SELEÇÃO RECORRENTE COM ENDOGAMIA EM DUAS POPULAÇÕES
DE MILHO: AVALIAÇÃO QUANTITATIVA E PERSPECTIVAS
PARA SELEÇÃO DE HÍBRIDOS

FRANCISCO TERASAWA JUNIOR

Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

Dissertação apresentada a
Escola Superior de Agricultura
"Luiz de Queiroz", da Univer-
sidade de São Paulo, para
obtenção do título de Mestre
em Agronomia, Área de Concen-
tração: Genética e Melhora-
mento de Plantas.

PIRACICABA

Estado de São Paulo - Brasil

Maio de 1993

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

Terasawa Junior, Francisco

T316s Seleção recorrente com endogamia em duas populações
de milho: avaliação quantitativa e perspectivas para
seleção de híbridos. Piracicaba, 1993.
169p.

Diss.(Mestre) - ESALQ
Bibliografia.

1. Genética quantitativa 2. Milho híbrido - Seleção
3. Milho - Melhoramento I. Escola Superior de Agricultura
Luiz de Queiroz, Piracicaba

CDD 633.15

SELEÇÃO RECORRENTE COM ENDOGAMIA EM DUAS POPULAÇÕES
DE MILHO: AVALIAÇÃO QUANTITATIVA E PERSPECTIVAS
PARA SELEÇÃO DE HÍBRIDOS

Francisco Terasawa Junior

Aprovada em: 24.06.93

Comissão Julgadora:

Dr. Roberto de Rissi

CIBA-SEMENTES

Prof. Dr. Lázaro José Chaves

UFG

Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho

ESALQ/USP

Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho

Orientador

*DEDICO**A**FRANCISCO**pelo exemplo de homem
e de profissional**ANA CIRTE**por toda a sensibilidade
e beleza interior**JOSE MAURICIO**pela verdadeira amizade**DANIELA THAIS**pela alegria e pureza.*

OFEREÇO

À

LYGIA VITÓRIA

pelo nosso amor e
felicidade.

AGRADECIMENTOS

A Deus, presente em todos os momentos.

A minha família, pela educação fornecida e pelo constante incentivo.

Ao Prof. José Branco de Miranda Filho, pela valiosa orientação, pela amizade e pela confiança depositada.

Ao Conselho Nacional de Pesquisa e Desenvolvimento, CNPq, pela bolsa de estudos concedida.

A FT - Pesquisa e Sementes, pelo suporte financeiro durante o curso.

Ao Prof. Dr. Roland Vencovsky, pela efetiva contribuição a este trabalho.

Aos engenheiros agrônomos Marcos Kamikoga e Bento Manoel Ferreira, pelo auxílio na condução dos experimentos e obtenção dos dados.

A equipe técnica da ICI/Contibrasil pelos dados experimentais concedidos.

Aos professores e funcionários do Departamento de Genética, e em especial a Sra. Carmen Pilotto, Sr. Antonio Miotto, Sr. Marcos Cella, e Sr. Trajano de Oliveira Filho, pela sempre pronta colaboração e pela amizade.

A Sra. Silvana Gregório, pelo auxílio na elaboração das referências bibliográficas.

A Prof.^a Lygia Vitória Galli pelas sugestões na redação.

A Daniel Doprado Barbosa, pelo apoio na elaboração dos gráficos.

A Daniela Thais Terasawa pela colaboração na fase final.

Aos colegas de curso, em especial a Ido José Pellicano, Benedita Aparecida da Silva, Claudia Silva e Mônica Rosa Bertão, pela amizade.

ÍNDICE

	Página
RESUMO	ix
SUMMARY	xii
1. INTRODUÇÃO	01
2. REVISÃO DE LITERATURA	04
2.1. Seleção recorrente	04
2.2. Seleção recorrente com progênies endogâmicas	07
2.2.1. Aspectos gerais	07
2.2.2. Resultados comparativos a outros processos seletivos	14
2.3. Seleção de híbridos	22
2.4. Variação genética	28
3. MATERIAL E MÉTODOS	35
3.1. Caracterização das populações	35
3.2. Avaliação das progênies S ₁	36
3.2.1. Material	36
3.2.2. Execução experimental	37
3.2.3. Análises estatísticas	39
3.2.4. Estimativas de parâmetros genético-estatísticos	45
3.2.5. Depressão por endogamia	50
3.2.6. Distribuições fenotípicas observadas	51
3.3. Avaliação dos "testcrosses" recíprocos ..	51
3.3.1. Material	51
3.3.2. Execução experimental	53
3.3.3. Análises estatísticas	54

3.3.4. Estimativas de parâmetros genético-estatísticos	57
3.3.5. Depressão por endogamia	60
4. RESULTADOS	64
4.1. Progenies S ₁	64
4.1.1. Valores médios	64
4.1.2. Distribuições observadas	68
4.1.3. Análises agrupadas por local	69
4.1.4. Análises conjuntas	70
4.1.5. Estimativas de variância e coeficientes de herdabilidade	71
4.1.6. Progressos esperados com a seleção	75
4.2. Resultados dos "testcrosses" recíprocos	76
4.2.1. Valores médios e amplitudes dos valores observados	76
4.2.2. Análises de variância	78
4.2.3. Estimativas	80
4.2.4. Progressos esperados com a seleção de híbridos	81
4.2.5. Distribuição esperada de híbridos e "testcrosses"	83
5. DISCUSSÃO	85
5.1. Progenies S ₁	85
5.1.1. Valores médios e distribuições observadas	85
5.1.2. Parâmetros genético-estatísticos ..	93
5.2. Análise dos "testcrosses" recíprocos	97
5.2.1. Valores médios e distribuições observadas	98
5.2.2. Partição da variabilidade genética	101

Página

5.2.3. Estimativas de parâmetros genético-estatísticos	103
5.2.4. Seleção recorrente recíproca	105
5.2.5. Seleção de híbridos	111
6. CONCLUSÕES	117
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	119
TABELAS	138
FIGURAS	155
APÊNDICES	166

SELEÇÃO RECORRENTE COM ENDOGAMIA EM DUAS POPULAÇÕES
DE MILHO: AVALIAÇÃO QUANTITATIVA E PERSPECTIVAS
PARA SELEÇÃO DE HÍBRIDOS

Autor: Francisco Terasawa Junior

Orientador: Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho

RESUMO

O presente trabalho refere-se a: i) avaliação de progênies S_1 no quarto ciclo de seleção recorrente com endogamia nas populações de milho ESALQ PB-2 C3 e ESALQ PB-3 C3, com ênfase na determinação da depressão por endogamia; ii) avaliação de "testcrosses" recíprocos de progênies S_2 derivadas de ESALQ PB-2 C2 e ESALQ PB-3 C2, inferindo sobre a performance esperada de híbridos de linhagens endogâmicas.

No primeiro conjunto de experimentos, foram avaliadas 200 progênies de cada população em dois locais: Ponta Grossa (PR) e Rondonópolis (MT); as populações base não endogâmicas (S_0) e o híbrido comercial C511 foram incluídos. Para as populações bases ESALQ PB-2 e ESALQ PB-3, a depressão por endogamia [$DE = (\bar{S}_1 - \bar{S}_0) / \bar{S}_0$] estimada foi de -40,0% e -44,0% para produção de grãos (PG), -8,1% e -8,0% para altura de planta (AP) e -8,9% e -8,2% para altura de espiga (AE), respectivamente; os desvios $(S_1 - \bar{S}_0) / \bar{S}_0$ foram apresentados graficamente, com limites inferiores de:

-1,5% e -12,4% para PG; +13,4% e +15,6% para AP; e +18,0% e +16,6% para AE. Estimativas da média de uma amostra aleatória de linhas homozigotas, são também apresentadas. As estimativas de variância genética aditiva para ESALQ PB-2 (C3) e ESALQ PB-3 (C3) foram: 211 e 130 para PG (g/pl), 231 e 243 para AP (cm), e 131 e 105 para AE (cm), sob a suposição de igualdade de frequências alélicas ($p = q = 0,5$ para locos segregantes) e para as relações de $\sigma_A^2 : \sigma_D^2$ iguais a 2:1 para PG e 5:1 para AP e AE. Os coeficientes de variação genética foram da ordem de 15%, 7% e 9% para PG, AP, AE, respectivamente para as duas populações.

No segundo conjunto de experimentos, 171 "testcrosses" recíprocos (T) foram avaliados em um local (Cravinhos, SP), compondo 80 cruzamentos de ESALQ PB-2♀ x ESALQ PB-3 ♂ (T12) e 91 cruzamentos de ESALQ PB-3♀ x ESALQ PB-2 ♂ (T21), onde as fêmeas são representadas por progênies S_2 individuais e os machos pela mistura de pólen das progênies S_2 da população recíproca; o híbrido comercial C511 foi incluído como testemunha. As estimativas das médias do híbrido interpopulacional, em relação a testemunha, foram 97%, 102% e 106% para PG, AP e AE, respectivamente. Para a interpopulação, as estimativas de variância aditiva foram 304, 240 e 144 para PG (g/pl), AP (cm) e AE (cm), respectivamente. Os progressos esperados com a seleção de híbridos simples (HS), híbridos triplos (HT) e híbridos duplos (HD) de linhagens completamente endogâmicas foram, respectiva-

mente: 27,2%, 21,0% e 15,0%, para a relação $(\sigma_A^2:\sigma_D^2) = 1:1$; e 23,0%, 18,0% e 13,0% para a relação 2:1. Os progressos esperados com a seleção de híbridos são também apresentados para altura de planta, altura de espiga e para híbridos de linhagens com endogamia parcial. As médias preditas dos melhores "testcrosses" (progênies S_2), HS, HT, HD (linhagem $F=1$) foram iguais a 130%, 154%, 145% e 137%, respectivamente, à produção da testemunha C511, para $(\sigma_A^2:\sigma_D^2) = 1:1$.

RECURRENT SELECTION WITH INBREEDING IN TWO MAIZE
POPULATIONS: QUANTITATIVE EVALUATION AND PERSPECTIVES
FOR HYBRID SELECTION

Author: Francisco Terasawa Junior

Adviser: Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho

SUMMARY

The present work was carried out for: i) evaluation of S_1 progenies in the fourth cycle of recurrent selection with inbreeding in the maize populations ESALQ PB-2 C3 and ESALQ PB-3 C3, with emphasis for inbreeding depression determination; ii) evaluation of reciprocal testcrosses of S_2 progenies derived from ESALQ PB-2 C2 and ESALQ PB-3 C2, followed by inferences on the expected performance of hybrids from inbred lines.

In the first set of experiments, 200 S_1 progenies from each population were evaluated at two locations: Ponta Grossa (PR) and Rondonópolis (MT); the non-inbred (S_0) base populations and the hybrid check C-511 were included. For the base populations ESALQ PB-2 and ESALQ PB-3, the inbreeding depression [$I = (\bar{S}_1 - \bar{S}_0) / \bar{S}_0$] was estimated as -40.0% and -44.0% for grain yield (GY), -8.1% and -8.0% for plant height (PH) and -8.9% and -8.2% for ear height (EH), respectively; the deviations $(S_1 - \bar{S}_0) / \bar{S}_0$ were

shown graphically and the lower limits were -1.5% and -12.4% for GY, +13.4% and +15.6% for PH and +18.0% and +16.0% for EH. Estimates of the expected mean of a random sample of homozygous lines, are also shown. The estimates of the additive genetic variance for ESALQ PB-2 (C3) and ESALQ PB-3 (C3) were: 211 and 130 for GY (g/pl), 231 and 243 for PH (cm) and 131 and 105 for EH (cm), under the assumption of equal allele frequency ($p = q = 0,5$ for segregating loci) and ratios of $\sigma_A^2 : \sigma_D^2$ of 2:1 for GY and 5:1 for PH and EH. The genetic coefficients of variation were of the order of 15%, 7% and 9% for GY, PH and EH, respectively, for both populations.

In the second set of experiments, 171 reciprocal testcrosses (T) were evaluated at one location (Cravinhos, SP), comprising 80 crosses of ESALQ PB-2 ϕ x ESALQ PB-3 δ (T12) and 91 crosses of ESALQ PB-3 ϕ x ESALQ PB-2 δ (T21) where the females are represented by individual S_2 progenies and the males by a mixture of S_2 progenies for each population; the hybrid check C-511 was included. The estimates of the interpopulation hybrid means relative to check mean were 97%, 102% and 106% per GY, PH and EH, respectively. For the interpopulation the estimates of the additive genetic variance were 304, 240 and 144 for GY (g/pl), PH (cm) and EH (cm), respectively. The expected gain from selection for grain yield of single-crosses (SC), three-way crosses (TC) and double crosses (DC) from

completely homozygous lines were, respectively: 27.2%, 21.0% and 15.0% for the ratio $(\sigma_A^2:\sigma_D^2)$ 1:1; and 23.0%, 18.0% and 13.0% for the ratio 2:1. Expected gains for hybrid selection are also shown for PH and EH and for hybrids from partially homozygous lines. The predicted mean of the best testcrosses (S_2 progenies), SC, TC and DC (inbred lines $F=1$) outyielded the check (C-511) mean by 130%, 154%, 145% and 137%, respectively, for the ratio $(\sigma_A^2:\sigma_D^2) = 1:1$.

1. INTRODUÇÃO

A possibilidade de integração de programas de seleção recorrente a métodos de obtenção de híbridos, melhorando as populações-fonte de linhagens, tem sido sugerida na literatura, uma vez demonstrada a presença de suficiente variabilidade genética nas populações (ROBINSON et alii, 1955) e confirmada a tendência de estabelecimento de platôs em programas de média e longa duração (COMSTOCK, 1964).

Desta forma, a avaliação e recombinação de progênies endogâmicas em programas de seleção recorrente têm se mostrado uma boa opção para o melhoramento populacional, pois além de promover ganhos nas populações base, proporciona a redução na depressão por endogamia, permitindo a seleção de linhagens mais vigorosas. Este aspecto é de alta relevância, especialmente em programas de obtenção de híbridos simples e triplos, nos quais estão envolvidas linhagens endogâmicas na produção do híbrido final.

Quando analisado o progresso obtido na capacidade de combinação, entretanto, estudos teóricos e resultados experimentais têm indicado a superioridade dos esquemas de seleção recorrente recíproca sobre os métodos intrapopulacionais. No primeiro caso, a prática da seleção visa diretamente o comportamento do híbrido interpopulacional, atuando preferencialmente tanto sobre a capacidade geral como específica de combinação (COMSTOCK et alii, 1949).

Outro ponto importante é a possibilidade de estimação dos componentes aditivos da variância interpopulacional, através da seleção recorrente recíproca, permitindo a predição do progresso esperado com a seleção, bem como a determinação das distribuições esperadas dos híbridos a serem obtidos, assumindo-se um valor hipotético para a variância dominante. A análise destes resultados, em associação ao conhecimento das performances "per se" das linhagens endogâmicas parentais é, desta forma, um bom indicativo do potencial das duas populações para obtenção de híbridos.

No sentido de aumentar a integração seleção recorrente - seleção de híbridos, bem como de avaliar o potencial das duas populações ESALQ PB-2 e ESALQ PB-3 neste contexto, traçaram-se os seguintes objetivos para o presente estudo:

a) Avaliar a performance "per se" das populações ESALQ PB-2 (C3) e ESALQ PB-3 (C3) em conjunto com as progênes S_1 delas derivadas, relativas ao quarto ciclo de seleção com progênes endogâmicas.

b) Predizer a média do conjunto de linhagens totalmente endogâmicas que serão extraídas da ESALQ PB-2 (C3) e ESALQ PB-3 (C3).

c) Determinar as médias e os componentes de variância referentes aos "testcrosses" recíprocos de linhagens S_2 , derivados de ESALQ PB-2 (C2) e ESALQ PB-3 (C2).

d) Predizer a performance esperada dos diversos tipos de híbridos a serem obtidos do cruzamento ESALQ PB-2 (C2) x ESALQ PB-3 (C2).

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Seleção Recorrente

Seleção recorrente, denominação proposta por HULL (1945), refere-se a um conjunto de metodologias conduzidas de maneira cíclica, baseada na seleção e intercruzamento de indivíduos. O melhoramento é promovido de forma contínua, sendo função do aumento gradativo da frequência de alelos favoráveis na população (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1987).

Segundo HALLAUER (1980), cada ciclo de recorrência é composto por três fases: a) obtenção de genótipos; b) avaliação e seleção de genótipos; c) recombinação de genótipos, sendo que, em alguns métodos como a seleção massal, por exemplo, estas fases podem estar sobrepostas em uma ou duas fases.

MOLL & STUBER (1974) dividiram os métodos de seleção recorrente em dois grupos: métodos intrapopulacionais, visando o melhoramento "per se" das populações e métodos interpopulacionais, onde a seleção visa o melhoramento do híbrido interpopulacional. Apesar de possuírem objetivos principais distintos, espera-se que tanto o melho-

ramento intrapopulacional como o interpopulacional promovam respostas positivas nas populações "per se" bem como em combinações híbridas, haja visto a maior importância de efeitos aditivos sobre caracteres quantitativos em milho (HALLAUER, 1984; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

São vários os processos de seleção recorrente descritos na literatura, sendo que revisões sobre os diversos métodos podem ser encontrados em PENNY et alii (1963), LONNQUIST (1965) e mais recentemente em PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987), HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988); HALLAUER et alii (1988) e PANDEY & GARDNER (1993). Neste ítem serão abordados alguns fatores que afetam a eficiência da seleção recorrente, tomando-se por base a expressão do progresso esperado com a seleção, a qual permite também estabelecer comparações entre os diferentes processos seletivos (EBERHART, 1970; PATERNIANI, 1980; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981; MIRANDA FILHO, 1985; PATERNIANI, 1990). A expressão chave proposta por EBERHART (1970) é a seguinte:

$$G_s = \frac{1}{y} \cdot p \cdot ds \cdot H, \text{ onde:}$$

G_s : progresso esperado com a seleção por ano;

p : valor associado ao grau de controle parental exercido;

ds : diferencial de seleção, representado pela diferença entre a média de indivíduos selecionados e a média populacional ($\bar{x}_s - \bar{x}$); para a seleção truncada $ds = k \cdot \sigma_F$, onde k é o diferencial de seleção estandarizado, função da intensidade de seleção aplicada; σ_F é desvio padrão fenotípico da unidade de seleção;

H: coeficiente de herdabilidade estimado por σ_g^2/σ_f^2 , onde σ_g^2 é a variância genética aditiva e σ_f^2 a variância fenotípica da unidade de seleção;
 y: número de anos necessários por ciclo de seleção.

Partindo-se de um material geneticamente variável, a magnitude da variância aditiva explorável é função do método de seleção adotado. O número de anos necessários para um ciclo de seleção (y) varia em função do método e da possibilidade de utilização de gerações de inverno, nas fases de obtenção e recombinação das progênes. A redução do valor de y, através de plantios no inverno é colocada por EBERHART (1970) como fator importante para melhorar a eficiência do método. Propõe-se, também, o emprego de maior número de locais para avaliação, em detrimento do número de repetições por local e do tamanho da parcela. O uso de altas intensidades de seleção, pode acarretar, entretanto, possíveis problemas de deriva genética e aumentos na endogamia da população, associados ao baixo tamanho efetivo populacional. Segundo VENCOVSKY (1987), o tamanho efetivo mantido em programas de seleção recorrente é função do número e do tipo de progênes recombinadas.

Nos itens 2.2.1 e 2.2.2 serão estabelecidas comparações entre os métodos de seleção com progênes endogâmicas e demais processos seletivos, considerando-se aspectos teóricos e os resultados descritos na literatura.

2.2. Seleção recorrente com progênies endogâmicas

2.2.1. Aspectos gerais

A utilização do método de seleção recorrente com progênies endogâmicas tem sido relatada desde a década de 60, em milho, com trabalhos de BOJANOWSKI (1967) PENNY et alii (1967) visando resistência a *Ustilago maydis* (carvão da espiga) e "European Corn Borer", respectivamente. Maior ênfase a este esquema de seleção, contudo, tem sido dada nas últimas duas décadas. Uma das razões colocadas por HALLAUER et alii (1988) seria a maior importância dos efeitos aditivos com dominância completa e parcial, do que outros tipos de efeitos gênicos em populações de milho.

A relação entre os tipos de ação gênica controlando o caráter e os métodos de melhoramento adotados foi discutida por COMSTOCK (1964). Na ausência de sobredominância, a seleção com progênies endogâmicas mostrou-se o método mais eficiente em alterar as frequências gênicas da população.

Comparado aos demais processos seletivos, o método de seleção com progênies endogâmicas apresenta o maior coeficiente de variância aditiva explorável na seleção, com valor igual a 1 para progênies S_1 e 1,5 para progênies S_2 (COMSTOCK, 1964; EMPIG et alii, 1972; HALLAUER, 1980; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981). Além da variância

aditiva, é computado na expressão do progresso com a seleção o componente D_1 , definido por COCKERHAM (1983) como a covariância entre os efeitos aditivos e dominantes dos homozigotos. As expressões do progresso com a seleção de progênies endogâmicas (S_1 e S_2) são fornecidas por SOUZA Jr. (1989), onde:

$$G_{S_1} = \frac{i}{\sigma_{x_1}} \left[\sigma_A^2 + \frac{1}{2} D_1 \right]$$

$$G_{S_2} = \frac{i}{\sigma_{x_2}} \left[\frac{3}{2} \sigma_A^2 + \frac{5}{4} D_1 \right]$$

Em se tratando de uma covariância, o componente D_1 pode assumir valores positivos, negativos ou nulo, sendo função das frequências gênicas na população e do grau de dominância do caráter. Em populações onde a frequência de alelos desfavoráveis é superior a frequência de alelos favoráveis, bem como em algumas situações específicas aonde prevalece a sobredominância, o componente D_1 é negativo, reduzindo a variância genética explorável com a seleção (COORS, 1988; FERNANDES, 1990). Sua magnitude em populações de milho, contudo, é pouco conhecida. Resultados experimentais de COORS (1988), no sintético 3L Comp, revelaram estimativa de D_1 e de magnitude semelhante a variância aditiva, em termos absolutos, para produção de grãos.

Com respeito ao tamanho efetivo populacional (N_e), entre os métodos intrapopulacionais, os menores valores de N_e são obtidos para a seleção recorrente com progê-

nies endogâmicas, comparando-se o mesmo número de progênies selecionadas. Para a seleção com progênies S_1 , o tamanho efetivo populacional equivale ao número de progênies recombinadas ($N_e \cong N$), sendo inferior em relação a seleção com progênies de irmãos germanos ($N_e \cong 2N$) e com progênies de meios irmãos ($N_e \cong 4N$) (VENCovsky, 1987).

Como salientado por HALLAUER (1984), a maioria dos programas de seleção recorrente com recombinação de progênies endogâmicas tem adotado altas intensidades de seleção, restringindo o tamanho efetivo populacional. Além da perda e fixação aleatória de alelos devido a deriva genética, podem ser gerados problemas devido ao acréscimo da endogamia da população.

Em estudos anteriores, BAKER & CURNOW (1969) determinaram que valores de tamanho efetivo da ordem de 35 a 40 seriam suficientes para assegurar progressos tanto a curto quanto a longo prazo, em programas de seleção recorrente. SMITH (1983) mostrou efeitos evidentes da deriva genética, em populações mantidas com tamanho efetivo igual a 10. O nível de endogamia populacional (F) é estimado pela relação: $F = 1/2N_e$ (FALCONER, 1960).

Os efeitos depressivos causados pelo acréscimo de 1% na endogamia, em populações de milho, foram determinados por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981), obtendo-se reduções médias de 50 kg/ha, para produção de grãos, 0,40 cm para altura de planta e 0,30 cm para altura de espiga.

Foram assumidos decréscimos lineares com o aumento da endogamia populacional.

Entre os caracteres avaliados em milho, a produção de grãos tem se mostrado o mais sensível aos efeitos da endogamia (JONES, 1918, 1939; HALLAUER & SEARS, 1973; GOOD & HALLAUER, 1977; MARQUES, 1988). Jones (1939), citado por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981), relatou decréscimos na produção da ordem de 79% após 30 gerações de autofecundação, com valores crescentes de depressão por endogamia até a 20ª geração. As médias de altura de planta, no entanto, foram reduzidas em 29%, estabilizando-se por volta da 5ª geração de autofecundação. Tendências semelhantes foram encontradas por HALLAUER & SEARS (1973) e GOOD & HALLAUER (1977), submetendo a população BSSS a sucessivas gerações de autofecundação. Tais resultados são atribuídos aos maiores níveis de dominância gênica, aliados a alta complexidade do caráter produção de grãos.

A relação entre depressão por endogamia e heterozigose, como colocado por MOLL & STUBER (1974) foi corroborada por MEGHII et alii (1984) avaliando híbridos oriundos de três eras de melhoramento (1930, 1950 e 1970), em conjunto com suas linhagens parentais e suas respectivas gerações F_2 . Ao lado de acréscimos da ordem de 2.000 kg/ha na heterose ($F_1 - \bar{P}$), a depressão por endogamia ($\bar{F}_1 - \bar{F}_2$) foi elevada em 1250 kg/ha, com o transcorrer das décadas de melhoramento. Resultados semelhantes foram obtidos por

LAMKEY & SMITH (1987), avaliando a depressão por endogamia em sintéticos representativos de sete eras de melhoramento (antes de 1930 e as 6 décadas subsequentes). A melhoria na performance das populações S_0 , de seus "bulks" de S_1 , bem como os aumentos na diferença ($S_0 - S_1$) com o decorrer das décadas foram atribuídos a dois fatores: a) maior número de locos das populações segregantes; b) baixos valores de frequência de alelos favoráveis ($\bar{p} < 0,5$) nas populações originais, sendo aumentadas nas populações mais modernas.

Cabem aqui algumas colocações do ponto de vista teórico. Os progressos obtidos nas performances populacionais não necessariamente conduzem a uma redução na depressão por endogamia da população (SOUZA Jr., 1985; FERNANDES, 1990). O progresso obtido nas linhagens é função da covariância $\sigma_{A_F A_O}$ (SOUZA Jr., 1985) e não diretamente da variância aditiva. Este autor, utilizando o modelo de um loco com dois alelos e considerando dominância completa, determinou acréscimos na depressão quando a frequência do alelo favorável (p) foi inferior a do alelo desfavorável (q); em situação oposta, obteve-se decréscimo na depressão por endogamia.

Um aspecto positivo à utilização do método de seleção com progênie endogâmica é a possibilidade de se selecionar contra alelos letais e deletérios presentes na população, reduzindo sua carga genética e possibilitando, assim, a extração de linhagens mais vigorosas (HALLAUER,

1980; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981). As populações de milho disponíveis no Brasil apresentaram, de um modo geral, acentuada carga genética, refletindo em altos valores de depressão por endogamia (Tabela 1).

Ao lado da importância do melhoramento das populações "per se" via seleção recorrente (MIRANDA FILHO, 1985; PATERNIAI, 1985), é salientado por HALLAUER (1990) a necessidade de um direcionamento destas metodologias visando uma maior integração em programas de desenvolvimento de linhagens e híbridos. Apesar de ser enquadrado dentro dos métodos intrapopulacionais, a seleção recorrente com progênes endogâmicas apresenta-se como uma boa alternativa para o melhoramento das populações brasileiras, pois além de enfatizar a extração de linhagens mais vigorosas, é compatível com programas para obtenção de linhagens, utilizadas em híbridos (HALLAUER, 1980; MIRANDA FILHO, 1981; HALLAUER, 1990).

Um programa integrado, desta natureza, foi sugerido por MIRANDA FILHO (1981), avaliando progênes S_2 e, posteriormente, os "testcrosses" das progênes selecionadas. Utilizando-se duas gerações por ano, cada ciclo de seleção é completado em dois anos, alternando-se assim, as avaliações para performance "per se" e capacidade de combinação, ano a ano. O esquema detalhado é apresentado por MIRANDA FILHO (1981) e MARQUES (1988).

Tabela 1. Estimativas percentuais da depressão por endogamia e intervalo de variação do desvio $100.(\bar{S}_1 - \bar{S}_0)/\bar{S}_0$ em várias populações, para produção de grãos.

Populações	Média	Intervalo de variação (%)	Referência
Várias populações	-45,8	-	(1)
Várias populações	-40,5	-	(2)
CMS 05 C ₀	-42,5	-18,6 a -66,0	(3)
CMS 05 C ₁	-38,9	-17,9 a -58,4	(3)
Centralmex	-36,7	-11,6 a -67,4	(4)
ESALQ PB-2 C ₂	-43,7	-15,2 a -76,3	(5)
ESALQ PB-3 C ₂	-49,4	-22,5 a -76,1	(5)
SUWAN - DMR	-42,4	-	(6)
Composto Thai	-42,3	-	(6)
EE1	-46,2	+30,2 a -91,4 <u>a/</u>	(7)
EC4	-46,2	- 9,4 a -81,7 <u>a/</u>	(7)

(1) VIANA et alii (1982); (2) LIMA et alii (1984); (3) MORO (1982); (4) MOTA (1974); (5) MARQUES (1988); (6) LIMA et alii (1982); (7) NASS (1992).

a/ Comunicação pessoal.

2.2.2. Resultados comparativos a outros processos seletivos

Os métodos de seleção recorrente com progênie endogâmicas têm, de um modo geral, se mostrado eficientes no melhoramento do caráter produção de grãos. Comparado a outros processos seletivos, entretanto, consistente superioridade do método é detectada apenas na redução da depressão por endogamia da população, aumentando a produtividade de seus "bulks" de S_1 e de suas progênie de autofecundação (GENTER & ALEXANDER, 1966; BURTON et alii, 1971; WEST et alii, 1980, entre outros), conforme a Tabela 2. A maior redução na depressão por endogamia com a seleção de progênie endogâmicas deve-se ao fato do método enfatizar a contribuição dos locos homozigotos (HALLAUER et alii, 1988), aumentando a possibilidade de fixação gênica.

TANNER & SMITH (1987) determinaram que a depressão por endogamia, após oito ciclos de seleção com progênie "testcrosses" (SRTC), foi similar a quatro ciclos de seleção com progênie S_1 (SRS₁), na variedade BKS. WEST et alii (1980) e, posteriormente, ODHIAMBO & COMPTON (1989), obtiveram diferenças significativas nas performances dos "bulks" de S_1 , comparando programas de seleção recorrente com progênie S_1 (SRS₁) a seleção recorrente recíproca com progênie de irmãos germanos (SRRIG) nas populações NBS, NSS, NKS. HORNER et alii (1985) concluíram que o método

SRS₂ resultou em menores depressões por endogamia, ao lado de maiores produções preditas da população totalmente endógama ($F=1$), quando comparado a seleção com "testcrosses", em FS8A e FS8B.

Cabe salientar que o método com avaliações de "testcrosses" (SRTC), bem como programas de seleção recorrente recíproca (SRR) utilizam progênies endogâmicas para fins de recombinação, possibilitando assim, a exposição de alelos deletérios recessivos, durante esta fase. Entretanto, metodologias que não envolvem autofecundação durante qualquer fase do ciclo de recorrência, tenderam a manter a carga genética presente na população. MULAMBA et alii (1983), avaliando os efeitos da seleção massal em BSK, detectaram decréscimos de produção das progênies S₁, após 14 ciclos de seleção. A população "per se", entretanto apresentou progressos da ordem de 0,5% ao ciclo (Tabela 2).

Com relação ao melhoramento da população "per se", resultados divergentes têm sido descritos na literatura comparando a eficiência da seleção com progênies endogâmicas a outros processos seletivos (Tabela 2). Considerada apenas a proporção de variância aditiva explorável, a seleção com progênies endogâmicas deveria resultar em progressos significativamente superiores à seleção com outros tipos de famílias (HALLAUER, 1980; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981). Fatores como baixo tamanho efetivo mantido nas populações, a

maior eficiência na fixação gênica, a possível presença de variância não aditiva em alguns locos (particularmente em germoplasmas elites) e a magnitude e sinal do componente D_1 , poderiam explicar parte dos resultados insatisfatórios obtidos com o método (HALLAUER, 1984; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988; HALLAUER et alii, 1988; SOUZA Jr., 1989).

BURTON et alii (1971) reportaram a maior eficiência da seleção com progênes S_1 do que o uso de progênes "testcrosses", após quatro ciclos de seleção em BKS. Resultados opostos seriam obtidos por HORNER et alii (1973), comparando os métodos SRS_2 e SRTC, na população Flórida 767. A seleção com progênes S_2 acarretou uma redução significativa da produtividade "per se" da população, durante os dois primeiros ciclos de seleção. O nível de endogamia populacional foi acrescido em 31,6%, ao final de cinco ciclos de SRS_2 , superando em 50% o valor apresentado por SRTC.

WEST et alii (1973) relataram a superioridade de dois ciclos de STS_1 , quando comparada a SRRIG, em aumentar a produção das populações "per se". Em trabalho posterior, completados cinco ciclos de seleção, ODHIAMBO & COMPTON (1989) não detectaram diferenças significativas entre os dois métodos. Foram observados efeitos da deriva genética, causados em parte, pelo baixo número de progênes recombinadas ($N_e = 10$).

Tabela 2. Resultados comparativos de diversos ciclos de seleção empregando se diferentes metodologias de seleção recorrente.

População	Método de seleção	Nº ciclos	Progressos obtidos por ciclo (%)			Referência
			'per se'	Média S ₁	Capac. combin.	
CBS	SRT	2	-	9,0	-	GENTER & ALEXANDER (1966)
	SRS ₁	2	-	15,7	-	
VLE	SRT	2	-0,7	-	0,8	GENTER (1973)
	SRS ₁	2	1,2	-	0,6	
VCBS	SRT	2	1,4	-	2,3	GENTER (1973)
	SRS ₁	2	7,2	-	3,3	
BSK	SRT	4	1,6	3,0	1,4	BURTON et alii (1971)
	SRS ₁	4	4,1	9,7	2,7	
BSK	SM	14	-	-0,86	-	MULAMBA et alii (1983)
	SRT	8	-	7,9	-	
	SRS ₁	8	-	8,7	-	
BSK	SRT	8	4,0	5,2	-	TANNER & SMITH (1987)
	SRS ₁	8	2,9	6,1	-	
NBS	SRRIG	2	-0,7	1,8	-	WEST et alii (1980)
	SRS ₁	2	6,0	12,2	-	
NSS	SRRIG	2	2,2	-2,8	-	WEST et alii (1980)
	SRS ₁	2	4,4	11,7	-	
NKS	SRRIG	2	4,4	4,8	-	WEST et alii (1980)
	SRS ₁	2	8,3	12,4	-	

Continua...

Tabela 2. Continuação...

População	Método* de seleção	Nº ciclos	Programas obtidos por ciclo (%)			Referência
			'per 'se'	Média S ₁	Capac. combin.	
NBS	SRRIG	5	-	0,8	-	ODHIAMBO & COMPTON (1989)
	SRS ₁	5	-	1,9	-	
NSS	SRRIG	5	-	4,7	-	ODHIAMBO & COMPTON (1989)
	SRS ₁	5	-	6,8	-	
NKS	SRRIG	5	-	2,8	-	ODHIAMBO & COMPTON (1989)
	SRS ₁	5	-	7,4	-	
BSSS	SRRMI	10	3,8	4,6	-	HELMS (1986)
	SR(T+S ₁ +S ₂)	11	3,5	5,8	-	
BS13 ^{a/}	SRT	7	5,3	4,9	-	HELMS (1986)
	SR(S ₁ -S ₂)	4	<0,1	4,4	-	
Fla.767	SRT	5	-	-	3,4 ^{c/}	HORNER (1973)
	SRS ₂	5	-	-	2,4	
FS8A ^{b/}	SRTS ₂	0-3	-	-	4,6	HORNER (1985)
FS8B	SRS ₂	0-3	-	-	4,0	
FS8A ^{b/}	SRTS ₂	3-4	-	-	4,7 ^{c/}	HORNER et alii (1989)
FS8B	SRS ₂	3-4	-	-	3,0	
3LComp	SR(MI+S ₁)	4	4,0	9,8	0,8	COORS (1988)

^{a/} Os quatro ciclos de seleção com progênie endogâmica sucederam aos 7 ciclos de seleção baseados em testcrosses.

^{b/} Estimativas médias para as duas populações.

^{c/} Média dos testcrosses com diferentes testadores.

* Seleção recorrente com progênie S₁ (SRS₁); seleção recorrente recíproca de meios irmãos (SRRMI); seleção recorrente com testcrosses (SRT).

TANNER & SMITH (1987) relataram tendência semelhante quanto a performance da população BSK "per se". Após quatro ciclos de seleção maiores produtividades foram obtidas com SRS_1 , sendo que, ao final de oito ciclos, o método SRTC mostrou-se mais eficiente em aumentar a média do caráter. Foram estimados os decréscimos na produtividade devido ao reduzido tamanho populacional, sendo da ordem de 2,24 t/ha e 1,15 t/ha nas populações conduzidas por SR (S_1 e S_2) e SRTC, respectivamente, após oito ciclos de seleção. As maiores reduções acarretadas pelo método SR (S_1 e S_2) foram atribuídas a maior eficiência do método em eliminar alelos letais e deletérios recessivos, e a recombinação de progênies S_2 no sétimo e oitavo ciclo de seleção.

A possibilidade de melhoramento na capacidade de combinação da população, através de esquemas de seleção com progênies endogâmicas tem sido relatada na literatura, baseada nas evidências da maior importância de efeitos genéticos, controlando caracteres quantitativos.

GENTER & ALEXANDER (1962) discutiram o potencial da avaliação de progênies S_1 na identificação de genótipos mais produtivos, quando em combinações híbridas. Posteriormente, GENTER & ALEXANDER (1966) sugeriram que a seleção visual para caracteres agronômicos associada a avaliações para produtividade em progênies S_1 , poderiam se mostrar mais eficientes do que a utilização de "test-crosses", em gerações precoces de autofecundação. As con-

clusões dos autores basearam-se em avaliações "per se" das progênes S_1 . Resultados posteriores, entretanto, não tem mostrado consistente superioridade da seleção com progênes endogâmicas em aumentar a capacidade de combinação das populações.

BURTON et alii (1971) e GENTER (1973) constataram que a SRS_1 foi significativamente mais eficiente que SRTC em aumentar a capacidade de combinação das populações BSK e VCBS com quatro e dois ciclos, respectivamente. Entretanto, HORNER et alii (1973) avaliando a população Flórida 767, relataram a menor eficiência da SRS_2 comparada a SRTC, empregando tanto testadores de base genética ampla, como restrita. Os autores acreditam que o método SRS_2 não foi eficiente em fixar alelos dominantes favoráveis, na população. Mais recentemente, TANNER & SMITH (1987) não detectaram diferenças significativas entre oito ciclos de SR (S_1 e S_2) e SRTC, no melhoramento da capacidade combinatória da população BSK. Foram utilizados, neste estudo, os mesmos testadores empregados no programa SRTC.

Resultados interessantes foram reportados por COORS (1988) avaliando a performance do sintético 3L Comp, após quatro ciclos de seleção combinada envolvendo progênes de meios-irmãos e progênes S_1 , avaliadas e selecionadas simultaneamente. A ausência de melhoramento na capacidade de combinação da população foi relacionada à estimativa grande e negativa do componente D_1 , $-309 (g/pl)^2$,

de valor absoluto superior a variância aditiva, $293 (g/pl)^2$, para produção de grãos. Sob estas condições, o autor conclui que o melhoramento simultâneo das linhagens "per se" e de sua combinação em "tescrosses" pode se tornar difícil.

As conclusões de COORS (1988) podem elucidar algumas respostas negativas obtidas no melhoramento da capacidade de combinação, quando praticada a seleção com progênes endogâmicas. Sabe-se que a relação de parentesco entre progênes S_1 e seus "testcrosses" não é apenas função da variância dos efeitos aditivos (σ_A^2) mas também da covariância entre os efeitos aditivos e dominantes dos homozigotos (D_1). Ao nível intrapopulacional, COCKERHAM & WEIR (1984) determinaram que a covariância genética entre progênes S_1 e progênes de meios-irmãos intrapopulacionais ($F=0$) é a seguinte:
$$Cov (S_1, MI) = \frac{1}{2} \sigma_A^2 + \frac{1}{4} D_1.$$

Outras hipóteses, entretanto, têm sido formuladas a fim de explicar a menor eficiência da seleção com progênes endogâmicas em melhorar a capacidade de combinação e a performance em cruzamentos híbridos. HORNER et alii (1989) argumentam sobre a importância da ação gênica recíproca de combinação das populações FS8A e FS8B. Segundo HALLAUER et alii (1988) a possibilidade de sobredominância em alguns locos, principalmente em fontes de germoplasma elite, não pode ser descartada.

ODHIAMBO & COMPTON (1989) sugerem que tanto a

ação gênica aditiva e não aditiva (incluindo sobredominância e efeitos de ligação) devem estar envolvidos na superior resposta apresentada pela SRRIG, comparada a SRS_1 , em aumentar a performance do híbrido interpopulacional, bem como da heterose manifestada no cruzamento das populações selecionadas. Estes resultados poderiam ser esperados, uma vez que os métodos de seleção recorrente recíproca enfatizam a performance do híbrido interpopulacional, capitalizando tanto a capacidade geral como a específica de combinação, conforme proposto por COMSTOCK et alii (1949).

2.3. Seleção de Híbridos

Desde que o sistema endogamia-hibridação proposto por SHULL (1908, 1909) mostrou-se viável de ser aplicado comercialmente (JONES, 1918), vários aspectos conceituais e metodologias têm, ao longo do tempo, contribuído para aumentar a eficiência da seleção entre híbridos. As primeiras contribuições relevantes referem-se ao uso de testcrosses para avaliação da capacidade de combinação (DAVIS, 1927), a possibilidade de predição de médias de híbridos duplos (JENKINS, 1934) e a introdução do teste precoce para capacidade de combinação (JENKINS, 1935; SPRAGUE, 1946; LONNQUIST, 1950).

As definições dos efeitos da capacidade geral e específica de combinação, associados a esquemas

dialélicos (SPRAGUE & TATUM, 1942) constituíram-se a base para o desenvolvimento de novas metodologias específicas para avaliação da performance de conjuntos de linhagens e populações de polinização livre (GRIFFINGS, 1956; FYFE & GILBERT, 1963; GARDNER & EBERHART, 1966; MIRANDA FILHO & GERALDI, 1980, 1984; GERALDI & MIRANDA FILHO, 1988). Neste contexto, o esquema de cruzamento dialélico parcial circulante (KEMATHORNE & CURNOW, 1961) adaptado por MIRANDA FILHO para o nível interpopulacional (informação pessoal) tem se mostrado eficiente para a avaliação da capacidade de combinação em linhagens provenientes de duas populações (GONÇALVES, 1987; DANTE, 1988; DANTAS, 1992).

Do ponto de vista conceitual, os trabalhos de COMSTOCK (1961) e COMSTOCK (1964) forneceram as bases teóricas que proporcionaram o melhor entendimento do sistema endogamia-hibridação.

COCKERHAM (1961), relacionando a variabilidade genética expressa entre híbridos e o progresso esperado com a seleção, demonstrou o maior potencial da seleção sobre híbridos simples, comparada a híbridos triplos e duplos, para a mesma população de referência e igual nível de endogamia dos parentais. A vantagem da seleção de híbridos simples é amplificada com o aumento do grau de dominância e na presença de variação epistática. Segundo o autor, o maior nível de endogamia das linhagens parentais é refletido em acréscimos na variabilidade genética entre híbridos.

Baseado na superioridade de híbridos simples sobre híbridos triplos e duplos (COCKERHAM, 1960), bem como na eficiência do teste precoce para capacidade de combinação SPRAGUE (1946); LONNQUIST (1950), HALLAUER (1967) e LONNQUIST & WILLIAMS (1967) propuseram uma metodologia para isolamento e teste de híbridos simples, onde são avaliadas progênes de irmãos germanos (híbridos duplos "cripticos") a cada geração de autofecundação das linhagens. Esta técnica mostrou-se efetiva no desenvolvimento de híbridos simples de alta produtividade (HALLAUER, 1973) e na geração de linhagens com alta capacidade geral e específica de combinação (HOEGEMEYER & HALLAUER, 1976). No Brasil, estudos sobre a eficiência do método de híbridos crípticos tem sido relatados (MAGNAVACA, 1977; ZINSLY et alii, 1977; MIRANDA FILHO, 1979; GERARDI et alii, 1986).

Além do método de híbridos crípticos, outras metodologias têm sido propostas a fim de selecionar linhagens com maior capacidade de combinação durante o processo de autofecundação, tais como: avaliação de progênes cruzadas com uma linhagem específica e a seleção de testcrosses recíprocos interpopulacionais, enfatizando a seleção sobre efeitos aditivos (SOUZA Jr. & MIRANDA FILHO, 1981).

Um aspecto interessante nas metodologias propostas por HALLAUER (1967), LONNQUIST & WILLIAMS (1967), HALLAUER (1970) e SOUZA Jr. & MIRANDA FILHO (1981) reside na possibilidade de predição do comportamento de híbridos de

linhagens derivadas das populações em estudo, baseado nas formulações de COCKERHAM (1961).

Entretanto, estudos desta natureza, envolvendo predições da performance de híbridos com base em seus componentes de variação genética são raros, na literatura. Tais avaliações podem ser úteis na determinação de populações base para programas de desenvolvimento de híbridos, como complemento à performance média no híbrido intervarietal. Resultados da literatura demonstraram que o comportamento médio de um cruzamento intervarietal não pode ser correlacionado à variabilidade genética presente dentro deste cruzamento. MIRANDA FILHO et alii (1984) obtiveram para a interpopulação "ESALQ PB-1 x BR-105", produção média de 130 (g/pl) e variância entre progênies de irmãos-germanos da ordem de 86,4 (g/pl)². Em trabalho anterior, MIRANDA FILHO (1979) obteve média de 125,8 (g/pl) e variância entre progênies de irmãos germanos igual a 248,1 (g/pl)² no híbrido "Piranão VD-2 x Piranão VF-1". Já, para o cruzamento entre "ESALQ PB-2" x "ESALQ PB-3", tais valores foram de 108,6 (g/pl) e 167,5 (g/pl)², respectivamente (GERALDI et alii, 1986).

Cabe salientar que a variabilidade genética expressa entre progênies de irmãos germanos ou híbridos crípticos ($S_o \times S_o$) é equivalente a variação manifestada entre híbridos duplos de linhagens totalmente endogâmicas, para a mesma população (VENCOVSKY et alii, 1988). A pre-

dição da performance de outros tipos de híbridos, avaliando-se apenas um tipo de progênie, exige, contudo, a formulação de hipóteses para a relação σ_D^2/σ_A^2 .

SOUZA Jr. et alii (1980), utilizando deste artifício, determinaram os progressos esperados com a seleção de híbridos simples, triplos e duplos, derivados de linhagens totalmente endogâmicas, para o cruzamento entre "ESALQ VF-1" e "ESALQ VD-2". As variâncias genéticas entre híbridos foram determinadas fazendo-se analogia aos componentes intrapopulacionais, como apresentados por COCKERHAM (1961).

Em estudo posterior, SOUZA Jr. (1987) decom pôs a variância genética entre híbridos, ao nível interpopulacional, discutindo suas consequências sobre os progressos esperados com a seleção. Um dos pontos interessantes enfatizado por SOUZA Jr. é a viabilidade de utilização de híbridos simples e triplos modificados, em substituição aos respectivos híbridos de linhagens totalmente endogâmicas. A possibilidade de seleção de híbridos simples de linhagens parcialmente endogâmicas (S_2 ou S_3) é sugerida como opção à utilização de híbridos duplos e triplos de linhagens totalmente endogâmicas.

A utilização de híbridos de linhagens parcialmente endogâmicas foi inicialmente proposta por WELLHAUSEN (1954) e LOEFFEL (1964; 1971) avaliando híbridos entre progênies S_1 com o intuito de amenizar os efeitos

depressivos da endogamia sobre linhas macho e fêmea. Entretanto, a utilização de progênies S_2 , ao invés de S_1 , tem se mostrado como melhor opção, haja visto os maiores progressos esperados com a seleção de híbridos $S_2 \times S_2$, a maior uniformidade genética destes híbridos (STANGLAND & RUSSELL, 1981) e a possibilidade de manutenção das características das linhagens "per se" e de sua capacidade de combinação, através de sucessivas gerações de cruzamentos paternos ("sib-crosses") (CARLONE & RUSSELL, 1988, 1989).

Segundo RUSSELL (1974), 79,1% do avanço de produtividade durante o período de 1930 a 1970 foi devido a fatores de natureza genética, correspondendo a um acréscimo de 3020 kg/ha. Em trabalho anterior, Frey (1971) citado por RUSSELL (1974) calculou progressos da ordem de 49% na comparação entre híbridos cultivados no período de 1926 a 1968. Mais recentemente, MEGHJI et alii (1984) apresentaram comparações entre híbridos duplos representativos das décadas de 1930 (Era 1), 1950 (Era 2) e híbridos simples cultivados na década de 1970 (Era 3), obtendo progressos significativos com a substituição de híbridos duplos por híbridos simples, conforme esperado (COCKERHAM, 1961). Detectou-se, contudo, ausência de melhoramento na produtividade entre as Eras 1 e 2, correspondente ao período designado como "platô", pela literatura (SPRAGUE & EBERHART, 1977; HALLAUER et alii, 1988).

A tendência do estabelecimento de "platôs", em programas de híbridos, pode ser esperada, caso a extração de linhagens não esteja associada a um processo dinâmico de melhoramento populacional. Teoricamente a probabilidade de obtenção de genótipos superiores permanece constante, sob sucessivas amostragens em uma mesma população (COMSTOCK, 1964). A condução de processos de seleção recorrente apresenta-se, assim, como boa opção para a integração com programas de desenvolvimento de híbridos, aumentando a cada ciclo a probabilidade de obtenção de genótipos superiores.

2.4. Variação genética

A estimação dos componentes de variação genética e sua utilização em programas de melhoramento tem sido abundantemente enfocada na literatura, dada a sua efetiva contribuição tanto nas fases de planejamento inicial, como de execução em si do programa.

Em milho, os resultados têm demonstrado suficiente variabilidade para caracteres de planta e de espiga (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). Amplas revisões, apresentando estimativas de variância genética aditiva em populações brasileiras podem ser encontradas em RAMALHO (1977), SAMPAIO (1986), MARQUES (1988), NASS (1992), entre outros.

Em estudo apresentado por VENCOVSKY et alii (1988) envolvendo cinquenta e oito ensaios de progênies de meios irmãos, derivados de várias populações brasileiras, obtiveram-se valores de variância aditiva oscilando de 41 $(g/pl)^2$ a 753 $(g/pl)^2$, com média igual a 309 $(g/pl)^2$, para o caráter produção de grãos. HALLAUER & MIRANDA F^o (1988), relatam estimativas médias de variância aditiva iguais a 468 $(g/pl)^2$, para produção de grãos, 213 cm^2 para altura de planta e 153 cm^2 para altura de espiga, correspondendo a 62%, 84% e 93% da variação genética total. Estes valores demonstram a predominância de efeitos aditivos sobre dominantes na expressão destes caracteres.

Para estimação dos componentes de variância genética têm sido utilizados os delineamentos I e II propostos por COMSTOCK & ROBINSON (1948, 1952) bem como outros esquemas específicos de cruzamentos controlados. No Brasil, o processo de estimação do componente aditivo tem sido, na maioria dos casos, através da avaliação de progênies de meios-irmãos (RAMALHO, 1977). Esquemas envolvendo progênies endogâmicas também tem sido reportadas para estimação da variância aditiva (MARQUES, 1988; MEIRELLES & MIRANDA FILHO, 1986), assumindo-se, porém, um valor hipotético para a variância dominante (σ_D^2) e igualdade de frequências gênicas na população estudada ($p = q = 0,5$).

Nesta condição, conforme discutido no item 2.1, os componentes D_1 e D_2 igualam-se a zero, e a variação

genética total entre progênies endogâmicas passa a ser função apenas de seus componentes aditivo e dominante (COCKERHAM, 1983). A importância do conhecimento das estimativas D_1 e D_2 é tanto maior quanto o grau de dominância do caráter, uma vez que na ausência de dominância seus valores são nulos.

Em programas de melhoramento, a estimação dos componentes de variação genética, além de permitir a quantificação da eficiência da seleção, através da estimação do progresso esperado (Gs) é por si só um indicativo da viabilidade ou não da condução de futuros ciclos, em programas de seleção recorrente.

Estudos teóricos demonstram que a prática da seleção não necessariamente conduz a uma redução da variância aditiva, sendo esta função da estrutura genética da população, da natureza do caráter e do tamanho efetivo mantido nos ciclos de seleção. Segundo FALCONER (1960), para o caso de um loco com dois alelos e dominância completa ($d=a$) a variância genética aumenta gradativamente com o incremento na frequência do alelo favorável (p) até o limite próximo a 0,25, reduzindo-se a partir deste valor.

A nível experimental, os resultados tem revelado uma acentuada redução na variabilidade genética decorrido o primeiro ciclo de seleção, mantendo-se mais ou menos constantes nos demais ciclos (PATERNIANI, 1967; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). Isto se deve ao fato de

que, no primeiro ciclo, é utilizada a variabilidade genética livre presente na população, sendo posteriormente liberada de forma gradativa a variabilidade genética potencial, através da permuta genética dentro de blocos poligênicos (PATERNIANI, 1967; WEBEL & LONNQUIST, 1967; PATERNIANI, 1968). Justificam-se desta forma os ganhos contínuos relatados na literatura, mesmo em programas de longa duração (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1987; HALLAUER et alii, 1988).

Com relação aos componentes interpopulacionais tornou-se necessária a sua estimação após a introdução da seleção recorrente recíproca (COMSTOCK et alii, 1949), com trabalhos iniciais de STUBER et alii (1966), GOODRICH et alii (1975) e OBILANA et alii (1979), utilizando os delineamentos I e II (COMSTOCK & ROBINSON, 1948, 1952).

Com a proposição de novas metodologias de seleção recorrente recíproca, avaliando progênies de meios-irmãos (PATERNIANI & VENCovsky, 1978), ampliou-se o número de estimativas dos componentes aditivos ($\sigma_{A_{12}}^2$ e $\sigma_{A_{21}}^2$) abrangendo um maior número de populações (PATERNIANI & VENCovsky, 1978; MIRANDA FILHO & PATERNIANI, 1983; SOUZA Jr. & MIRANDA FILHO, 1986; PELLICANO, 1990).

No Brasil, os delineamentos a e b sugeridos por MIRANDA FILHO (1982) permitiram a estimação dos componentes $\sigma_{A_1 A_2}$, $\sigma_{A_2 A_1}$ e ϕ , responsáveis, respectivamente, pelo ganho indireto nas populações "per se" e na heterose do hí-

brido intervarietal, quando praticados os esquemas de seleção recíproca propostos por PATERNIANI & VENCOVSKY (1977, 1978).

Um resumo das estimativas $\sigma_{A(12)}^2$ em populações brasileiras, apresentado por PELLICANO (1990) e NASS (1992) demonstrou valores variando de 86,39 (g/pl)² em ESALQ PB-1 x BR 105, assumida a hipótese $H_1: \sigma_{D(12)}^2 = \sigma_{A(12)}^2$ (MIRANDA FILHO et alii, 1986) a 497,12 (g/pl)², em PIRANÃO VF-1 x PIRANÃO VD-2, supondo-se $\sigma_{D(12)}^2 = 0$ (MIRANDA FILHO, 1979).

Quanto ao componente dominante ($\sigma_{D(12)}^2$), poucos resultados têm sido apresentados na literatura. OBILANA et alii (1979), utilizando o delineamento II, estimaram 17 (g/pl)² para a interpopulação BS10 x BS11, correspondendo a apenas 14% da estimativa de variância aditiva nas mesmas populações. Posteriormente, MARTINS (1986), avaliando um esquema dialélico parcial de um conjunto fixo de linhagens de PIRANÃO VF-2B e PIRANÃO VF-1B obteve o valor de 45,35 (g/pl)² para $\sigma_{D(12)}^2$, equivalendo a 19% da estimativa de $\sigma_{A(12)}^2$. Estes resultados são bastante inferiores aos valores da relação $\sigma_{D(12)}^2 / \sigma_{A(12)}^2$ descritos a nível intrapopulacional (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

Vários autores têm estimado a variação genética total entre progênies de meios-irmãos interpopulacionais, uma vez que ela representa a variabilidade esperada entre híbridos duplos derivados destas populações (AJUDARTE NETO, 1978; MIRANDA FILHO, 1979; MIRANDA FILHO et

alii, 1986; GERALDI et alii, 1986). Demonstrada inicialmente por COCKERHAM (1961), a variabilidade genética entre híbridos para um conjunto de linhagens totalmente endogâmicas foi assim expressa, à nível intrapopulacional:

$$\sigma_{HS}^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2$$

$$\sigma_{HT}^2 = \frac{3}{4}\sigma_A^2 + \frac{1}{2}\sigma_D^2$$

$$\sigma_{HD}^2 = \frac{1}{2}\sigma_A^2 + \frac{1}{4}\sigma_D^2$$

Em trabalho mais recente, SOUZA Jr. (1988) estendeu esta definição ao nível interpopulacional, decompondo a variação genética entre híbridos oriundos de linhagens com diferentes níveis de endogamia e entre híbridos de progênies. Para o caso de híbridos de linhagens, a principal modificação ocorreu com híbridos triplos, uma vez que a variabilidade genética dependerá do sentido do cruzamento. Para o caso de diferentes valores de $\sigma_{A_{12}}^2$ e $\sigma_{A_{21}}^2$, sugere-se que o parental macho do híbrido (linhagem) derive da população a qual esteja associada à maior das duas estimativas. Segundo SOUZA Jr. (1988) a variabilidade genética entre híbridos foi assim decomposta:

$$\sigma_{HS(12)}^2 = \frac{(1+F)}{4} (\sigma_{A_{12}}^2 + \sigma_{A_{21}}^2) + \frac{(1+F)^2}{4} \sigma_{D(12)}^2$$

$$\sigma_{HT_{12}}^2 = \frac{(1+F)}{8} \sigma_{A_{12}}^2 + \frac{(1+F)}{4} \sigma_{A_{21}}^2 + \frac{(1+F)^2}{8} \sigma_{D(12)}^2$$

$$\sigma_{HT_{21}}^2 = \frac{(1+F)}{4} \sigma_{A_{12}}^2 + \frac{(1+F)}{8} \sigma_{A_{21}}^2 + \frac{(1+F)^2}{8} \sigma_{D(12)}^2$$

$$\sigma_{HD(12)}^2 = \frac{(1+F)}{8} (\sigma_{A_{12}}^2 + \sigma_{A_{21}}^2) + \frac{(1+F)^2}{16} \sigma_{D(12)}^2$$

Associado à média do cruzamento intervarietal, o conhecimento da variabilidade genética entre híbridos, estima diretamente a performance esperada dos melhores híbridos da interpopulação. Tal informação é de especial valor em programas de seleção recorrente recíproca, uma vez que o progresso obtido no híbrido intervarietal não representa necessariamente o mesmo ganho sobre os melhores híbridos derivados da interpopulação. Uma drástica redução na variabilidade poderia, desta forma, representar uma queda no limite de produção dos híbridos superiores, mesmo se considerando os ganhos no cruzamento intervarietal obtidos pela seleção recorrente recíproca.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Caracterização das populações

No presente trabalho utilizaram-se duas populações de milho de ampla base genética, ESALQ PB-2 e ESALQ PB-3 denominados originalmente de Composto Dentado Planta Baixa e Composto Flint Planta Baixa, respectivamente. Tais populações resultaram dos cruzamentos do Composto Dentado e do Composto Flint com sete variedades de porte de planta reduzido (MIRANDA FILHO, 1974).

O melhoramento das duas populações foi conduzido de forma independente. Realizou-se, inicialmente, 1 ciclo de seleção massal estratificada, seguindo-se de 3 ciclos de seleção recorrente intrapopulacional com progênes endogâmicas. As unidades de seleção e recombinação foram progênes S_1 nos dois primeiros ciclos e progênes S_2 no terceiro ciclo de seleção. Foram geradas, nos respectivos ciclos de seleção, as populações: ESALQ PB-2 (C_1) e ESALQ PB-3 (C_1); ESALQ PB-2 (C_2) e ESALQ PB-3 (C_2); ESALQ PB-2

(C₃) e ESALQ PB-3 (C₃), estas avaliadas anteriormente por MARQUES (1988).

O presente estudo, envolvendo progênies extraídas de diferentes ciclos de seleção, foi dividido em duas partes:

1 - Avaliação de progênies S₁ das populações ESALQ PB-2 (C₃) e ESALQ PB-3 (C₃), correspondendo ao quarto ciclo de seleção com progênies endogâmicas.

2 - Estudos envolvendo "testcrosses" recíprocos de progênies S₂, derivadas das populações ESALQ PB-2 (C₂) e ESALQ PB-3 (C₂) para fins de avaliar a capacidade recíproca de combinação.

3.2. Avaliação das progênes S₁

3.2.1. Material

Utilizaram-se, nesta fase, 200 progênes S₁ extraídas de cada população, ESALQ PB-2 (C₃) e ESALQ PB-3 (C₃), referentes ao quarto ciclo de seleção recorrente com progênies endogâmicas. Como testemunhas foram empregados o híbrido comercial C511, de ciclo normal e porte intermediário, e as respectivas populações não endogâmicas (S₀).

3.2.2. Execução experimental

A obtenção das progênes realizou-se no campo experimental da ESALQ, município de Piracicaba (SP), no ano de 1989, geração de inverno. Foram semeadas cerca de 1000 sementes por campo de antofecundação. Obtiveram-se, após descarte de campo e laboratório, 200 espigas S_1 por população, as quais foram avaliadas em progênes no ano agrícola 1989/1990.

Os experimentos foram conduzidos em dois locais com características edafoclimáticas contrastantes: Estação Experimental da FT - Pesquisa e Sementes, Ponta Grossa (PR), e Estação Experimental da COOPACEL, Rondonópolis (MT).

O delineamento experimental adotado foi látice (10x10) parcialmente balanceado, com 3 repetições. Foram instalados quatro experimentos por local: os experimentos 1.1 e 1.2 referem-se à população ESALQ PB-2 (C_3); os experimentos 1.3 e 1.4 à população ESALQ PB-3 (C_3). As testemunhas, representadas pelas populações não endógamas (S_0) e pelo híbrido C511, foram plantadas alternadamente a cada dez parcelas nas repetições.

As parcelas constituíram-se de uma fileira de 3,0m de comprimento, com espaçamento entre fileiras de 1,0m. Este tamanho de parcela tem se mostrado adequado para avaliação de caracteres de média e baixa herdabilidade (CHAVES & MIRANDA FILHO, 1992). Foram semeadas 22 sementes por

fileira, obtendo-se após o desbaste, 15 plantas por parcela, espaçadas a 0,20m, em média. A densidade populacional correspondente é de 50.000 plantas/hectare.

A semeadura nos experimentos foi realizada dentro do período indicado pela pesquisa local. As adubações de base e cobertura, foram feitas cerca de 7 dias antes da semeadura e aos 30 dias após a emergência, respectivamente, segundo as indicações das análises de solo locais.

Foram tomados dados dos seguintes caracteres: "stand" final, altura de planta, altura de espiga e produção de grãos. Para os caracteres altura de planta e espiga coletaram-se dados de cinco plantas por parcela, cerca de trinta dias após o florescimento. O caráter produção de grãos foi avaliado através do peso total de grãos da parcela. Os dados foram corrigidos para um "stand" ideal de quinze plantas por parcela, pelo método de covariâncias sugerido por MIRANDA FILHO, citado por VENCOVSKY & BARRIGA (1992). Os dados de "stand" final foram tomados por ocasião da colheita, sendo utilizados apenas para fins de correção, nas análises de produção.

A colheita dos experimentos 1.3 e 1.4, em Rondonópolis, mostrou-se prejudicada pela excessiva precipitação pluviométrica, havendo defasagem de cerca de duas semanas quando comparados aos experimentos 1.1 e 1.2. Isto acarretou em um aumento no número de plantas acamadas e espigas doentes, conforme observações de campo.

3.2.3. Análises estatísticas

a) Análises de variância individuais e agrupadas por local

As análises de variância foram realizadas segundo o procedimento de COCHRAN & COX (1957), para delineamentos em látice. Analisaram-se três caracteres: produção de grãos, altura de planta e altura de espiga. Foi adotado o seguinte modelo matemático:

$$Y_{ijk} = \mu + p_i + q_j + b_{k/j} + e_{ijk}$$

onde:

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

μ = média geral do experimento, fixa; $E(\mu) = \mu$; $E(\mu)^2 = \mu^2$

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

$$E(p_i) = 0; \quad E(p_i)^2 = \sigma_p^2$$

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

$$E(q_j) = 0; \quad E(q_j)^2 = \sigma_r^2$$

$b_{k/j}$ = efeito aleatório do bloco k dentro da repetição j

$$(k = 1, 2, \dots, K); \quad E(b_{k/j}) = 0; \quad E(b_{k/j})^2 = \sigma_b^2$$

e_{ijk} = erro experimental associado a parcela ik, dentro da

$$\text{repetição j; } e_{ijk} \sim N(0, \sigma^2); \quad E(e_{ijk}) = 0; \quad E(e_{ijk})^2 = \sigma^2$$

Para os caracteres altura de planta e altura de espiga foram tomados dados ao nível de plantas individuais, o que possibilitou a determinação dos QM dentro de parcelas, o qual é um estimador direto da variância feno-

típica dentro de progênies (σ_d^2). Seu cálculo foi realizado de forma independente, posteriormente introduzido na análise. Os dados de produção de grãos foram tomados ao nível de totais de parcelas, sem observação ao nível de plantas individuais.

As análises de variância para os caracteres altura de planta e altura de espiga, seguem o modelo proposto por VENCovsky (1987) para análises realizadas com médias de parcelas. Os esquemas foram adaptados para delineamentos em látice parcialmente balanceados (Tabela 3).

Tabela 3. Esquemas de análises de variância realizados com médias de parcelas, para delineamentos em látice.

FV	GL	QM	F	E(QM)
Blocos/Repetições	r-1	--	--	--
Progênies ajustadas	K^2-1	Q_1	$(Q_1)/(Q_2)$	$\sigma_d^2/n + \sigma_e^2 + r\sigma_p^2$
Erro intrablocos	$(K-1)(rK-K-1)$	Q_2		$\sigma_d^2/n + \sigma^2$
Dentro	$(n-1)(r)(K^2)$	Q_3		σ_d^2
Total	$(n.r.K^2)-1$			

Para o caráter produção de grãos, o processo de correção para stand ideal acarretou a perda de 1 grau de liberdade para o resíduo. A estrutura das análises seguiu os modelos apresentados na literatura para experimentos em látice (MIRANDA F^o, 1987), adaptando-se para o caso de látices parcialmente balanceados (Tabela 4).

Tabela 4. Esquema geral de análise de variância para delineamentos em látice, com as esperanças dos quadrados médios E(QM).

FV	GL	QM	F	E(QM)
Repetições	r-1			
Tratamentos ajustados	K ² -1	Q ₁	(Q ₁)/(Q ₂)	$\sigma^2 + r\sigma_p^2$
Blocos dentro de repetições (ajustados)				
Erro intrabloco	(K-1)(rK-K-1)	Q ₂		σ^2

Para todos os caracteres foram determinados os coeficientes de variação ambiental (CV_e), os coeficientes de variação genética (CV_g) e os índices de variação experimental (θ), onde

$$CV_e = 100 \frac{\hat{\sigma}}{\bar{x}}; \quad CV_g = 100 \frac{\hat{\sigma}_p}{\bar{x}}; \quad \theta = \frac{CV_g}{CV_e}$$

sendo: $\sigma = \left(\frac{\sigma_d^2}{n} + \sigma_e^2 \right)^{1/2}$ para os caracteres altura de planta e altura de espiga.

As análises individuais foram agrupadas em cada local, levando-se em conta a população de origem. Foram agrupados os experimentos 1.1 e 1.2, e 1.3 e 1.4, relativos às populações ESALQ PB-2 (C3) e ESALQ PB-3 (C3), respectivamente. Manteve-se basicamente a estrutura das análises individuais (Tabelas 3 e 4). Os graus de liberdade foram duplicados e os quadrados médios correspondem a média aritmética dos QM individuais, para as respectivas fontes de variação.

c) Análises conjuntas

Foram realizadas as análises conjuntas, para cada experimento, utilizando-se as médias ajustadas das progênies, para os dois locais. Analisaram-se os caracteres altura de planta, altura de espiga e produção de grãos, para os quatro látices (10x10). Agruparam-se, posteriormente, as análises conjuntas dos experimentos 1.1 e 1.2, referentes a população ESALQ PB-2 (C3), e 1.3 e 1.4, referentes a população ESALQ PB-3 (C3). Adotou-se o seguinte modelo matemático misto, para as análises conjuntas:

$$Y_{ijkl} = \mu + p_i + r_{j(l)} + a_l + (pa)_{il} + e_{ijkl}$$

onde:

μ : média geral do experimento; fixa; $E(\mu)=\mu$, $E(\mu)^2=\mu^2$

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

$$E(p_i)=0; E(p_i)^2 = \sigma_p^2$$

- $r_{j(l)}$: efeito aleatório da repetição j ($j=1, \dots, r$),
 dentro do ambiente l ; $E(r_{j/l}) = 0$; $E(r_{j/l})^2 = \sigma_r^2$
 a_l : efeito fixo do ambiente l ($l = 1, 2$); $E(a_l) = a$;
 $E(a_l)^2 = a^2$;
 $(pa)_{il}$: efeito aleatório da interação entre a progênie i
 e o ambiente l ; $E((pa)_{il}) = 0$; $E((pa)_{il})^2 = \sigma_{pa}^2$
 e_{ijl} : erro efetivo associado a médias ajustadas da pro-
 gênie i , na repetição j , para o local l ;
 $e_{ijl} \cap N(0, \sigma_{ef}^2)$; $E(e_{ijl}) = 0$
 $E(e_{ijl})^2 = \sigma_{ef}^2$

Foi considerado ambientes como efeito fixo devido as condições edafoclimáticas contrastantes, entre os locais de avaliação.

As análises conjuntas, para os 3 caracteres, seguiram a estrutura apresentada por STEEL & TORRIE (1960), para experimentos em fatorial, adotando-se modelos mistos (Tabela 5). Como fonte residual utilizou-se a média do erro efetivo em cada local; os quadrados médios foram estimados a partir de totais de progênies ajustadas por local.

Tabela 5. Esquema de análise de variância para experimentos em fatorial, adotando-se modelos mistos.

FV	GL	QM	F	E(QM)
Repetições/ ambiente	$(r-1).l$			
Progenies(P)	$n-1$	Q_1	Q_1/Q_4	$\sigma_{ef}^2 + r l \sigma_P^2$
Ambientes(A)	$l-1$	Q_2	$*_1$	$\sigma_{ef}^2 + r \left(\frac{1}{l-1} \right) \sigma_{pa}^2 + n l \sigma_r^2 + r n V_a$
P x A	$(n-1)(l-1)$	Q_3	Q_3/Q_4	$\sigma_{ef}^2 + r \left(\frac{1}{l-1} \right) \sigma_{pa}^2$
Erro efetivo Médio	$(r-1)(n-1)(l)$	Q_4		

$$*_1: F(Q_2) = \frac{Q_2 + Q_4}{Q_1 + Q_3}$$

a/ Os graus de liberdade do numerador e denominador foram calculados segundo SATTERTHWAIT (1946).

$\left(\frac{1}{l-1} \right)$: fator de correção para modelos mistos;

As análises conjuntas agrupadas por população mantiveram a estrutura básica das análises conjuntas individualizadas por experimento, apresentando algumas alterações: os graus de liberdade foram duplicados e os quadrados médios ajustados correspondem a média dos quadrados médios individuais, para as respectivas fontes de variação.

3.2.4. Estimativas de parâmetros genético-estatísticos

Obtiveram-se, à partir das análises individualizadas por local (Tabelas 5 e 6) as estimativas dos parâmetros σ_p^2 e σ^2 para os três caracteres avaliados, em ambos locais de avaliação: Ponta Grossa (PR) e Rondonópolis (MT), sendo que:

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{(Q_2 - Q_2)}{r} \quad \hat{\sigma}^2 = Q_2$$

$$\hat{\sigma}_{p'}^2 = \frac{(Q_1 - Q_4)}{r_1} \quad \hat{\sigma}_{ef}^2 = Q_4$$

Partindo-se destas estimativas primárias, foram estimados os componentes da variância genética entre progênies. COCKERHAM & MATZINGER (1985) definiram os componentes da variação genética entre progênies endogâmicas, para um loco com dois alelos, onde:

$$\sigma_A^2 = 2pq [a + (q-p)d]^2$$

: variância genética aditiva associada aos efeitos médios dos genes;

$$\sigma_D^2 = (2pqd)^2$$

: variância genética dominante, associada aos efeitos das interações alélicas;

$$D_1 = -2pq (q-p) [a + (q-p)d]d$$

: covariância média entre os efeitos aditivos dos alelos e os efeitos de dominância dos homozigotos;

$$D_2 = 4pq [(q-p)d]^2$$

: variância genética dos efeitos de dominância dos homozigotos;

onde:

- a: metade da diferença entre os valores genotípicos dos homozigotos;
- d: desvio genotípico dos heterozigotos, em relação a média genotípica dos homozigotos;
- p: frequência do alelo favorável;
- q: frequência do alelo desfavorável.

Considerando-se progênies S_1 , a variância genética entre progênies (σ_p^2) é assim decomposta (LAMKEY & HALLAUER, 1987; SOUZA Jr., 1988):

$$\sigma_p^2 = \sigma_A^2 + \frac{1}{4} \sigma_D^2 + D_1 + \frac{1}{8} D_2$$

Assumiu-se no presente trabalho, $p = q = 0,5$, em ambas populações, para os três caracteres avaliados. Neste caso têm-se $D_1 = D_2 = 0$, sendo que:

$$\sigma_p^2 = \sigma_A^2 + \frac{1}{4} \sigma_D^2 \quad (\text{HALLAUER, 1980})$$

Partindo-se desta equação estimaram-se os componentes genéticos intrapopulacionais, σ_A^2 e σ_D^2 , para os caracteres avaliados (Tabela 6). As hipóteses assumidas (H_i) para a relação σ_D^2/σ_A^2 variaram em função da natureza do caráter, seguindo tendências encontradas na literatura. Para os caracteres altura de planta e altura de espiga, em milho, a relação σ_D^2/σ_A^2 tem oscilado em torno de 0,20 (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988); para produção de grãos este valor de variado de 0,5 a 1,0. Obtiveram-se assim as estimativas $\sigma_{A_1}^2$ e $\sigma_{A_2}^2$, referentes as populações ESALQ PB-2 (C3) e ESALQ PB-3 (C3), respectivamente, para os dois locais de avaliação.

A variância da interação entre progênies e ambientes (σ_{pa}^2) pode ser decomposta de maneira análoga a σ_p^2 , em $\sigma_{AE}^2 + \frac{1}{4} \sigma_{DE}^2$ (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). Dados experimentais, contudo, não se mostram conclusivos ao ponto de permitir extrapolações para a relação $\sigma_{DE}^2/\sigma_{AE}^2$ (SILVA, 1974).

As estimativas de σ_A^2 , obtidas das análises individualizadas por local estão inflacionadas pela interação entre a variância aditiva e o ambiente (σ_{AE}^2). Por outro lado, as estimativas de $\sigma_{A'}^2$ provenientes das análises conjuntas estão isentas desta interação (REZENDE, 1989; PELLICANO, 1990). As variâncias fenotípicas entre progênies S_1 (σ_{fx}^2) e os coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de progênies (h_x^2) foram determinados para cada

local, individualmente, e para os dois locais, em conjunto (Tabela 6).

Tabela 6. Hipóteses (H) assumidas para a relação σ_D^2/σ_A^2 , para os caracteres produção de grãos, altura de planta e altura de espiga, e suas implicações nos conteúdos de σ_p^2 .

Caráter	H ₁ * σ_D^2/σ_A^2	σ_A^2/σ_p^2	σ_D^2/σ_p^2
Produção de grãos (g/pl)	H ₁ = 0,5 H ₂ = 1,0	8/9 4/5	4/9 4/5
Altura de planta (cm)	H ₃ = 0,2	20/21	4/21
Altura de espiga (cm)	H ₃ = 0,2	20/21	20/21

* p=q = 0,5; 2 alelos por loco

O progresso com a seleção de progênies S_1 , foi calculado para a produção de grãos, adotando-se uma intensidade de seleção de 20% ($k = 1,3998$) (VENCOVSKY, 1987). Os componentes da variação genética responsáveis pelo progresso com a seleção de progênies S_1 são $\sigma_A^2 + \frac{1}{2} D_1$ (SOUZA Jr., 1989). O coeficiente de D_1 aproveitável na seleção difere do coeficiente expresso na variância entre progênies S_1 .

HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) definiram um desvio β que soma-se à variância aditiva, na expressão do desvio da variância aditiva devido principalmente a efeitos

de dominância. Para casos de frequências gênicas $p = q = 0,5$ o valor de $\beta = 0$, e o progresso é apenas função da σ_A^2 .

Consideraram-se as seguintes condições para cálculo do progresso com seleção: a) ganho direto no próprio ambiente de seleção (G_s); b) ganho médio dos dois locais quando a seleção é praticada na média dos mesmos ($G_{s_{\bar{x}}}$), (Tabela 7). No primeiro caso o progresso é função de σ_A^2 , determinada para os dois locais. No segundo caso G_s é função de σ_A^2 , extraída da análise conjunta, e isenta da interação σ_{AE}^2 .

Tabela 7. Equações para estimação dos progressos esperados no próprio local de seleção (G_s), progressos médios com a seleção na média dos locais ($G_{s_{\bar{x}}}$) e das variâncias fenotípicas e herdabilidades ao nível de médias, para as duas condições.

Local	$\sigma_{f(x)}^2$	$h_{\bar{x}}^2$ *	G_s
PG, RO	$\frac{\sigma^2}{r} + \sigma_p^2$	$\sigma_A^2 / \sigma_{f(x)}^2$	$G_s = k \cdot h_{\bar{x}}^2 \cdot \sigma_{f(x)}^2$
Média de locais**	$\frac{\sigma_{ef}^2}{rl} + \sigma_{p'}^2$	$\sigma_A^2 / \sigma_{f(x)}^2$	$G_s = k \cdot h_{\bar{x}}^2 \cdot \sigma_{f(x)}^2$

*: $p=q = 0,5 \therefore D_1 = 2\beta = 0$

** : estimativas obtidas da análise conjunta

3.2.5. Depressão por endogamia

Determinou-se a depressão por endogamia para as populações ESALQ PB-2 (C3) e ESALQ PB-3 (C3), nos dois locais de avaliação, para os três caracteres em estudo. A depressão por endogamia (DE) foi estimada como um desvio, percentual, em relação média da população não endógama. A depressão média foi assim calculada:

$$\overline{DE} (\%) = 100 \cdot \frac{(\overline{S}_1 - \overline{S}_0)}{\overline{S}_0}, \text{ onde:}$$

$\overline{DE} (\%)$: depressão por endogamia média;

$\overline{S}_0$: média da população S_0 ;

$\overline{S}_1$: média das progênies S_1 .

Para cada progênie S_1 obteve-se seu desvio percentual em relação a média da população S_0 (DE).

Estimaram-se os componentes de médias das duas populações (μ , a , d), de modo que:

$$\mu + a = 2\overline{S}_1 - \overline{S}_0$$

$$d = 2(\overline{S}_0 - \overline{S}_1)$$

μ = média dos homozigotos;

$a = \Sigma(2p-1) \cdot \alpha$, e representa a contribuição dos locos em homozigose na média do caráter (VENCOVSKY, 1987).

$d = \Sigma 2p(1-p)\delta$, e refere-se a contribuição dos locos em heterozigose para a média do caráter.

3.2.6. Distribuições fenotípicas observadas

As distribuições de frequências observadas das progênies endógamas (S_1), bem como seus valores de DE foram apresentadas em forma de histogramas, juntamente com as médias e amplitudes de variação, para os caracteres produção de grãos, altura de planta e altura de espiga. Considerou-se o intervalo entre classes ao redor de $0,5 \sigma$.

3.3. Avaliação dos "Testcrosses" recíprocos

3.3.1. Material

Este estudo envolveu "testcrosses" recíprocos de progênies S_2 , oriundos das populações ESALQ PB-2 (C_3) e ESALQ PB-3 (C_2), utilizando-se, como testador, a mistura de progênies S_2 da população recíproca. Foram obtidas e avaliadas 80 progênies "testcrosses" referentes a população ESALQ PB-2 (C_2) e 91 referentes a ESALQ PB-3 (C_2).

Dentro de cada população, a amostra de progênies avaliadas constituiu-se de uma mistura de "testcrosses" aparentados e não aparentados, onde as progênies mães (S_2) foram extraídas segundo o esquema genealógico (Figura 1).

Figura 1. Representação esquemática da genealogia dos "testercrosses" 12, incluindo progênies pertencentes ao grupo I (GI) e ao grupo II (GII).

3.3.2. Execução experimental

Os "testcrosses" foram obtidos no campo experimental da ESALQ, no ano de 1987. Os experimentos foram conduzidos na estação experimental da Contibrasil, município de Cravinhos (SP), no ano agrícola de 1988/1989. Adotou-se o delineamento experimental de blocos ao acaso, com três repetições. Como testemunha foi utilizado o híbrido comercial C511, intercalado a cada dez progênies.

As parcelas constituíram-se de uma fileira de 4,0m de comprimento, com espaçamento de 1,0 m entre fileiras. Foram semeadas 2 sementes por cova, visando após o desbaste, uma densidade populacional de 50.000 plantas por hectare.

Foram tomados dados de produção de grãos, "stand" final, altura de planta e altura de espiga. Para os caracteres altura de planta e altura de espiga, coletaram-se dados de apenas uma planta, representativa da média da parcela. Para produção de grãos tomaram-se dados de totais de parcela. A correção para "stand" ideal de vinte plantas foi realizada pelo método de covariância proposto por Miranda Filho, citado por VENCOVSKY & BARRIGA (1992).

3.3.3. Análises estatísticas

As análises de variância preliminares foram executadas segundo delineamentos em blocos casualizados, cujo modelo matemático é o que segue:

$$Y_{ij} = \mu + t_i + r_j + e_{ij}, \text{ onde:}$$

Y_{ij} : média do tratamento i na repetição j ;

μ : média geral do experimento, fixa; $E(\mu)=\mu$; $E(\mu)^2=\mu^2$;

t_i : efeito do tratamento i ($i=1,2,\dots,I$), desdobrado em:

p_i : efeito aleatório da progênie "testcross"
($i=1,2,\dots,I-1$); $E(p)=0$; $E(p_i)^2 = \sigma_p^2$

s_i : efeito fixo da testemunha ($i=I$); $E(s_i)=s$
 $E(s_i)^2 = s^2$

e_{ij} : erro experimental associado a parcela ij ;
 $e_{ij} \cap N(0, \sigma^2)$; $E(e_{ij})=0$; $E(e_{ij})^2 = \sigma^2$

As progênies "testcrosses", na análise de variância, foram decompostas em três grupos, em função da relação de parentesco entre elas (Figura 1):

i) grupo I: conjunto de "testcrosses" de progênies S_2 oriundas de plantas S_0 distintas;

ii) grupo II: conjunto de "testcrosses" onde pares de progênies S_2 derivam da mesma planta S_0 ;

iii) grupo III: conjunto de "testcrosses" onde sub-grupos de três progênies S_2 derivam da mesma planta S_0 .

O experimento 2.1, relativo a progênies da população ESALQ PB-2 (C2) contém apenas progênies pertencentes aos grupos I e II; no caso da população ESALQ PB-3 (C2) experimento 2.2, progênies dos três grupos estão presentes.

A estrutura das análises de variância para os experimentos 2.1 e 2.2 são apresentados nas Tabelas 8 e 9. Os desdobramentos do efeito de progênies seguiram o esquema hierárquico.

Tabela 8. Esquema de análise de variância para o experimento 2.1, juntamente com as esperanças dos quadrados médios $E(QM)$.

FV	GL	QM	$E(QM)$	$E(QM) \frac{b}{a}$
Blocos $\frac{a}{--}$	2			
Tratamentos	80			
Testcrosses	79			
GI	65	Q1	$\sigma^2 + r \cdot \sigma_{pI}^2$	$\sigma^2 + (9/8) \sigma_{A12}^2$
GII	6	Q2	$\sigma^2 + r \cdot \sigma_{dpII}^2 + n.r. \cdot \sigma_{pII}^2$	$\sigma^2 + (15/8) \sigma_{A12}^2$
dGII	7	Q3	$\sigma^2 + r \cdot \sigma_{dpII}^2$	$\sigma^2 + (3/8) \sigma_{A12}^2$
GI vs GII	1			
Testcrosses vs. Testem.	1			
Resíduo	183	Q4	σ^2	σ^2
Total				

$\frac{a}{--}$ para altura de planta e altura de espiga $r = 2$.

GL(Blocos)=1; GL(Resíduo)=95.

$\frac{b}{--}$ esperanças válidas para produção de grãos ($r=3$)

- σ^2_{pI} : variância genética entre progênies pertencentes ao grupo I;
- σ^2_{pII} : variância genética entre pares de progênies aparentadas, pertencentes ao grupo II;
- σ^2_{dpII} : variância genética entre progênies derivadas da mesma planta S_0 , dentro do grupo II;
- σ^2 : variância residual, composta pela:
- variância devido a interação entre blocos e tratamentos (160 gl)
 - variância entre parcelas da testemunha, dentro da mesma repetição (24 gl)
- r: número de repetições;
- n: número de progênies derivadas da mesma planta S_0 .

Tabela 9. Esquema de análise de variância para o experimento 2.2, juntamente com as esperanças dos quadrados médios $E(QM)$.

FV	GL	QM	$E(QM)$	$E(QM) \frac{b/}{a/}$
Blocos $\frac{a/}{--}$	2			
Tratamentos	91			
Testcrosses	90			
GI	66	Q_1	$\sigma^2 + r \cdot \sigma^2_{pI}$	$\sigma^2 + (9/8) \sigma^2_{A_{21}}$
GI vs Gap	1			
Gap	23			
GII	8	Q_2	$\sigma^2 + r \cdot \sigma^2_{dpII} + nr \sigma^2_{pII}$	$\sigma^2 + (15/8) \sigma^2_{A_{21}}$
GII vs GIII	1			
GIII	1	Q_4	$\sigma^2 + r \cdot \sigma^2_{dpIII} + nr \sigma^2_{pIII}$	$\sigma^2 + (21/8) \sigma^2_{A_{21}}$
dGIII		Q_5	$\sigma^2 + r \cdot \sigma^2_{dpIII}$	
Testcrosses vs. Testem.	1			
Resíduo	208	Q_6	σ^2	σ^2

a/: para altura de planta e altura de espigas $r=2$ ∴

GL(Blocos)=1; GL(Resíduo)=108

b/: esperanças válidas para o caráter produção de grãos ($r=3$)

- G_{ap} : conjunto de progênies aparentadas, pertencentes ao grupo II e grupo III;
- σ^2_{pIII} : variância genética entre progênies derivadas da mesma planta S_o , dentro do grupo III;
- n, m : número de progênies derivadas da mesma planta S_o ($n=2, m=3$).

A variância genética entre progênies de meios irmãos interpulacionais é função apenas dos componentes $\sigma^2_{A_{12}}$ e $\sigma^2_{A_{21}}$, análogos da variância aditiva ao nível interpulacional (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981; VENCovsky, 1987). Determinou-se, assim, o conteúdo da variância presente nos componentes σ^2_{pI} , σ^2_{pII} , σ^2_{dpII} . Observa-se, assim:

$$\begin{aligned}\sigma^2_{pI} &= (3/8) \sigma^2_{A_{12}} \quad \text{ou} \quad (3/8) \sigma^2_{A_{21}} \\ \sigma^2_{pII} = \sigma^2_{pIII} &= (1/4) \sigma^2_{A_{12}} \quad \text{ou} \quad (1/4) \sigma^2_{A_{21}} \\ \sigma^2_{dpII} = \sigma^2_{dpIII} &= (1/8) \sigma^2_{A_{12}} \quad \text{ou} \quad (1/8) \sigma^2_{A_{21}}\end{aligned}$$

3.3.4. Estimativas de parâmetros genético-estatísticos

a) Metodologia

Os parâmetros genético-estatísticos foram estimados pelo método dos quadrados mínimos ponderados, onde o fator de ponderação (f) corresponde ao inverso da raiz quadrada da variância de cada quadrado médio:

$$f_i = \frac{1}{\sqrt{V(QM_i)}}, \text{ sendo que:}$$

$$V(QM_i) = \frac{2(QM_i)^2}{g+2} \quad (\text{VELLO \& VENCovsky, 1974})$$

A matriz dos pesos (P) é uma matriz diagonal, sendo que os fatores de ponderação (f) ocupam as diagonais, e as demais posições são tomadas por zeros (SILVA, 1974). As matrizes X e Y ponderadas foram obtidas multiplicando-se: P.X, P.Y, respectivamente. Este tipo de ponderação tem como vantagem a homogeneização dos erros associados aos quadrados médios, tornando a variância de cada quadrado médio ponderado igual a unidade (OBILANA, 1977). Isto torna-se mais relevante quando os quadrados médios envolvidos apresentam diferentes magnitudes e estão associados a diferentes graus de liberdade.

Após a ponderação, a resolução do sistema é idêntica ao método dos quadrados mínimos não ponderados, onde:

$\beta = (X'X)^{-1} \cdot (X'Y)$, sendo β a matriz das estimativas.

A precisão das estimativas, $V(\hat{\beta})$, foi obtida através da expressão:

$$V^{-1} = P' \cdot P \quad (\text{SILVA, 1974; OBILANA, 1977}).$$

b) Estimaco

Entre as equaces disponveis para compor o sistema, foram seleccionadas aquelas que no gerassem alguma tendenciosidade s estimativas. Desprezou-se os quadrados mdios entre prognies aparentadas, dentro de grupos (QM_{dgII} , QM_{dgIII}), devido ao efeito da seleco dentro das prognies S_1 . Tambm foi excludo o quadrado mdio entre grupos de trs prognies aparentadas (QM_{gIII}), contendo apenas um grau de liberdade.

Foram agrupados em apenas uma matriz os experimentos relativos a "testcrosses" oriundos das duas populaes. O quadrado mdio residual que comps a matriz Y corresponde a mdia dos QM residuais dos experimentos 2.1 e 2.2, ponderados por seus respectivos graus de liberdade. A seguir, so apresentadas as estruturas das matrizes X, β , Y, P, para os caracteres produo de gros, altura de planta e altura de espiga.

X^{*1}			X^{*2}			
9/8	0	1	3/4	0	1	* ₁ : produo de gros
15/8	0	1	5/4	0	1	
0	9/8	1	0	3/4	1	* ₂ : altura de planta e altura de espiga
0	15/8	1	0	5/4	1	
0	0	1	0	0	1	

P					β	Y
f_1	0	0	0	0	$\hat{\sigma}^2_{A_{12}}$	Q_1
0	f_2	0	0	0		Q_2
0	0	f_3	0	0	$\hat{\sigma}^2_{A_{21}}$	Q_1'
0	0	0	f_4	0		Q_2'
0	0	0	0	f_5	$\hat{\sigma}^2$	Q_3

3.3.5. Progressos esperados com a seleção

Partindo-se das estimativas de $\sigma_{A_{12}}^2$, $\sigma_{A_{21}}^2$, σ^2 , foram calculados os progressos esperados com a seleção de híbridos simples (HS), híbridos triplos (HT) e híbridos duplos (HD), entre as populações ESALQ PB-2 (C2) e ESALQ PB-3 (C2), para o caráter produção de grãos. A expressão que determina o progresso com a seleção de híbridos é a seguinte:

$$Gs = k \cdot \sigma_{gH}^2 / \sigma_{fx}^-$$

σ_{gH}^2 : variância genética expressa entre híbridos;

σ_{fx}^- : desvio padrão fenotípico entre médias de híbridos.

As variâncias genéticas expressas entre híbridos simples ($HS_{(12)}$), híbridos duplos ($HD_{(12)}$) e híbridos triplos (HT_{12} , HT_{21}) são apresentados a seguir (SOUZA Jr., 1988).

$$\sigma_{HS_{(12)}}^2 = \frac{(1+F)}{4} (\sigma_{A_{12}}^2 + \sigma_{A_{21}}^2) + \frac{(1+F)^2}{4} \sigma_{D_{(12)}}^2$$

$$\sigma_{HT_{12}}^2 = \frac{(1+F)}{8} \sigma_{A_{12}}^2 + \frac{(1+F)}{4} \sigma_{A_{21}}^2 + \frac{(1+F)^2}{8} \sigma_{D_{(12)}}^2$$

$$\sigma_{HT_{21}}^2 = \frac{(1+F)}{4} \sigma_{A_{12}}^2 + \frac{(1+F)}{8} \sigma_{A_{21}}^2 + \frac{(1+F)^2}{8} \sigma_{D_{(12)}}^2$$

$$\sigma_{HD(12)}^2 = \frac{(1+F)}{8} (\sigma_{A_{12}}^2 + \sigma_{A_{21}}^2) + \frac{(1+F)^2}{16} \sigma_{D(12)}^2$$

sendo que:

HT₁₂: híbridos triplos formados pelo cruzamento de um HS da população 1 com uma linhagem da população 2;

HT₂₁: híbridos triplos provenientes do cruzamento de um HS da população 2 com uma linhagem da população 1.

Foram formuladas as seguintes hipóteses (H_i) baseadas em resultados apresentados na literatura, para a relação $\sigma_{D(12)}^2 / \sigma_{A(12)}^2$ (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988):

$$H_1: \sigma_{D(12)}^2 / \sigma_{A(12)}^2 = 1$$

$$H_2: \sigma_{D(12)}^2 / \sigma_{A(12)}^2 = 0,5$$

$$H_3: \sigma_{D(12)}^2 / \sigma_{A(12)}^2 = 0,2$$

$$\sigma_{A(12)}^2 = \frac{1}{2} (\sigma_{A_{12}}^2 + \sigma_{A_{21}}^2)$$

(HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988)

As variâncias genéticas entre híbridos são, assim, apresentadas na Tabela 10 em função apenas dos componentes $\sigma_{A_{12}}^2$ e $\sigma_{A_{21}}^2$. Foram considerados três níveis de endogamia para as linhagens: S₂ (F = 1/2), S₃ (F = 3/4), S_∞ (F = 1). O coeficiente de endogamia (F) refere-se a geração anterior de autofecundação.

Tabela 10. Variação genética entre e dentro de híbridos expressa em coeficientes de $\sigma^2_{A_{12}}$ e $\sigma^2_{A_{21}}$ assumindo-se as hipóteses $\sigma^2_{D(12)} = \sigma^2_{A(12)}$ e $\sigma^2_{D(12)} = 1/2 \sigma^2_{A(12)}$, para diversos tipos de híbridos e diferentes graus de endogamia das linhagens parentais.

	s_n	$\sigma^2_{D(12)} = \sigma^2_{A(12)}$			$\sigma^2_{D(12)} = 1/2 \sigma^2_{A(12)}$		
		$\sigma^2_{A_{12}}$	$\sigma^2_{A_{21}}$		$\sigma^2_{A_{12}}$	$\sigma^2_{A_{21}}$	
HS ₍₁₂₎	S ₂	0,656(0,344)	0,656(0,344)		0,516(0,234)	0,516(0,234)	
	S ₃	0,820(0,180)	0,820(0,180)		0,629(0,121)	0,629(0,121)	
	S _∞	1,000(0,00)	1,000(0,00)		0,750(0,00)	0,750(0,00)	
HT ₁₂	S ₂	0,328(0,672)	0,516(0,484)		0,258(0,492)	0,445(0,305)	
	S ₃	0,410(0,590)	0,629(0,371)		0,314(0,436)	0,533(0,217)	
	S _∞	0,500(0,500)	0,750(0,250)		0,375(0,375)	0,625(0,125)	
HT ₂₁	S ₂	0,516(0,484)	0,328(0,672)		0,445(0,305)	0,258(0,492)	
	S ₃	0,629(0,371)	0,410(0,590)		0,533(0,217)	0,314(0,436)	
	S _∞	0,750(0,250)	0,500(0,500)		0,625(0,125)	0,375(0,375)	
HD ₍₁₂₎	S ₂	0,258(0,742)	0,258(0,742)		0,223(0,527)	0,223(0,527)	
	S ₃	0,314(0,686)	0,314(0,686)		0,267(0,483)	0,267(0,483)	
	S _∞	0,375(0,625)	0,375(0,625)		0,312(0,438)	0,312(0,438)	

Valores fora do parênteses correspondem a variância genética entre híbridos (σ^2_{gH}) e dentro à variância genética dentro de híbridos (σ^2_{gd}).

Para fins de predição do progresso com a seleção, manteve-se constante o componente ambiental E, determinando-se a variância genética dentro (σ_{gd}^2), para cada tipo de híbrido. Assim a expressão geral para cálculo da variância fenotípica entre médias de híbridos é a seguinte:

$$\sigma_{fx}^2 = \frac{\sigma_{gd}^2}{k \cdot r} + \frac{E}{r} + \sigma_g^2$$

Na Tabela 10 são apresentados os componentes de variância genética dentro de cada tipo de híbrido, em termos de $\sigma_{A_{12}}^2$ e $\sigma_{A_{21}}^2$, considerando-se as hipóteses (H_1 , H_2 e H_3).

4. RESULTADOS

4.1. Progenies S_1

4.1.1. Valores Médios

As performances médias das progenies S_1 das populações não endógamas (S_0), bem como do híbrido comercial C511 estão condensados na Tabela 11, para os dois locais de avaliação e os três caracteres avaliados, quais sejam, produção de grãos (PG), altura da planta (AP) e altura de espiga (AE), apresentados ao nível de plantas individuais.

Como esperado, o efeito de ambientes mostrou-se bastante pronunciado, sendo que as médias referentes ao local 1 (Ponta Grossa) apresentaram-se sempre superiores ao local 2 (Rondonópolis). Em média, verificou-se em Ponta Grossa uma superioridade de 120% em produção de grãos (g/pl), 15,2% na altura de planta (cm) e 18,4% em altura de espiga (cm).

Na média dos dois locais, as populações não endógamas ESALQ PB-2 (C3), população 1, e ESALQ PB-3 (C3),

população 2, mostraram produções similares, com valores iguais a 175 g/pl e 160 g/pl, respectivamente, equivalendo a cerca de 93% da produção da testemunha (Tabela 11). Este percentual manteve-se da mesma ordem em Ponta Grossa, com produções em torno de 220 g/pl em ambas as populações. Em Rondonópolis as médias foram de 123 g/pl e 98 g/pl para as população 1 e 2, respectivamente, correspondendo, em cada caso a 103 e 93% da produção do híbrido comercial C511. Os resultados inferiores apresentados pela população 2 podem ser devido aos problemas de ordem experimental envolvendo os experimentos 1.3 e 1.4, comentados no item 3.2.2.

Com respeito aos caracteres altura de planta e altura de espiga, o híbrido comercial sempre apresentou valores inferiores às populações não endógamas. Para altura de planta as médias de Ponta Grossa foram da ordem de 245 cm/pl em ambas populações, superando a testemunha em torno de 5%. Em Rondonópolis as médias de 220 cm para a população 1, e 205 cm para a população 2, representaram acréscimos de 7 e 2%, comparados ao híbrido C511.

Para o caráter altura de espiga, foram obtidos em Ponta Grossa valores em torno de 150 cm nas populações 1 e 2, superando a testemunha em 15 e 10%, respectivamente. Em Rondonópolis, tais percentuais foram de 13% e 5% com médias de 120 cm e 110 cm para a populações 1 e 2, respectivamente.

Com relação as progênies endogâmicas (S_1), as produções obtidas em Ponta Grossa foram da ordem de 140 g/pl para ambas populações, correspondendo a 56% da média do híbrido C511. Como esperado, as médias de produção em Rondonópolis, mostraram-se inferiores a Ponta Grossa com valores de 65 g/pl para a população 1 e 53 g/pl para a população 2. Considerando-se a média dos locais, obtiveram-se produções médias ao redor de 100 g/pl para os dois conjuntos de progênies, comparados a 180 g/pl para o híbrido C511 e 170 g/pl para as populações não endógamas (Tabela 11).

Para os caracteres altura de planta e altura de espiga, as médias das progênies endogâmicas foram semelhantes às apresentadas pela testemunha C511. Para altura de planta, as populações 1 e 2 apresentaram, respectivamente, médias iguais a 230 cm e 224 cm, em Ponta Grossa, e 202 cm e 190 cm/pl em Rondonópolis, correspondendo a cerca de 96% da altura de planta do híbrido C511 (Tabela 11). Para altura de espiga, as médias foram de 140 cm e 133 cm em Ponta Grossa, e 108 cm e 100 cm em Rondonópolis, nas populações 1 e 2, respectivamente. Calculada a média dos dois locais, os percentuais relativos a média da testemunha foram de 104% para a população 1 e 99% para a população 2.

A depressão média por endogamia variou em função da população, do ambiente de avaliação, e sobretudo, da natureza do caráter em estudo (Tabela 12). O caráter mais

influenciado pelo efeito da endogamia foi produção de grãos, com valores médios da ordem de -37% e -44% em Ponta Grossa, e -42% e -46%, em Rondonópolis, nas populações 1 e 2, respectivamente.

A depressão média por endogamia mostrou-se semelhante para os caracteres altura de planta e altura de espiga. Para altura de planta foram obtidas depressões iguais a -7,2% e -8,9% em Ponta Grossa, e -8,9% e -7,0% em Rondonópolis, para as populações 1 e 2, respectivamente. Para altura de espiga obtiveram-se depressões da ordem de -7,5% em Ponta grossa, nas duas populações, sendo que em Rondonópolis as depressões médias foram mais elevadas, com valores de -10,3% para a população 1 e -8,5% para a população 2.

Os valores médios de depressão por endogamia para 1% de acréscimo no nível de endogamia populacional também foram semelhantes para as duas populações em questão, apresentando estimativas médias variando de 1,30 g/pl a 1,40 g/pl para produção de grãos, 0,37 cm para altura de planta e 0,22 cm para altura de espiga (Tabela 12).

Como esperado, a contribuição dos locos homozigotos ($\mu + a$) mostrou-se mais acentuada que a dos locos heterozigotos (d) para os caracteres altura de planta e altura de espiga, ocorrendo o inverso para produção de grãos. Os valores de ($\mu + a$) e da relação $(\mu + a)/d$ encontrados para a população 1, foram superiores aos obtidos para

a população 2, nos dois locais de avaliação, para produção de grãos (Tabela 12). Para os demais caracteres, entretanto, as duas populações apresentaram performances similares.

4.1.2. Distribuições Observadas

As distribuições observadas das progênies S_1 , referentes a média do caráter, juntamente com seus desvios percentuais em relação a população não endógama (DE) são apresentadas na forma de histogramas nas Figuras 2 a 7.

A produção das progênies S_1 , em Ponta Grossa, oscilou na faixa de 83 a 225 g/pl, para a população 1 e 85 a 202 g/pl para a população 2, o que correspondeu respectivamente a desvios percentuais de (-0,1 a -63,0%) e (-14,5 a -64,8%) comparados as populações não endógamas (S_0) (Figura 2).

No local 2, Rondonópolis, a produção variou entre 37 e 116 g/pl, para a população 1, e 25 a 85 g/pl para a população 2. A faixa de depressão por endogamia foi de -2,8 a -68% para a população 1, e -10 a -74% para a população 2, confirmando a maior sensibilidade das progênies endogâmicas ao efeito adverso de chuvas na colheita (Figura 5).

Para altura de planta, os valores obtidos em Ponta Grossa variaram de 180 a 280 cm, para ambas as populações. Quando comparadas à média das respectivas populações não endógamas (S_0), os desvios percentuais (DE) situaram-se

entre os limites de -28 a +13%, indicando a presença de progênies S_1 com alturas mais elevadas que a média da população S_0 (Figura 3). Tendências semelhantes para a depressão, em relação a média da população também foram determinadas em Rondonópolis, com valores variando de -27 a +14%, para a população 1, e -27 a +18% para a população 2. Em termos absolutos as distribuições de altura de planta situaram-se entre os limites de 150 e 250 cm para ambas as populações, havendo tendências de menores valores na população 2 (Figura 6).

Os valores encontrados para o caráter altura de espiga variaram de 95 a 175 cm, em Ponta Grossa, e 75 a 145 cm em Rondonópolis, para ambas populações, com tendências de valores mais elevados para a população 1. Os desvios percentuais relativos a média da população S_0 foram semelhantes para os dois locais de avaliação oscilando de -37 a +18% (Tabela 12 e Figuras 4 e 7).

4.1.3. Análises Agrupadas por Local

Os resultados das análises referentes aos três caracteres avaliados, em ambas populações, encontram-se condensados na Tabela 13, juntamente com seus respectivos coeficientes de variação experimental (CVe%) e índices de variação experimental (θ).

Para o caráter produção de grãos, foram encontradas diferenças altamente significativas entre

progênes S_1 , com valores de F variando de 2,84 a 4,12 (Tabela 13). As magnitudes de CVe (%) foram da ordem de 15%, em Ponta Grossa e 20% em Rondonópolis. Os valores encontrados para θ situaram-se em torno de 1,00, em Ponta Grossa, e 0,80, em Rondonópolis, indicando menor influência ambiental neste local. Em ambos os locais, as estimativas de θ para a população 1 mostraram-se superiores a população 2 (Tabela 13).

Para o caráter altura de planta (Tabela 13) foram obtidos os coeficientes de variação ambiental (CVe (%), de menor magnitude, oscilando em torno de 5%, em ambas as populações, com valor máximo em Rondonópolis, para a população 2 ($CVe = 6,0\%$). Os índices θ variaram de 1,30 a 1,60, confirmando a menor influência ambiental sobre este caráter, quando comparado a produção de grãos.

Para altura de espiga, os experimentos conduzidos no local 2, Rondonópolis, mostraram maior influência ambiental ($CVe \cong 9,0\%$; $\theta = 1,0$), comparado-se ao local 1, Ponta Grossa, ($CVe \cong 6,5\%$; $\theta = 1,3$). As estimativas para as duas populações, dentro do mesmo local, foram similares.

4.1.4. Análises Conjuntas

Os resultados relativos às análises conjuntas dos dois locais, Ponta Grossa e Rondonópolis, estão condensados na Tabela 14. Foram detectadas diferenças altamente

significativas para o efeito de progênies, nos três caracteres avaliados.

Como esperado, o efeito de locais mostrou-se bastante pronunciado nas duas populações, para produção de grãos ($F \cong 200^{**}$), altura de planta ($F = 50^{**}$) e altura de espiga ($F \cong 80^{**}$).

4.1.5. Estimativas de variância e coeficientes de herdabilidade

As estimativas de variâncias genéticas e ambientais, bem como das herdabilidades ao nível de médias de progênies, estão apresentados nas Tabelas 15, 16 e 17 para os três caracteres em estudo.

Para produção de grãos (g/pl), a população 1, ESALQ PB-2 (C3) apresentou magnitudes de variância entre progênies (σ_p^2) superiores a população 2, ESALQ PB-3 (C3), tanto em Ponta Grossa ($\hat{\sigma}_{p_1}^2 = 464,7$; $\hat{\sigma}_{p_2}^2 = 341,0$) quanto em Rondonópolis ($\hat{\sigma}_{p_1}^2 = 111,4$; $\hat{\sigma}_{p_2}^2 = 71,3$). Os erros associados a tais estimativas, $s(\hat{\sigma}_{p_1}^2)$ e $s(\hat{\sigma}_{p_2}^2)$, corresponderam a 13,4% e 14,5% do valor de $\hat{\sigma}_{p_1}^2$, em Ponta Grossa, e 15,2% e 15,9%, em Rondonópolis, indicando boa precisão das estimativas (Tabela 15).

As estimativas de variâncias aditivas intra-populacionais ($\sigma_{A_1}^2$ e $\sigma_{A_2}^2$) e dos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de progênies, $h_{(x)}^2$, foram função das

hipóteses assumidas para a relação σ_D^2/σ_A^2 . Em geral, os valores de $\hat{\sigma}_A^2$ e $h_{(x)}^2$ determinados em Ponta Grossa foram superiores aos de Rondonópolis.

Considerando-se $H_1: \sigma_D^2/\sigma_A^2 = 1$ para produção $(g/pl)^2$, obtiveram-se as estimativas: $\hat{\sigma}_{A_1}^2 = 371$ e $\hat{\sigma}_{A_2}^2 = 272$, para Ponta Grossa, e $\hat{\sigma}_{A_1}^2 = 89$ e $\hat{\sigma}_{A_2}^2 = 57$, para Rondonópolis. Os coeficientes de herdabilidade foram da ordem de 60 e 50% para Ponta Grossa e Rondonópolis (Tabela 17).

Assumindo-se as hipóteses $H_2: \sigma_D^2/\sigma_A^2 = 1/2$, as estimativas de variância aditiva ($\sigma_{A_1}^2$ e $\sigma_{A_2}^2$) bem como dos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias tiveram maiores magnitudes, tanto em Ponta Grossa ($\hat{\sigma}_{A_1}^2 = 413,1$; $\hat{\sigma}_{A_2}^2 = 303,1$; $h_{(x_1)}^2 = 67\%$; $h_{(x_2)}^2 = 63\%$) quanto em Rondonópolis ($\hat{\sigma}_{A_1}^2 = 99,0$; $\hat{\sigma}_{A_2}^2 = 63,4$; $h_{(x_1)}^2 = 60\%$; $h_{(x_2)}^2 = 57\%$).

Com relação ao caráter altura de planta, as estimativas de σ_A^2 não diferiram sensivelmente entre as duas populações (Tabela 16), havendo contudo tendências de valores mais elevados para a população 2. As magnitudes de $\hat{\sigma}_{A_1}^2$ e $\hat{\sigma}_{A_2}^2$ foram da ordem de 200 cm^2 , em ambos locais. O erro associado a tais estimativas foi sempre inferior a 15% de seu valor. O quociente entre a variância ambiental dentro das parcelas (σ_{ed}^2) e variância ambiental entre parcelas (σ_e^2) variou de 1,70 a 5,44, com média igual a 3,3. Os valores de $h_{(x)}^2$ foram da ordem de 80%, para ambas as populações, nos dois locais de avaliação (Tabela 16).

Para o caráter altura de espiga, do mesmo modo que para produção de grãos, as estimativas de variância aditiva (cm^2) mostraram-se influenciadas pelo efeito de locais (Tabela 17) obtendo-se: ($\hat{\sigma}_{A_1}^2 = 148,0 \text{ cm}^2$; $\hat{\sigma}_{A_2}^2 = 176,8$) e ($\hat{\sigma}_{A_1}^2 = 93,2$; $\hat{\sigma}_{A_2}^2 = 75,5$) para Ponta Grossa e Rondonópolis, respectivamente. O valor do $s(\hat{\sigma}_{A_i}^2)$ correspondeu, em média, a 13% do valor da estimativa. A relação $\sigma_{ed}^2 / \sigma_e^2$ oscilou de 1,45 a 3,70 com média igual a 2,56.

Os coeficientes de herdabilidade ao nível de médias, para altura de espiga, foram semelhantes para as duas populações, sendo da ordem de 80%, em Ponta Grossa, e 70%, em Rondonópolis (Tabela 17).

Na Tabela 18 encontram-se condensadas as estimativas dos parâmetros derivados da análise conjunta. Considerado o efeito de locais como fixo, as estimativas de variância aditiva encontram-se livre da interação com locais.

Para produção de grãos (g/pl^2), as estimativas de σ_A^2 apresentam diferenças significativas entre as populações 1 e 2. Considerando-se $\sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 1$, determinou-se: $\hat{\sigma}_{A_1}^2 = 190,0$ e $\hat{\sigma}_{A_2}^2 = 116,6$; assumindo-se $\sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 1/2$, obteve-se: $\hat{\sigma}_{A_1}^2 = 211,1$ e $\hat{\sigma}_{A_2}^2 = 19,5$. Os erros associados às estimativas foram da ordem de 12 e 15%, para as populações 1 e 2, respectivamente.

As magnitudes da variância da interação entre progênies e locais (σ_{pl}^2) foram semelhantes entre as duas populações, onde: $\hat{\sigma}_{(pl)_1}^2 = 63,4 \text{ (g/pl)}^2$ e $\hat{\sigma}_{(pl)_2}^2 = 64,1 \text{ (g/pl)}^2$, equivalendo a 27 e 44% do valor de $\hat{\sigma}_{p1}^2$ e $\hat{\sigma}_{p2}^2$, respectivamente (Tabela 18). Os coeficientes de herdabilidades ao nível de médias de progênies mostraram-se superiores aos calculados individualmente por local, com valores em torno de 60% ($H_1 = \sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 1$) e 70% ($H_2 = \sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 1/2$).

Com respeito ao caráter altura de planta, as estimativas de σ_{A1}^2 e σ_{A2}^2 , obtidas da análise conjunta foram de $231,5 \text{ cm}^2$ e $243,2 \text{ cm}^2$, respectivamente, superando os valores de σ_A^2 derivados das análises individuais, inflacionadas pela interação com o ambiente (Tabela 18). Para este caráter, a magnitude de $\hat{\sigma}_{pl}^2$ foi baixa, sendo que $(\hat{\sigma}_{pl}^2)_1 = 8,07 \text{ (cm)}^2$ e $(\hat{\sigma}_{pl}^2)_2 = 9,78 \text{ (cm)}^2$. Tais valores mostraram-se duas a três vezes menores que os erros associados às estimativas de σ_{A1}^2 , onde: $s(\hat{\sigma}_{A1}^2) = 24,9 \text{ (cm)}^2$ e $s(\hat{\sigma}_{A2}^2) = 24,8 \text{ (cm)}^2$. Os valores de $h_{(x)}^2$ foram da ordem de 88%, em ambas populações.

Para o caráter altura de espiga, as estimativas de σ_{A1}^2 obtidas da análise conjunta ($\hat{\sigma}_{A1}^2 = 131,0 \text{ cm}^2$; $\hat{\sigma}_{A2}^2 = 104,7 \text{ cm}^2$) mostraram-se intermediárias às estimativas derivadas das análises individuais. Os valores de $s(\hat{\sigma}_A^2)$ corresponderam a 15% $\hat{\sigma}_{A1}^2$ e 12% $\hat{\sigma}_{A2}^2$ (Tabela 18). A magnitude de σ_{pl}^2 foi pequena ($\hat{\sigma}_{(pl)_1}^2 = 5,8 \text{ cm}^2$; $\hat{\sigma}_{(pl)_2}^2 = 9,0 \text{ cm}^2$) quando comparada variância expressa entre progênies (σ_p^2),

sendo que: $(\hat{\sigma}_{(pl)_1}^2 / \hat{\sigma}_{p_1'}^2 = 4,2\%$; $\hat{\sigma}_{(pl)_2}^2 / \hat{\sigma}_{p_2'}^2 = 8,2\%$). Estes valores, contudo, foram superiores aos obtidos para o caráter altura de planta, onde $(\hat{\sigma}_{pl}^2 / \hat{\sigma}_{p'}^2) \cong 3,5\%$ (Tabela 18).

Os coeficientes de herdabilidade para altura de espiga foram semelhantes aos obtidos para altura de planta, com valores da ordem de 84% para as duas populações.

4.1.6. Progressos esperados com a seleção

A Tabela 19 reúne estimativas de progressos esperados com a seleção, para o caráter produção de grãos. São apresentados os ganhos diretos no próprio local de seleção e ganho médio com a seleção baseada na média dos locais.

As estimativas de progresso com a seleção variaram de 7,8 a 11,5% da produção da população não endógamas (S_0), em ambas populações, nos dois locais de avaliação. A população 1, entre as duas avaliadas, apresentou os maiores valores de progresso com a seleção. Os ganhos mais elevados foram obtidos com esta população, em Ponta Grossa, onde $G_s = 10,3\%$ ($H_1 = \sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 1$) e $G_s = 11,5\%$ ($H_2: \sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 1/2$). O ganho médio com a seleção praticada na média dos locais, para a população 1, mostrou-se intermediário aos ganhos diretos no próprio local de seleção.

Para a população 2, os maiores ganhos percentuais foram determinados em Rondonópolis, com valores de 8,6 e 9,6%, assumindo-se $\sigma_D^2/\sigma_A^2 = 1,0$ e $\sigma_D^2/\sigma_A^2 = 0,5$ respectivamente. Os progressos médios obtidos com a seleção praticada na média dos locais foram inferiores aos determinados diretamente no próprio local de seleção.

4.2. Resultados dos "Testcrosses" Recíprocos

4.2.1. Valores Médios e Amplitudes dos Valores Observados

As médias referentes ao conjunto de "testcrosses" 12 (ESALQ PB-2 (C2)♀ x ESALQ PB-3 (C2) e "testcrosses" 21 (ESALQ PB-3 (C2)♀ x ESALQ PB-2 (C2) são apresentados na Tabela 20 para os caracteres produção de grãos, altura de planta e altura de espiga e estão representados respectivamente por T(12) e T(21).

A produção média dos "testcrosses" foi de 141 g/pl para T(12) e 154 g/pl para T(21), correspondendo a cerca de 97% da produção da testemunha C511. A média de 20% dos "testcrosses" mais produtivos ($\bar{Y}_s$) superou em torno de 10% a produção do híbrido C511 com produções de 161 g/pl para T(12) e 173 g/pl para T(21).

Para altura de planta os dois conjuntos de "testcrosses" apresentaram médias similares ($\bar{Y}_{(12)} = 240$ cm; $\bar{Y}_{(21)} = 246$ cm), superando ao redor de 2% a média do híbrido C511. Este percentual foi acrescido quando comparada a média de 20% dos "testcrosses" mais produtivos ($\bar{Y}_s$), com valores de 8,6 e 2,6% para T(12) e T(21), respectivamente. Apesar desta tendência, valores de alturas de planta semelhantes a média da testemunha podem ser detectadas entre os "testcrosses" mais produtivos (Apêndices A1 e A2). Considerando-se a interpopulação (21) 5 entre 18 progênes superiores ($\bar{Y}_s$) apresentaram porte inferior ao híbrido C511.

Assim como para altura de planta, as médias de altura de espiga mostraram-se semelhantes entre os dois grupos de "testcrosses", com valores da ordem de 143 cm, para T(12), e 146 cm para T(21), excedendo respectivamente, em 7,0 e 5,2% a média da testemunha. A altura de espiga do conjunto de "testcrosses" mais produtivos ($\bar{Y}_s$) superou em 14,1 e 7,1% a média do híbrido C511, para T(12) e T(21), respectivamente, indicando maiores aumentos percentuais do que para altura de planta. Apesar desta tendência, pode-se detectar entre os 20% "testcrosses" mais produtivos, tratamentos com altura de espiga e posição relativa da espiga na planta semelhantes a testemunha (Apêndices A1 e A2).

4.2.2. Análises de Variância

As Tabelas 21 e 22 apresentam os resultados obtidos das análises referentes aos experimentos 2.1 e 2.2, contendo "testcrosses" (12) e (21), respectivamente. Em ambos os casos, apenas os efeitos de "testcrosses" e entre "testcrosses" pertencentes ao grupo I (GI) mostraram diferenças altamente significativas nos três caracteres em avaliação.

Considerando-se o experimento 2.1, as magnitudes de QM para GI foram da ordem de $706,5 \text{ (g/pl)}^2$ para produção de grãos, $354,0 \text{ cm}^2$ para altura de planta e $223,1 \text{ cm}^2$ para altura de espiga. Comparado a estes valores, estimativas dos componentes (QM dGII), estimado com apenas 7 graus de liberdade, acham-se discordantes, analisando-se suas esperanças de quadrados médios, com valores de $86,7 \text{ (g/pl)}^2$, para produção de grãos, $383,9 \text{ cm}^2$ para altura de planta e $290,2 \text{ cm}^2$ para altura de espiga. Com relação ao efeito de pares de progênies aparentadas (GII), as estimativas de QM para altura de planta (cm^2) e altura de espiga (cm^2) foram 408,04 ns e 338,99 ns, respectivamente. Para produção (g/pl)^2 o valor de 582,0** mostrou-se inferior ao apresentado para GI, ao contrário do esperado (Tabela 21). Quanto ao nível de significância dos QM, note-se que em GII, o valor de F é influenciado pela magnitude de QM dGII (Tabela 21).

Com respeito ao experimento 2.2, envolvendo "testcrosses" (21), o efeito de progênies pertencentes ao grupo I (GI) apresentou magnitudes de QM da ordem de 643,2** para produção de grãos (g/pl)², 388,4 para altura de planta (cm)² e 251,5** para altura de espiga (cm)². Os efeitos devidos a variação entre progênies dentro de grupos aparentados (dGII e dGIII) não se mostraram significativos para os três caracteres em questão. Com relação ao efeito GII, as magnitudes de QM foram de 1035,0* para produção (g/plantas)², 536,6* para altura de planta (cm)² e 385,1 ns para altura de espiga (cm)². Comparadas às estimativas de QM GI, estes valores se mostraram coerentes com o esperado.

Os coeficientes de variação experimental, bem como os erros padrões da média, tiveram estimativas semelhantes no experimento 2.1 (Tabelas 21 e 22). Obtiveram-se, na média, valores baixos de CVe para altura de planta ($\cong 6, \%$) e para altura de espiga ($\cong 8, \%$), e valores médios para produção de grãos ($\cong 11 \%$). Os erros padrões da média, comparados a média experimental, foram da ordem de 4,0% para altura de planta, 5,70% para altura de espiga e 6,5% para produção de grãos (Tabelas 21 e 22), refletindo bons níveis de precisão experimental em ambos os experimentos.

4.2.3. Estimativas

A Tabela 23 reúne estimativas de variância aditiva ao nível interpopulacional ($\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$, $\hat{\sigma}_{A_{21}}^2$), estimativas de variância genética entre progênies, expressas no modelo hierárquico ($\hat{\sigma}_{pI}^2$, $\hat{\sigma}_{dpII}^2$, $\hat{\sigma}_{pII}^2$), bem como da variância do erro experimental ($\hat{\sigma}^2$) para cada caráter. Os valores de $\hat{\sigma}_{pI}^2$, $\hat{\sigma}_{dpII}^2$, $\hat{\sigma}_{pII}^2$ foram derivados à partir de $\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$ e $\hat{\sigma}_{A_{21}}^2$ (Tabelas 18 e 19).

Para produção de grãos, a magnitude das estimativas de $\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$ e $\hat{\sigma}_{A_{21}}^2$ foi da ordem de 300 (g/pl)², onde: $\hat{\sigma}_{A_{12}}^2 = 292,7$ e $\hat{\sigma}_{A_{21}}^2 = 316,2$. Os erros associados a $\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$ e $\hat{\sigma}_{A_{21}}^2$ correspondem a cerca de 30% de seu valor [$s(\hat{\sigma}_{A_{12}}^2) = 91,7$; $s(\hat{\sigma}_{A_{21}}^2) = 94,2$]. Para as variâncias genéticas expressas entre progênies, determinou-se: ($\hat{\sigma}_{pI}^2 = 109,8$; $\hat{\sigma}_{dpII}^2 = 36,6$; $\hat{\sigma}_{pII}^2 = 73,2$) em T(12) e ($\hat{\sigma}_{pI}^2 = 118,6$; $\hat{\sigma}_{dpII}^2 = 39,5$; $\hat{\sigma}_{pII}^2 = 79,1$) em T(21).

Com relação aos caracteres altura de planta (cm/pl) e altura de espiga (cm/pl), determinaram-se tendências de maior variabilidade genética entre "testcrosses" (21), quando comparados a população recíproca. Para altura de planta (cm/pl) obteve-se: $\hat{\sigma}_{A_{12}}^2 = 211,0$ e $\hat{\sigma}_{A_{21}}^2 = 267,9$, com erros equivalentes a 25 e 21% de seus valores, respectivamente. As estimativas de variância genética entre progênies foram: ($\hat{\sigma}_{pI}^2 = 79,1$; $\hat{\sigma}_{dpII}^2 = 26,4$; $\hat{\sigma}_{pII}^2 = 52,8$), em T(12), e ($\hat{\sigma}_{pI}^2 = 100,5$; $\hat{\sigma}_{dpII}^2 = 33,5$; $\hat{\sigma}_{pII}^2 = 67,0$) em T(21).

Para altura de espiga (cm), obteve-se: $\hat{\sigma}_{A_{12}}^2 = 124,1$ e $\hat{\sigma}_{A_{21}}^2 = 162,9$ com erros da ordem de 28,8 e 23,8% de suas estimativas, respectivamente. Os valores de $\hat{\sigma}_{pI}^2$, $\hat{\sigma}_{dpII}^2$ e $\hat{\sigma}_{pII}^2$ foram, respectivamente: (46,5; 15,5; 31,0) cm^2 para T(12), e (61,7; 20,3; 40,7) cm^2 , para T(21).

Com relação a estimativa da variância residual ($\hat{\sigma}^2$), obteve-se: 299,1 (g/pl) 2 , para produção de grãos, 189,0 cm^2 para altura de planta e 134,3 cm^2 para altura de espiga, com erros associados a estas estimativas iguais a 10%, 10% e 14% de seu valor, respectivamente (Tabela 23).

4.2.4. Progressos Esperados com a Seleção de Híbridos

As estimativas de progresso com a seleção de híbridos simples ($HS_{(12)}$), híbridos triplos (HT_{12} e HT_{21}) e híbridos duplos ($HD_{(12)}$), para os caracteres produção de grãos, altura de planta e altura de espiga, estão apresentados nas Tabelas 24 e 25 supondo-se diferentes níveis de endogamia nas linhagens.

Como esperado, para um mesmo nível de endogamia dos parentais, as estimativas de progresso com a seleção seguiram a sequência: Gs HS > Gs HT > Gs HD. Dentro de um mesmo tipo de híbrido, maiores valores de Gs são esperados aumentando-se o nível de endogamia das linhagens. Obtiveram-se, para os três caracteres, estimativas de progressos semelhantes entre HT_{12} e HT_{21} .

Considerando-se o caráter produção de grãos, as maiores estimativas de Gs são esperadas quando assumido o maior nível de dominância para o caráter ($h_1: \frac{\sigma_D^2}{\sigma_D^2 + \sigma_A^2} = 1$), Tabela 24. Supondo-se esta hipótese, obtiveram-se como limites de Gs para híbridos de linhagens os valores de 40,3 g/pl (27,2%) a 17,0 g/pl (11,5%) referentes, respectivamente, a $HS_{(12)}$ de linhagens totalmente endogâmicas e $HD_{(12)}$ de progênies S_2 . Quando comparadas a testemunha, C511, esperam-se produções superiores em 24% para $HS_{(12)}$ (S_∞) e 8,8% para $HD_{(12)}$ (S_2) (Tabela 24).

O progresso esperado com a seleção de híbridos triplos (HT_{12} e HT_{21}) oscilou entre 23 g/pl (16%) a 30 g/pl (20%), para progênies S_2 e linhagens totalmente endogâmicas, respectivamente, refletindo uma superioridade de 13 a 18%, sobre o híbrido C511.

Apesar do crescente aumento na produção estimada dos híbridos, com o aumento na endogamia dos parentais, observa-se pela Tabela 26 que incrementos significativos foram obtidos até a geração S_3 . Acréscimos na geração S_∞ ($F = 1$) quando comparados a S_3 foram inferiores a 3,0% para todos os tipos de híbridos.

Com respeito aos caracteres altura de planta e altura de espiga, o progresso foi calculado visando-se a redução nos valores médios destes caracteres nos híbridos selecionados. Comparados à produção de grãos, ambos os caracteres apresentaram maiores amplitudes de variação.

Para altura de planta estimaram-se reduções variando de 13,4 cm (5,5%) para $HD_{(12)} (S_2)$ a 27,1 cm (11,1%), para $HS_{(12)} S_{(12)}$, correspondendo a 96,2% e 90,5% da média do padrão C511 (Tabela 25). As estimativas de Gs para HT_{12} e HT_{21} oscilaram de 17,5 cm (7,2%) a 22,3 cm (9,2%), considerando-se linhagens S_2 e $S_{(12)}$, respectivamente.

Para o caráter altura de espiga, os extremos estimados de Gs foram de 10 cm (6,9%) e 20,6 cm (14,2%), para $HD_{(12)} (S_2)$ e $HS_{(12)} (S_{(12)})$ respectivamente. As reduções esperadas com a seleção de HT_{12} e HT_{21} variaram de 13 cm (9,1%) a 17 cm (11,8%) comparado ao híbrido inter-varietal, correspondendo a 96% e 94% da média obtida para a testemunha C511 (Tabela 25).

4.2.5. Distribuição Esperada de Híbridos e "Testcrosses"

As distribuições esperadas de "testcrosses" (S_2), $HS_{(12)}$, HT_{12} e $HD_{(12)}$, obtidos de linhagens totalmente endogâmicas, são apresentadas para os caracteres produção de grãos (Figura 8 e Figura 9), altura de planta (Figura 10) e altura de espiga (Figura 11).

Assumida $H_1: (\sigma^2_{D(12)} / \sigma^2_{A(12)}) = 1$, as produções máximas esperadas são de 193 g/pl, 202 g/pl, 214 g/pl e 228 g/pl para "testcrosses" S_2 , $HD_{(12)}$, HT_{12} , $HS_{(12)}$, supe-

rando, respectivamente em 27%, 33%, 41% e 50% a produtividade da testemunha C511.

Para altura de planta (cm), as estimativas encontram-se entre os limites: (206 e 280) para "tescrosses" (S_2), (201 e 285) para $HD_{(12)}$, (194 e 292) para HT_{12} , e (187 e 299) para $HS_{(12)}$, equivalendo, neste caso, a 78 e 125% da altura média do híbrido C511.

Com relação a altura de espiga (cm), estimaram-se valores de 115 a 175 para "tescrosses" (S_2), 112 a 178 para $HD_{(12)}$, 106 a 186 para HT_{12} e 101 a 189 para $HS_{(12)}$, correspondendo, neste caso, a 74 e 139% da média de altura de espiga da testemunha C511.

5. DISCUSSÃO

5.1. Progênies S_1

5.1.1. Valores Médios e Distribuições Observadas

A análise do melhoramento "per se" de linhagens endogâmicas, produzidas em programas de seleção recorrente, é um dos pontos importantes a ser considerado na integração de tais programas com o melhoramento para produção de híbridos. Considerações de natureza teórica (HALLAUER, 1980; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988), e resultados práticos (HALLAUER et alii, 1988) tem revelado que a seleção recorrente com progênies endogâmicas apresenta-se como eficiente metodologia promotora de ganhos genéticos nas linhagens, reduzindo sua depressão por endogamia.

Os valores de depressão média por endogamia determinados para as duas populações em estudo, ESALQ PB-2 (C3) e ESALQ PB-3 (C3) encontram-se próximos a média obtida por LIMA et alii (1984), avaliando 32 populações brasileiras. Entretanto, comparadas a ciclos anteriores de seleção, avaliados por MARQUES (1988), as populações em estudo

revelam redução na depressão média por endogamia para produção de grãos (Tabela 27).

No trabalho de MARQUES (1988), progênes S_1 das populações ESALQ PB-2 e ESALQ PB-3 apresentaram acentuada carga genética, mesmo após um ciclo de seleção recorrente com progênes endogâmicas. Segundo o autor, as populações deveriam apresentar muitos locos dominantes em heterozigose e a carga genética presente na população não deveria ter sido suficientemente eliminada com apenas um ciclo de seleção. O autor observou, entretanto, tendência de acréscimos no valor médio das famílias endogâmicas com o decorrer dos três ciclos de seleção com endogamia. A utilização de progênes S_2 no terceiro ciclo de seleção pode ter contribuído para a redução significativa da carga genética populacional, refletindo em aumento de vigor nas progênes do quarto ciclo de seleção, avaliadas no presente estudo.

As progênes S_1 mais vigorosas da população ESALQ PB-2 (C3) apresentaram produções similares à sua população não endógama, sendo que, para a população ESALQ PB-3 (C3), as melhores progênes se mostraram inferiores em apenas 13% (Figura 2 e Figura 5). Tais produções encontram-se relativamente superiores às obtidas por MARQUES (1988) avaliando o segundo ciclo de seleção em ESALQ PB-2 e ESALQ PB-3, onde as melhores progênes S_1 produziram em média 18% abaixo das populações não endógamas (Tabela 27). Estes resultados poderiam ser esperados, haja visto a eliminação de

Tabela 27. Comparação das estimativas de coeficiente de variação genético (CVg%) e depressão por endogamia (DE%) obtidas no presente ciclo e em ciclos anteriores de seleção, nas populações ESALQ PB-2 e ESALQ PB-3.

Ciclo seleção	Progenies	Populações	CVg%	DE %			Cará- ter **	Referência
				Limite inferior	Médias progenies	limite superior		
1º NI	PS ₁	ESALQ PB-2	13,4	-	-	-	PC	MARQUES, 1988
		PB-3	14,6	-	-	-	PC	
1º IR	PS ₁	ESALQ PB-2	17,9	-	-	-	PC	MARQUES, 1988
		PB-3	14,3	-	-	-	PC	
2º	PS ₁	ESALQ PB-2	13,2	-15,2	-43,7	-76,3	PG	MARQUES, 1988
		PB-3	13,3	-22,5	-49,4	-76,1	PG	
3º	PS ₂	ESALQ PB-2	22,7	-	-	-	PC	MARQUES, 1988
		PB-3	24,9	-	-	-	PC	
4º	PS ₁ *	ESALQ PB-2	15,2	-1,5	-40,5	-65,8	PG	
		PB-3	14,7	-12,4	-44,2	-69,1	PG	

* Média dos dois locais.

** PC = peso de campo

PG = peso de grãos

alelos letais e/ou deletérios, associada ao aumento na frequência de alelos favoráveis na população via seleção com progênie endogâmicas (HALLAUER, 1980). Deve-se salientar que os valores de depressão por endogamia apresentados nos histogramas (Figuras 2 a 7) referem-se ao desvio percentual das progênie S_1 em relação a média da população S_0 e não ao valor da planta S_0 da qual a progênie foi extraída.

Um aspecto interessante observado para o caráter produção de grãos foi a maior depressão média por endogamia detectada no local 2, Rondonópolis, em ambas populações (Tabela 12). Comparado a Ponta Grossa, Rondonópolis se caracteriza por apresentar solos menos férteis, temperaturas diurnas e noturnas mais elevadas, sendo também afetada por chuvas na colheita. Espera-se, assim, que os maiores valores de depressão por endogamia detectados em Rondonópolis se devam a dois fatores: maior potencial de resposta a condições favoráveis das populações S_0 do que de suas progênie S_1 , em Ponta Grossa; maior sensibilidade a condições de estresse ambiental das progênie endogâmicas, em Rondonópolis. Nos dois locais, entretanto, ESALQ PB-3 (C3) mostrou-se mais sensível ao efeito da endogamia do que ESALQ PB-2 (C3), para produção de grãos (Tabela 12).

Respostas diferenciadas de depressão média por endogamia, em função do ambiente de avaliação tem sido reportadas na literatura, principalmente para caracteres de baixa herdabilidade. LIMA et alii (1984) determinaram que a

interação entre os efeitos de endogamia e locais foi altamente significativa para o caráter produção de grãos, apresentando ausência de significância para altura de planta e altura de espiga.

No presente estudo, o efeito da endogamia sobre a média dos caracteres altura de planta e altura de espiga mostrou-se aproximadamente constante, para as duas populações e os dois locais de avaliação (Tabela 12), variando de 7% a 9% para altura de planta e de 7% a 10% para altura de espiga. Estes valores encontram-se abaixo das médias observadas em populações brasileiras, conforme apresentado por LIMA et alii (1984), onde as depressões médias de 32 populações foram de 14% para altura de planta e 15,4% para altura de espiga.

Os decréscimos médios da ordem de 0,35 cm para altura de planta e 0,20 cm para altura de espiga, decorrentes do acréscimo de 1% na endogamia populacional, aproximam-se dos limites inferiores de depressão por endogamia reportados por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988), referente a diversas populações norte-americanas. Para produção de grãos, entretanto, as reduções da ordem de 1,35 g/pl, determinadas no presente estudo (Tabela 12), encontram-se acima da média de 1,20 g/pl apresentado pelos mesmos autores.

As diferenças nos valores de depressão por endogamia percentual (DE%), quando comparados os três caracteres (Tabela 12), são explicados pela natureza diversa

de cada caráter; os maiores valores de DE (%) obtidos para produção de grãos, do que para altura de planta e altura de espiga, se devem ao elevado grau de dominância que possui este caráter (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

Sabe-se que a perda de vigor resultante do aumento da endogamia é função de dois fatores: redução da heterozigosidade em locos que apresentem dominância gênica (FALCONER, 1960); exposição de alelos recessivos desfavoráveis presentes na condição heterozigótica no conjunto gênico da população (JENKINS, 1936; STEBBINS, 1957). Maiores depressões, assim, devem ser esperadas: em caracteres controlados por maior número de fatores dominantes; em populações com elevada frequência de heterozigotos em locos com dominância gênica; e em populações que apresentem acentuada carga genética (FALCONER, 1960).

Além da reduzida depressão média por endogamia, aspectos interessantes são detectados para os caracteres altura de planta e altura de espiga, analisando-se as distribuições observadas das progênies S_1 (Figuras 3, 4, 6 e 7) e os limites inferiores de depressão para ambas populações (Tabela 12). As progênies S_1 com maior média superaram em 13% e 17% os valores de altura de planta e altura de espiga das populações não endógamas, obtendo-se assim valores positivos do desvio percentual de cada progênie em relação a média da população não endógama $(S_1 - \bar{S}_0)/\bar{S}_0$. (Tabela 12 e Figuras 3, 4, 6 e 7). Tais

tendências, observadas nas duas populações, apresentaram-se da mesma magnitude para os dois locais de avaliação.

A presença de valores positivos para o desvio $(S_1 - \bar{S}_0)/\bar{S}_0$ nas progênies mais vigorosas pode ser explicada pela associação de dois fatores: valores superiores a média populacional, para algumas plantas S_0 das quais se extraíram as progênies; segregação de plantas não endógamas heterozigotas (S_0), resultando em progênies S_1 que concentrem fatores dominantes positivos para a expressão do caráter. Esta segunda hipótese é mais viável de ser aplicada em caracteres com baixo grau de dominância, como altura de planta e altura de espiga, por exemplo, quando avaliados um número muito restrito de plantas S_1 por planta S_0 original. De fato, considerando-se um caráter sem dominância em uma população com ausência total de gens letais e/ou deletérios, a média esperada em progênes S_1 é igual à média populacional (S_0) e, sob uma distribuição teórica simétrica, 50% das progênies S_1 seriam superiores à média populacional.

As estimativas da contribuição dos homozigotos ($\mu + a$), dos locos heterozigotos (d) e da relação $(\mu + a)/d$, apresentados na Tabela 12 confirmam a natureza predominantemente aditiva dos caracteres altura de planta e altura de espiga, e contribuição não aditiva maior para o caráter produção de grãos. Para este caráter, as estimativas obtidas de d foram de 3 a 10 vezes superiores aos valores encontrados de $(\mu + a)$ (Tabela 12). Os valores médios da

relação $(\mu + a)/d$, iguais a 0,25 para ESALQ PB-2 (C3) e 0,19 para ESALQ PB-3 (C3) foram inferiores a estimativa de 0,28 obtida por LIMA et alii (1984), como média de 32 populações brasileiras; para Ponta Grossa, entretanto, obtiveram-se valores iguais a 0,35 e 0,29 para ESALQ PB-2 e ESALQ PB-3, respectivamente.

Para o componente $(\mu + a)$ as estimativas de 36 (g/pl) e 29 (g/pl), encontrados para ESALQ PB-2 e ESALQ PB, respectivamente, superam o valor médio de 22,4 (g/pl) ou 1,12 t/ha, reportado por LIMA et alii., 1984. Resultados recentes de NASS (1992), demonstraram valores médios de $(\mu + a)$ iguais a 6,5 g/pl, e de $(\mu + a)/d$ inferiores a 0,10, em duas populações semi-exóticas de milho, confirmando seu baixo grau de melhoramento.

Comparando-se os caracteres altura de planta e altura de espiga, as estimativas de $(\mu + a)$, fornecidas pela Tabela 12, superaram os valores médios obtidos por LIMA et alii (1984) e NASS (1992). As maiores diferenças, entretanto, foram obtidas para a relação $(\mu + a)/d$ com as presentes estimativas superando em cerca de 90% as médias encontradas por LIMA et alii (1984).

Considerando-se que os valores de $(\mu + a)$ estimam o comportamento médio de linhagens totalmente endogâmicas (GARDNER, 1965), espera-se que, nas populações em estudo, obtenham-se linhagens com bom vigor, com elevados valores de altura de planta e produtividade. Não devem,

entretanto, ser observados acréscimos no porte das populações não endógamas, devido a pequena influência de locos heterozigotos, $(\mu + a)/d$, sobre a média do caráter.

Os elevados valores de $(\mu + a)$ encontrados em ambas as populações, associada a reduzida depressão por endogamia no presente ciclo de seleção, demonstram a eficiência do método de seleção recorrente com progênie endogâmicas em promover a obtenção de linhagens menos depressivas, confirmando suposições teóricas (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988) e resultados de natureza prática descritos na literatura (GENTER & ALEXANDER, 1966; BURTON et alii, 1971; WEST et alii, 1980; ODHIAMBO & COMPTON, 1989, entre outros). Conforme já discutido, a obtenção de linhagens vigorosas é de fundamental importância em programas de melhoramento pois permite que a exploração da heterose não seja restringida pela inviabilidade de produção da semente híbrida.

5.1.2. Parâmetros Genético-Estatísticos

Os resultados obtidos nas análises agrupadas por local revelam a presença de significativa variabilidade genética entre progênie S_1 para as duas populações e para os três caracteres avaliados (Tabelas 15, 16 e 17). As diferenças altamente significativas detectadas entre ambientes, pelas análises conjuntas (Tabela 14) corroboram as expecta-

tivas iniciais de que Ponta Grossa e Rondonópolis deveriam ser tratados como ambientes contrastantes.

Como esperado, dentre os caracteres avaliados, produção de grãos foi o que se apresentou mais sensível aos efeitos ambientais. Considerando que os valores médios de produção obtidos em Ponta Grossa foram cerca de duas vezes superiores aos de Rondonópolis (Tabela 11), diferenças da ordem de quatro vezes deveriam ser esperadas para a magnitude da variância entre progênes (σ_p^2), conforme modelo multiplicativo apresentado por CHAVES (1982), para a relação entre a média e a variância. Os resultados apresentados na Tabela 18 confirmam estas expectativas.

A influência da média sobre a magnitude da variabilidade genética torna relativamente difícil a comparação direta das estimativas de variância obtidas sob diferentes condições ambientais, mostrando-se mais adequada a utilização do coeficiente de variação genética (CVg%) para fins comparativos, quando avaliado o mesmo tipo de progênie. Desta forma, as estimativas de CVg% obtidas para peso de grãos para as duas populações ESALQ PB-2 (C3) e ESALQ PB-3 (C3), em ambos os locais, mostram-se levemente superiores as estimativas determinadas por MARQUES (1988) nos dois primeiros ciclos de seleção com progênes S_1 (Tabela 27), demonstrando a manutenção da variabilidade genética com o decorrer dos ciclos de seleção.

O risco de redução na variabilidade durante programas de seleção recorrente deve-se fundamentalmente ao reduzido tamanho efetivo mantido em alguns programas, aumentando sua probabilidade de fixação alélica (HALLAUER, 1984). Para as populações ESALQ PB-2 e ESALQ PB-3 têm-se mantido tamanhos efetivos da ordem de 30 a 50 durante os ciclos de seleção, superando o limite mínimo de $N_e = 30$, proposto por BAKER & CURNOW (1969) e RAWLINGS (1970).

As estimativas de variância aditiva, σ_A^2 , e do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias, h_x^2 (Tabelas 15, 16, 17) foram obtidas formulando-se hipóteses para a relação σ_A^2/σ_D^2 , variando para cada caráter em função dos resultados descritos na literatura (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). Considerando-se igualdade de frequência alélica nas duas populações ($p = q = 0,5$), a variabilidade genética entre progênies endogâmicas restringe-se a seu componente aditivo (σ_A^2) e dominante (σ_D^2), sendo que os componentes D_1 e D_2 , definidos por COCKERHAM (1983) igualam-se a zero. Esta condição específica de frequências gênicas, entretanto, limita-se a geração F_2 de um cruzamento. Segundo COCKERHAM (1983) a variância genética entre progênies S_1 é expressa como:

$$\sigma_g^2 = \sigma_A^2 + \frac{1}{4} \sigma_D^2 + D_1 + \frac{1}{8} D_2$$

Resultados recentes da literatura tem demonstrado que as estimativas de D_1 e D_2 não devem ser desprezadas (COORS, 1988; NASS, 1992), sugerindo que boa parte do insucesso obtido em alguns programas de seleção com progênies endogâmicas se deva a elevada e negativa magnitude do componente D_1 .

Apesar de não considerados os componentes D_1 e D_2 , as estimativas de variância genética aditiva obtidas nos locais individualmente (Tabela 15, 16 e 17) e nas análises conjuntas (Tabela 18) fornecem uma idéia do nível de variabilidade genética explorável na seleção e presente em ambas populações. Os resultados da Tabela 15, indicando maior variabilidade genética na população ESALQ PB-2 do que em ESALQ PB-3, para produção de grãos, não concordam com aqueles obtidos em MARQUES (1988) em ciclos anteriores de seleção, nas mesmas populações. No presente estudo, entretanto, a estimativa de variância aditiva para a população ESALQ PB-2 superou em 40% a obtida para ESALQ PB-3, refletindo assim em maiores coeficientes de herdabilidade ao nível de médias para a primeira população.

Para altura de planta e altura de espiga, entretanto, as similares magnitudes de variância aditiva (σ_A^2) e variância fenotípica (σ_{fe}^2), determinadas nas duas populações refletiram em semelhantes estimativas de coeficiente de herdabilidade ao nível de médias (Tabelas 16, 17 e 18).

As estimativas de progresso esperado com a seleção, situadas ao redor de 9% e 11%, para as hipóteses $\sigma_D^2/\sigma_A^2 = 1$ e $\sigma_D^2/\sigma_A^2 = 0,5$, respectivamente, apresentam-se bastante elevadas, superando significativamente os valores de 2% a 4% normalmente observados a cada ciclo de seleção recorrente (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1987). Resultados discrepantes entre as estimativas esperadas e os progressos observados tem sido reportados na literatura para o melhoramento das populações "per se", em programas de seleção recorrente com progênies endogâmicas (HORNER et alii, 1973; VALOIS, 1982; TANNER & SMITH, 1987, entre outros). Ao eventual insucesso da seleção recorrente com progênies endogâmicas atribuem-se três fatores: o aumento na probabilidade de fixação gênica dado ao baixo tamanho efetivo; a possível presença de ação gênica sobredominante em alguns locos; e a magnitude e sinal do componente D_1 (HALLAUER, 1984; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988; HALLAUER et alii, 1988; SOUZA JR., 1989).

Apesar da pequena probabilidade de fixação gênica gerada por reduzido tamanho efetivo nas populações em estudo, conforme já discutido, a determinação da estimativa de D_1 faz-se necessária para uma predição mais segura da performance destas populações após o quarto ciclo de seleção recorrente com progênies endogâmicas.

5.2. Análise dos "Testcrosses" Recíprocos

5.2.1. Valores Médios e Distribuição Observadas

Conforme apresentado na Tabela 20 a média dos conjuntos de "testcrosses" (12) e (21) derivadas das populações ESALQ PB-2 (C₂) e ESALQ PB-3 (C₂) mostram-se similares para os três caracteres avaliados. Este valor poderia ser esperado, haja visto a pequena influência do efeito maternal e(ou) herança extracromossômica controlando os caracteres produção de grãos, altura de planta e altura de espiga (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

Considerando que a amostragem dos "testcrosses" foi realizada de maneira aleatória, espera-se que a performance média de todos os cruzamentos avaliados represente a média do híbrido interpopulacional ESALQ PB-2 (C₂) x ESALQ PB-3 (C₂) e consequentemente dos híbridos simples, triplos e duplos derivados de ambas as populações (COCKERHAM, 1961). Os valores similares de produção obtidos para o híbrido interpopulacional ESALQ PB-2 (C₂) x ESALQ PB-3 (C₂) e a testemunha, o híbrido C₅₁₁ (Tabela 20) demonstram o potencial das populações ESALQ PB-2 (C₂) e ESALQ PB-3 (C₂) para utilização em programas de obtenção de híbridos e(ou) de seleção recorrente recíproca.

Segundo SWANTARADON & EBERHART (1974), duas populações poderiam ser importantes fontes de desenvolvimento de novos híbridos quando o cruzamento entre elas

apresentar pelo menos 90% da produção dos melhores híbridos comerciais. Os autores afirmam que a produção esperada do melhor híbrido entre duas populações deve superar de 18 a 25% o valor obtido para o cruzamento interpopulacional.

Uma análise de 20% dos "testcrosses" mais produtivos revelou um comportamento médio superando em cerca de 10% a média do híbrido C511 (Tabela 20), sendo que o "testcross" mais produtivo excedeu em 22% a produção da testemunha (Apêndice 2). Apesar da tendência de aumento dos valores de altura de planta e altura de espiga dos genótipos superiores quando comparada à média de todos os "testcrosses" (Tabela 20), é possível se detectar materiais com porte reduzido mesmo dentro do conjunto dos 20% superiores (Apêndices 1 e 2). Espera-se, assim, que a seleção das linhagens parentais, conduza a obtenção de híbridos simples, triplos e duplos de alta produtividade sem, contudo, implicar em restrições quanto ao porte da planta.

Ao lado da performance da combinação interpopulacional, a presença de heterose no cruzamento é uma importante informação indicativa do potencial de duas populações para o desenvolvimento de híbridos (MIRANDA FILHO & VIEGAS, 1987). Conforme apresentado por FALCONER (1960) a magnitude da heterose em relação a média dos pais é função da divergência genética entre os pais e do nível de dominância do caráter, de modo que:

$$h = \sum_i (p_i - r_i)^2 \cdot d_i$$

onde: h é a heterose em relação à média dos parentais;
 p_i e q_i são as frequências dos alelos favoráveis no
 loco i ; d é o efeito de dominância gênica em cada
 loco.

Apesar do presente estudo não fornecer estimativas da magnitude da heterose do cruzamento ESALQ PB-2 (C₂) x ESALQ PB-3 (C₂), evidências indiretas da presença de heterose em relação ao pai superior são observadas, haja visto a similar média de produção do híbrido interpopulacional e do híbrido comercial C511 (Tabela 20), ao lado da superior produção obtida por esta testemunha quando comparada à população ESALQ PB-2 (C₃) e ESALQ PB-3 (C₃) no ciclo seguinte de seleção (Tabela 11).

Além da performance média e da presença de heterose no cruzamento interpopulacional, as magnitudes das variâncias genéticas a ele associadas também devem ser analisadas. nem sempre do melhor híbrido interpopulacional derivarão os melhores híbridos simples, triplos e duplos, sendo a performance destes função conjunta da média do híbrido interpopulacional e da magnitude dos componentes da variância entre híbridos (MIRANDA F. & VIEGAS, 1987; VENCovsky et alii, 1987; SOUZA Jr., 1989). As estimativas dos componentes $\sigma^2_{A_{12}}$, $\sigma^2_{A_{21}}$ e $\sigma^2_{D_{(12)}}$ para a interpopulação em estudo, bem como suas implicações em um programa de híbridos serão discutidas no item 5.2.5.

5.2.2. Partição da variabilidade genética

A avaliação de "testcrosses" de progênies S_2 ou S_3 obtidas no método genealógico, tem sido uma metodologia amplamente utilizada para avaliação da capacidade de combinação em programas de desenvolvimento de linhagens de milho. A estimação dos componentes de variância envolvidos neste tipo de progênie devem, entretanto, considerar a estrutura de famílias, intrínseca ao método genealógico.

Os esquemas de análise de variância aqui utilizados basearam-se no modelo original de COCKERHAM (1963) para estimação dos componentes de variação genética entre indivíduos aparentados e não aparentados, em avançadas gerações de autofecundação. As adaptações apresentadas nas Tabelas 8 e 9 permitem assim, que se estime a variância aditiva ao nível interpopulacional, considerando-se os diferentes graus de parentesco entre as progênies "test-cross". Para outros estudos, a utilização direta deste esquema, bem como dos conteúdos de variância genética entre progênies, só pode ser extrapolada quando avaliados "testcrosses" obtidos de progênies S_2 . Conforme apresentado no item 3.2.3, a variabilidade entre "testcrosses" pode ser assim representada:

- σ_{PI}^2 : variância genética entre "testcrosses" pertencentes ao grupo dos não aparentados, onde $\sigma_{PI}^2 = 3/8 \sigma_A^2$;
- σ_{Pap}^2 : variância genética entre grupos "testcrosses" aparentados, onde $\sigma_{Pap}^2 = 1/4 \sigma_A^2$;
- σ_{dp}^2 : variância genética entre "testcrosses" aparentados, derivados da mesma planta S_o , onde $\sigma_{dp}^2 = 1/8 \sigma_A^2$.

A utilização de todas estas estimativas para se determinar $\hat{\sigma}_A^2$, em um sistema matricial, depende da própria estimativa de cada quadrado médio, a qual pode apresentar-se distorcida em função de baixo número de graus de liberdade da referida fonte de variação (KEMPTHORNE, 1957). Apesar do método dos quadrados mínimos ponderados conduzir a uma homogeneização dos erros associados aos quadrados médios (OBILANA, 1977), o fator de ponderação de cada quadrado médio é influenciado pela própria estimativa do quadrado médio. Sendo assim, estimativas distorcidas promoverão também uma ponderação distorcida de cada quadrado médio.

Do ponto de vista prático, deve-se assim evitar a utilização de estimativas de quadrados médios com baixos graus de liberdade. Desta forma, foram rejeitados os componentes entre grupos de três "testcrosses" aparentados (σ_{PIII}^2), assim como os quadrados médios entre "testcrosses"

aparentados (σ_{dp}^2), devido ao efeito da seleção praticada por ocasião de sua obtenção.

5.2.3. Estimativas de Parâmetros Genético-Estatísticos

As significativas estimativas de quadrado médio para os dois conjuntos de "testcrosses" (12) e (21), bem como entre "testcrosses" pertencentes ao grupo I (Figura 1) indicam a presença de variabilidade genética interpopulacional para os três caracteres avaliados (Tabelas 21 e 22).

Entretanto, a baixa significância das estimativas de quadrado médio entre grupos de "testcrosses" aparentados (QM_{gII} e QM_{gIII}) pode ser explicada por dois fatores: pequena amostragem de "testcrosses" pertencentes a estes grupos; e a menor variabilidade genética presente dentro de grupos de aparentados, uma vez que $\sigma_{dp}^2 = 1/8 \sigma_A^2$.

As estimativas de variância aditiva interpopulacionais, $\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$ e $\hat{\sigma}_{A_{21}}^2$, de magnitude da ordem de 300 $(g/pl)^2$ (Tabela 23), superaram os valores apresentados por VENCOVSKY et alii (1988) para médias de sete interpopulações brasileiras, mostrando-se inferiores às estimativas de PELLICANO (1990) para peso de espigas em BR106 x BR105. Entretanto, quando comparados os coeficientes de variação aditivo (CV_A), onde elimina-se o efeito da média sobre a variância,

as estimativas interpopulacionais para ESALQ PB-2 (C2) x ESALQ PB-3 (C2) mostram-se similares aos valores médios obtidos pelos autores acima, com estimativas da ordem de 0,11.

Os valores aproximados de $\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$ e $\hat{\sigma}_{A_{21}}^2$, obtidos quando utilizadas as populações 2 e 1 como testadoras, respectivamente, refletem o grau de melhoramento similar em que se encontram as duas populações. Pela teoria de testadores (RAWLINGS & THOMPSON, 1962; ALLISON & CURNOW, 1966) espera-se que testadores menos produtivos, ou com menor frequência de alelos favoráveis em locos com dominância gênica discriminem melhor as progênie da população recíproca aumentando a variabilidade entre seus "test-crosses", definida como sendo:

$$\sigma_1^2 = \frac{1}{2} p(1-p) (1+F) [a+(1-2r).d]^2$$

(HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988)

onde p e r referem-se a frequência de alelos favoráveis na população base e no testador, respectivamente.

Em geral, resultados de literatura têm revelado grandes diferenças de magnitude nas estimativas de $\sigma_{A_{12}}^2$ e $\sigma_{A_{21}}^2$ em outros pares de populações (MIRANDA FILHO & PATERNIANI, 1983; SOUZA Jr., 1983; MARTINS, 1986), o que pode apresentar-se como fator limitante para uma maior exploração

da variância genética em programas de híbridos triplos (SOUZA Jr., 1987).

Com relação ao caráter altura de planta, a estimativa de variância aditiva interpoblacional ($\sigma_{A(12)}^2$), da ordem de 240 cm² aproxima-se do valor encontrado por SOUZA Jr. (1983) para ESALQ PB-1 x BR 105, superando em cerca de três vezes a estimativa obtida por PELLICANO (1990) para a interpopulação BR105 x BR106. Para altura de espiga entretanto, o valor de $\hat{\sigma}_{A(12)}^2$ mostrou-se superior as estimativas encontradas por SOUZA Jr. (1983) como por PELLICANO (1990).

As elevadas magnitudes de variância aditiva para os três caracteres avaliados, demonstram a possibilidade de progresso com a seleção de híbridos derivados diretamente destas populações, bem como do melhoramento da performance do híbrido interpoblacional, em programas de seleção recorrente recíproca.

5.2.4. Seleção Recorrente Recíproca

Conforme abordado no item 2.1., os métodos de seleção recorrente recíproca apresentam-se como a melhor opção, dentre os métodos de seleção recorrente, para a integração com programas de obtenção de híbridos, haja visto que a seleção é efetuada diretamente sobre a performance do híbrido interpoblacional.

MIRANDA FILHO (1982) sugeriu que a viabilidade da utilização da seleção recorrente recíproca para o melhoramento da heterose do cruzamento interpopulacional seja medida pelo índice $\emptyset$, sendo que:

$$\emptyset = (\sigma_{A_{12}}^2 + \sigma_{A_{21}}^2) / (\sigma_{A_1 A_2} + \sigma_{A_2 A_1}),$$

onde $\sigma_{A_1 A_2}$ e $\sigma_{A_2 A_1}$, são definidos como covariâncias genéticas aditivas entre indivíduos da população 1 e 2, respectivamente, com indivíduos do híbrido interpopulacional entre elas. Desta forma estimativas de $\emptyset$ maiores que 1,0 indicam que o progresso esperado no híbrido interpopulacional deve superar a estimativa de progresso obtido nas populações "per se", promovendo ganhos de heterose no cruzamento. Os resultados apresentados no trabalho de MIRANDA FILHO (1982) demonstram valores de $\emptyset = 1$ para a condição de ausência de dominância, aumentando gradativamente com a elevação do grau médio de dominância (d/a). Esta tendência foi observada em todas as supostas distribuições teóricas de frequências alélicas (tomadas como distribuição Beta) assumida para as duas populações.

Apesar do presente estudo não fornecer estimativas dos componentes $\sigma_{A_1 A_2}$, $\sigma_{A_2 A_1}$ e do índice $\emptyset$, espera-se, pelas conclusões de MIRANDA FILHO (1982), que a substituição do atual esquema de seleção recorrente com progênies endogâmicas por métodos interpopulacionais

mostre-se vantajosa para o melhoramento da produtividade do híbrido interpopulacional.

Após o esquema original de seleção recorrente recíproca proposto COMSTOCK et alii (1949), várias metodologias tem sido propostas na literatura (HALLAUER & EBERHART, 1970; PATERNIANI & VENCOVSKY, 1977; 1978; SOUZA Jr., 1987), sendo que uma revisão contendo descrição detalhada de cada método pode ser encontrada em PELLICANO (1990).

Estudos comparativos entre métodos (JONES et alii, 1971; SOUZA Jr., 1983; SOUZA Jr., 1987), baseados na sua eficiência teórica, têm revelado que a seleção com progênie de irmãos germanos, SRRIG (HALLAUER & EBERHART, 1970) deve proporcionar maiores progressos que o método original de COMSTOCK et alii (1949), sendo, contudo, menos eficiente que a seleção baseada em progênie de meios-irmãos de plantas prolíficas, SRRMI-2 (PATERNIANI & VENCOVSKY, 1978) quando esta foi conduzida em um ciclo por ano. Dentre os métodos descritos de meios-irmãos produzidos alternadamente com plantas S_0 e S_1 (SOUZA Jr., 1987) mostra-se como o de maior potencial, podendo também ser conduzido um ciclo por ano. Apesar de avaliar progênie de meios-irmãos, assim como SRRMI-2, maior variabilidade genética é explorada com a seleção, dada a recombinação de plantas S_1 ao invés de S_0 , na primeira fase e a obtenção de progênie de meios irmãos de plantas S_1 , ao invés de S_0 , na segunda fase de avaliação.

Para o presente estudo, os resultados dos "testcrosses" recíprocos das progênies S_2 podem ser utilizados para se efetuar um primeiro ciclo de seleção interpopulacional nas populações ESALQ PB-2 e ESALQ PB-3.

Segundo as estimativas de progresso esperado com a seleção, a simples recombinação das progênies S_2 , parentais dos "testcrosses" superiores deve promover acréscimos da ordem de 10% sobre a média de produção do atual híbrido interpopulacional, superando deste modo em 7,4% a média da testemunha C511, para estas condições de avaliação. Deve-se ressaltar que as estimativas de G_s , obtidas fixando-se como 33 o número de progênies selecionadas ($N_e = 25$), encontram-se, entretanto, superestimadas, dada a existência de grupos de "testcrosses" aparentados. Nestas condições, o coeficiente de $\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$ e $\hat{\sigma}_{A_{21}}^2$ explorado na seleção é inferior a $(3/8)$, valor utilizado no presente cálculo.

A manutenção deste esquema de seleção recorrente interpopulacional, avaliando-se "testcrosses" de progênies S_2 e re combinando-se tais progênies vê-se limitada, entretanto por dois fatores: maior número de anos necessários para se completar um ciclo de seleção, reduzindo o G_s /ano; utilização de progênes S_2 para recombinação, reduzindo o tamanho efetivo populacional, para um mesmo número de progênies recombinadas. Reduções no número de anos por ciclo de seleção poderiam ser efetuadas caso fossem extraídas progênies de meios-irmãos interpopulacionais de plantas

S_1 , as quais equivalem geneticamente a "testcrosses" de progênies S_2 . Neste esquema, cada ciclo seria completado em dois anos (Apêndice 3), necessitando-se, contudo, da ocorrência de prolificidade, para que na mesma planta fossem produzidas uma progênie S_2 e uma progênie de meios-irmãos interpopulacional. Comparado a outras metodologias, este tipo de seleção mostrou boa eficiência, superando a metodologia proposta por HALLAUER & EBERHART (1970) e mostrando-se intermediária entre as metodologias propostas por PATERNIANI & VENCovsky (1978) e SOUZA Jr. (1987) (Tabela 28). Para tais comparações foram utilizadas as mesmas estimativas de $\sigma^2_{A_{12}}$, $\sigma^2_{A_{21}}$, empregadas por SOUZA Jr. (1987) para as interpopulações A (BR 105 x ESALQ PB-1) e B (ESALQ PB-4 x ESALQ PB-5), bem como demais suposições formuladas pelo autor.

Percebe-se pela Tabela 28, que apesar das limitações compostas pela necessidade de prolificidade em plantas S_1 e da condução de duas gerações por ano, a utilização deste tipo de seleção interpopulacional pode se mostrar interessante para integração com programas de híbridos, principalmente quando nestes programas, a capacidade de combinação das linhagens seja avaliada através de "testcrosses" de progênies S_2 . Neste caso, a mesma avaliação realizada para capacidade de combinação também seria utilizada para fins de seleção recorrente recíproca, aumentando a eficiência do programa como um todo.

Tabela 28. Análise comparativa de quatro metodologias de S.R. Recíproca onde $\underline{n}$ é o número de anos necessários por ciclo mínimo, $\underline{a}$ é o coeficiente de variância aditiva $\sigma_A^2(12)$ explorado com a seleção $[(G_s/G_{s_1}) \times 100]$ e o ganho percentual esperado em relação a SRRMI-3, em duas populações de milho.

	Unidade de seleção	Unidade de recombinação	n	a	$(G_s/G_{s_1}) \times 100$	
					Pop. A	Pop. B
SRRIG	PIG	PS_1	2	0,25	64,0	63,5
SRRMI-2	PMI	PMI	1	0,125	73,4	73,3
SRRS ₀ S ₁	PMI	PS_1	1	0,25	123,0	123,4
	PMI	PMI	1	0,187		
SRRMI-3	PMI	PS_2	2	0,37	100	100

* Adaptado de SOUZA Jr. (1987) para as interpolações: A (BR105 x ESALQ PB-1) e B (ESALQ PB-4 x ESALQ PB-5).

A recombinação de progênies S_2 , apesar de reduzir o tamanho efetivo em 1/4 quando comparado a progênies S_1 , contribui para a eliminação de alelos letais e deletérios na população, acentuando as reduções na depressão por endogamia das linhagens extraídas.

5.2.5. Seleção de Híbridos

Ao contrário dos métodos de seleção recorrente, a seleção de híbridos visa a identificação e fixação das combinações superiores, reproduzidas através de suas linhagens parentais. Explora-se desta forma todos os tipos de efeitos gênicos (aditivos e não aditivos) esperando-se maiores progressos com a seleção em caracteres com alto grau de dominância. Isto pode ser verificado pela Tabela 26, onde maiores progressos foram estimados quando assumida a hipótese $\sigma^2_{D(12)} = \sigma^2_{A(12)}$, comparada $\sigma^2_{D(12)} = \frac{1}{2} \sigma^2_{A(12)}$, para produção de grãos.

O bom potencial das populações ESALQ PB-2 e ESALQ PB-3 para a obtenção de híbridos, verificado anteriormente por GERALDI & MIRANDA FILHO (1986), foi confirmado neste estudo através das elevadas estimativas de progresso esperado com a seleção, nos diversos tipos de híbridos, resultando em estimativas de produção que superam de 5 a 25% a média do testemunha comercial C511. Como esperado, progressos superiores foram detectados para a

seleção de híbridos simples, sucedendo-se a híbridos triplos e duplos, para um mesmo nível de endogamia dos parentais. A diferença entre a produção estimada dos híbridos simples e híbridos duplos aumenta, entretanto, à medida que as linhagens parentais se tornam mais endogâmicas (Tabela 24).

As estimativas de progresso com a seleção nos caracteres altura de planta e altura de espiga, indicam o máximo ganho que se deve esperar nestes caracteres, quando selecionados híbridos simples, triplos e duplos. Espera-se, entretanto, acréscimos indiretos inferiores aos limites de 11 e 14% para altura de planta e altura de espiga (Tabela 25), quando praticada seleção para produção de grãos. Resultados da literatura revelam que apesar de positiva, a correlação entre estes caracteres não é absoluta, possuindo valores médios da ordem de 0,26 (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

Para o caráter produção de grãos, resultados interessantes foram obtidos para a seleção entre híbridos triplos, encontrando-se valores similares de G_s para HT_{12} e HT_{21} , produzidos quando o híbrido simples parental foi derivado das populações 1 e 2, respectivamente. Este tipo de resposta é esperada quando as estimativas de variância aditiva interpoblacionais associadas às populações 1 e 2 ($\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$ e $\hat{\sigma}_{A_{21}}^2$, respectivamente) apresentarem-se aproximadas. Em casos onde as magnitudes de $\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$ e $\hat{\sigma}_{A_{21}}^2$ forem diferentes, maiores progressos devem ser esperados quando o híbrido

simples parental derivar da população a qual estiver associada a menor das duas estimativas, de tal modo que:

$$Gs\ HT_{12} > Gs\ HT_{21} \quad \text{se } \sigma_{A_{12}}^2 < \sigma_{A_{21}}^2 \quad \text{e}$$

$$Gs\ HT_{12} < Gs\ HT_{21} \quad \text{se } \sigma_{A_{12}}^2 > \sigma_{A_{21}}^2 \quad (\text{SOUZA Jr., 1988})$$

Do ponto de vista prático, a similar resposta entre HT_{12} e HT_{21} , no atual estudo, apresenta-se como um ponto positivo, não limitando o sentido dos cruzamentos entre as duas populações. O híbrido simples parental (fêmea) pode, deste modo, derivar tanto de uma como de outra população, sem comprometimento da variabilidade genética expressa entre os híbridos.

A influência do nível de endogamia das linhas parentais sobre a produção média de quatro tipos de híbridos pode ser visualizada comparando-se os progressos esperados em cada caso. Apesar do aumento na endogamia dos parentais resultar em maiores estimativas de ganhos com a seleção (Tabela 24), observa-se que esta relação não é linear, apresentando pequenos acréscimos após a terceira autofecundação (Tabela 26).

A utilização de híbridos comerciais derivados de linhagens com endogamia intermediária (S_1 e S_2) tem sido sugerida por alguns autores como opção para reduzir os efeitos negativos da depressão por endogamia em milho

(WELLHAUSEN, 1954; LOEFFEL, 1964, 1971). Pela Tabela 24 percebe-se que o potencial produtivo de híbridos simples de linhagens S_2 assemelha-se ao de híbridos triplos de linhagens totalmente endogâmicas, sendo que, no presente estudo, a seleção de 10% das melhores combinações deve superar de 15% a 18% a média da testemunha C511.

A seleção de híbridos simples de plantas não endógamas (progênes de irmãos germanos) tem sido proposta por alguns autores (MIRANDA FILHO, 1979; MIRANDA FILHO et alii, 1986), dada a simplicidade de sua obtenção e à sua correspondência genética com híbridos duplos de linhagens totalmente homozigotas (MIRANDA FILHO & VIEGAS, 1987). Para as populações em avaliação, este tipo de híbrido também apresenta um bom potencial, sendo que a média de produção dos 10% selecionados deve superar de 10 a 12% a performance do híbrido C511.

Quanto a seleção de híbridos simples, as produções estimadas dos genótipos selecionados superam de 10 a 25% a média do híbrido C511, para linhagens totalmente endogâmicas (Tabela 24). A seleção e utilização comercial deste tipo de híbrido não pode ser descartada, haja visto a reduzida depressão por endogamia encontrada nas progênes S_1 superiores de ESALQ PB-3 (C3) e ESALQ PB-3 (C3) (Figuras 2 e 5).

A utilização de híbridos simples modificados tem sido proposta por diversos autores como opção ao

esquema tradicional de híbridos simples (MIRANDA FILHO & VIEGAS, 1987; HALLAUER et alii, 1988), promovendo progressos superiores a seleção de híbridos simples de linhagens parcialmente endogâmicas, para igual nível de endogamia das linhagens parentais (SOUZA Jr., 1988). Para híbridos de linhagens modificadas com coeficiente de endogamia (F) igual a $3/4$, espera-se progressos iguais a híbridos simples entre S_9 (F = $7/8$). Nesta condição, os melhores híbridos modificados devem superar de 18 a 21% a testemunha C511, aproximando-se da performance de híbridos simples de linhagens homozigotas.

Apesar de alta produtividade esperada com a seleção dos híbridos extraídos diretamente das populações avaliadas, espera-se o estabelecimento de platôs, após sucessivas amostragens de linhagens das mesmas populações. Considerações teóricas (COMSTOCK, 1964), bem como resultados práticos (HALLAUER, 1984) demonstraram a eficiência da integração do melhoramento de híbridos a seleção recorrente em promover progressos contínuos nos híbridos extraídos de duas populações.

Conforme apresentado neste estudo e corroborando os resultados de MARQUES (1988), a condução de três ciclos de seleção recorrente com progênies endogâmicas em sucessão a um ciclo de seleção massal foi eficiente em melhorar tanto a performance "per se" bem como das linhagens derivadas das populações ESALQ PB-2 e ESALQ PB-3.

Entretanto, após a fase de adaptação e melhoramento individual de cada população, a substituição deste esquema por métodos interpopulacionais deve maximizar os ganhos sobre a capacidade combinatória, promovendo progressos contínuos na performance do híbrido interpopulacional, integrando-se perfeitamente a um programa prático de obtenção de híbridos.

6. CONCLUSÕES

a) As populações ESALQ PB-2 (C3) e ESALQ PB-3 (C3) constituem-se fontes promissoras, tanto para sua utilização "per se", como para extração de linhagens de alto vigor, evidenciando o efeito positivo de três ciclos de seleção recorrente com progênies endogâmicas.

b) A população ESALQ PB-2 (C3) apresentou, para o caráter produção de grãos, maior sensibilidade a depressão por endogamia do que ESALQ PB-3 (C3), em ambos os locais de avaliação. Esta tendência não foi observada para altura de planta e altura de espiga.

c) Dentre os dois locais de avaliação, Rondonópolis caracterizou-se por apresentar menores valores de produção, de altura de planta e de altura de espiga, tanto nas populações não endogâmicas (S_0) como nas progênies S_1 . A influência de estresses ambientais foi, entretanto, superior nas progênies S_1 , acarretando maiores estimativas dos desvios $(S_1 - \bar{S}_0)/\bar{S}_0$, em Rondonópolis do que Ponta Grossa.

d) O esquema de partição da variância genética entre "testcrosses" de progênies S_2 , adotado neste trabalho, mostrou-se adequado e passível de utilização em programas de extração de linhagens conduzidos pelo método genealógico, onde diferentes graus de parentesco estão presentes entre as progênies.

e) As magnitudes obtidas para as estimativas dos componentes aditivos interpupulacionais ($\sigma_{A_{12}}^2$ e $\sigma_{A_{21}}^2$), associada a boa performance do híbrido interpupulacional, sugerem a viabilidade de uso das duas populações em programas de seleção recorrente recíproca. Assumidos valores hipotéticos para a variância dominante ($\sigma_{D_{(12)}}^2$), espera-se que da interpupulação ESALQ PB-2 x ESALQ PB-3 sejam obtidos híbridos de linhagens de alta produtividade e de porte semelhante a testemunha comercial C511.

f) A seleção entre híbridos triplos e híbridos triplos modificados, no presente estudo, mostra-se pouco alterada em função do sentido do cruzamento, apresentando potencial similar tanto quando de ESALQ PB-2 quanto de ESALQ PB-3 foram derivados os parentais fêmeas (híbridos simples) na síntese do híbrido final.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AJUDARTE NETO, F. Avaliação de progênies de irmãos germanos interpopulacionais obtidas de compostos de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1978. 93p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- ALLISON, J.C.S. & CURNOW, R.W. On the choice of tester parent for the breeding of synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.). *Crop Science*, Madison, 6: 541-4, 1966.
- BAKER, L.H. & CURNOW, R.N. Choice of population size and use of variation between replicate populations in plant breeding selection programs. *Crop Science*, Madison, 9: 555, 1969.
- BOJANOWSKI, J. Recurrent selection for smut resistance in corn. *Züchter*, Berlin, 37: 151-55, 1967.
- BURTON, J.W.; PENNY, L.H.; HALLAUER, A.R.; EBERHART, S.A. Evaluation of synthetic populations developed from a maize variety (BSK) by two methods of recurrent selection. *Crop Science*, Madison, 11: 361-5, 1971.
- CARLONE, M.R. & RUSSELL, W.A. Evaluation of S₂ maize lines reproduced for several generation by randon mating within lines. I. Comparisons between the original and maintained S₂ lines. *Crop Science*, Madison, 28: 921-5, 1988.
- CARLONE, M.R. & RUSSELL, W.A. Evaluation of S₂ maize lines reproduced for several generations by randon mating within lines. II. Comparisons for testcross performance of original and advanced S₂ and S₈ lines. *Crop Science*, Madison, 29: 899-904, 1989.

- CHAVES, L.J. Um modelo não linear aplicadao ao estudo das interações de genótipos com ambientes. Piracicaba, 1982. 102p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- CHAVES, L.J. & MIRANDA FILHO, J.B. Plot size for progeny selection in maize (*Zea mays* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, Berlim, 84: 963-70, 1992.
- COCKERHAM, C.C. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.F., ed. *Statistical Genetics and Plant Breeding*, NAS-NRC n^o 982, 1963. p.93.
- COCKERHAM, C.C. Covariances of relatives from self - fertilization. *Crop Science*, Madison, 23: 1177-80, 1983.
- COCKERHAM, C.C. & WEIR, B.S. Covariances of relatives stemming from a population undergoing mixed self and random mating. *Biometrics*, Washington, 40: 157-64, 1984.
- COCHERHAM, C.C. & MATZINGER, D.F. Selection response based on selfed progenies. *Crop Science*, Madison, 25: 483-8, 1985.
- COCHRAN, W.G. & COX, G.M. *Experimental designs*. 2.ed. New Yok, John Wiley & Sons, 1957. 611p.
- COMSTOCK, R.E. Selection procedures in corn improvement. In: HYBRID CORN INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 19., Chicago, 1964. *Proceedings*. Chicago, American Seed Trade Association, 1964. p.12-23.
- COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations. *Biometrics*, Raleigh, 4: 254-6, 1948.

- COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F.; HARVEY, P.H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. *Agronomy Journal*, Madison, 41: 360-7, 1949.
- COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. Estimation of average dominance of genes. In: GOWEN, J.W., ed. *Heterosis*. Ames, Iowa State University Press, 1952. p.494-516.
- COORS, J.G. Response to four cycles of combined half-sib and S_1 family selection in maize. *Crop Science*, Madison, 28: 891-6, 1988.
- DANTAS, A.C.V.L. Cruzamento dialélico parcial circulante para avaliação de linhagens de milho (*Zea mays* L.) e predição de híbridos. Piracicaba, 1988. 153p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- DANTAS, J.L.L. Cruzamentos dialélicos parciais para avaliação de híbridos intermediários entre duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1992. 216p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- DAVIS, R.L. Report of the plant breeder. *Puerto Rico Annual Report Agricultural Experimental Station*, 1927. p.14-15.
- EBERHART, S.A. Factors affecting efficiencies of breeding methods. *African Soils*, Bangui, 15: 669-80, 1970.

EMPIG, L.T.; GARDNER, C.O.; COMPTON, W.A. Theoretical gains for different population improvement procedures. Bulletin of the Nebraska Agricultural Experimental Station, Lincoln, MP26, 1972.

FALCONER, D.S. Introduction to quantitative genetics. New York, Ronald Press, 1960. 365p.

FERNANDES, J.S.C. Progressos esperados em linhagens de milho (*Zea mays* L.) via seleção recorrente e interpopulacional. Piracicaba, 1970. 235p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

FYFE, J.L. & GILBERT, N. Partial diallel crosses. Biometrics, Raleigh, 19: 278-86, 1963.

GARDNER, C.O. Teoria de genética estadística aplicable a las medias de variedades, sus cruces y poblaciones afines. Fitotecnica Latinoamericana, San José, 2: 11-22, 1965.

GARDNER, C.O. & EBERHART, S.A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. Biometrics, Raleigh, 22: 439-52, 1966.

GENTER, C.F. Comparison of S_1 and testcross evaluation after two cycles of recurrent selection in maize. Crop Science, Madison, 13: 524-7, 1973.

GENTER, C.F. & ALEXANDER, M.W. Comparative performance of S_1 progenies and test-crosses of corn. Crop Science, Madison, 2: 516-9, 1962.

- GENTER, C.F. & ALEXANDER, M.W. Development and selection of productive S_1 inbred lines of corn (*Zea mays* L.). *Crop Science*, Madison, 6: 429-31, 1966.
- GERALDI, I.O.; SOUZA JUNIOR, C.L.; MIRANDA FILHO, J.B. Obtenção e avaliação de híbridos $S_0 \times S_0$ entre duas variedades de milho. In: REUNIÃO ANUAL DA SBPC, 38., Curitiba, 1986. Resumos. p.912.
- GERALDI, I.O. & MIRANDA FILHO, J.B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 11: 419-30, 1988.
- GONÇALVES, P. de S. Esquema circulante de cruzamento para avaliação de linhagens de milho (*Zea mays* L.) ao nível interpopulacional. Piracicaba, 1987. 140p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- GOOD, R.L. & HALLAUER, A.R. Inbreeding depression in maize by selfing and full-sibbing. *Crop Science*, Madison, 17: 935-40, 1977.
- GOODRICH, C.L.; STUBER, R.E.; COMPTON, W.A. Average gene frequency estimates in two open-pollinated cultivars of corn. *Crop Science*, Madison, 15: 746-9, 1975.
- GRIFFING, J.B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crosses. *Australian Journal of Biological Science*, Melbourne, 9: 463-93, 1956.

- HALLAUER, A.R. Development of single-cross hybrids from two-eared maize populations. *Crop Science*, Madison, 7: 192-5, 1967.
- HALLAUER, A.R. Zygote selection for the development of single cross hybrid in maize. *Adv. Front. Plant Sci.*, 25: 75-81, 1970.
- HALLAUER, A.R. Hybrid development and population improvement in maize by reciprocal full-sib selective. *Egyptian Journal Genetics and Cytology*, Giza, 2: 84-101, 1973.
- HALLAUER, A.R. Relation of quantitative genetics to applied maize breeding. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 3: 207-33, 1980.
- HALLAUER, A.R. Compendium of recurrent selection methods and their application. *Critical Review in Plant Sciences*, 3(1): 1-33, 1984a.
- HALLAUER, A.R. Reciprocal full-sib selection in maize. *Crop Science*, Madison, 24: 755-9, 1984b.
- HALLAUER, A.R. Methods used in developing maize inbred lines. *Maydica*, Bergamo, 35: 1-16, 1990.
- HALLAUER, A.R. & EBERHART, S.A. Reciprocal full-sib selection. *Crop Science*, Madison, 10: 315-6, 1970.
- HALLAUER, A.R. & SEARS, J.H. Changes in quantitative traits associated with inbreeding in a synthetic variety of maize. *Crop Science*, madison, 13: 327-30, 1973.

- HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative genetics in maize breeding. 2.ed. Ames, Iowa State University Press, 1988.
- HALLAUER, A.R.; RUSSELL, W.A.; LAMKEY, K.R. Corn Breeding. In: SPRAGUE, G.F. & DUDLEY, J.W., ed. Corn and Corn Improvement. Madison, 1988. p.469-554.
- HELMS, T.C. Evaluation of three recurrent selection methods in corn (*Zea mays* L.). Ames, 1986. (Ph.D. - Iowa State University).
- HOEGEMEYER, T.C. & HALLAUER, A.R. Selection among and within full-sib families to develop single crosses of maize. *Crop Science*, Madison, 16: 76-81, 1976.
- HORNER, E.S. Effects of selection for S_2 progeny versus testcross performance in corn. ANNUAL CORN SORGHUM INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 40. Chicago, 1985. Proceedings. Washington, American Seed Trade Association, 1985. p.142-50.
- HORNER, E.,S.; LUNDY, H.W.; LUTRICK, M.C.; CHAPMAN, W.H. Comparison of three methods of recurrent selection in maize. *Crop Science*, Madison, 13: 485-89, 1978.
- HORNER, E.S.; MAGLOIRE, E.; MORERA, J.A. Comparison of selection for S_2 progeny vs. testcross performance for population improvement in maize. *Crop Science*, Madison, 29: 868-74, 1989.
- HULL, H.F. Recurrent selection and specific combining ability in corn. *Journal American Society of Agronomy*, Washington, 37: 137-45, 1945.

- JENKINS, M.T. The effect of inbreeding and of selection within inbred lines of maize upon the hybrids made after successive generations of selfing. *Iowa State Journal Science, Ames*, 9: 429-50, 1935.
- JENKINS, M.T. *Corn Improvement*. Washington, USDA, 1936. p.455-522 (Yearbook of Agriculture).
- JENKINS, M.T. Methods of estimating performance of double-crosses in corn. *Journal of American Society of Agronomy*, Washington, 26: 199-204, 1934.
- JONES, D.F. The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. *Bulletin of the Connecticut Agricultural Experimental Station, Connecticut*, 207: 5-100, 1918.
- JONES, D.F. Continued inbreeding in maize. *Genetics*, Princeton, 24: 462-73, 1939.
- JONES, L.P.; COMPTON, W.A.; GARDNER, C.O. Comparison of full and half-sib reciprocal recurrent selection. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, 41: 36-9, 1971.
- KEMPTHORNE, O. *Design and analysis of experiments*. New York, Robert Krieger Publishing Company, 1973. 631p.
- KEMPTHORNE, O. & CURNOW, R.N. The partial diallel crosses. *Biometrics*, Raleigh, 17: 229-50, 1961.
- LAMKEY, K.R. & HALLAUER, A.R. Heritability estimated from recurrent selection in maize. *Maydica*, Bergamo, 32: 61-78, 1987a.

- LAMKEY, K.R. & SMITH, O.S. Performance and inbreeding depression of populations representing seven eras of maize breeding. *Crop Science*, Madison, 27: 695-9, 1987b.
- LIMA, M.; GIMENES-FERNANDES, N.; MIRANDA FILHO, J.B.; PEREIRA, J.C.V.A. Introduction of maize (*Zea mays* L.) germplasm as sources for downy mildew (*Peronosclerospora sorghi*) resistance. *Maydica*, Bergamo, 27: 159-68, 1982.
- LIMA, M.; MIRANDA FILHO, J.B.; BOLLER GALLO, P. Inbreeding depression in brazilian populations of maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, Bergamo, 29: 203-15, 1984.
- LOEFFEL, F.A. Si crosses compared with crosses of homozygous lines. ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY - RESEARCH CONFERENCE, 19., Chicago, 1964. *Proceedings*. Washington, American Seed Trade Association, 1964. p.-95-104.
- LOEFFEL, F.A. Development and utilization of vigorous parental lines. ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY - RESEARCH CONFERENCE, 26., Chicago, 1971. *Proceedings*. Washington, American Seed Trade Association, 1971. p.-209-17.
- LONNQUIST, J.H. The effect of selecting for combining ability within segregating lines of corn. *Agronomy Journal*, Madison, 42: 503-8, 1950.
- LONNQUIST, J.H. Métodos de seleccion útiles para mejoramiento de poblaciones. *Fitotecnia Latino-americana*, San José, 2: 1-10, 1965.

- LONNQUIST, J.H. & WILLIAMS, N.E. Development of maize hybrids through selection among full-sib families. *Crop Science*, Madison, 7: 368-70, 1967.
- MARQUES, J.R.B. Seleção recorrente com endogamia em duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1988. 145p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MARTINS, C.C. Potencial genético de linhagens e híbridos de duas populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico. Piracicaba, 1986. 143p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MEGHJI, M.R.; DUDLEY, J.W.; LAMBERT, R.J.; SPRAGUE, G.F. Inbreeding depression, inbred and hybrid grain yields and other traits of maize genotypes representing three eras. *Crop Science*, Madison, 24: 545-9, 1984.
- MIRANDA FILHO, J.B. 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): 148-58, 1979.
- MIRANDA FILHO, J.B. Avaliação de híbridos crípticos $S_0 \times S_0$ entre duas populações de milho braquítico. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, (13): 159-71, 1979.
- MIRANDA FILHO, J.B. Cruzamentos dialélicos e síntese de compostos de milho (*Zea mays* L.) com ênfase na produtividade e no porte da planta. Piracicaba, 1974. 115p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

- MIRANDA FILHO, J.B. Seleção e métodos de melhoramento. In: REUNIÃO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE GENÉTICA, 14., Jaboticabal, 1981. Anais. Jaboticabal, UNESP, 1981. p.145-50.
- MIRANDA FILHO, J.B. Mating schemes to predict gain on heterosis in reciprocal recurrent selection. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 5: 745-60, 1982.
- MIRANDA FILHO, J.B. Breeding methodologies for tropical maize. In: BRANDOLINI, A. & SALAMINI, F., ed. *Breeding Strategies for Maize Production Improvement in the Tropical*, Firenze, FAO, 1985. p.179-206.
- MIRANDA FILHO, J.B. Princípios da experimentação e análise estatística. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., ed. *Melhoramento e Produção do Milho*. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1, p.765-95.
- MIRANDA FILHO, J.B. & GERALDI, I.O. Um modelo para análise de cruzamentos dialélicos parciais. *Relatório Técnico Científico do Departamento de Genética*, Piracicaba, (14): 50-7, 1980.
- MIRANDA FILHO, J.B. & GERALDI, I.O. An adapted model for the analysis of partial diallel crosses. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 7: 677-88, 1984.
- MIRANDA FILHO, J.B. & PATERNIANI, E. Intra e inter-population genetic parameter estimates and implications in selection. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 6: 15-27, 1983.

- MIRANDA FILHO, J.B.; SOUZA Jr., C.L.; GERALDI, I.O. Avaliação de híbridos $S_0 \times S_0$ entre duas variedades de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15., Maceió, 1986. Anais. p.195-206.
- MIRANDA FILHO, J.B. & VIEGAS, G.P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., ed. Melhoramento e Produção do Milho. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1, p.275-340.
- MOLL, R.H. & STUBER, C.W. Quantitative genetics - empirical results relevant to plant breeding. Advances in Agronomy, New York, 26: 277-313, 1974.
- MORO, J.R. Efeito da alta intensidade de seleção no melhoramento de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1982. 52p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MOTA, M.G.C. Comportamento de progênies de meios irmãos e S_1 na variedade de milho (*Zea mays* L.) Centalmex. Piracicaba, 1974. 73p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MULAMBA, N.N.; HALLAUER, A.R.; SMITH, O.S. Recurrent selection for grain yield in a maize population. Crop Science, Madison, 23: 536-40, 1983.
- NASS, L.L. Variabilidade genética de populações semi-exóticas de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1992. 136p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

- OBILANA, A.B. Estimation of genetic components of variance in the interpopulation formed by crossing two maize synthetics, BS10 and BS11. Ames, 1978. 151p. (Ph.D. - Iowa States University).
- OBILANA, A.T.; HALLAUER, A.R.; SMITH, O.S. Estimated genetic variability in a maize interpopulation. *Journal of Heredity*, Washington, 70: 127-32, 1979.
- ODHIAMBO, M.O. & COMPTON, W.A. Five cycles of replicated S₁ reciprocal full-sib index selection in maize. *Crop Science*, Madison, 29: 314-9, 1989.
- PANDEY, S. & GARDNER, C.O. Recurrent selection for population, variety, and hybrid improvement in tropical maize. *Advances in Agronomy*, New York, 48: 1-87, 1992.
- PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a brazilian population of maize (*Zea mays* L.). *Crop Science*, Madison, 17: 212-6, 1967.
- PATERNIANI, E. Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento do milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1968. 92p. (Cátedra - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- PATERNIANI, E. Fatores que afetam a eficiência da seleção nas plantas. CONGRESSO LATINOAMERICANO DE GENÉTICA, 4., 1980. *Acta*, p.37-43.
- PATERNIANI, E. Maize breeding in the tropics. *Critical Review in Plant Sciences*, 9(2): 125-54, 1990.

PATERNIANI, E., & VENCovsky, R. Reciprocal recurrent selection in maize (*Zea mays* L.) based on testcrosses of half-sib families. *Maydica*, Bergamo, 22: 141-52, 1977.

PATERNIANI, E. & VENCovsky, R. Reciprocal recurrent selection based on half-sib progenies and prolific plants in maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, Bergamo, 23: 209-19, 1978.

PATERNIANI, E. & MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., ed. *Melhoramento e Produção do Milho*. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1, p.217-74.

PELLICANO, I.J. Potencial da interpopulação de milho (*Zea mays* L. BR 105 x BR 106 para o melhoramento. Piracicaba, 1990. 139p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

PENNY, L.H.; RUSSEL, W.A.; SPRAGUE, G.F. Types of gene action in yield heterosis in maize. *Crop Science*, Madison, 2: 341-4, 1962.

PENNY, L.H.; RUSSEL, W.A.; SPRAGUE, G.F.; HALLAUER, A.R. Recurrent selection. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.F., ed. *Statistical genetics and plant breeding*. Washington, National Academy of Sciences, 1963. p.362-7.

RAWLINGS, J.O. Present states of research on long- and short-term recurrent selection in finite populations - choice of population size. MEETING WORK IN GROUP OF QUANTITATIVE GENETICS, 2., Raleigh, 1970. *Proceedings*.

- RAWLINGS, J.O. & THOMPSON, D.L. Performance level as criterion for the choice of maize testers. *Crop Science*, Madison, 2: 217-20, 1962.
- RESENDE, M.D.V. de. Seleção de genótipos de milho (*Zea mays* L.) em solos contrastantes. Piracicaba, 1989. 212p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Genetic variances in open-pollinated varieties of corn. *Genetics*, Princeton, 40: 45-60, 1955.
- RUSSELL, W.A. Comparative performance of maize hybrids representing different eras of maize breeding. ANNUAL CORN AND SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 29., Chicago, 1974. *Proceedings*. Washington, American Seed Trade Association, 1974. p.81-101.
- SATTERTHWAITE, F.E. An approximate distribution of estimates of variance components. *Biometrics Bulletin*, 2: 110-4, 1946.
- SHULL, G.H. The composition of a field of maize. *American Breeders Association Report*, 4: 296-301, 1908.
- SHULL, G.H. A pure line method of corn breeding. *American Breeders Association Report*, 5: 51-9, 1909.
- SILVA, J.C. Genetic and environmental variances and co-variances estimated in the maize (*Zea mays* L.) variety, Iowa Stiff Stalk Synthetic. Ames, 1974. (Ph.D - Iowa State University).

SMITH, O.S. Evaluation of recurrent selection in BSSS, BSCB1 and BS13 maize populations. *Crop Science*, Madison, 23: 1983.

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. Reciprocal recurrent selection with half-sib progenies obtained alternately from non-inbred (S_0) and inbred (S_1) plants in maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, Bergamo, 32: 19-31, 1987a.

SOUZA JUNIOR, C.L. Variâncias genéticas interpopulacionais e suas relações com a obtenção e seleção de híbridos. Piracicaba, 1987b. 140p. (Livre Docência - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

SOUZA JUNIOR, C.L. Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal. Piracicaba, FEALQ, 1989. 134p.

SOUZA JUNIOR, C.L. & MIRANDA FILHO, J.B. Desenvolvimento de linhagens endogâmicas de duas populações com base na capacidade recíproca de combinações. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, Piracicaba, (15): 258-70, 1981.

SOUZA JUNIOR, C.L. & MIRANDA FILHO, J.B. Alterações na heterose via seleção intra e interpopulacional. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 20: 1197-201, 1985.

- SOUZA JUNIOR, C.L. & MIRANDA FILHO, J.B. Genetic variability in two maize (*Zea mays* L.) population and its relationships with intra and interpopulation recurrent selection. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 12: 271-86, 1989.
- SOUZA JUNIOR, C.L.; MIRANDA FILHO, J.B.; ZINSLY, J.R. Potencial genético de dois compostos de milho (*Zea mays* L.) para obtenção de híbridos. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, Piracicaba, (14): 153-62, 1980.
- SPRAGUE, G.F. & TATUM, L.A. General vs specific combining ability in single crosses of corn. *Journal of American Society of Agronomy*, Madison, 34: 923-32, 1942.
- SPRAGUE, G.F. Early testing of inbred lines. *Journal American Society of Agronomy*, Washington, 38: 108-17, 1946.
- SPRAGUE, G.F. & EBERHART, S.A. Corn breeding. In: SPRAGUE, G.F., ed. *Corn and Corn Improvement*. Madison, ASA, 1977. cap. 6, p.305-62 (Agronomy, 18).
- STANGLAND, G.R. & RUSSELL, W.A. Variability within S_2 and S_8 inbred lines in maize. *Maydica*, Bergamo, 24: 227-38, 1981.
- STEBBINS, G.L. Self-fertilization and population variability in the higher plants. *Amererican Naturalist*, Lancaster, 91: 337-54, 1957.
- STEEL, R.G.G. & TORRIE, J.H. *Principles and procedures of statistics*. New York, McGraw-Hill Book, 1960. 481p.

- STUBER, C.W.; MOLL, R.H.; HANSON, N.D. Genetic variances and interrelationships of six traits in a hybrid population of *Zea mays* L. *Crop Science*, Madison, 6: 455-8, 1966.
- TANNER, A.H. & SMITH, O.S. Comparison of hal-sib and Si recurrent selection in Krug Yellow Dent maize population. *Crop Science*, Madison, 27: 509-13, 1987.
- VALOIS, A.C.C. Eficiência comparativa de quatro métodos de seleção em uma população melhorada de milho (*Zea mays* L). Piracicaba, 1982. 119p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- 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. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., ed. *Melhoramento e Produção do Milho*. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1, p.137-209.
- VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J.B.; SOUZA JUNIOR, C.L. Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2. Raleigh, 1987. *Proceedings*. Sunderland, Sinauer Associates, 1988. p.465-77.
- VENCOVSKY, R. & BARRIGA, P. *Genética biométrica no fito-melhoramento*. Ribeirão Preto, Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

- 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: 151-7, 1982.
- WELLHAUSEN, E.J. Modern corn breeding and production in México. *Phytopathology*, 44: 391-5, 1954.
- 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.
- WEST, D.R.; COMPTON, W.A.; THOMAS, M.A. Comparison of replicated S_1 per se vs. reciprocal full-sib index selection in corn. I. Indirect response to population densities. *Crop Science*, Madison, 20: 35-42, 1980.

TABELAS

Tabela 11. Valores médios e depressão média por endogamia obtidos nas populações ESALQ PB-2 e ESALQ PB-3 para os caracteres produção de grãos (g/pl), altura de planta (cm) e altura de espiga (cm).

ESALQ PB-2 (C3)				ESALQ PB-3 (C3)			
	Ponta Grossa	Rondonópolis	Média	Ponta Grossa	Rondonópolis	Média	
Produção de grãos (g/pl)	(%)	(g/pl)	(%)	(g/pl)	(%)	(g/pl)	(%)
$\bar{S}_1$	142,3	69,1	57,5	105,7	56,7	136,7	56,3
$\bar{S}_0$	226,1	123,4	102,7	174,8	93,7	223,5	92,0
C511	252,9	120,2	100	186,5	100	243,0	100
Altura de planta (cm)	(%)	(cm)	(%)	(cm)	(%)	(cm)	(%)
$\bar{S}_1$	229,4	202,5	97,3	216,0	97,7	223,6	95,1
$\bar{S}_0$	247,2	222,4	106,9	234,8	106,2	245,4	104,4
C511	233,9	208,1	100	221,0	100	235,0	100
Altura de espiga (cm)	(%)	(cm)	(%)	(cm)	(%)	(cm)	(%)
$\bar{S}_1$	140,2	108,2	101,9	124,2	104,2	132,9	101,6
$\bar{S}_0$	151,3	120,7	113,0	136,0	114,1	144,2	110,2
C511	131,5	106,8	100	119,2	100	130,8	100

Tabela 12. Depressão média e limites de depressão percentuais ($\overline{DE}$ %, DE % inf, DE % sup); valor devido a contribuição dos locos homozigotos ($\mu+a$), dos locos heterozigotos (d) e seus valores relativos $|(\mu+a)/d|$, nas duas populações de milho e para os três caracteres em questão.

		$\overline{DE}(\%)$	$DE(\%)inf$	$DE(\%)sup$	$DE(1\%)$ (g/pl)	$\mu+a$	d	$(\mu+a)/d$
Produção	ESALQ PB-2							
	PG	-37,1	-0,1	-63,0	-1,67	58,5	167,6	0,35
	R0	-44,0	-2,8	-68,5	-1,09	14,8	108,6	0,14
	$\bar{x}$	-40,5	-1,5	-65,8	-1,38	36,7	138,1	0,25
ESALQ PB-3	PG	-42,3	-14,5	-64,3	-1,74	49,9	173,6	0,29
	R0	-46,1	-10,3	-73,8	-0,90	7,8	90,0	0,09
	$\bar{x}$	-44,2	-12,4	-69,1	-1,32	28,8	131,8	0,19
Altura planta	ESALQ PB-2							
	PG	-7,2	+12,9	-24,8	-0,36	211,6	35,6	5,94
	R0	-9,0	+13,8	-27,3	-0,40	182,6	39,8	4,59
	$\bar{x}$	-8,1	+13,4	-26,1	-0,38	197,1	37,7	5,27
ESALQ PB-3	PG	-8,9	+12,7	-28,3	-0,44	201,8	43,6	4,63
	R0	-7,0	+18,5	-27,4	-0,29	176,1	29,0	6,07
	$\bar{x}$	-8,0	+15,6	-27,9	-0,37	189,0	36,3	5,35
Altura espiga	ESALQ PB-2							
	PG	-7,4	+17,9	-36,6	-0,22	129,1	22,2	5,82
	R0	-10,3	+18,1	-36,4	-0,25	95,7	25,0	3,82
	$\bar{x}$	-8,9	+18,0	-36,5	-0,23	112,4	23,6	4,82
ESALQ PB-3	PG	-7,8	+14,3	-36,2	0,23	121,6	22,6	5,38
	R0	-8,5	+17,6	-32,3	0,19	91,1	18,6	4,90
	$\bar{x}$	-8,2	+16,0	-34,2	0,21	106,3	20,6	5,14

Tabela 13. Estimativas de quadrados médios, dos coeficientes de variação genética (CV_g), coeficiente de variação ambiental (CV_e) e de índice de variação experimental (θ) obtidas das análises agrupadas por local para os três caracteres e as duas populações em estudo.

Caráter	População	Local	Quadrados médios				Ftrat	$CV_g\%$	θ	$CV_g\%$
			Progenies	Erro	Dentro					
PRO (g/pl)	ESALQ PB-2	Ponta Grossa	1841,1	446,9	-		4,12**	14,8	1,02	15,1
		Rondonópolis	495,4	161,8	-		3,07**	18,4	0,83	15,3
	ESALQ PB-3	Ponta Grossa	1446,9	423,8	-		3,41**	15,1	0,90	13,5
		Rondonópolis	330,1	116,1	-		2,84**	20,4	0,78	16,0
AP (cm)	ESALQ PB-2	Ponta Grossa	777,5	106,2	257,6		7,32**	4,5	1,40	6,3
		Rondonópolis	805,1	94,6	313,6		8,51**	4,8	1,54	7,4
	ESALQ PB-3	Ponta Grossa	837,7	94,3	226,6		8,88**	4,3	1,60	6,9
		Rondonópolis	883,6	130,4	269,7		6,78**	6,0	1,35	8,1
AE (cm)	ESALQ PB-2	Ponta Grossa	575,5	84,1	223,2		6,84**	6,5	1,36	8,9
		Rondonópolis	414,6	105,3	162,6		3,94**	9,5	0,96	9,1
	ESALQ PB-3	Ponta Grossa	495,7	74,9	205,6		6,6**	6,5	1,34	8,7
		Rondonópolis	328,3 ⁴	77,4	137,0		4,24**	8,8	1,01	8,9

Tabela 14. Estimativa de quadrados médios e valores de F obtidos por análises conjuntas de locais para produção de grãos, altura de planta e altura de espiga nas populações ESALQ PB-2 e ESALQ-PB-3.

	ESALQ PB-2 (C3) (População 1)		ESALQ PB-3 (C3) (População 2)	
	GL	QM F	QM	F
Produção de grãos (g/pl)				
Repetições	8	3122,0	3328,5	
Progenies (P)	198	1748,6	1152,3	4,15**
Ambientes (A)	1	1449011,2	1052605,3	263,83**
P x A	198	703,6	662,3	2,38**
Erro efetivo	680	323,3	277,9	
Altura de planta (cm)				
Repetições	8	1695,0	4088,4	
Progenies (P)	198	1568,5	1653,9	13,64**
Ambientes (A)	1	116789,3	165773,3	38,86**
P x A	198	158,5	180,7	1,48**
Erro efetivo	680	110,1	121,4	
Altura de espiga (cm)				
Repetições	8	1909,0	4052,2	
Progenies (P)	198	928,8	742,7	8,92**
Ambientes (A)	1	165546,7	322418,0	76,97**
P x A	198	138,2	137,5	1,65**
Erro efetivo	680	103,6	83,3	

Tabela 15. Estimativas dos componentes de variância e coeficientes de herdabilidade para produção de grãos, obtidas das análises agrupadas de progênie S_1 , considerando-se as hipóteses: $H_1 = (\sigma_D^2/\sigma_A^2)$; $H_2 = (\sigma_D^2/\sigma_A^2) = 0,5$, e igualdade de frequências alélicas ($p = q = 0,5$).

	Ponta Grossa		Rondonópolis	
	ESALQ PB-2 (C3) (população 1)	ESALQ PB-2 (C3) (população 2)	ESALQ PB-2 (C3) (população 1)	ESALQ PB-3 (C3) população 2)
σ_P^2	464,7 ± 62,4 (13,4%)	341,0 ± 49,4 (14,5%)	111,4 ± 16,9 (15,2%)	71,3 ± 11,4 (15,9%)
σ_D^2	446,9 ± 31,68 (7,1%)	423,8 ± 30,04 (7,1%)	161,3 ± 11,5 (7,1%)	116,1 ± 8,2 (7,1%)
σ_A^2	371,8 ± 49,9 (13,4%)	272,8 ± 39,5 (14,5%)	89,1 ± 13,6 (15,2%)	57,1 ± 9,1 (15,9%)
$\sigma_{f(x)}^2$	613,7	482,3	165,1	110,0
$h_{(x)}^2$	60,6%	56,6%	53,9%	51,9%
σ_A^2	413,1 ± 55,5 (13,4%)	303,1 ± 43,9 (14,5%)	99,0 ± 15,1 (15,2%)	63,4 ± 10,1 (16,0%)
$\sigma_{f(x)}^2$	613,7	482,3	165,1	110,0
$h_{(x)}^2$	67,3%	62,9%	60,0%	57,6%
$a/$	$H_1 = \sigma_D^2/\sigma_A^2 = 1$			
$b/$	$H_2 = \sigma_D^2/\sigma_A^2 = 0,5$			

Tabela 16. Estimativas dos componentes de variância para altura de planta (cm²) obtidos das análises agrupadas de progênies S₁ considerando-se a hipótese H₃: (σ_D^2/σ_A^2) = 0,20 e igualdade de frequências alélicas (p = q = 0,5).

	Ponta Grossa		Rondonópolis	
	ESALQ PB-2 (C3)	ESALQ PB-3 (C3)	ESALQ PB-2 (C3)	ESALQ PB-3 (C3)
σ_A^2	200,4 ± 23,5 (11,7%)	224,1 ± 25,1 (11,2%)	214,0 ± 24,3 (11,4%)	226,9 ± 26,8 (11,8%)
σ_p^2	210,4 ± 24,7 (11,7%)	235,3 ± 26,3 (11,2%)	224,7 ± 25,6 (11,4%)	238,2 ± 28,1 (11,8%)
σ_e^2	56,1 ± 8,2 (14,6%)	50,7 ± 7,2 (14,2%)	34,0 ± 7,6 (22,4%)	78,7 ± 10,2 (13,0%)
σ_{ed}^2	136,2 ± 16,0 (11,7%)	192,2 ± 16,4 (8,5%)	185,2 ± 19,4 (10,5%)	133,6 ± 19,5 (14,6%)
σ_{ed}^2/σ_e^2	2,42	3,79	5,44	1,70
$\sigma_f^2(\bar{x})$	246,2	273,9	256,9	282,4
$h_{(\bar{x})}^2$	81,4%	81,8%	83,3%	80,3%

Tabela 17. Estimativas dos componentes de variância para altura de espiga obtidos das análises agrupadas de progênies S_1 , considerando-se $H_3 = (\sigma_D^2/\sigma_A^2) = 0,20$ e igualdade de frequências ($p = q = 0,5$).

	Ponta Grossa			Rondonópolis		
	ESALQ PB-2 (C3)	ESALQ PB-3 (C3)	ESALQ PB-2 (C3)	ESALQ PB-3 (C3)	ESALQ PB-2 (C3)	ESALQ PB-3 (C3)
σ_A^2	148,0 $\pm$ 17,4 (11,8%)	126,8 $\pm$ 16,0 (12,6%)	93,2 $\pm$ 12,7 (13,6%)	75,5 $\pm$ 10,0 (13,2%)		
σ_P^2	155,4 $\pm$ 18,3 (11,8%)	133,1 $\pm$ 16,8 (12,6%)	97,8 $\pm$ 13,4 (13,6%)	79,3 $\pm$ 10,5 (13,2%)		
σ_E^2	41,0 $\pm$ 6,10 (14,9%)	35,0 $\pm$ 6,0 (17,2%)	73,7 $\pm$ 7,5 (10,2%)	50,8 $\pm$ 5,8 (11,4%)		
σ_{ed}^2	134,4 $\pm$ 38,4 (28,6%)	129,5 $\pm$ 33,1 (25,6%)	106,7 $\pm$ 9,0 (8,4%)	91,7 $\pm$ 7,2 (7,9%)		
σ_{ed}^2/σ_E^2	3,28	3,70	1,45	1,81		
$\sigma_f^2(\bar{x})$	183,9	158,5	133,2	109,3		
$h^2(\bar{x})$	80,46%	79,99%	69,94%	71,68%		

Tabela 18. Estimativas de variâncias genéticas entre progênies (σ_p^2), variância de progênies e locais (σ_{p1}^2), variância aditiva (σ_A^2) e do coeficiente de herdabilidade médias (h_x^2 %) derivadas das análises conjuntas, para os três caracteres e as duas populações.

População	Parâmetro	Produção (g/pl) ²		Alt. planta (cm) ²	Alt. espiga (cm) ²
		$H_1: \sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 0,5$	$H_1: \sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 1$	$H_1: \sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 0,20$	$H_1: \sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 0,20$
ESALQ PB-2 (população 1)	σ_p^2	237,6 ± 29,3	237,6 ± 29,3	243,1 ± 26,2	137,5 ± 15,5
	σ_{p1}^2	63,4	63,4	8,07	5,8
	$(\sigma_{p1}^2 / \sigma_p^2) \cdot 100$	26,7%	26,7%	3,3%	4,2%
	σ_A^2	211,2 ± 26,0	190,04 ± 23,4	231,5 ± 24,9	131,0 ± 14,8
	h_x^2 (%)	72,4	65,21	88,6	84,6
ESALQ PB-3 (população 2)	σ_p^2	145,7 ± 19,4	145,7 ± 19,4	255,4 ± 27,6	109,9 ± 12,4
	σ_{p1}^2	64,1	64,1	9,78	9,0
	$(\sigma_{p1}^2 / \sigma_p^2) \cdot 100$	44,0%	44,0%	3,8%	8,2%
	σ_A^2	129,5 ± 17,2	116,6 ± 15,5	243,2 ± 26,2	104,7 ± 11,8
	h_x^2 (%)	67,5	60,7	88,2	84,6

Tabela 19. Estimativas de progresso esperado nas populações ESALQ PB-2 (C3) e ESALQ PB-3 (C3), considerando-se intensidade de seleção de 15% e igualdade de frequências alélicas.

População	Local de seleção	Produção (g/pl)		Altura de planta (cm)		Altura de espiga (cm)	
		$H_1: \sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 0,5$	$H_2: \sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 1,0$	$H_3: \sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 0,20$		$H_3: \sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 0,20$	
ESALQ PB-2	Ponta Grossa	25,9 (11,5%)	23,3 (10,3%)	19,9 (8,1%)		17,0 (11,2%)	
	Rondonópolis	12,0 (9,7%)	10,8 (8,7%)	20,8 (9,3%)		12,5 (10,4%)	
	Média locais	19,2 (11,0%)	17,3 (9,9%)	22,2 (9,4%)		16,4 (12,0%)	
ESALQ PB-3	Ponta Grossa	21,5 (9,1%)	19,3 (8,1%)	21,0 (8,6%)		15,7 (10,9%)	
	Rondonópolis	9,4 (9,6%)	8,4 (8,6%)	21,0 (10,2%)		11,4 (10,4%)	
	Média locais	14,5 (8,7%)	13,1 (7,8%)	22,8 (10,1%)		14,6 (11,5%)	

Tabela 20. Resultados médios ($\bar{Y}$) e média dos tratamentos selecionados ($\bar{Y}_s$) obtidos nas análises de test crosses 12 e 21, relativos a população 1 e 2 como fêmea, respectivamente, e as médias ponderadas para o intercruzamento (1x2).

ESALQ PB-2($\bar{q}$)xESALQ PB-3		ESALQ PB-3($\bar{p}$)xESALQ PB-2		Médias ponderadas		
T(12)		T(21)				
Produtividade	(g/pl)	(%)	(g/pl)	(%)	(g/pl)	(%)
$\bar{Y}$	141,7	97,4	154,0	96,8	148,3	97,6
$\bar{Y}_s$	161,5	111,1	173,2	108,8	167,7	110,4
C511	145,4	100,0	159,2	100,0	151,9	100,0
Altura planta	(cm)	(%)	(cm)	(%)	(cm)	(%)
$\bar{Y}$	240,6	103,0	245,8	102,2	243,4	101,9
$\bar{Y}_s$	253,7	108,6	246,8	102,6	250,1	104,7
C511	233,6	100,0	240,5	100,0	238,9	100,0
Altura espiga	(cm)	(%)	(cm)	(%)	(cm)	(%)
$\bar{Y}$	143,5	107,0	145,9	105,2	144,8	106,2
$\bar{Y}_s$	153,1	114,1	148,6	107,1	150,7	110,5
C511	134,2	100,0	138,8	100,0	136,3	100,0

Tabela 21. Estimativas obtidas de quadrados médios das análises dos testcrosses 12, para os caracteres produção de grãos, altura de planta e altura de espiga.

	Produção (g/pl)		Alt. planta (cm/pl)		Alt. espiga (cm/pl)		E (QM)
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	
Blocos	2	267,75	1	409,44	1	1,26	
Tratamentos	80	625,25	80	362,04	80	251,24	
"Testcrosses"	79	656,50**	79	357,04**	79	236,58**	$\sigma^2 + \sigma^2_{pI}$
GI	65	706,50**	65	354,04**	65	223,13**	$\sigma^2 + \sigma^2_{pI}$
GIXGII	1	1838,25	1	58,07	1	121,60	
GII	6	582,00**	6	408,04ns	6	338,99ns	$\sigma^2 + \sigma^2_{dPII} + 2\sigma^2_{pII}$
dGII	7	86,75ns	7	383,93**	7	290,18*	$\sigma^2 + \sigma^2_{dPII}$
Testcrosses vs test.	1	333,50	1	788,88	1	1409,44	
Resíduo	182	332,25	95	183,09	95	127,49	σ^2
CV _e (%)		12,8		5,6		7,9	
s (m)		10,5g (7,4%)		9,6g (4,0%)		8,0g (5,6%)	

Tabela 22. Estimativas obtidas de quadrados médios das análises de testcrosses 21 para os caracteres produção de grãos, altura de planta e altura de espigas.

	Produção (g/pl)				Alt. planta(cm/pl) Alt. espiga (cm/pl)				E(QM)
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM	
Blocos	2	8,75	1	416,34	1	506,93			
Tratamentos	91	614,50	91	361,18	91	250,28			
Testcrosses	90	613,25**	90	359,64**	90	242,92**			
GI	66	643,25**	66	388,38**	66	251,52**			$\sigma^2 + r\sigma^2_{pI}$
GIxGap	1	469,50	1	167,43	1	13,06			
Gap	23	534,00	23	285,51	23	228,24			
GII	8	1035,00*	8	536,63*	8	385,07ns			$\sigma^2 + r\sigma^2_{dpII} + 2r\sigma^2_{pII}$
dGII	9	306,4 ns	9	207,64ns	9	206,25ns			$\sigma^2 + r\sigma^2_{dpII}$
GIIxGIII	1	230,00	1	69,44	1	146,01			
GIII	1	9,75ns	1	52,08ns	1	0,00ns			$\sigma^2 + r\sigma^2_{dpIII} + 3r\sigma^2_{pIII}$
dGIII	4	301,00ns	4	70,83ns	4	41,67ns			$\sigma^2 + r\sigma^2_{dpIII}$
Testcrosses x test.	1	709,75	1	500,32	1	922,92			
Resíduo	208	258,00	108	193,55	108	141,75			σ^2
CVe (%)	10,4				5,7				8,2
s (m)	9,3g (6,0%)				9,8cm (4,0%)				8,4cm (5,8%)

Tabela 23. Estimativas de variâncias aditivas interpolacionais ($\sigma_{A_{12}}^2$, $\sigma_{A_{21}}^2$), das variâncias entre grupos de progênies aparentadas (σ_{pI}^2) entre grupos de progênies aparentadas (σ_{pII}^2) e entre progênies dentro do grupo aparentado (σ_{dpII}^2), para os conjuntos de testcrosses 12 e 21.

Parâmetro	Produção de grãos (g/pl) ²	Altura de planta (cm ²)	Altura de espiga (cm ²)
$\sigma_{A_{12}}^2$	292,7 ± 91,9 (31,38%)	211,0 ± 53,0 (25,16%)	124,1 ± 35,7 (28,8%)
$\sigma_{pI_{12}}^2$	109,8 ± 34,4	79,1 ± 19,90	46,5 ± 13,4
$\sigma_{pII_{12}}^2$	73,2 ± 22,9	52,8 ± 13,28	31,0 ± 8,9
$\sigma_{dpII_{12}}^2$	36,6 ± 11,5	26,4 ± 6,64	15,5 ± 4,5
$\sigma_{A_{21}}^2$	316,2 ± 94,2 (29,80%)	267,9 ± 57,9 (21,60%)	162,9 ± 38,7 (23,8%)
$\sigma_{pI_{21}}^2$	118,6 ± 35,3	100,5 ± 21,7	61,7 ± 14,7
$\sigma_{pII_{21}}^2$	79,1 ± 23,6	67,0 ± 14,5	40,7 ± 9,7
$\sigma_{dpII_{21}}^2$	39,5 ± 11,8	33,5 ± 7,2	20,3 ± 4,8
σ^2	299,1 ± 29,9 (10,0%)	189,0 ± 26,0 (13,8%)	134,3 ± 18,6 (13,9%)

Tabela 24. Estimativas de progresso esperado com a seleção (Gs), progresso esperado percentual (Gs %) e produção esperada percentual em relação ao híbrido C511 (Ys%) quando praticada a seleção de híbridos simples (HS(12)), híbridos triplos (HT₁₂, HT₂₁) e híbridos duplos (HD(12)) utilizando-se linhagens parentais com diferentes níveis de endogamia, para o caráter produção de grãos.

H1	S _n	HS (12)			HT ₁₂			HT ₂₁			HD (12)			ΔGs_2 (%)
		Gs	Gs%	Ys%	Gs	Gs%	Ys%	Gs	Gs%	Ys%	Gs	Gs%	Ys%	b/
$\sigma_D^2/\sigma_A^2 = 1$	S ₀	22,1	14,9	112,2	17,0	11,5	108,8	16,7	11,3	108,6	12,0	8,1	105,5	6,8
	S ₂	31,4	21,2	118,3	24,0	16,2	113,4	23,7	16,0	113,2	17,0	11,5	108,8	9,7
	S ₃	36,0	24,3	121,3	27,4	18,4	115,6	27,1	18,2	115,1	19,6	13,2	110,6	11,1
	S _∞	40,3	27,2	124,1	30,6	20,7	117,8	30,3	20,5	117,6	22,1	14,9	112,1	12,3
	ΔGs_1 (%) ^{a/}	-	12,3	-	-	9,2	-	-	9,2	-	-	6,8	-	-
$\sigma_D^2/\sigma_A^2 = 1/2$	S ₀	19,6	13,2	110,5	15,5	10,5	107,8	15,2	10,3	107,6	11,0	7,4	104,9	5,8
	S ₂	27,2	18,3	115,5	21,4	14,4	111,6	21,1	14,2	111,5	15,5	10,5	107,8	7,8
	S ₃	30,7	20,7	117,8	24,1	16,3	113,5	23,8	16,1	113,3	17,6	11,9	109,2	8,8
	S _∞	34,1	23,0	120,0	26,8	18,0	115,2	26,5	17,9	115,0	19,6	13,2	110,5	9,8
	ΔGs_1 (%) ^{a/}	-	9,8	-	-	7,5	-	-	7,6	-	-	5,8	-	-

$$\frac{a}{\Delta Gs_1} (\%) = [Gs\% (S_\infty) - Gs\% (S_0)]$$

$$\frac{b}{\Delta Gs_2} (\%) = [Gs\% (HS) - Gs\% (HD)]$$

* Produção de grãos média do híbrido interpopulacional = 148,26 (g/pl)

Tabela 25. Estimativas de progresso esperado com a seleção (Gs), progresso esperado percentual (Gs %) e performance percentual esperada em relação ao híbrido C511 (Ys%), quando praticada a seleção de híbridos simples (HS(12)), híbridos triplos (HT₁₂, HT₂₁) e híbridos duplos (HD(12)) utilizando-se linhagens parentais com diferentes níveis de endogamia, para os caracteres altura de planta e altura de espiga.

Hi	S _n	HS (12)			HT ₁₂			HT ₂₁			HD (12)			ΔGs ₂ (%)
		Gs	Gs(%)	Ys(%)	Gs	Gs(%)	Ys(%)	Gs	Gs(%)	Ys(%)	Gs	Gs(%)	Ys(%)	b/
Altura de planta	S ₂	22,2	9,1	92,5	18,4	7,5	94,1	17,5	7,2	94,5	13,4	5,5	96,2	3,6
	S ₃	24,7	10,2	91,4	20,4	8,4	93,3	19,6	8,0	93,6	15,0	6,2	95,5	4,0
	S _∞	27,1	11,1	90,5	22,3	9,2	92,5	21,5	8,8	92,8	16,6	6,8	94,9	4,3
	ΔGs ₁ (%) ^{a/}	-	2,0	-	-	1,7	-	-	1,6	-	-	1,3	-	
Altura de espiga	S ₂	16,8	11,6	93,9	13,9	9,6	96,0	13,1	9,1	96,6	10,0	6,9	98,9	4,7
	S ₃	18,8	12,9	92,4	15,5	10,7	94,9	14,7	10,2	95,4	11,3	7,8	97,9	5,1
	S _∞	20,6	14,2	91,1	17,0	11,8	93,8	16,2	11,2	94,3	12,5	8,6	97,1	5,6
	ΔGs ₁ (%) ^{a/}	-	2,6	-	-	2,2	-	-	2,1	-	-	1,7	-	

$$\frac{a/}{b/} \Delta Gs_1(\%) = [Gs\% (S_{\infty}) - Gs\% (S_2)]$$

$$\frac{b/}{b/} \Delta Gs_2(\%) = [Gs\% (HS) - Gs\% (HD)]$$

Tabela 26. Acréscimos nas estimativas de progresso percentual com a seleção (Gs%), decorrentes do aumento no grau de endogamia das linhagens, para a seleção de híbridos simples ($HS_{(12)}$), híbridos triplôs (HT_{12} e HT_{21}) e híbridos duplos ($HD_{(12)}$), para o caráter produção de grãos.

H_i		$\Delta G_s \text{ (\%)} $			
		$HS_{(12)}$	HT_{12}	HT_{21}	$HD_{(12)}$
$\sigma^2_{D(12)} / \sigma^2_{A(12)} = 1$	$(S_2 - S_0)$	6,3	4,7	4,7	3,4
	$(S_3 - S_2)$	3,1	2,2	2,2	1,7
	$(S_\infty - S_3)$	2,9	2,3	2,3	1,7
$\sigma^2_{D(12)} / \sigma^2_{A(12)} = 0,5$	$(S_2 - S_0)$	5,6	3,9	3,9	3,1
	$(S_3 - S_2)$	2,4	1,9	1,9	1,4
	$(S_\infty - S_3)$	2,3	1,7	1,8	1,3

FIGURAS

Figura 2. Distribuições observadas das progênies S_1 e seus desvios percentuais em relação as respectivas populações S_0 , para produção de grãos (g/pl) em Ponta Grossa.

Figura 3. Distribuições observadas das progêneses S_1 , e seus desvios percentuais em relação as respectivas populações S_0 , para altura de planta (cm) em Ponta Grossa.

Figura 4. Distribuições observadas das progênies S_1 e seus desvios percentuais em relação as respectivas populações S_0 , para altura de espiga (cm), em Ponta Grossa.

Figura 5. Distribuições observadas das progêneses S_1 e seus desvios percentuais em relação as respectivas populações S_0 , para produção de grãos (g/pl), em Rondonópolis.

Figura 6. Distribuições observadas das progênies S_1 e seus desvios percentuais em relação as respectivas populações S_0 , para altura de planta (cm), em Rondonópolis.

Figura 7. Distribuições observadas das progênes S_1 e seus desvios percentuais em relação as respectivas populações S_0 , para altura de espiga (cm), em Rondonópolis.

Figura 8. Distribuição fenotípica dos "testcrosses" de progênies S_2 , dos híbridos simples, híbridos dos triplos e híbridos duplos, derivados de linhagens totalmente puras ($F=1$) em conjunto com a média do híbrido C511, para o caráter produção de grãos ($\sigma_D^2 = \sigma_A^2$).

Figura 9. Distribuição fenotípica dos "testcrosses" de progênes S_2 , dos híbridos simples, híbridos dos triplos e híbridos duplos, derivados de linhagens totalmente puras ($F=1$) em conjunto com a média do híbrido C511, para produção de grãos ($\sigma_D^2 = 0,5\sigma_A^2$).

Figura 10. Distribuição fenotípica dos "testcrosses" de progênies S_2 , dos híbridos simples, híbridos dos triplos e híbridos duplos, derivados de linhagens totalmente puras ($F=1$) em conjunto com a média do híbrido C511, para o caráter altura de planta ($\sigma_D^2 = 0,20\sigma_A^2$).

Figura 11. Distribuição fenotípica dos "testcrosses" de progênes S_2 , dos híbridos simples, híbridos dos triplos e híbridos duplos, derivados de linhagens totalmente puras ($F=1$) em conjunto com a média do híbrido C511, para o caráter altura de espiga ($\sigma_D^2 = 0,20\sigma_A^2$).

APÊNDICES

APÊNDICE 1. Médias de produção (PRO), altura de planta (AP) e altura de espiga (AE) do conjunto de 20% dos "testcrosses" 12 mais produtivos.

Trat.	PRO		AP		AE		AE/AP	
	(g/pl)	(%)	(cm)	(%)	(cm)	(%)		(%)
1.18	172	118,3	245	104,9	147	109,6	0,60	104,5
1.24	170	117,1	262	112,2	162	120,7	0,62	107,7
1.33	166	114,5	255	109,2	155	115,5	0,61	105,8
1.66	166	114,2	250	107,0	152	113,3	0,61	105,9
1.12	164	112,9	270	115,6	162	120,7	0,60	104,5
1.71	163	111,9	270	115,6	165	123,0	0,61	106,4
1.32	161	110,8	255	109,2	155	115,5	0,61	105,8
1.22	161	110,8	247	105,7	155	115,5	0,63	109,3
1.14	161	110,8	262	112,2	155	115,5	0,59	103,0
1.63	161	110,8	270	115,6	155	115,5	0,57	100,0
1.08	159	109,4	252	107,9	155	115,5	0,62	107,1
1.54	158	108,4	255	109,2	160	119,3	0,63	109,2
1.79	156	107,6	262	112,2	157	117,0	0,60	104,3
1.35	156	107,0	235	100,6	140	104,3	0,60	103,7
1.19	155	106,3	227	97,2	132	98,4	0,58	101,3
1.62	154	106,1	242	103,6	142	105,8	0,59	102,2
C511	145,4	100,0	233	100,0	134	100,0	0,575	100,0

APÊNDICE 2. Médias de produção (PRO), altura de planta (AP) e altura de espiga (AE), do conjunto de 20% dos "testcrosses" 21 mais produtivos.

Treat.	PRO		AP		AE		AE/AP	
	(g/pl)	(%)	(cm)	(%)	(cm)	(%)		(%)
2.27	195	122,5	237	98,5	120	100,9	0,59	102,3
2.71	184	115,5	230	95,6	140	100,9	0,61	105,5
2.64	182	114,6	265	110,2	160	115,3	0,60	104,7
2.10	182	114,3	265	110,2	167	120,4	0,63	109,2
2.25	178	112,1	240	99,8	140	100,9	0,58	101,1
2.21	175	110,2	250	104,0	155	111,7	0,62	107,5
2.23	175	109,9	250	104,0	152	109,5	0,61	105,4
2.56	171	107,3	242	100,6	145	104,5	0,60	103,9
2.26	170	107,1	262	108,9	162	116,8	0,62	107,2
2.87	170	107,0	257	106,9	155	111,7	0,60	104,5
2.81	170	106,8	250	104,9	150	108,1	0,60	104,0
2.28	168	105,8	237	98,5	135	97,3	0,57	98,7
2.08	168	105,5	242	100,6	142	102,3	0,59	101,7
2.44	166	104,6	250	104,0	150	108,1	0,60	104,0
2.05	166	104,6	245	101,9	150	108,1	0,61	106,1
2.20	166	104,1	242	100,6	140	100,9	0,58	100,3
2.65	166	104,1	242	100,6	145	104,5	0,60	103,9
2.74	164	103,1	237	98,5	147	105,9	0,62	107,5
C511	159,2	100,0	240,5	100,0	138,8	100,0	0,577	100,0

APÊNDICE 3. Esquema adaptado de seleção recorrente recíproca avaliando "testcrosses" de plantas S_1 prolíficas e recombinao progênies S_2 , em ciclo mínimo de dois anos.

FASE	ÉPOCA SEMEADURA	INSTALAÇÃO	OBJETIVO
1	Verão Ano 1	Um campo plantas S_0 por população	Autofecundação para obtenção de PS_1
2	Inverno Ano 1	Um campo PS_1 por população	Obtenção de dois tipos de progênies a) PS_1 : autofecundação da segunda espiga b) PMI-inter: cruzamento primeira espiga com mistura de pólen da população recíproca.
3	Verão Ano 2	Experimentos para avaliação PMI-inter	Avaliação da capacidade combinatória para a) S.R.Recíproca b) S.Híbridos
4	Inverno	a) Um lote isolado por população com semente remanescente PS_2 sele- cionadas	Recombinação e obtenção das populações melhoradas
	Ano 2	b) Um campo PS_2 por população	Autofecundação para obtenção PS_3
5	Verão	a) Idem Fase 1	idem Fase 1
	Ano 3	b) Um campo PS_3 por população	Autofecundação para obtenção de linhagens S_4 .