de plantas por parcela, produtividade média de grãos (g/planta e kg/ha), estande final (plantas/ha) e número de testemunhas comuns de um ciclo de seleção para outro, nos ensaios de avaliação das famílias de meios irmãos, representativas das diversas gerações de seleção. Estes fatores são importantes, na medida em que interferem diretamente na apresentação, comparação e interpretação dos resultados obtidos pelo programa de melhoramento conduzido com a população de milho Suwan DMR.

Na Tabela 14, estão apresentadas as produtividades médias de grãos, em kg/ha, dos diversos ciclos de seleção da população de milho Suwan DMR e dos híbridos comerciais utilizados como testemunhas. A produtividade média da população, envolvendo todos os ciclos, foi de 5160 kg/ha. A mínima observada foi de 3338 kg/ha e a máxima foi de 6678 kg/ha. A variação observada, na produtividade de grãos, foi atribuída à distribuição irregular das chuvas durante o desenvolvimento da cultura, já que os outros fatores, como solo, adubação, tratamentos culturais, etc., foram mantidos praticamente constantes. Não se observou nenhuma correlação entre o estande final e a produtividade (kg/ha) para os diversos ciclos de seleção, em função exatamente das variações ambientais ocorridas entre os anos.

Na Tabela 10, estão apresentados os resultados resumidos das análises de variância da produtividade de grãos, para aqueles ciclos de seleção avaliados com delineamento experimental adequado. Aparentemente, foram observadas variações na magnitude dos quadrados médios, para as famílias de meios irmãos e para o resíduo, quando são comparados os dados obtidos nos diversos ciclos. Grande parte destas diferenças foram atribuídas ao tamanho variável das parcelas experimentais, ao estande final (por unidade de área) e à produtividade média de grãos (kg/ha), conforme está demonstrado nas Tabelas 8, 11 e 14.

De maneira geral, os coeficientes de variação experimental ($C.V._e$) apresentaram-se dentro de limites razoáveis, com média de 14,70%, e amplitude de 13,61% a 17,25% (Tabela 17). Conforme GOMES (1976) seriam classificados como de média precisão. No entanto, a magnitude do $C.V._e$ está na dependência do caráter avaliado, da média observada deste caráter no experimento, da magnitude da variância genética, do delineamento experimental utilizado, além de outros fatores. Num levantamento realizado por VENCOVSKY *et alii* (1988a), em 58 ensaios com famílias de meios irmãos conduzidos no Brasil, o $C.V._e$ apresentou uma média de 16,30%, oscilando de 7,8% a 23,30%. De acordo com RAMALHO (1977) e PEREIRA & VENCOVSKY (1986), a condução adequada dos experimentos visando reduzir o erro experimental deve ser uma preocupação constante dos melhoristas, pois proporciona uma série de vantagens, tais como: maior precisão das estimativas; elevação da herdabilidade e possibilidade de aplicação de menor porcentagem de seleção. A reunião destes fatores proporciona maior eficiência dos esquemas seletivos, reduzindo os custos com a experimentação. A redução nos custos com a experimentação está relacionada com a possibilidade de se praticar uma seleção mais intensa, sem comprometimento do teto seletivo. Isso porque, com avaliações mais precisas dos genótipos, o tamanho efetivo populacional necessário para assegurar o progresso com a seleção pode ser reduzido, sem no entanto afetar a probabilidade de fixação dos alelos favoráveis (PEREIRA & VENCOVSKY, 1986).

De acordo com PATERNIANI (1968), a variância genética dentro de famílias de meios irmãos é um dos fatores que pode contribuir para a elevação do $C.V._e$. Segundo o autor, nas populações submetidas a vários ciclos de seleção, espera-se maior produtividade média e uma redução na variância genética fazendo com que as famílias sejam mais uniformes. Estes fatores poderiam contribuir para uma redução do $C.V._e$ com o avanço da seleção. No entanto, o autor salienta que a influência da variância genética dentro de famílias de meios irmãos, deve assumir pouca importância em comparação com os outros fatores responsáveis pela variação residual. Na presente pesquisa, o $C.V._e$ apresentou valores não muito diferentes para os diversos ciclos seletivos e nenhuma relação aparente com a variabilidade genética, confirmando assim a última argumentação, mencionada acima, de PATERNIANI (1968).

A utilização do delineamento em látice seria uma estratégia mais adequada para o controle da variação ambiental pois permite isolar as variações entre blocos dentro de repetições. Além disso, a escolha de áreas experimentais mais homogêneas, manejo adequado do solo, cuidados na semeadura e bons tratos culturais durante o desenvolvimento da cultura visando à obtenção de um estande final próximo ao ideal, são fatores favoráveis à maior precisão experimental. Deve-se ressaltar que as condições de topografia e de solo da região Oeste de Santa Catarina, onde o programa

em estudo vem sendo desenvolvido, não são as mais próprias para a experimentação, sendo muito difícil identificar áreas homogêneas. A mudança de metodologia, de maneira que as fases de avaliação e recombinação das famílias sejam conduzidas em áreas separadas, é uma alternativa recomendável. Isso porque a área do experimento, especialmente das repetições, pode ser reduzida, o que favorece a precisão experimental.

As estimativas (em gramas de grãos/planta) da média geral ($\bar{Y}$), do coeficiente de variação da média geral $[C.V.(\bar{Y})]$ e do coeficiente de variação da média de cada família avaliada $[C.V.(\bar{Y}_i)]$ para os diversos ciclos de seleção, estão apresentadas na Tabela 11.

Comparando as estimativas destas médias com a produtividade de grãos por hectare (Tabela 14), observa-se não existir uma relação direta. Isso ocorreu porque o número de plantas por hectare (Tabela 16) foi diferente para os diversos ciclos de seleção. Desta maneira, as maiores estimativas da média geral (g/pl) nem sempre corresponderam às maiores produtividades por unidade de área. Estas observações foram importantes, especialmente, na interpretação da magnitude da variância genética aditiva, conforme poderá ser observado posteriormente.

O $C.V.(\bar{Y})$ refere-se ao erro associado à estimativa da média geral dos respectivos ensaios e está relacionado à oscilação da média geral, caso cada experimento fosse

repetido com as mesmas famílias, em condições ambientais semelhantes. As estimativas oscilaram entre 1,84% a 4,57%, com médias de 2,94%. São valores relativamente baixos e estão relacionados com a variabilidade genética do material ensaiado, com a precisão experimental, com o número de repetições, com o número de famílias avaliadas e com o número de plantas por parcela. Menores estimativas poderão ser obtidas com ensaios conduzidos em áreas mais homogêneas ou, principalmente, com maior número de famílias e repetições, já que o aumento do número de plantas por parcela pode interferir negativamente na precisão experimental.

De maior importância são as estimativas do C.V. ($\bar{Y}_i$) pois estão mais diretamente relacionadas com o progresso genético. Estas estimativas apresentaram uma média de 9,72%, com amplitude de 8,59% a 10,64%. Estes valores podem ser considerados elevados se analisados sob o ponto de vista do diferencial de seleção. Na Tabela 12, observa-se que o diferencial médio de seleção entre famílias de meios irmãos foi de 8,03% em relação a média, considerando os últimos cinco ciclos de seleção. Portanto, a contribuição real para o diferencial de seleção de algumas famílias selecionadas pode não ter sido a esperada e por outro lado, pode ter ocorrido que algumas famílias geneticamente superiores tenham sido eliminadas em função do erro de estimativa da média destas famílias. Os fatores que interferem no C.V. ($\bar{Y}_i$) são: o número de repetições; as variâncias $\hat{\sigma}_d^2$, $\hat{\sigma}_e^2$ e $\hat{\sigma}_b^2$ e; o

número de plantas por parcela. Portanto, para obter-se estimativas mais precisas da média de cada família, o mais recomendável é a instalação dos experimentos em áreas mais homogêneas e a utilização de um maior número de repetições.

4.2. ESTIMATIVAS DOS PARÂMETROS RELACIONADOS COM VARIABILIDADE GENÉTICA E EFEITOS DA SELEÇÃO

As estimativas da variância genética aditiva (σ_A^2) para cada ciclo de seleção estão sintetizadas na Tabela 16. Elas foram expressas na forma original e ajustada, em (gramas/planta)² e em (gramas/0,20m²)². Este procedimento foi adotado para minimizar as variações de estande final e de produtividade média de grãos, observadas nos diferentes ciclos de seleção, sobre a magnitude das estimativas da variância genética aditiva, seguindo sugestões de SUBANDI & COMPTON (1974) e GHINI & MIRANDA FILHO (1979), respectivamente. Tal metodologia permite uma melhor comparação dos valores da σ_A^2 para as diversas gerações de seleção. Na presente pesquisa as estimativas da σ_A^2 ajustada, expressas em (g/0,20m²)², foram importantes, também, porque a correção da produtividade de grãos foi realizada em função do estande médio observado, para cada ensaio de avaliação. O estande médio, na maioria dos casos, foi inferior ao estande ideal preconizado para a cultura do milho que é de 50 mil plantas/ha.

Considerando-se os valores do terceiro ao sétimo ciclo de seleção, obtiveram-se as seguintes estimativas médias da variância genética aditiva: $\hat{\sigma}_A^2$ original, 316,00 (g/pl)² e 219,34 (g/0,20m²)², para uma produtividade média de grãos de 117,75 g/pl e 99,73 g/0,20m², respectivamente, e um estande médio de 43.586 pl/ha; $\hat{\sigma}_A^2$ ajustada, 348,98 (g/pl)² e 250,33 (g/0,20m²)², para uma produtividade média de grãos de 124,8 g/pl e 105,70 g/0,20 m², respectivamente. As amplitudes das estimativas da $\hat{\sigma}_A^2$ original, foram de 69,97 a 653,24 (g/pl)² e de 69,97 a 373,13 (g/0,20m²)², enquanto que as amplitudes das estimativas da $\hat{\sigma}_A^2$ ajustada foram de 244,22 a 487,37 (g/pl)² e 175,19 a 349,59 (g/0,20m²)².

Observa-se, na Tabela 16, que as estimativas da $\hat{\sigma}_A^2$ original expressas na forma de (g/0,20m²)², onde foram eliminados, em parte, os efeitos das variações de estande por unidade de área, além de apresentarem menor magnitude também apresentaram menor amplitude, entre os diversos ciclos de seleção, quando comparadas com as estimativas da $\hat{\sigma}_A^2$ expressas em (g/pl)². Verifica-se que não existiu uma correspondência entre as maiores estimativas expressas em (g/pl)² e as maiores estimativas expressas em (g/0,20m²)². Isso demonstra que o estande realmente interferiu na estimativa desse parâmetro.

Desta forma, o ajustamento das estimativas da $\hat{\sigma}_A^2$ em função da produtividade de grãos possibilitou uma melhor interpretação dos resultados obtidos. O valor médio de 348,98 (g/pl)² representa uma estimativa aproximada, caso

todos os ciclos de seleção em questão tivessem apresentado uma produtividade média de grãos de 124,80 g/pl e um estande médio de 43.580 pl/ha. Por outro lado, a quantidade média de 250,33 (g/0,20m²)² representa uma estimativa aproximada, que seria obtida em (g/pl)² se esses ciclos de seleção tivessem apresentado uma produtividade média de grãos de 124,80 g/pl, mas um estande final de 50.000 pl/ha, que é o estande ideal recomendado para o cultivo do milho.

Além disso, o ajustamento das estimativas da $\hat{\sigma}_A^2$ permitiu verificar o seguinte: o estande final por unidade de área e a produtividade média observada são dois fatores que devem ser considerados quando pretende-se comparar as estimativas da $\hat{\sigma}_A^2$ para diferentes ciclos de seleção de uma mesma população ou as estimativas obtidas para populações diferentes; as estimativas da $\hat{\sigma}_A^2$ ajustada, obtidas neste trabalho, foram bastante semelhantes para os diferentes ciclos de seleção e as variações observadas enquadraram-se dentro dos erros de estimativa, conforme pode ser observado pelas estimativas dos coeficientes de variação da variância genética aditiva $[C.V.(\hat{\sigma}_A^2)]$ apresentados na Tabela 16. Observando os índices de variação "b" (Tabela 17), verifica-se uma relação direta entre a magnitude destes valores com as estimativas da variância genética aditiva ajustada para cada geração de seleção.

Para efeitos de comparação com outros resultados da literatura, tomou-se como referência a estimativa

da variância genética aditiva de 316 (g/pl)^2 para uma produtividade média de grãos de $117,75 \text{ g/pl}$. Apesar da população original Suwan DMR ser considerada de base genética bastante estreita, esta estimativa da $\hat{\sigma}_A^2$ é comparável à média das populações brasileiras, conforme pode ser observado a seguir.

VENCOVSKY *et alii* (1988a) obtiveram uma estimativa média da variância genética aditiva de 309 (g/pl)^2 para uma produtividade média de grãos de 120 (g/pl) , com dados de 58 ensaios com famílias de meios irmãos. Estimativas médias bastante semelhantes, também foram obtidas por SEGOVIA (1976) e SAWAZAKI (1979), após seis e 13 ciclos de seleção, com as populações de milho Centralmex e IAC Maya, respectivamente.

Estimativas semelhantes da variância genética aditiva, para a população de milho Suwan DMR, foram relatadas por SOUZA JÚNIOR *et alii* (1980), MÔRO *et alii* (1981b) e SOUZA JÚNIOR (1983); na média dos três trabalhos mencionados, a estimativa da $\hat{\sigma}_A^2$ foi de 272 (g/pl)^2 , para um estande médio bem próximo de 50.000 plantas/ha.

Os erros associados às estimativas da variância genética aditiva foram calculados, uma vez que são de grande importância ao se fazer inferências sobre estes valores. Eles estão representados pelos coeficientes de variação da variância genética aditiva $[C.V. (\hat{\sigma}_A^2)]$, na Tabela 16. Eles apresentaram uma estimativa média de 41,26%. Especialmente, os relativos ao terceiro, quinto e sexto ciclos de seleção

foram de magnitude relativamente elevada, quando comparados com os resultados encontrados na literatura: RAMALHO (1977) realizou um levantamento envolvendo 30 ensaios de avaliação com famílias de meios irmãos, encontrando um valor médio para o C.V. ($\hat{\sigma}_A^2$) de 26,39% numa média de 308 famílias avaliadas por ensaios. A magnitude das estimativas da $\hat{\sigma}_A^2$, a precisão experimental, o número de repetições e o número de famílias avaliadas são fatores que influenciam na precisão das estimativas da variância genética aditiva. A estimativa elevada do C.V. ($\hat{\sigma}_A^2$), obtida para o terceiro ciclo de seleção foi atribuída, principalmente, à baixa magnitude da variância genética aditiva estimada. Enquanto que, as estimativas do C.V. ($\hat{\sigma}_A^2$), também elevadas, relativas ao quinto e sexto ciclos seletivos, foram atribuídas, principalmente, ao pequeno número de famílias avaliadas: 68 e 51 famílias, respectivamente (Tabela 10).

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de famílias ($\hat{h}_m^2$) com os respectivos erros associados $[C.V.(\hat{h}_m^2)]$ e as estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito, ao nível de plantas ($\hat{h}_1^2$), para a produtividade de grãos dos diversos ciclos de seleção, estão apresentadas na Tabela 18.

A magnitude da estimativa da $\hat{h}_m^2$ fornece uma indicação da eficiência da seleção entre famílias para o progresso genético (VENCOVSKY, 1978a). A estimativa média do $\hat{h}_m^2$, envolvendo os últimos cinco ciclos de seleção, foi de

39,08% ($\pm 11,02$), com amplitude de 29,07 a 42,31%. A menor estimativa, obtida para o terceiro ciclo, pode ter sido devida ao baixo rendimento de grãos observado no ensaio de avaliação (3338 kg/ha). Por outro lado, os valores obtidos para a população original e para o segundo ciclo apresentaram baixa magnitude porque os respectivos ensaios de avaliação foram conduzidos com uma única repetição.

As estimativas do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, ao nível de plantas ($\hat{h}_i^2$), são de maior interesse porque são comparáveis em um número maior de situações (RAMALHO, 1977). A média dos últimos cinco ciclos de seleção foi de 16,52%, com amplitude entre 12,52 a 22,05%. Estes valores de $\hat{h}_i^2$ são de magnitude suficiente para permitir progressos substanciais, mesmo com a utilização de métodos simples de melhoramento, e indicam também que a seleção dentro de famílias de meios irmãos deve ser bastante eficiente. Novamente, VENCOVSKY et alii (1988a) realizaram um levantamento de 58 ensaios com famílias de meios irmãos, obtendo uma estimativa média do $\hat{h}_i^2$ de 11,0% e amplitudes de 1,5 a 29,0%. Os valores de $\hat{h}_i^2$, obtidos no presente trabalho, foram até certo ponto superestimados quando comparados com aqueles sintetizados por VENCOVSKY et alii (1988a). Isso porque, utilizou-se da relação $\hat{\sigma}_d^2/\hat{\sigma}_e^2 = 5$ a 10 para estimar o $\hat{h}_i^2$, enquanto que na maioria dos trabalhos que participaram do levantamento de VENCOVSKY et alii (1988a) foi utilizada a relação $\hat{\sigma}_d^2/\hat{\sigma}_e^2 = 10$.

As estimativas do coeficiente de variação genético (C.V.g) e do índice de variação "b" estão apresentadas na Tabela 17. De maior importância, são as estimativas de "b", porque representam melhor a variabilidade genética livre nos diversos ciclos de seleção e são independentes das diferenças de produtividade média de grãos observadas em cada geração (RAMALHO, 1977). Conforme VENCOVSKY (1978a), estimativas de "b" próximas de 1, para programas de melhoramento com famílias de meios irmãos, indicam condições bastante favoráveis à seleção e grandes possibilidades de sucesso. No entanto, as estimativas de "b" obtidas no presente trabalho apresentaram uma média de 0,51, oscilando entre 0,46 a 0,61. De maneira geral, nos programas de melhoramento conduzidos no Brasil com seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, as estimativas de "b" são de magnitude um pouco inferior às obtidas neste trabalho. Conforme VENCOVSKY et alii (1988a), os valores médios de "b" em programas brasileiros são de 0,45.

Observou-se que ocorreu uma concordância bastante satisfatória entre as estimativas de "b" e as estimativas da variância genética aditiva ajustada, as de $\hat{h}_i^2$ e as da $\hat{h}_m^2$. Desta maneira, as maiores estimativas de "b" corresponderam às maiores estimativas da $\hat{\sigma}_A^2$ (ajustada) e aos maiores valores para o $\hat{h}_i^2$ e para o $\hat{h}_m^2$. Obviamente, estas concordâncias foram observadas e aconteceram em função das seguintes razões: precisão experimental mais ou menos constante nos di

versos ensaios; utilização de uma relação fixa entre a $\hat{\sigma}_d^2$ e a $\hat{\sigma}_e^2$ para as estimativas de $\hat{h}_1^2$, na maioria dos casos; pequenas variações no tamanho das parcelas (número de plantas) e pouca variação no número de repetições entre os ensaios representativos dos diversos ciclos de seleção.

A variância fenotípica dentro de famílias de meios irmãos é um parâmetro importante porque fornece uma indicação da uniformidade do material e assume significado maior quando o objetivo é o de utilizar este material a nível do produtor rural. Ela foi estimada com dados reais apenas para o sétimo ciclo de seleção, por isso, serão necessárias outras determinações adicionais para obter-se uma estimativa mais confiável. A partir dos dados da Tabela 15, obteve-se a relação $\hat{\sigma}_d^2/\hat{\sigma}_e^2 = 4,05$. Na Tabela 3 (Ítem 3, material e métodos), estão sintetizadas algumas estimativas da relação $\hat{\sigma}_d^2/\hat{\sigma}_e^2$, juntamente com as estimativas das variâncias genéticas aditivas correspondentes, ajustadas para 144 (g/pl)^2 . Observa-se que as maiores relações entre $\hat{\sigma}_d^2/\hat{\sigma}_e^2$ correspondem às maiores estimativas da $\hat{\sigma}_A^2$. A relação entre $\hat{\sigma}_d^2/\hat{\sigma}_e^2$ obtida no sétimo ciclo de seleção foi bastante divergente daquelas apresentadas na Tabela 3, considerando-se a magnitude da $\hat{\sigma}_A^2$. Pelas evidências da literatura a relação $\hat{\sigma}_d^2/\hat{\sigma}_e^2$, provavelmente esteja subestimada.

Particularmente importantes são os efeitos da seleção sobre a variabilidade genética da população. Para avaliá-los, é necessário uma análise conjunta do comportamen

to dos parâmetros que estimam a variabilidade genética disponível dos vários ciclos seletivos. Para tanto, somente foram considerados os últimos cinco ciclos, em função das razões já mencionadas. As seguintes estimativas foram fundamentais para a avaliação dos efeitos da seleção sobre a variabilidade genética: estimativas da variância genética aditiva ajustadas (Tabela 16); estimativas dos coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas (Tabela 18) e estimativas do índice de variação "b" (Tabela 17). Além disso, também considerou-se a significância do teste "F" para os quadrados médios das famílias de meios irmãos (Tabela 10), que segundo SOUZA JÚNIOR (1983) é um indicativo de variabilidade genética. Com exceção do sexto ciclo de seleção, no qual o teste "F" somente foi significativo ao nível de 5%, todos os demais mostraram significância ao nível de 1%. Os demais indicadores, como as estimativas da variância genética aditiva ajustada, as estimativas do coeficiente de herdabilidade ao nível de plantas e o índice de variação "b", além de apresentarem valores médios favoráveis em relação aos encontrados na literatura, não evidenciaram qualquer tendência em consequência da seleção. Entretanto, deve-se ressaltar que os parâmetros genéticos relacionados anteriormente não foram estimados para a população original, o que de certa forma dificulta uma avaliação mais precisa dos efeitos da seleção sobre a variabilidade genética. Mas, considerando-se as estimativas dos parâmetros genéticos, obtidas para a população original Su-

wan DMR, por SOUZA JUNIOR et alii (1980), MÔRO et alii (1981b) e SOUZA JÚNIOR (1983), pode-se inferir que a seleção não alterou a variabilidade genética ao longo dos ciclos.

Resultados semelhantes foram relatados por MOLL & ROBINSON (1966), LONNQUIST et alii (1966), LIMA & PATERNIANI (1977), MIRANDA et alii (1977), entre outros. No presente estudo, a manutenção constante da variabilidade genética através das gerações de seleção, pode ser atribuída, principalmente, à alta porcentagem de seleção entre famílias, para a produtividade de grãos (Tabela 13, coluna 2), praticada ao longo do programa. Além disso, segundo LONNQUIST et alii (1966), a seleção massal estratificada mostrou-se eficiente em proporcionar progresso genético para a produtividade de grãos, sem no entanto afetar a variabilidade genética. Como pode ser observado na Tabela 19, a maior contribuição sobre o progresso genético, foi devida à seleção dentro de famílias (seleção massal), o que pode ter sido mais um motivo da manutenção da variabilidade genética.

Diversos autores como GARDNER (1963), MOLL & ROBINSON (1967), COMPTON & SUBANDI (1974), PACHECO (1987), VENCOSKY et alii (1988a), entre outros, ressaltaram que os parâmetros genéticos são superestimados quando obtidos a partir de ensaios conduzidos num único local e num único ano, porque não levam em conta as interações genótipos x locais e genótipos x anos. Entretanto, como no trabalho presente não houve alteração da variabilidade genética em função da

seleção, pode-se inferir que as estimativas médias dos parâmetros genéticos, obtidas para a população Suwan DMR, sejam bastante representativas, porque pelo menos as interações genótipos x anos foram eliminadas parcialmente. Além disso, COMSTOCK & MOLL (1963) argumentaram que os resultados mais críticos de interação genótipos x ambientes seriam obtidos com tipos de famílias que liberam maior variabilidade genética. Segundo os autores, as famílias de meios irmãos liberam somente um quarto da σ_A^2 e, conseqüentemente, deve ser pequena a interação dos efeitos aditivos x ambientes.

4.3. PROGRESSO GENÉTICO COM A SELEÇÃO

As estimativas do progresso genético, para as populações representativas dos diversos ciclos de seleção, estão apresentadas na Tabela 20. As estimativas do progresso observado foram calculadas a partir da Tabela 14, na qual estão registradas as produtividades médias de grãos (kg/ha) das testemunhas comuns e das diversas gerações de seleção da população de milho Suwan DMR. Por outro lado, as Tabelas 11, 12, 15 e 16 forneceram as informações para a obtenção das estimativas do progresso genético esperado para cada geração de seleção.

Considerando as oito gerações de seleção, o progresso genético esperado médio foi de 5,92% por ciclo,

com amplitude de 2,48 a 9,88% (Tabela 20). De acordo com EBERHART (1970), os fatores que influenciam no progresso genético esperado por ciclo de seleção, são: a) o coeficiente de herdabilidade estimado para cada unidade de seleção e; b) o diferencial de seleção utilizado para cada unidade de seleção. No caso presente, a explicação para as diferentes estimativas obtidas para cada ciclo envolve uma associação entre os coeficientes de herdabilidade (Tabela 18), os diferenciais de seleção (Tabela 12) e as contribuições de cada modalidade de seleção (Tabela 19). Dentre estes fatores, a ausência da seleção dentro de famílias, na obtenção do primeiro ciclo de seleção, explica a baixa magnitude do progresso esperado para este ciclo. Por outro lado, os valores relativamente mais baixos, estimados para o sexto e sétimo ciclos, são consequência do pequeno diferencial de seleção aplicado nas suas obtenções. Além disso, não houve contribuição da seleção para a composição das fileiras masculinas para o progresso genético estimado no sexto ciclo seletivo. Os valores mais elevados estimados para o progresso esperado no quinto e oitavo ciclos, são consequência principal das maiores estimativas do coeficiente de herdabilidade ao nível de plantas detectadas no quarto e sétimo ciclos seletivos, dos quais foram obtidos.

Estimativas semelhantes para o progresso genético esperado por geração de seleção são encontradas na literatura. PATERNIANI (1968) obteve uma estimativa de 5,80%,

em três ciclos de seleção com famílias de meios irmãos, para o milho Piramex; SAWAZAKI (1979) estimou em 5,60%, o progresso genético esperado, após 13 ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos sem sementes remanescentes, para a população de milho IAC-Maya; SANTOS & NASPOLINI FILHO (1986b) obtiveram uma estimativa de 6,16%, para o milho Flint Composto Nordeste, em três ciclos de seleção, utilizando o mesmo método de seleção, mas com sementes remanescentes.

Por outro lado, VENCOVSKY (1968) estimou o progresso genético esperado em 14,50% por ciclo de seleção para a população Dente Paulista submetida à seleção por três gerações. A estimativa bastante elevada, obtida neste exemplo, foi função da ampla base genética da população original.

No presente trabalho, o progresso genético foi estimado utilizando-se o diferencial de seleção. Mesmo assim, foram calculadas as porcentagens de seleção realizadas em cada modalidade de seleção, nos diversos ciclos (Tabela 13). Observa-se, nesta tabela, que as porcentagens reais de seleção foram relativamente elevadas para a seleção entre famílias, particularmente, no terceiro, quinto e sexto ciclos de seleção, embora a média geral tenha ficado em 24,86%. Para a seleção dentro de famílias, a porcentagem real de seleção praticada em todos os ciclos foi bastante baixa, com média de 5,37%. Normalmente, nos programas conduzidos no Brasil com famílias de meios irmãos, são praticadas as porcentagens de seleção de 20% e 10%, entre famílias e dentro de famílias, respectivamente (VENCOVSKY et alii, 1988a).

A escolha das melhores famílias e plantas foi baseada em vários caracteres simultaneamente, portanto, praticou-se uma seleção não truncada para a produtividade de grãos. Nestas circunstâncias, deve-se optar pela utilização do diferencial de seleção em detrimento da constante k , para a estimativa do progresso genético esperado (VENCOVSKY, 1987a). No caso presente, verificou-se que esta recomendação tem bastante sentido, pois a porcentagem de seleção necessária para obter o mesmo progresso genético, supondo seleção truncada para a produtividade de grãos, seria bem mais elevada do que a porcentagem real de seleção, conforme pode ser observado na Tabela 13. Desta maneira, seria obtido um mesmo progresso genético com seleção truncada, para a produtividade de grãos, caso fossem utilizadas as porcentagens médias de seleção de 44,92%, 24,19% e 69,63%, entre famílias, dentro de famílias e para a composição das fileiras masculinas, respectivamente. Estes dados evidenciam, de maneira bastante clara, que o progresso genético seria superestimado caso fosse calculado utilizando-se a porcentagem de seleção.

O progresso genético esperado acumulado após oito gerações de seleção foi estimado em 47,39% (Tabela 20). Sobre este total, conforme demonstrado na Tabela 19, as contribuições da seleção massal estratificada, da seleção entre famílias, da seleção dentro de famílias e da seleção para a composição das fileiras masculinas, foram de 12,85%, 28,06%, 48,07% e 11,01%, respectivamente. Comparando-se somente aque

les ciclos, onde houve a contribuição da seleção para a composição das fileiras masculinas, observa-se que a contribuição sobre o progresso esperado foi de 27,02%, 51,90% e 21,08%, para a seleção entre famílias, dentro de famílias e para a composição das fileiras masculinas, respectivamente (Tabela 19).

Para efeito de comparação com os resultados encontrados na literatura, são interessantes as relações entre a contribuição da seleção entre famílias e a contribuição da seleção dentro de famílias de meios irmãos, para o progresso genético. Considerando somente estas duas modalidades de seleção, e aqueles ciclos onde ambas foram realizadas, observa-se que a seleção entre famílias contribuiu com 29,37% e a seleção dentro de famílias com 70,63%, sobre o progresso genético (Tabela 19). Utilizando-se do mesmo método de seleção, PATERNIANI (1968), ZINSLY (1969), SILVA (1969) e CARMO (1969) estimaram em aproximadamente 50% a contribuição da seleção entre famílias sobre progresso genético. Por outro lado, SEGOVIA (1976) em seis e SAWAZAKI (1979) em 13 ciclos de seleção, estimaram a contribuição da seleção entre famílias em 61,15% e 57,48%, respectivamente. Neste último caso, as estimativas médias dos coeficientes de herdabilidade ao nível de indivíduos foram relativamente baixas: 5,6% e 9,9%, respectivamente. Nestas situações, espera-se que a contribuição dentro de famílias seja de menor expressão, de acordo com o exposto por RAMALHO (1977).

De maneira geral, os resultados observados pelos autores acima mencionados foram obtidos a partir de uma proporção de seleção de 10% entre famílias e 20% dentro de famílias. Além disso, os coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas foram estimados pela utilização da relação $\sigma_d^2/\sigma_e^2 = 10$. A maior contribuição da seleção dentro de famílias, observada neste trabalho, foi atribuída às seguintes causas: a utilização de maior diferencial de seleção dentro de famílias, o que corresponde a uma menor porcentagem de seleção; a metodologia utilizada para a estimativa da variância fenotípica dentro de famílias de meios irmãos ($\sigma_d^2/\sigma_e^2 = 5$ e 10) que proporciona maiores estimativas do coeficiente de herdabilidade ao nível de indivíduos ($\hat{h}_i^2$), quando comparada à metodologia utilizada pelos autores acima e; a própria magnitude do coeficiente de herdabilidade observado. Conforme demonstrou RAMALHO (1977), tais resultados são esperados em populações com coeficientes de herdabilidade semelhantes aos estimados para a população de milho Suwan DMR (Tabela 18), quando então, cresce de importância a participação da seleção dentro de famílias.

O progresso genético observado com a seleção foi estimado apenas a partir do terceiro ciclo. Na Tabela 20, são apresentadas as estimativas individualizadas para cada ciclo de seleção. Na Tabela 21, são apresentadas as estimativas do progresso genético esperado e observado, em valores acumulados, considerando o segundo ciclo igual a 100.

Ainda nesta Tabela, são apresentadas as estimativas do progresso genético (esperado e observado), ajustadas pela equação de regressão.

As estimativas obtidas para o progresso genético observado apresentaram uma média de 5,95% por ciclo, enquanto que, no mesmo período, o progresso genético esperado apresentou uma estimativa média de 5,52% por ciclo (Tabela 20). Verificou-se, no entanto, uma estimativa negativa do progresso genético observado para o terceiro ciclo. Nesta geração, a produtividade de grãos das testemunhas, possivelmente, foi superestimada em relação à da população. Observou-se que os materiais mais tardios do ensaio produziram menos, em função da deficiência hídrica agravada no período final do enchimento de grãos. Na média, a população apresentou maior ciclo (mais tardia) que o híbrido AG-64 e este, por sua vez, foi mais tardio que o híbrido P.6872. Observa-se na Tabela 14, que ocorreu uma inversão da produtividade relativa dos híbridos P.6872 e AG-64: o AG-64 foi mais produtivo em 1981/82 enquanto que no ano seguinte ele foi inferior ao P.6872, evidenciando que os materiais mais tardios foram prejudicados. Este deve ter sido o fator responsável pela estimativa negativa do progresso observado para o terceiro ciclo de seleção. Além disso, a elevada estimativa do progresso esperado para o quarto ciclo (19,09%) é outra evidência de que a produtividade de grãos da população do terceiro ciclo foi subestimada em relação às testemunhas. O exposto leva

a inferir que o progresso observado deve ter sido subestimado no terceiro ciclo e superestimado no quarto ciclo de seleção e que as estimativas mais reais, possivelmente, se encontram próximas a média entre ambos.

Os coeficientes de regressão linear β apresentaram as estimativas de 5,76% e 7,03%, respectivamente, para o progresso genético esperado e para o progresso observado, ajustados pela equação de regressão, considerando o segundo ciclo igual a 100. A precisão destas estimativas, avaliadas pelos respectivos coeficientes de variação, foi satisfatórias: os valores do C.V. _{β} foram de 7,26% e 18,55%, respectivamente, para o progresso genético esperado acumulado ($G_{s_{ea}}$) e para o progresso genético observado acumulado ($G_{s_{oa}}$), indicando que os valores de β obtidos para as estimativas do $G_{s_{ea}}$ e as do $G_{s_{oa}}$ foram praticamente iguais, como também não diferiram das estimativas calculadas para o progresso genético, sem ajustá-las pela equação de regressão. Observou-se, desse modo, que o progresso genético esperado, na média entre o segundo e o sétimo ciclos de seleção, apresentou uma estimativa bastante semelhante ao progresso observado. Resultados desta natureza foram relatados por WEBEL & LONNQUIST (1967), VENCovsky (1968), SEGOVIA (1976), entre outros, conforme pode ser observado na Tabela 4 (revisão de literatura).

A produtividade de grãos da população de milho Suwan DMR mostrou-se competitiva com os híbridos comerciais utilizados como testemunhas nos ensaios de avaliação.

A população representativa do sétimo ciclo de seleção apresentou uma produtividade de grãos de 4368 kg/ha, enquanto que a média dos híbridos AG-68, Pioneer 6875 e XL 560 foi de 4538 kg/ha. Em relação a estes híbridos, a produtividade da população Suwan DMR (sétimo ciclo) foi equivalente a 96,26%. No entanto, estes dados devem ser analisados com certas restrições, principalmente, porque os ensaios de avaliação foram conduzidos num único local. Como o objetivo do programa é o desenvolvimento de uma variedade de polinização livre, adaptada às condições edafoclimáticas do Estado de Santa Catarina, é recomendável que os ensaios de avaliação das famílias de meios irmãos sejam conduzidos em um maior número de locais. Este procedimento contribui para o desenvolvimento de um material mais adaptado. Além disso, para auxiliar na avaliação do progresso com a seleção, a utilização de uma amostra de sementes representativa da geração do ciclo anterior nos ensaios de avaliação é altamente recomendável, conforme sugestão de MIRANDA FILHO (1979). Se for mantido o mesmo esquema, avaliação e recombinação simultânea e na mesma área experimental, é possível avaliar a contribuição efetiva da seleção para a composição das fileiras masculinas. Para tanto, são necessárias avaliações adicionais sobre as fileiras masculinas para os caracteres de interesse.

4.4. TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL

Para a obtenção dos valores do tamanho efetivo populacional considerou-se a população representativa do segundo ciclo de seleção como a geração de referência. Assim procedeu-se porque os dados das gerações anteriores não permitiram uma quantificação mais precisa do tamanho efetivo populacional e, por outro lado, foi de maior interesse determiná-lo para as gerações subseqüentes, nas quais foi possível a sua associação com os parâmetros genéticos e com a metodologia utilizada durante a condução do programa.

Os resultados obtidos para o tamanho efetivo populacional estão apresentados na Tabela 18. O tamanho efetivo populacional referente à geração imediatamente anterior (N_e) apresentou uma média de 193, com amplitudes de 135 a 349. Enquanto que o tamanho efetivo populacional de cada ciclo em relação à geração de referência (N'_e) foi de 349 e 39, para o terceiro e para o sétimo ciclos de seleção, respectivamente.

O tamanho efetivo populacional relativo a geração imediatamente anterior (N_e) pode assumir qualquer valor porque está relacionado com o número de genótipos de uma determinada geração que efetivamente contribuem com gametas para a formação da geração seguinte. Tomando-se como exemplo a terceira geração de seleção, cujo N_e foi de 349, isso significa que esta geração de seleção, em termos de represen

tatividade genética, equiparou-se a 349 genótipos (plantas) tomados ao acaso da população representativa do segundo ciclo de seleção. Já o tamanho efetivo populacional de cada ciclo em relação à geração de referência (N'_e), à medida que forem avançando as gerações de seleção, vai assumindo valores cada vez menores, pois refere-se à representatividade genética de cada ciclo de seleção em relação à população inicial. Utilizando-se como exemplo, o valor de N'_e de 39 para o sétimo ciclo de seleção, ele significa que a representatividade genética desta geração correspondeu a 39 genótipos tomados ao acaso da população representativa do segundo ciclo de seleção (geração de referência).

Como demonstrou PEREIRA (1980), são de maior importância para os programas de melhoramento a médio e a longo prazo, em termos de probabilidade de fixação dos alelos favoráveis, os tamanhos efetivos em relação aos ciclos imediatamente anteriores (N_e), ou seja, a representatividade genética de uma determinada geração, na geração seguinte. Nos programas conduzidos no Brasil são mantidos tamanhos efetivos bem maiores em relação aos utilizados neste estudo: HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) estimaram entre 200 a 500 e VENCovsky et alii (1988a) obtiveram uma estimativa média de 236 em programas conduzidos com seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. Especificamente, os valores do N_e do quinto e sexto ciclos seletivos foram relativamente bastante baixos. Mesmo assim, não foi observada qualquer re

dução na variabilidade genética da população, que pudesse ser atribuída ao N_e . Esta afirmação se reveste de maior confiabilidade quando confrontada com a variabilidade genética manifestada no sétimo ciclo de seleção, que foi uma das maiores dentre os ciclos avaliados: os indicativos da variabilidade genética, tais como, o coeficiente de herdabilidade ao nível de plantas ($\hat{h}_i^2$), a estimativa da $\hat{\sigma}_A^2$, o índice de variação "b" e a significância do teste "F" para o quadrado médio de famílias, apresentaram valores bastante promissores para a população representativa do sétimo ciclo de seleção. Desta forma, pode-se inferir que o tamanho efetivo populacional utilizado neste trabalho, não deve ter comprometido tanto o progresso imediato, como o progresso com a seleção a médio e a longo prazo.

A preocupação com o tamanho efetivo populacional despertou interesse de muitos cientistas da área de genética e melhoramento. Diversos trabalhos mostraram que o tamanho efetivo populacional necessário para evitar a fixação dos alelos indesejáveis e conseqüentemente assegurar um progresso contínuo com a seleção é relativamente pequeno e de magnitude bem inferior ao utilizado no estudo em apreço. Dentre eles, podem ser citados os trabalhos de BAKER & CURNOW (1969), RAWLINGS (1970) e PEREIRA (1980), que demonstraram que um tamanho efetivo entre 30 a 50 é bastante razoável, para uma população submetida a uma intensidade de seleção semelhante à utilizada na população Suwan DMR e que também apre-

sente coeficientes de herdabilidade mais ou menos iguais.

Resultados práticos, semelhantes aos obtidos neste trabalho, foram relatados por COMPTON & BAHADUR (1977). Eles avaliaram dez ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos conduzidos com a população de milho "Hays Golden". Um tamanho efetivo populacional de 185 foi mantido mais ou menos constante ao longo dos ciclos de seleção. Os resultados obtidos por esses autores mostraram que houve um progresso contínuo juntamente com a manutenção de considerável variância genética aditiva.

ENFIELD et alii (1969), também não observaram o comprometimento da variabilidade genética, trabalhando com seleção para peso de pupa em *Tribolium castaneum*, após 20 gerações e mantendo um tamanho efetivo populacional de 75, que é de magnitude bem inferior ao menor valor estimado para este trabalho.

MÔRO (1982) obteve resultados com a população de milho Suwan DMR comparáveis aos obtidos na presente pesquisa. O autor submeteu esta população a uma forte pressão de seleção, resultando num tamanho efetivo de aproximadamente de 26. Assim mesmo, ele não verificou diminuição significativa da variabilidade genética.

Observa-se na Tabela 10, que no quinto e sexto ciclos de seleção foram avaliadas 68 e 51 famílias de meios irmãos, respectivamente. Este número de famílias avaliadas é bastante pequeno em relação aos sistemas tradicionalmente uti

lizados no Brasil. Os tamanhos efetivos em relação aos ciclos imediatamente anteriores foram de 141 a 135 para o quinto e sexto ciclos de seleção, respectivamente. Embora tenham sido os menores valores, não foram considerados como críticos em termos de representatividade genética e foram estimativas relativamente elevadas para o número de famílias avaliadas. Isso aconteceu porque na obtenção das progênes dos ciclos em questão, a pressão de seleção entre famílias não foi muito intensa: 19% e 28% para a obtenção do quinto e do sexto ciclos de seleção, respectivamente. Além disso, o esquema de seleção utilizado proporcionou uma contribuição bem maior do lado masculino para o tamanho efetivo populacional devido à condução simultânea, na mesma área experimental, das etapas de recombinação e avaliação das famílias de meios irmãos.

O método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, nos moldes como foi utilizado neste programa de melhoramento, proporcionou a obtenção de maiores valores para o tamanho efetivo, quando comparado com o método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, com sementes remanescentes, onde são mantidos constantes o número de famílias e plantas selecionadas através dos ciclos de seleção. Esta comparação, se aplica para os casos nos quais é selecionado o mesmo número de famílias e de plantas por família, nos dois métodos. Apenas para ilustrar a comparação, tomou-se o seguinte exemplo: no sexto ciclo de seleção foi obtido um tamanho efetivo de 135; caso fosse utilizado o

esquema de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, com sementes remanescentes, o tamanho efetivo para esse ciclo seria de 84, conforme expressão de VENCovsky (1978b).

De maneira geral, conforme pode ser observado na Tabela 13, utilizaram-se de porcentagens de seleção relativamente elevadas entre famílias e para a composição das fileiras masculinas, enquanto que dentro de famílias foi onde ocorreu a maior pressão de seleção. Este procedimento foi favorável, em termos de tamanho efetivo, contribuindo para mantê-lo em níveis razoáveis, através das gerações de seleção. No entanto, não é muito recomendável adotá-lo em relação ao progresso genético, já que de maneira geral, a contribuição da seleção entre famílias de meios irmãos tem-se mostrado mais eficiente conforme PATERNIANI (1968).

RAMALHO (1977) demonstrou que, para uma mesma porcentagem final de seleção e para um mesmo tamanho populacional inicial em relação ao número de famílias e de plantas por família, o tamanho efetivo populacional diminui consideravelmente quando se diminui a porcentagem de seleção entre famílias, no esquema de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos com sementes remanescentes. Este fato também ocorre com o método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, sem sementes remanescentes, porém em proporções bem menores.

De acordo com as evidências da literatura, discutidas anteriormente, o tamanho efetivo pode até ser redu-

zido, desde que sejam tomadas precauções em relação à precisão experimental, para manter a $\hat{h}_i^2$ em proporções razoáveis. PEREIRA & VENCovsky (1986) demonstraram que o produto $N_e \hat{h}_i$ é um bom indicativo de quanto se deve aumentar o N_e em função da diminuição de $\hat{h}_i^2$, para manter a mesma probabilidade final de atingir o limite de seleção. Os autores demonstraram que valores do produto $N_e \hat{h}_i$ entre 17 a 22 são suficientes para assegurar 90% de probabilidade de atingir o limite seletivo no final de um programa de melhoramento a longo prazo. Os dados do presente trabalho permitiram a obtenção do produto $N_e \hat{h}_i$ entre 54 a 126, com uma média de 78.

5. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos nas condições do presente trabalho permitiram apontar as seguintes conclusões:

a) O esquema de seleção utilizado mostrou-se eficiente no melhoramento da produtividade de grãos da população de milho Suwan DMR: o progresso genético, por geração de seleção, apresentou um resultado bastante satisfatório, sendo superior aos dados médios obtidos em programas de melhoramento similares conduzidos no Brasil;

b) A seleção feita para a composição das fileiras masculinas, um procedimento não usual no esquema de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, apresentou uma contribuição expressiva sobre o progresso genético para a produtividade de grãos. Por outro lado, a contribuição relativa da seleção feita dentro de famílias de meios irmãos, sobre o progresso genético, foi bem superior à contribuição da seleção entre famílias;

c) As estimativas médias, do progresso genético esperado e do progresso genético observado por geração de

seleção para a produtividade de grãos, foram bastante semelhantes, reforçando desta forma, a utilidade de se calcular os ganhos esperados, através de estimativas de parâmetros obtidas dos experimentos de avaliação;

d) A população original Suwan DMR é considerada de base genética estreita. No entanto, a magnitude da variabilidade genética, estimada para a produtividade de grãos, nas populações representativas dos diversos ciclos de seleção, foi comparável à média apresentada pelas populações brasileiras de base genética ampla. Além disso, as estimativas da variância genética aditiva e do $C.V._g$ para a produtividade de grãos dos diversos ciclos, não apresentaram tendência de diminuição em função da seleção praticada;

e) Durante a condução deste programa, os valores dos tamanhos efetivos populacionais (em relação à geração anterior) foram mantidos em níveis inferiores aos normalmente utilizados nos programas de melhoramento de milho conduzidos no Brasil. No entanto, verificou-se que não houve comprometimento da variabilidade genética em função desta estratégia utilizada;

f) A variabilidade genética, detectada para a produtividade de grãos no sétimo ciclo de seleção da população de milho Suwan DMR, apresentou magnitude suficiente para assegurar que ganhos adicionais poderão ser obtidos com a continuidade do programa de melhoramento.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BAKER, L.H. & CURNOW, R.N. Choice of population size of variation between replicate populations in plant breeding selection programs. Crop Science, Madison, 9: 555 - 60, 1969.
- CANTON, T.; GUEDES DÍAZ, M.E.; MONDARDO, E.; TORRES, L.; ANDRIOLO, J.L. In: EMPRESA CATARINENSE DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Recomendação de cultivares para o Estado de Santa Catarina 1986-87. Florianópolis, EMPASC, 1986. p.52-8.
- CARMO, C.M. Avaliação de progênies de meios irmãos em populações heterogêneas de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1969. 48p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- COMPTON, W.A. & BAHADUR, K. Ten cycles of progress from modified ear-to-row selection in corn. Crop Science, Madison, 17: 378-80, 1977.
- COMSTOCK, R.E. & MOLL, R.H. Genotype-environment interactions. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.F. Statistical genetics and plant breeding. Washington, National Academy of Sciences - National Research Council, 1963. p.164-196.

COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. Bio-metrics, Raleigh, 4: 254-6, 1948.

COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. Estimation of average dominance of genes. In: GOWEN, J.W., ed. Heterosis. Ames, Iowa State Univ. Press, 1952. p.494-516.

CROW, J.F. & KIMURA, M. An introduction to population genetics theory. New York, Harper and Row, 1970. 591p.

CUNHA, M.A.P. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) ESALQ-HV-1. Piracicaba, 1976. 84p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

DARRAH, L.L.; EBERHART, S.A.; PENNY, L.H. A maize breeding methods study in Kenya. Crop Science, Madison, 12: 605-8, 1972.

DUDLEY, J.W. Seventy six generations of selection for oil and protein in maize. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, Ames, 1976. Proceedings. Ames, Iowa State University Press, 1977. p.459-73.

EBERHART, S.A. Factors effecting efficiencies of breeding methods. African Soils, Paris, 15: 669-80, 1970.

EMPIG, L.T.; GARDNER, C.O.; COMPTON, W.A. Theoretical gains for different population improvement procedures. Nebraska Agricultural Experiment Station Bulletin, n. 26, 1972. 21p.

- ENFIELD, F.D.; COMSTOCK, R.E.; GOODWILL, R.; BRASKERUD, O.
Selection for pupa weight in *Tribolium castaneum*; II: Linkage and level of dominance. Genetics, Princeton, 62: 849-57, 1969.
- FALCONER, D.S. Introduction to quantitative genetics. New York. Ronald Press, 1960. 365p.
- FEDERER, W.T. Experimental design. New York, Macmillan, 1951. 591p.
- FISHER, R.A. The correlations between relatives on the supposition of Mendelian Inheritance. Transactions of the Royal Society of Edinburg. Edinburg, 52: 399 - 433, 1918.
- GARDNER, C.O. Estimates of genetics parameters in cross-fertilizin plant and their implications in plant breeding. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.F., ed. Estatistical genetics and plant breeding. Washington. National Academy of Science, 1963. p.225-52.
- GARDNER, C.O. Quantitative genetics studies and populations improvement in maize and sorghum. Nebraska Agricultural Experiment Station Bulletin, Nebraska, (5262): 15, 1977.
- GHINI, R. & MIRANDA FILHO, J.B. Herdabilidade da altura da planta e da espiga no segundo ciclo de seleção da população ESALQ-PB 1 de milho. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, (13): 130-7, 1979.
- GOMES, F.P. Curso de estatística experimental. 6.ed. Piracicaba, Nobel, 1976. 430p.

- GUEDES DÍAZ, M.E.; MONDARDO, E.; CANTON, T.; GANDIN, C.L.; BIASI, J. In: EMPRESA CATARINENSE DE PESQUISA AGROPECUÁRIA, ed. Recomendação de cultivares para o Estado de Santa Catarina 1983-84. Florianópolis, EMPASC, 1983. p. 40-3.
- HALLAUER, A.R. Genetic variability for yield after four cycles of reciprocal recurrent selections in maize. Crop Science, Madison, 10: 482-5, 1970.
- HALLAUER, A.R. Relation of quantitative genetics to applied maize breeding. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 3: 207-33, 1980.
- HALLAUER, A.R. Selection and breeding methods. In: FREY, K.J., ed. Plant breeding II. Ames, Iowa State University Press, 1981. Cap. 1, p.3-55.
- HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative genetics in maize breeding. Ames, Iowa State University Press, 1981. 468p.
- HULL, F.H. Recurrent selection and specific combining ability in corn. Journal of American Society of Agronomy, Madison, 37: 134-45, 1945.
- JENKINS, M.T. The segregation of genes affecting yield of grain in maize. Journal of the American Society of Agronomy, Washington, 32: 55-63, 1940.
- LIMA, M. & PATERNIANI, E. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos na população de milho (*Zea mays* L.) ESALQ-UD-2. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba (11): 82-3, 1977.

- LIMA, M.; FERNANDES, N.G.; MIRANDA FILHO, J.B.; PEREIRA, J. C.V.A. Introduction of maize (*Zea mays* L.) germoplasms as sources for downy mildew (*Peronosclerospora sorghi*) resistance. Maydica, Bergamo, 27: 159-68, 1982.
- LONNQUIST, J.H. El mejoramiento de las poblaciones de mays. P.C.C.M.M., Managua, 6: 14-22, 1960.
- LONNQUIST, J.H. An modification of the ear-to-row procedure for the improvement of maize populations. Crop Science, Madison, 4: 227-8, 1964.
- LONNQUIST, J.H. Métodos de seleccion útiles para mejoramiento dentro de poblaciones. Fitotecnia Latinoamericana, São José, 2: 1-10, 1965.
- LONNQUIST, J.H.; COTA, O.A.; GARDNER, C.O. Effect of mass selection and thermal neutron irradiation on genetic variances in a variety of corn (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 6: 330-2, 1966.
- MIRANDA, L.T.; COELHO DE MIRANDA, L.E.; POMMER, C.V.; SAWAZAKI, E. Oito ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho IAC-1. Bragantia, Campinas, 36: 188-96, 1977.
- MIRANDA FILHO, J.B. Avaliação de famílias de meios irmãos na população de milho 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.; VENCovsky, R.; PATERNIANI, E. Variância genética aditiva da produção de grãos e sua implicação no melhoramento. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, (6): 67-73, 1972.
- MOLL, R.H. & ROBINSON, H.F. Observed and expected response in four selection experiments in maize. Crop Science, Madison, 6: 319-24, 1966.
- MOLL, R.H. & ROBINSON, H.P. Quantitative genetic investigations of yield of maize. Theor. Appl. Genetics, 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.
- MÔRO, J.R. Efeito da alta intensidade de seleção no melhoramento do milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1982. 59p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MÔRO, J.R.; NASPOLINI FILHO, V.; GAMA, E.E.G.; VIANNA, R.T. Introdução de novos germoplasmas de milho no Brasil. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, 16: 867 - 82, 1981a.
- MÔRO, J.R.; NASPOLINI FILHO, V.; VIANNA, R.T.; GAMA, E.E.G. Seleção entre e dentro de progênes de irmãos germanos na população de milho "Suwan DMR" (*Zea mays* L.). Ciência e Cultura, São Paulo, 33: 563-70, 1981b.

- NASPOLINI FILHO, V. & VENCOVSKY, R. Avaliação de duas mil progênies S_2 da cultivar de milho BR-105. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 14. Florianópolis, 1982. Resumos. Florianópolis, EMPASC, 1982. p.25.
- PACHECO, C.A.P. Avaliação de progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambiente - 2º ciclo de seleção. Lavras, 1987. 109p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura de Lavras).
- PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a brazilian population of maize (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 7: 212-6, 1967.
- PATERNIANI, E. Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no melhoramento do milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1968. 92p. (Cátedra - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- PATERNIANI, E. Melhoramento de populações de milho. Ciência e Cultura, São Paulo, 21: 3-10, 1969.
- PATERNIANI, E. & MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., ed. Melhoramento e produção do milho. 2.ed. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1., cap. 6, p.217-65.
- 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 Science, 1963. p.362-7.
- PEREIRA, M.B. Progresso imediato e fixação de genes em um método de seleção. Piracicaba, 1980. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

- PEREIRA, M.B. & VENCOVSKY, R. Limites da seleção recorrente; I - Fatores que afetam o acréscimo das frequências alélicas. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., Belo Horizonte, 1986. Resumos. Sete Lagoas, EMBRAPA / CNPMS, 1986. p.60-1.
- POMMER, C.V. & GERALDI, I.O. Selection among and within half sib families in two maize opaque populations. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 6: 461-72, 1983.
- QUEIROZ, M.A. Correlações genéticas e fenotípicas em progênies de meios irmãos de milho (*Zea mays* L.) e suas implicações no 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 endôgamas. Piracicaba, 1977. 122p. (Dourado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- RAWLINGS, J.O. Present status of research on long and short-term recurrent selection in finite populations: choice of population size. In: MEETING OF WORKING GROUP ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., New Orleans, 1970. Proceedings. New Orleans, USDA/SFES, 1970.
- SAMPAIO, N.F. & MIRANDA FILHO, J.B. Propriedades genéticas e potencial para melhoramento da produtividade de dois compostos de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., Belo Horizonte, 1986. Anais. Sete Lagoas, EMBRAPA/CNPMS, 1988. p.314-20.

- SANTOS, M.X. & NASPOLINI FILHO, V. Estimativas de parâmetros genéticos em três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) Dentado Composto Nordeste. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 9: 307-19, 1986a.
- SANTOS, M.X. & NASPOLINI FILHO, V. Estimativas de parâmetros genéticos para peso de espigas na população de milho "Flint Composto Nordeste". Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, 21: 739-46, 1986b.
- SAWAZAKI, E. Treze ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos para produção de grãos no milho IAC Maya. Piracicaba, 1979. 99p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SEGOVIA, R.T. Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) Centralmex. Piracicaba, 1976. 98p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SILVA, J. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho Cateto Colombia Composto. Piracicaba, 1969. 74p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SILVA, W.J. & LONNQUIST, J.H. Genetic variances in populations development from full-sib and S_1 testcross progeny selections in a open-pollinated variety of maize. Crop Science, Madison, 8: 201-4, 1968.
- SNEDECOR, G.W. & COCHRAN, W.G. Statistical methods. 6.ed. Ames, Iowa States University Press, 1967. 593p.

- 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).
- SOUZA JUNIOR, C.L.; GERALDI, I.O.; ZINSLY, J.R. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de alguns caracteres na população de milho (*Zea mays* L.) Suwan. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, (14) 139-45, 1980.
- SOUZA JUNIOR, C.L.; SANTOS, M.X.; MAGNAVACA, R.; GAMA, E.E.G. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho (*Zea mays* L.) BR-105 e BR-106 e suas implicações no melhoramento. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., Belo Horizonte, 1986. Resumos. Sete Lagoas, EMBRAPA/CNPMS, 1986. p.80.
- SPRAGUE, G.F. & EBERHART, S.A. Corn breeding. In: SPRAGUE, G.F., ed. Corn and corn improvement. Madison, Am. Soc. Agron., 1977. p.305-62.
- STEEL, R.G.D. & TORRIE, J.H. Principles and procedures of statistic. New York, Mc Graw-Hill Book, 1960. 481p.
- SUAREZ LEZCANO, R. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) Composto Flint Branco. Piracicaba, 1976. 52p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SUBANDI & COMPTON, W.A. Genetic studies in a exotic population of corn (*Zea mays* L.) grown under two plant densities. Theoretical and Applied Genetics, Heidelberg, 44: 153-9, 1974.

- 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. Estimativas de parâmetros genéticos em três ciclos de seleção em milho. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, (2): 88-90, 1968.
- VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR, W.E., ed. Melhoramento e genética. São Paulo, EDUSP, 1969. Cap.1, p.17-37.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E., ed. Melhoramento e produção do milho no Brasil, Campinas, Fundação Cargill, 1978a. Cap. 5, p.122-95.
- VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo em populações submetidas à seleção. Sexos separados. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, (12): 282-7, 1978b.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., ed. Melhoramento e produção do milho. 2.ed., Campinas, Fundação Cargill, 1987a. v.1, cap. 6, p. 137 - 209.
- VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasmas de espécies alógamas. Revista do Instituto de Pesquisa e Estudos Florestais. Piracicaba, 35: 79-84, 1987b.
- VENCOVSKY, R. Preservação e genética de populações. In: ENCONTRO SOBRE RECURSOS GENÉTICOS, 1., Jaboticabal, 1988. Anais. Jaboticabal, FCAVJ/UNESP, 1988. p.67-74.

- VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J.B.; SOUZA JUNIOR, C.L. Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., Ames, 1987. Proceedings. Sunderland, B.S. Weir, E.J. Eisen, M.M. Goodman and G. Namkoong, 1988a. p.465-77.
- VENCOVSKY, R.; MORAES, A.R.; GARCIA, J.C.; TEIXEIRA, N. M. Progresso genético em vinte anos de melhoramento do milho no Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., Belo Horizonte, 1986. Anais. Sete Lagoas, EMBRAPA/CNPMS, 1988b. p.300-13.
- VIANNA, R.T.; GAMA, E.E.G.; NASPOLINI FILHO, V.; MÔRO, J.R.; VENCOVSKY, R. Inbreeding depression of several introduced populations of maize (*Zea mays* L.). Maydica, Bergamo, 27: 151-8, 1982.
- WEBEL, O.D. & LONNQUIST, J.H. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 7: 651-5, 1967.
- ZINSLY, J.R. Estudo comparativo entre a seleção massal e a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1969. 52p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

A P Ê N D I C E

Tabela 10. Quadrados médios (gramas de grãos/parcela ao nível de totais) e respectivos graus de liberdade obtidos das análises individuais dos experimentos para cada ciclo de seleção. População de milho Suwan DMR. Chapecó - S.C.

Ciclos	Ano <u>a/</u> Agrícola	Entre famílias de meios irmãos		Resíduo	
		GL	QM	GL	QM
3	1982/83	131	108292**	152	76807
4	1983/84	166	397675**	181	229754
5	1984/85	67	345584**	148	205782
6	1985/86	50	375442*	114	222812
7	1986/87	144	271541**	302	156981
7 <u>b/</u>	1986/87	1034	1332	-	-

*,** Significância dos quadrados médios ao nível de 5% e a 1%, respectivamente (Teste F).

a/ Ano de condução dos experimentos

b/ Quadrado médio dentro de famílias, obtido por amostragem.

Tabela 11. Estande observado por parcela, número de repetições, produtividade média de grãos por ciclo ($\bar{Y}$), coeficiente de variação da média geral dos ensaios $[C.V.(\bar{Y})]$ e coeficiente de variação da média de cada tratamento $C.V. [(\bar{Y}_i)]$, nos diversos ciclos de seleção. População de milho Suwan DMR. Chapecó - SC.

Ciclo	Ano Agrícola	Estande observado (plantas)	Número de repetições	$\bar{Y}$ (g/pl)	C.V. ($\bar{Y}$) (%)	C.V. ($\bar{Y}_i$) (%)
0	1979/80	20,00	1	106,32	-	-
1 <u>a/</u>	1980/81	-	-	98,94	-	-
2	1981/82	38,00	1	84,13	-	-
3	1982/83	30,00	2	66,76	3,13	10,24
4	1983/84	28,14	2	116,42	2,59	10,64
5	1984/85	23,83	3	140,00	4,57	9,04
6	1985/86	17,73	3	185,96	2,58	8,59
7	1986/87	19,90	3	115,23	1,84	10,11
Média		23,67 <u>b/</u>	2,47 <u>b/</u>	117,75 <u>b/</u>	2,94	9,72

a/ Seleção massal estratificada

b/ Média ponderada conforme material e métodos, considerando os últimos cinco ciclos de seleção.

Tabela 12. Diferencial de seleção (g/planta e porcentagem) entre e dentro de famílias de meios irmãos e para a composição das fileiras masculinas (machos), nos diversos ciclos de seleção. Produtividade de grãos. População de milho Suwan DMR. Chapecó - SC.

Ciclo	Ano Agrícola	Diferencial de seleção					
		Entre		Dentro		Machos	
		(g/pl)	(%) ^{b/}	(g/pl)	(%) ^{c/}	(g/pl)	(%) ^{d/}
0	1979/80	38,00	35,70	-	-	-	-
1 ^{a/}	1980/81	73,00	73,80	-	-	-	-
2	1981/82	11,08	13,17	55,00	57,18	16,56	10,95
3	1982/83	4,40	6,59	47,30	66,46	23,00	19,17
4	1983/84	8,17	7,02	44,40	35,64	-	-
5	1984/85	6,54	4,67	78,24	53,35	10,47	4,62
6	1985/86	8,23	4,43	27,00	13,85	21,00	9,46
7	1986/87	20,10	17,44	56,00	41,38	-	-
Média		13,79	12,72	51,32	44,64	17,76	11,05

^{a/} Seleção massal estratificada

^{b/} Em relação à média das famílias selecionadas.

^{c/} Em relação à média das plantas das famílias selecionadas.

^{d/} Em relação à média das plantas selecionadas.

Tabela 13. Porcentagem de seleção entre e dentro de famílias, total e para a composição das fileiras masculinas. 1 - porcentagem real de seleção e 2 - porcentagem de seleção para o caráter produtividade de grãos, supondo seleção truncada. População de milho Suwan DMR. Chapecó - SC.

Ciclos	Ano Agrícola	Entre famílias (%)		Dentro de famílias (%)		Nos machos (%)		Porcentagem total (%)	
		1	2	1	2	1	2	1	2
0	1979/80	8,85	4,36	-	-	100,00	100,00	8,85	4,36
1 ^{a/}	1980/81	-	-	-	-	100,00	100,00	3,67	6,77
2	1981/82	14,29	49,00	5,79	7,92	50,76	68,00	0,83	3,88
3	1982/83	38,64	65,00	5,46	4,77	38,92	40,50	2,11	3,10
4	1983/84	19,16	69,00	3,54	33,50	100,00	100,00	0,68	23,12
5	1984/85	27,94	73,00	3,58	10,34	60,78	88,00	1,00	7,55
6	1985/86	68,63	76,00	6,58	73,00	51,03	82,00	4,52	55,48
7	1986/87	21,38	23,00	7,27	15,60	100,00	100,00	1,55	3,59
Média		24,86	44,92	5,37	24,19	50,37	69,63	2,84	13,48

^{a/} Seleção massal estratificada.

Tabela 14. Produtividade (kg/ha) de grãos da população Suwan DMR e dos híbridos comerciais utilizados como testemunhas, observada nos diversos ciclos de seleção. Chapecó - SC.

Ciclo	Ano Agrícola	População		Pioneer 6872	Agroceres 64	Agroceres 64-A	XL 560
		Suwan DMR					
		kg/ha	% a/				
0	1979/80	4253	-	-	-	-	-
1	1980/81	6596	-	-	-	-	-
2	1981/82	3996	83,7	4694	4856	-	-
3	1982/83	3338	76,6	4422	4290	-	-
4	1983/84	5460	80,2	5773	-	6925	7718
5	1984/85	6678	85,7	7216	-	8100	8072
6	1985/86	6594	91,7	6595	-	7591	7386
7	1986/87	4368	94,3	-	-	4508	4754
Média		5160					

a/ Em relação aos híbridos comerciais dos respectivos ciclos de seleção.

Tabela 15. Estimativas da variância fenotípica ao nível de médias de famílias ($\hat{\sigma}_F^2$) e ao nível de plantas ($\hat{\sigma}_F^2$) e, estimativas da variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$) e fenotípica dentro de parcelas ($\hat{\sigma}_d^2$), para t = 5 (1) e t = 10 (2), considerando diversos ciclos de seleção para o caráter produtividade de grãos. População de milho Suwan DMR. Chapecó - SC.

Ciclo	Ano Agrícola	Estimativas de variâncias (g/planta) ²							
		$\hat{\sigma}_{\text{F}}^2$	$\hat{\sigma}_{\text{F}}^2$		$\hat{\sigma}_{\text{e}}^2$		$\hat{\sigma}_{\text{d}}^2$		
			1	2	1	2	1	2	
0	1979/80	319,1	1286	1980	204	174	1018	1742	
1	1980/81	-	1114	1715	176	151	882	1508	
2	1981/82	180,4	805	1240	128	109	638	1090	
3	1982/83	60,2	456	722	73	64	366	640	
4	1983/84	251,0	1584	2460	246	214	1231	2140	
5	1984/85	203,5	1880	2891	300	255	1498	2553	
6	1985/86	399,6	3480	5148	553	453	2764	4532	
7 ^{a/}	1986/87	229,0		1758		329		1332	
Média ^{b/}		202,14	1578	2429	250	214	1249	2136	

^{a/} A variância fenotípica dentro de parcelas foi estimada com dados reais;

^{b/} Média ponderada conforme material e métodos, considerando os últimos cinco ciclos de seleção.

Tabela 16. Estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) para peso de grãos, original e ajustada, em $\text{gramas}^2/\text{planta}^2$ e $(\text{gramas}/0,2\text{m}^2)^2$ e coeficiente de variação da $\hat{\sigma}_A^2$ [C.V. ($\hat{\sigma}_A^2$)]. Estande observado e produção média de grãos ($\bar{y}$), nos diversos ciclos de seleção. População de milho Suwan DMR. Chapecó - SC.

Ciclo	Ano Agrícola	Variância aditiva				C.V. ($\hat{\sigma}_A^2$) (%)	Estan de (pl/ha)	$\bar{Y}$	
		Original		Ajustada				(g/pl)	(g/0,2m ²)
		(g/pl) ²	(g/0,2m ²) ²	(g/pl) ²	(g/0,2m ²) ²				
0	1979/80	257,63	-	-	-	-	40.000	106,3	-
1	1980/81	223,12	-	-	-	-	66.667	98,94	-
2	1981/82	161,31	-	-	-	-	50.000	84,13	-
3	1982/83	69,97 ± 35,36	69,97	244,22	175,19	50,54	50.000	66,8	66,8
4	1983/84	423,97 ±125,20	373,13	487,37	349,59	29,53	46.907	116,0	109,2
5	1984/85	330,64 ±148,96	300,41	262,74	188,60	45,05	47.660	140,0	133,4
6	1985/86	653,24 ±336,0	328,56	294,09	211,00	51,44	35.460	186,0	131,9
7	1986/87	387,60 ±115,28	222,76	456,47	327,31	29,74	37.905	115,0	87,2
Média		316,00 ^{a/}	219,34 ^{a/}	348,98	250,33	41,26	43.586	124,8 ^{b/}	105,7 ^{b/}

^{a/} Médias ponderadas conforme material e métodos.

^{b/} Somente foram utilizadas para obtenção da $\hat{\sigma}_A^2$ ajustada para cada ciclo de seleção.

Tabela 17. Estimativas do coeficiente de variação experimental (C.V._e), do coeficiente de variação genética (C.V._g) e do índice de variação "b" (C.V._g/C.V._e) para os diversos ciclos de seleção, obtidas a partir das análises de variância ao nível de totais de parcelas, para o caráter produtividade de grãos, da população de milho Suwan DMR. Chapecó-SC.

Ciclo	Ano Agrícola	C.V. _e (%)	C.V. _g (%)	"b" (C.V. _g /C.V. _e)
3	1982/83	13,62	6,26	0,46
4	1983/84	14,45	8,84	0,61
5	1984/85	13,41	6,49	0,48
6	1985/86	14,88	6,87	0,49
7	1986/87	17,25	8,54	0,50
Média <u>a/</u>		14,70	7,55	0,51

a/ Média ponderada, conforme material e métodos.

Tabela 18. Estimativas para a produtividade de grãos: do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, ao nível de médias de famílias ($\hat{h}_m^2$) e ao nível de plantas individuais ($\hat{h}_i^2$); do coeficiente de variação da $\hat{h}_m^2$ [C.V. ($\hat{h}_m^2$)]. Tamanho efetivo em relação a geração imediatamente anterior (N_e) e em relação ao segundo ciclo de seleção (N'_e), da população de milho Suwan DMR. Chapecô - SC.

Ciclo	Ano Agrícola	$\hat{h}_m^2$ (%)	C.V. ($\hat{h}_m^2$) (%)	$\hat{h}_i^2$ (%)	N_e	N'_e
0	1979/80	20,18	-	16,52	-	-
1	1980/81	-	-	16,52	-	-
2	1981/82	22,35	-	16,52	-	-
3	1982/83	29,07 $\pm$ 11,87	40,83	12,52	349	349
4	1983/84	42,23 $\pm$ 8,73	20,67	22,00	270	152
5	1984/85	40,63 $\pm$ 12,25	30,15	14,52	141	73
6	1985/86	40,87 $\pm$ 14,01	34,28	15,73	135	47
7	1986/87	42,31 $\pm$ 8,23	19,45	22,05	208	39
Média <u>a/</u>		39,08 $\pm$ 11,02	29,08	16,52	193	

a/ Conforme a metodologia descrita.

Tabela 19. Estimativas do progresso genético esperado e contribuição relativa de cada modalidade de seleção, sobre o progresso total para os ciclos de seleção da população de milho Suwan DMR. Produtividade de grãos, Chapecó - SC.

Ciclo	Ano Agrícola (avaliação)	Progresso esperado (%)				Contribuição relativa (%)		
		Total	Seleção entre	Seleção dentro	Seleção machos	Seleção entre	Seleção dentro	Seleção machos
1	1980/81	3,81	3,81	-	-	100,00	-	-
2 ^a /	1981/82	6,09	-	-	-	-	-	-
3	1982/83	6,41	1,49	4,92	-	23,24	76,76	-
4	1983/84	6,59	0,96	4,00	1,63	14,57	60,70	24,73
5	1984/85	7,50	1,49	3,85	2,16	19,87	51,33	28,80
6	1985/86	4,63	0,96	3,67	-	20,73	79,27	-
7	1986/87	2,48	0,90	1,04	0,54	36,29	41,94	21,77
8	1987/88	9,88	3,69	5,30	0,89	37,35	53,64	9,01
Média ^b /		5,92	1,90	3,80	1,31	36,01	60,61	21,08
Média ^c /		5,38	1,58	3,80	-	29,37	70,63	-
Média ^d /		6,61	1,76	3,55	1,31	27,02	51,90	21,08

^a/ Seleção massal estratificada.

^b/ Média geral.

^c/ Média obtida a partir do segundo ciclo, desconsiderando a seleção nos machos.

^d/ Considerando somente aqueles ciclos em que ocorreu a contribuição da seleção nos machos.

Tabela 20. Estimativas do progresso genético para os diversos ciclos de seleção. Produtividade de grãos. População de milho Suwan DMR. Chapecô - SC.

Ciclo	Ano Agrícola	Observado (%)	Esperado (%)	Esperado acumulado (%)
0	1979/80	-	-	100,00
1 <u>a/</u>	1980/81	-	3,81	103,81
2 <u>a/</u>	1981/82	0	6,09	109,90
3	1982/83	- 7,07	6,41	116,31
4	1983/84	19,09	6,59	122,90
5	1984/85	5,43	7,50	130,40
6	1985/86	6,04	4,63	135,03
7	1986/87	6,27	2,48	137,51
8	1987/88	-	9,88	147,39
Média <u>b/</u>		5,95	5,92	
Média <u>c/</u>		5,95	5,52	

a/ Não foi possível calcular o progresso observado, devido a ausência de testemunhas nos ensaios.

b/ Geral.

c/ Considerando somente aqueles ciclos onde foi possível estimar o progresso observado.

Tabela 21. Progresso genético acumulado para o caráter produtividade de grãos a partir do terceiro ciclo de seleção (ciclo 3): $G_{s_{ea}}$ - progresso esperado; $G_{s_{eaj}}$ - progresso esperado, ajustado pela equação de regressão; $G_{s_{oa}}$ - progresso observado e $G_{s_{oaj}}$ - progresso observado, ajustado pela equação de regressão. O segundo ciclo foi considerado como 100.

Ciclo	Ano Agrícola	P. esperado		P. observado	
		$G_{s_{ea}}$	$G_{s_{eaj}}$	$G_{s_{oa}}$	$G_{s_{oaj}}$
2	1981/82	100,00	101,03	100,00	95,04
3	1982/83	106,41	106,80	92,93	102,07
4	1983/84	113,00	112,56	112,02	109,10
5	1984/85	120,50	118,32	117,45	116,12
6	1985/86	125,13	124,09	123,49	123,15
7	1986/87	127,61	129,85	129,76	130,17
β <u>a/</u>		5,76 $\pm$ 0,42 <u>b/</u>		7,03 $\pm$ 1,30 <u>b/</u>	
C.V. β (%)		7,26		18,55	

a/ Obtido da equação de regressão.

b/ Erro associado à estimativa de β .