**AVALIAÇÃO DO POTENCIAL GENÉTICO DE DUAS POPULAÇÕES
DE MILHO (*Zea mays* L.) E SUAS IMPLICAÇÕES
NO MELHORAMENTO DO TEOR DE ÓLEO**

DAVID MARIOTE

Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. GERALDO ANTONIO TOSELLO

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

PIRACICABA

Estado de São Paulo - Brasil

Novembro 1993

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

Mariote, David

M342a Avaliação do potencial genético de duas populações
de milho (*Zea mays* L.) e suas implicações no melhora-
mento do teor de óleo. Piracicaba, 1993.
101p.

Diss.(Mestre) - ESALQ
Bibliografia.

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

CDD 633.15

**AVALIAÇÃO DO POTENCIAL GENÉTICO DE DUAS POPULAÇÕES DE
MILHO (*Zea mays* L.) E SUAS IMPLICAÇÕES NO
MELHORAMENTO DO TEOR DE ÓLEO**

DAVID MARIOTE

Aprovado em: 14.12.1993

Comissão Julgadora:

Prof. Dr. GERALDO ANTONIO TOSELLO

ESALQ/USP

Prof. Dr. ANTONIO LUIZ FANCELLI

ESALQ/USP

Prof. Dr. GERHARD BANDEL

ESALQ/USP

Prof. Dr. GERALDO ANTONIO TOSELLO
Orientador

À meu pai (*in memoria*),
minha mãe e meus irmãos,
DEDICO.

À minha esposa Aláica Amado Mariote e
aos meus filhos Dércio, Herth e Rycky

OFEREÇO.

AGRADECIMENTOS

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

Ao Prof. Dr. Geraldo Antonio Tosello pela valiosa orientação, atenção dedicada para que este trabalho fosse realizado, além dos ensinamentos recebidos;

Ao Prof. Dr. Claudio Lopes de Souza Júnior, pelo apoio e sugestões apresentadas;

Ao Instituto Nacional de Investigação Agronômica de Moçambique-INIA e ao Departamento de Genética da ESALQ/USP, que possibilitaram a minha participação no curso de Pós-Graduação;

À F.A.O. - Nações Unidas pela bolsa concedida;

Aos Docentes dos Departamentos de Genética e Agricultura pelos ensinamentos sobre vários aspectos do trabalho;

Aos funcionários Juscelino Desidério, José Carmezini de Paula e Alfredo de Araújo, pela colaboração na execução dos trabalhos de campo e laboratório;

À Sra. Carmen M.S.F. Pilotto, Secretária do Departamento de Genética, pelo incansável apoio prestado durante minha permanência na ESALQ;

Ao colega Claudio Takeda pelo apoio e colaboração prestados na análise estatística;

Às bibliotecárias Silvana M. Gregório e Aparecida E.S. Silva, pela colaboração e amizade;

À Sra. Clotilde M. Batochio Cunha pela amizade, colaboração e datilografia;

Aos funcionários do Departamento de Genética e Agricultura/Tecnologia de Sementes-ESALQ/USP, Piracicaba, SP, pela amizade;

A todos meus colegas do Curso de Pós-Graduação do Departamento de Genética pelo convívio e amizade;

À Sra. Júlia Valenzuela da FAO-Brasília, pelo apoio concedido durante a nossa estadia no Brasil;

À Deus, pela minha formação Moral e Profissional.

ÍNDICE

Página

LISTA DE TABELAS.....	vii
RESUMO.....	xiv
SUMMARY.....	xvi
1 - INTRODUÇÃO.....	1
2 - OBJETIVOS.....	6
3 - REVISÃO DE LITERATURA.....	7
3.1. Composição e controle genético do óleo na semente do milho.....	7
3.2. Fatores que afetam o conteúdo de óleo no milho.....	9
3.3. Seleção para aumento do conteúdo de óleo e suas alterações morfológicas.....	13
3.4. Correlações entre o teor de óleo e caracteres da planta e espiga.....	18
3.5. Ressonância Nuclear Magnética (NMR) na determinação do teor de óleo em grãos de milho.....	20

4	- MATERIAL E MÉTODOS.....	25
4.1	- Material.....	25
4.2	- Métodos.....	26
4.2.1.	Execução experimental.....	26
4.2.2.	Análise estatística genética.....	29
4.2.2.1.	Análise de variância.....	30
4.2.2.2.	Análise de covariância.....	37
4.2.2.3.	Estimativas das correlações e respostas correlacionadas..	41
5	- RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	44
5.1	- Médias populacionais.....	44
5.2	- Análise de variância.....	48
5.2.1.	Estimativas de parâmetros para o ca- ráter peso da espiga.....	49
5.2.2.	Estimativas de parâmetros para o ca- ráter altura da planta e da espiga....	53
5.2.3.	Estimativas de parâmetros para o ca- ráter teor de óleo.....	58
5.2.4.	Estimativas de parâmetros para o ca- ráter comprimento da espiga.....	62
5.2.5.	Estimativas de parâmetros para o ca- ráter diâmetro da espiga.....	66
5.2.6.	Estimativas de parâmetros para o ca- ráter número de fileiras.....	70

5.2.7. Estimativas de parâmetros para o caráter número de grãos por fileira.....	74
5.2.8. Estimativas para as correlações genéticas e fenotípicas e respostas correlacionadas.....	78
6 - CONCLUSÕES.....	84
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	86

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 -	Quadro da análise conjunta de variância com as respectivas esperanças dos quadrados médios para o caráter peso de espiga.....	32
Tabela 2 -	Quadro da análise conjunta da variância com as respectivas esperanças do quadrado médio.....	34
Tabela 3 -	Análise de produtos médios entre os caracteres peso de espiga, altura da planta e da espiga e teor de óleo.....	38
Tabela 4 -	Quadro de esperanças de produtos médios.....	40
Tabela 5 -	Médias e coeficientes de variação experimental obtido para progênies de meios irmãos interpopulacionais, médias das testemunhas e o índice de variação para os caracteres peso de espiga (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), teor de óleo (TO), comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), número de fileiras (NF) e número de grãos por fileira (NG/F) para as populações IG-1 e IG-2.....	47

- Tabela 6 - Valores, significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises conjuntas de variâncias, para o peso de espigas despalhadas das progênies de meios irmãos interpupulacionais..... 52
- Tabela 6A - Estimativas das variâncias genéticas entre progênies de meios irmãos interpupulacionais ao nível de plantas (σ_p^2), variância fenotípica de interação σ_{pl}^2 , genética aditiva em m/pl (σ_A^2), interações com locais (σ_{Al}^2), fenotípica entre progênies ao nível de plantas (σ_F^2), herdabilidade ao nível de progênies de meios irmãos (h_x^2), coeficiente da variação genética em % (C.V.g), para o peso de espigas, provenientes das populações IG-1 e IG-2 52
- Tabela 7 - Valores, significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises conjuntas de variâncias, para a altura de planta das progênies de meios irmãos interpupulacionais..... 56
- Tabela 7A - Estimativas das variâncias genéticas entre progênies de meios irmãos interpupulacionais ao nível de plantas (σ_p^2), ambiental entre parcelas ao nível de plantas (σ_e^2), variância fenotípica de interação σ_{pl}^2 , dentro de progênies ao nível de plantas (σ_d^2), genética aditiva em m/pl (σ_A^2), interações com locais

(σ^2_{AI}), fenotípica entre progênies ao nível de plantas (σ^2_F), herdabilidade ao nível de progênies de meios irmãos (h^2_x), coeficiente da variação genética em % (C.V.g), para a altura da planta, provenientes das populações IG-1 e IG-2..... 56

Tabela 8 - Valores, significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises conjuntas de variâncias, para a altura da espiga das progênies de meios irmãos interpopulacionais..... 57

Tabela 8A - Estimativas das variâncias genéticas entre progênies de meios irmãos interpopulacionais ao nível de plantas (σ^2_p), ambiental entre parcelas ao nível de plantas (σ^2_e), variância fenotípica de interação σ^2_{pl} , dentro de progênies ao nível de plantas (σ^2_d), genética aditiva em m/pl (σ^2_A), interações com locais (σ^2_{AI}), fenotípica entre progênies ao nível de plantas (σ^2_F), herdabilidade ao nível de progênies de meios irmãos (h^2), coeficiente da variação genética em % (C.V.g), para a altura da espiga, provenientes das populações IG-1 e IG-2..... 57

Tabela 9 - Valores, significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises conjuntas de variâncias, para o teor de óleo das progênies de meios irmãos interpopulacionais..... 61

Tabela 9A - Estimativas das variâncias genéticas entre progênies de meios irmãos interpopulacionais ao nível de plantas (σ_p^2), ambiental entre parcelas ao nível de plantas (σ_e^2), variância fenotípica de interação σ_{pl}^2 , dentro de progênies ao nível de plantas (σ_d^2), genética aditiva em m/pl (σ_A^2), interações com locais (σ_{Al}^2), fenotípica entre progênies ao nível de plantas (σ_F^2), herdabilidade ao nível de progênies de meios irmãos (h^2), coeficiente da variação genética em % (C.V.g), para o teor de óleo, provenientes das populações IG-1 e IG-2..... 61

Tabela 10 - Valores, significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises conjuntas de variâncias, para o comprimento da espiga das progênies de meios irmãos interpopulacionais..... 65

Tabela 10A - Estimativas das variâncias genéticas entre progênies de meios irmãos interpopulacionais ao nível de plantas (σ_p^2), ambiental entre parcelas ao nível de plantas (σ_e^2), variância fenotípica de interação σ_{pl}^2 , dentro de progênies ao nível de plantas (σ_d^2), genética aditiva em m/pl (σ_A^2), interações com locais (σ_{Al}^2), fenotípica entre progênies ao nível de plantas (σ_F^2), herdabilidade ao nível de progênies de meios irmãos (h^2), coeficiente da variação genética

em % (C.V.g), para o comprimento da espiga, provenientes das populações IG-1 e IG-2..... 65

Tabela 11 - Valores, significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises conjuntas de variâncias, para o diâmetro da espiga das progênies de meios irmãos interpulacionais..... 69

Tabela 11A - Estimativas das variâncias genéticas entre progênies de meios irmãos interpulacionais ao nível de plantas (σ_p^2), ambiental entre parcelas ao nível de plantas (σ_e^2), variância fenotípica de interação σ_{pl}^2 , dentro de progênies ao nível de plantas (σ_d^2), genética aditiva em m/pl (σ_A^2), interações com locais (σ_{Al}^2), fenotípica entre progênies ao nível de plantas (σ_F^2), herdabilidade ao nível de progênies de meios irmãos (h^2), coeficiente da variação genética em % (C.V.g), para o diâmetro da espiga, provenientes das populações IG-1 e IG-2..... 69

Tabela 12 - Valores, significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises conjuntas de variâncias, para o número de fileira da espiga das progênies de meios irmãos interpulacionais..... 73

Tabela 12A - Estimativas das variâncias genéticas entre progênies de meios irmãos interpopulacionais ao nível de plantas (σ_p^2), ambiental entre parcelas ao nível de plantas (σ_e^2), variância fenotípica de interação σ_{pl}^2 , dentro de progênies ao nível de plantas (σ_d^2), genética aditiva em m/pl (σ_A^2), interações com locais (σ_{Al}^2), fenotípica entre progênies ao nível de plantas (σ_F^2), herdabilidade ao nível de progênies de meios irmãos (h^2), coeficiente da variação genética em % (C.V.g), para o número de fileira por espiga, provenientes das populações IG-1 e IG-2..... 73

Tabela 13 - Valores, significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises conjuntas de variâncias, para o número de grãos por fileira por espiga das progênies de meios irmãos interpopulacionais..... 76

Tabela 13A - Estimativas das variâncias genéticas entre progênies de meios irmãos interpopulacionais ao nível de plantas (σ_p^2), ambiental entre parcelas ao nível de plantas (σ_e^2), variância fenotípica de interação σ_{pl}^2 , dentro de progênies ao nível de plantas (σ_d^2), genética aditiva em m/pl (σ_A^2), interações com locais (σ_{Al}^2), fenotípica entre progênies ao nível de plantas (σ_F^2), herdabilidade ao nível de progênies de meios irmãos (h^2), coeficiente da variação genética

em % (C.V.g), para o número de grãos por fileira por espiga, provenientes das populações IG-1 e IG-2
 76

Tabela 14 - Valores médios obtidos dos oito caracteres para: amplitude de variação das progênies, diferencial de seleção ($d_s = X_{ps} - X_p$) e, progresso esperado (G_s) com seleção no híbrido interpopulacional IG-1 x IG-2..... 77

Tabela 15 - Estimativas das correlações genéticas (r_G) e fenotípicas (r_F) entre médias de progênies, entre os caracteres, teor de óleo x peso de espiga, teor de óleo x altura de planta e teor de óleo x altura da espiga, relativas às progênies de Meios-Irmãos provenientes das populações IG-1 e IG-2, Piracicaba, SP. 1991/92..... 83

Tabela 16 - Respostas correlacionadas para altura da planta, altura da espiga e peso de espiga pela seleção para teor de óleo em populações IG-1 e IG-2. Piracicaba, SP. 1991/92..... 83

**AVALIAÇÃO DO POTENCIAL GENÉTICO DE DUAS POPULAÇÕES DE
MILHO (*Zea mays* L.) E SUAS IMPLICAÇÕES NO
MELHORAMENTO DO TEOR DE ÓLEO**

AUTOR: David Mariote

ORIENTADOR: Prof. Dr. Geraldo Antonio Tosello

RESUMO

O presente trabalho teve por objetivo avaliar a potencialidade genética de duas populações de milho (IG-1 e IG-2) para o melhoramento de teor de óleo na semente.

Foram avaliadas progênies de meios irmãos das duas populações, utilizando-se de duas testemunhas intercalares (híbridos triplo e simples P3232 e P3072) a cada 50 progênies. Foram tomados dados de peso da espiga, altura da planta, altura da espiga, teor de óleo nos grãos, comprimento da espiga, diâmetro da espiga, número de fileiras de grãos da espiga e número de grãos por fileira da espiga de uma amostra de 5 espigas de cada parcela e produção total de cada parcela.

Os dados foram submetidos às análises de variância conforme modelo proposto por VENCOVSKY (1969) e análise de covariância. A partir destas, foram estimadas a variância genética aditiva (σ^2_A), variância de interação (σ^2_{AI}), variância genética entre progênies (σ^2_p), variância de interação com local

(σ^2_{pl}), variância ambiental entre parcelas (σ^2_e), variância fenotípica entre plantas dentro de progênie (σ^2_d), variância fenotípica da progênie (σ^2_F). Estimaram-se também o coeficiente de herdabilidade, correlações genéticas e fenotípicas, progressos genéticos esperados e respostas correlacionadas com a seleção.

As duas populações em estudo apresentaram suficiente variabilidade genética para a obtenção de progressos significativos, em programas de melhoramento, para os caracteres avaliados. Os valores dos coeficientes de herdabilidade obtidos para os oito caracteres em estudo foram considerados médios, sendo que o IG-1 apresentou valores de herdabilidade maiores que o IG-2.

As estimativas das correlações genéticas entre os caracteres altura da planta, altura da espiga e peso das espigas para as duas populações com o teor de óleo, foram todas positivas, exceção para o teor de óleo x peso da espiga na população IG-1.

As respostas correlacionadas indicam que a seleção para aumentar o teor de óleo nos grãos poderá causar algum aumento na altura da planta e da espiga na população IG-1, e para o caráter peso de espiga não ocorre influência da seleção para o teor de óleo.

EVALUATION OF THE GENETIC POTENTIAL OF TWO MAIZE POPULATIONS
(*Zea mays* L.) AND THE BREEDING IMPLICATIONS FOR OIL
CONTENT IN THE SEED KERNEL

AUTHOR: David Mariote

ADVISER: Prof. Dr. Geraldo Antonio Tosello

SUMMARY

The present work was done in order to evaluate the genetic potential of two maize populations (IG-1 and IG-2) when selected for the oil content in the seed kernel.

Half sib families from both populations were evaluated through a single hybrids (P3232 and P3072) placed in between as an environmental check. Data from the following characteristics are reported: the yielding per plot, plant and ear height, the oil content in each ear, the cob diameter, the ear length, the kernels row number, and the kernels number per row.

The statistical analysis of variance for each trait was done following the approaches proposed by VENCOSKY (1969) and by covariances. Estimates were obtained for genetic additive variance (σ^2_A), genetic variance among progenies (σ^2_p), environmental variance among plots (σ^2_e), phenotypic variance among plants within progenies (σ^2_d), phenotypic progenie variance

(σ^2_F). Also, were estimated the coefficient of heritability, the coefficient of genetic and phenotypic correlations, the expected genetic progress and the coefficient for expected correlated response.

Based on the results it can be concluded that both populations have enough genetic variability in order to permit a significant progress with the selection. Medium values for the coefficient of heritability were obtained to all eight traits under study, and it can be shown that the IG-1 population has a higher value for this coefficient when compared to the IG-2.

The estimates of genetic additive correlations among plant height, ear height, and ear weight with oil content for both populations had a positive value except in IG-1 type for oil content by ear weight.

Correlated response are indicative that if selection is done in order to increase the oil content it will also increase the plant and ear weight at the IG-1 population, on the other side ear weight will be not affected during the selection.

1. INTRODUÇÃO

Dados arqueológicos obtidos no México e Perú indicam que o milho foi uma das primeiras plantas a serem domesticadas pelo indígena. A espécie botânica *Zea mays* L. compreende um grande número de tipos representados por mais de duzentas raças existentes nas Américas. Existem as chamadas raças primitivas e as de origem mais recentes, provenientes da hibridação entre aquelas seguidas de seleção natural e artificial. Todas essas raças são completamente dependentes do homem, não sobrevivendo por mais de uma geração aos cuidados da natureza, o que mostra a grande mudança sofrida pelo milho no decorrer de sua domesticação.

Juntamente com outras espécies cultivadas, o milho desempenhou importante papel na sobrevivência dos povos indígenas.

O milho é uma das plantas cultivadas mais importantes, contribuindo substancialmente para a alimentação humana, tanto direta como indiretamente, além de apresentar grande potencial para o aumento de sua produtividade média, provavelmente superior a de qualquer outro cereal.

Contudo, a espécie *Zea mays* L. tem prestado valiosa contribuição para o desenvolvimento da genética, principalmente no aspecto aplicado dessa ciência. Isso se deve ao fato do milho possuir grande variabilidade nas suas partes vegetativas e reprodutivas, com inflorescências bem separadas numa mesma planta, facilitando o controle da polinização (PATERNIANI, 1966).

É assim o milho provavelmente a espécie que sofreu maior diversidade, utilizando essencialmente variações gênicas, pois não influíram para essa diversidade de mudanças numéricas ou estruturais dos cromossomos.

De qualquer modo, isso tudo atesta a grande reserva gênica disponível, bem como a plasticidade que o milho possui, permitindo a sua modificação de acordo com a seleção natural ou requisitos do homem. Das inúmeras aplicações na alimentação humana, destacou-se o milho como fonte de óleo.

É de amplo conhecimento a importância que representa o óleo de milho na preservação da saúde humana, pois os teores baixos de ácidos graxos não saturados é uma garantia de qualidade nutricional de seus produtos industriais, possibilitando baixos níveis de conteúdo de colesterol no sangue, o que minimiza os problemas cardiovasculares e hipertensão (FITCH, 1985).

A qualidade do óleo de milho está determinada pelas altas e baixas porcentagens, respectivamente, de ácido

linoléico e linolênico. A ausência de valores significativos de ácido linolênico determinam se este óleo pode ser armazenado sem apreciável deterioração pela presença de antioxidantes naturais.

Segundo JUGENHEIMER (1961), o óleo de milho pode ter utilidade tanto alimentícia como não alimentícia. Alimentícia em produtos de padaria, óleo de cozinha, margarinas, maionese, tempero de saladas, etc. Os usos não alimentícios podem ser na fabricação de munição, químicos, cosméticos, esmaltes, sabão, óleo solúvel, etc. Além disso, determinados ácidos graxos insaturados são essenciais para o crescimento, gravidez, lactação, conservação normal da pele e função do fígado e rim. Atualmente, sua procura no mercado interno tem atingido níveis superiores à oferta, além do mercado internacional tanto para o óleo, como para o grão com maior teor de óleo.

Para suprimir essa demanda, uma possível solução seria o melhoramento visando a obtenção de genótipos para maiores teores de óleo nos grãos. Contudo, a experimentação tem demonstrado que o aumento no teor de óleo provoca um decréscimo na produtividade, fator esse que tem sido responsável pela não utilização de germoplasmas comerciais com maiores teores de óleo.

Vários trabalhos realizados por diferentes pesquisadores demonstraram a alteração da porcentagem de óleo,

entre eles, WOORDWORTH et al. (1952), que após 50 gerações de seleção massal divergente na variedade "Burr's White", modificaram de 4.7% para 15.36%; SPRAGUE et al. (1952), através da aplicação de dois ciclos de seleção recorrente na variedade sintética "Shiff-Halk", aumentaram de 4,2% para 7%; MILLER et al. (1981) expressaram que, no cultivar "Red Yellow Dent", sete ciclos de seleção praticados dentro da família de Meios Irmãos aumentaram o teor de seleção de 4,0% para 9,1%. Assim mesmo, DUDLEY et al. (1974) relataram que os aumentos na porcentagem de óleo, não causam detrimentos no peso do grão quando atingem níveis de 7.0% de óleo, pelo que torna-se possível a obtenção de genótipo de alto teor de óleo e rendimento, com benefícios para o agricultor e a indústria.

Entretanto, os híbridos comercializados nos E.U.A. apresentam um teor de óleo em torno de 6 a 7% (ALEXANDER, 1978).

A determinação do teor de óleo pode ser feita através de métodos não destrutivo das sementes, utilizando a técnica da Ressonância Nuclear Magnética ("RNM").

O RNM vem sendo usado mais frequentemente nas pesquisas de física, principalmente para estudo de ressonância em metais e cristalografia. Esse equipamento tem sido adaptado para leituras de concentração de átomos de hidrogênio contidos na fase líquida da semente (água e óleo). Este método se baseia nas propriedades magnéticas do núcleo

dos átomos que são capazes de absorver energia quando colocados num campo magnético (MADSEN, 1976). Esta energia é fornecida por uma fonte externa que está na faixa de rádio frequência (BISCEGLI, 1977).

2. OBJETIVO

O objetivo do presente trabalho foi avaliar a potencialidade genética de duas populações de milho IG-1 (flint) e IG-2 (dentado) para o melhoramento do teor de óleo na semente.

3. REVISÃO DA LITERATURA

3.1. Composição e controle genético do óleo de milho

O conhecimento da composição dos ácidos graxos do óleo de milho é importante porque determina a qualidade nutricional e possível utilização destes nas aplicações industriais. A respeito, TRIFONOVIC et al. (1975) e MITRA & BHATIA (1979), observaram que o óleo de milho é composto de 85% de ácidos graxos não saturados (oleico C 18:1, linoleico C 18:2 e palmitoleico C 16:1); o restante está representado pelo ácido graxo saturado (miriático C 14:0, palmítico C 16:0 e esteárico C 18:0). Entretanto, SCHADLEY & WEBER (1986), manifestaram que a alta qualidade do óleo de milho, geralmente, está relacionada a uma maior proporção de ácido linoleico e baixas quantidades de ácidos oleico, palmítico e esteárico.

HOPKINS et al. (1974) evidenciaram que o germe contém de 80 a 85% de óleo e as outras partes apresentam unicamente de 15 a 20% do total de óleo no grão. Baseados neste fato, relataram que os grãos com maior proporção de germe tem maior

teor de óleo e os de menor proporção de germe contém menor teor de óleo. Da mesma forma, CURTIS et al. (1968) e MILLER et al. (1981) disseram que o óleo do grão está localizado no germe e a seleção para porcentagem de óleo leva a um aumento no peso do germe, na porcentagem de óleo no germe ou em ambos, porque muito pouco óleo está presente no endosperma.

O conteúdo de óleo nos grãos de milho está sob controle genético e evidências deste fato é a resposta do teor de óleo a vários métodos de seleção (HOPKINS, 1974; WOODWORTH et al., 1952; RUSCHELL & BAUMAN, 1973; DUDLEY et al., 1977; BIANCO, 1984; ZIMBACK, 1985; MISEVIC & ALEXANDER, 1989 e TATIS, 1990, assim como a resposta de seleção reversa em gerações avançadas (LENG, 1967).

MILLER et al (1981) informaram que a porcentagem de óleo é uma característica quantitativa sugerindo SPRAGUE & BRIMHALL (1949) e DUDLEY et al. (1977), a existência de um grande número de genes envolvidos na herança do conteúdo de óleo. Entretanto, o controle genético de composição dos ácidos graxos parece ser completamente variável. Numerosos estudos tem demonstrado um controle simples e multigênico dos diferentes ácidos graxos entre linhagens endogâmicas (DELA ROCHE et al., 1971; PLEWA & WEBER, 1975; JELLUM & WIDSTROM, 1983 e WIDSTROM & JELLUM, 1984). Estes últimos pesquisadores quando estudaram a localização cromossômica dos genes que controlam o ácido oleico e linoleico, indicaram a existência

de genes (S) sobre o braço longo do cromossomo 5 e um gene recessivo no braço longo do cromossomo 4.

ELROUBY & PENNY (1967); PONELEIT & BAUMAN (1970); WIDSTROM & JELLUM (1984); MORENO-GONZALES et al. (1975); TOSELLO & GERALDI (1980b); MILLER et al. (1981); BIANCO (1984) e ALEXANDER (1988) informaram que a variância genética aditiva é o componente principal que afeta o controle do conteúdo de óleo de milho.

3.2. Fatores que afetam o conteúdo de óleo em milho

Os efeitos relativos ao ambiente foram estudados por GENTER et al. (1956), JELLUM & MARION (1966), onde mostraram que as condições ambientais provocam grandes variações no conteúdo de óleo de milho, afetando grandemente o tamanho relativo do germe. As variedades de milho com maiores teores de óleo estão sujeitas a maiores interações ambientais (água e temperatura).

JELLUM & MARION (1966) não observaram efeito quantitativo de óleo em relação às diferentes espigas provenientes de uma mesma planta.

LAMBERT et al. (1967) determinaram o efeito da posição do grão dentro de uma mesma espiga, para o conteúdo de óleo em milho. Tomando-se como base a porcentagem de óleo dos grãos analisados individualmente, os autores obtiveram

que, em média, os grãos da parte central da espiga apresentam maior porcentagem de óleo (5,3%) do que os grãos da base (5,0%) e os do ápice da espiga (4,7%). Porém, quando foi utilizado o conteúdo total de óleo dentro do grão, usando a porcentagem de óleo e o peso dos grãos; os da parte basal, devido ao seu maior peso, apresentaram uma maior quantidade de óleo (17,0mg) que os da parte central (14,0mg) e os do ápice (13,0mg). O efeito da posição da semente na espiga sobre a qualidade do óleo foi determinado por JELLUM (1967). A posição da semente na espiga apresentou maior influência nos ácidos oléico e linoléico, que no palmítico. De modo geral, a proporção do palmítico e linoléico aumenta e a proporção do oléico diminuem linearmente com amostras provenientes da base para o ápice das espigas.

O conteúdo de óleo nos grãos de milho sofre influência da fonte maternal (genótipo) e este efeito foi determinado por MILLER & BRIMHALL (1951), GARWOOD et al. (1970) e outros. O efeito maternal, na maioria dos estudos envolve as contribuições fisiológicas e citoplasmáticas da planta mãe.

MILLER & BRIMHALL (1951), ALEXANDER & LAMBERT (1968), PONELEIT & BAUMAN (1970) e outros, relatam o efeito da fonte polinizadora no conteúdo de óleo nos grãos de milho. Além do efeito da fonte polinizadora, estes estudos abrangem o efeito da dosagem gênica.

Segundo CURTIS et al. (1956), no milho, estas alterações são devidas ao fato de que seus grãos são compostos por três tipos de tecidos geneticamente distintos; o tegumento materno ou pericarpo, cuja constituição genética é exclusivamente maternal e seu núcleo apresenta número diplóide de cromossomos ($2n$); o endosperma e aleurona, ambos com núcleo triplóide ($3n$) sendo que $2n$ provém da mãe e n da fonte polinizadora; e o tecido embrionário, cujo núcleo diplóide ($2n$) é geneticamente balanceado, ou seja, n cromossomos carrega a estrutura genética maternal e n a paternal.

A preocupação dos melhoristas em avaliar e isolar estes diferentes tipos de efeitos que causam variação no teor de óleo dos grãos, baseia-se no fato de que a seleção dentro da planta só é efetiva se o genótipo da semente controlar tal caráter. Por conseguinte, havendo mascaramento desta contribuição por outros fatores, a seleção pode vir a não ser eficiente, apresentando progressos diferentes daqueles estimados.

A influência relativa do efeito maternal sobre o conteúdo de óleo foi determinado por MILLER & BRIMHALL (1951), utilizando-se cruzamentos em uma espiga por uma mistura de pólen provenientes de duas diferentes fontes. Os grãos produzidos foram identificados pela coloração do endosperma, pois as fontes polinizadoras diferenciavam quanto

a esta característica. GARWOOD et al. (1970) observaram efeitos maternos sobre o conteúdo de óleo, em todas as comparações realizadas em sementes F_1 , provenientes de cruzamentos recíprocos. O efeito materno foi também determinado para a porcentagem de óleo no germe e na proporção do germe em relação ao grão inteiro. Os resultados obtidos permitiram concluir que a combinação destes fatores, porcentagem de óleo no embrião e proporção do embrião em relação ao grão, são as causas do efeito materno sobre a porcentagem de óleo. Relataram também, efeitos citoplasmáticos sobre a porcentagem de óleo em alguns cruzamentos. No entanto, todos os efeitos citoplasmáticos observados foram pequenos quando comparados ao efeito fisiológico materno.

ALEXANDER & LAMBERT (1968), analisaram sementes F_1 de cruzamentos envolvendo as variedades IHO (Illinois High Oil) e ILO (Illinois Low Oil), com relação à produção de óleo e matéria seca, usando para tal, comparação do conteúdo de calorias produzidas. O teor de óleo, de proteína e de carboidratos foram multiplicados pelos respectivos fatores: 9,4; 5,4 e 4,2 cal/g, segundo ALEXANDER & LAMBERT (1968). Desta forma, a soma destes valores individuais, possibilita a obtenção da quantidade de calorias produzidas nos grãos de cada cruzamento analisado. Estes autores concluíram que os híbridos polinizados por pólen provenientes de plantas com

baixo teor de óleo (ILO), produziram significativamente baixas calorias em óleo quando comparados com híbridos polinizados por pólen provenientes de plantas com alto teor de óleo (IHO).

3.3. Seleção para aumento do conteúdo de óleo e suas alterações morfológicas

Os primeiros estudos para aumentar o teor de óleo em milho, foram conduzidos por KOPKINS em 1896, dentro da variedade Burr's White (HOPKINS, 1974). Este pesquisador logrou alcançar sucessos nas mudanças dos teores de óleo e proteína, mediante a aplicação do método espiga-por-fileira, dividindo a população original cuja média era de 4,7% de óleo, em Illinois High Oil e Illinois Low Oil, o qual consiste essencialmente na escolha de um grupo de espigas com caracteres desejáveis, sendo as sementes dessas espigas plantadas em fileiras, individuais. Deste modo, obtém-se uma avaliação das progênies das espigas escolhidas. Os resultados conseguidos durante o transcurso de 87 gerações de seleção para teor de óleo na variedade Burr's White, tem sido expressado por diversos pesquisadores (HOPKINS, 1974; SMITH, 1974; WINTER, 1974, WOODWORTH et al., 1952; LENG, 1967; DUDLEY et al., 1974 e ALEXANDER, 1988. Os valores registrados por ALEXANDER (1988) para a geração 87, assinalam que o teor

médio de óleo nas subpopulações alto óleo e baixo óleo foi de 21,3% e 1,2% respectivamente.

Com o objetivo de testar a existência de variabilidade genética, após 48 gerações de seleção nas populações Illinois High Oil e Illinois Low Oil, LENG (1967) deu início a um teste biológico de seleção reversa, já que o sistema de seleção empregado, não permitia decompor a variância em seus componentes genéticos e ambientais, reportando que este foi efetivo nas duas subpopulações, após 48 gerações de seleção para composição química.

Para fins comparativos entre dois sistemas de seleção para teor de óleo no grão de milho, SPRAGUE & BRIMHALL (1949) relataram sucesso marcadamente superior da seleção recorrente, em confronto com o sistema de selecionar em linhagens autofecundadas. O material original apresentava 7,2% de óleo e a média das linhagens autofecundadas na geração S, foi de 7.5%, sendo que as duas melhores linhagens tinham 10,6% a 10,8% de óleo nos seus grãos. No sistema de seleção recorrente, a média da população no segundo ciclo foi de 10,5%, sendo que valores máximos de 13,5% foram obtidos. A eficiência da seleção recorrente foi estimada como sendo de 2,6 vezes superior ao processo de autofecundação. Deve-se ressaltar que esta foi subestimada, uma vez que o material de seleção recorrente constitui, ainda, apreciável variabilidade genética para permitir progressos posteriores, o que não

aconteciam nas linhagens autofecundadas. Posteriormente, SPRAGUE et al. (1952), apresentavam dados adicionais comprovando a eficiência da seleção recorrente para aumento do teor de óleo, trabalhando na variedade sintética Stiff Stalk.

RUSCHEL & BAUMAN (1973) submeteram a população de milho opaco-2 sintético A, a três métodos de seleção com igual intensidade de seleção para aumentar o teor de óleo nos grãos de milho. Seleção de progênies autofecundadas de irmãos germanos e meios irmãos, concluindo que os três foram eficientes, elevando o teor de óleo em média de 0.37% em duas gerações de seleção. De igual maneira eles expressaram que, pelo fato do pequeno número de ciclos executados, não foi possível tirar conclusões mais concretas sobre a eficiência relativa a cada um dos métodos empregados.

MISOVIC et al. (1980), confrontaram os resultados obtidos após 18 anos de melhoramento para maior conteúdo de óleo de três sistemas de seleção (espiga por fileira, seleção recorrente e retrocruzamento com milho de teor normal de óleo e alto óleo) e manifestaram que a seleção recorrente foi o método mais eficiente para elevar o teor de óleo. A igual conclusão chegaram MILLER et al. (1981), após sete ciclos de seleção recorrente, dentro de famílias de meios irmãos na variedade Reid Yellow Dent, chegando a aumentar o conteúdo em 5,1% com relação ao material original. Outras evidências

sobre a eficiência da seleção recorrente para aumentar o teor de óleo em populações de milho, foram apresentados por GAJIC & SAVIC (1984) e MISEVIC & ALEXANDER (1989).

Dentro do contexto da literatura brasileira existem diversos trabalhos que relatam os progressos e perspectivas através da seleção para aumentar a porcentagem de óleo na semente de milho. Entre eles destacam-se a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho Centralmex, com ganho de 6,3% por ciclo (MIRANDA et al., 1976); seleção dentro de famílias de meios irmãos na população ESALQ-VD-2, com progressos de 1,44% por ciclo (BATISTA, 1980); seleção massal nas populações Piranão-VD-2 e Piranão VF-1 com ganho de 7,12% e 4,07%, respectivamente por ciclo (BIANCO, 1984); com igual metodologia no composto braquítico-opaco, subpopulação A e B, obtendo progressos de 2,63% e 2,77% por ciclo (ZIMBACK, 1985).

O trabalho de seleção para elevar o teor de óleo no grão de milho, tem demonstrado que é possível obter sucesso, de acordo com os resultados anteriormente mencionados. Não obstante, esta seleção pode levar a mudanças morfológicas na espiga e grãos, em razão do balanço energético fisiológico da planta, já que o aumento no teor de óleo, pode originar uma redução na quantidade de carboidratos, trazendo como consequência, uma redução na produção de grãos (WOODWORTH et al., 1952; BIANCO, 1984).

WOODWORTH et al., (1952) expressaram que após 50 gerações de seleção para alto e baixo teor de óleo na variedade Burr's White, as populações de alto teor de óleo apresentaram espigas relativamente pequenas com sementes pequenas, porém, com embrião bastante grande. A produtividade destas populações foram de aproximadamente 50% inferior aos híbridos locais e de menor altura de planta e espiga, em relação à população original.

BATISTA & TOSELLO (1987), após avaliar os efeitos da seleção para alto óleo sobre os caracteres peso de 100 grãos, volume de 100 grãos e densidade de grãos no composto ESALQ-VD-2, relataram uma tendência de elevação para peso e volume de 100 grãos de 1,14% e 1,52%, respectivamente e ainda uma redução na densidade de 0,26% que foram não significativas. Estas alterações referem-se à população alto teor de óleo em relação à população original. Os resultados anteriores, indicam a possibilidade de aumentar o teor de óleo sem detrimento do rendimento nesta população, o que ajusta-se ao expressado por ALEXANDER & LAMBERT (1968), que sugeriram que a capacidade de uma planta em produzir carboidratos e sintetizar óleo são completamente independentes ou ao menos, fisiologicamente independentes entre um intervalo de 4 a 7% de óleo. DUDLEY et al. (1974), relataram que o aumento da porcentagem de óleo até um nível de 7%, não origina prejuízo no peso do grão, já que o que ocorre, é um aumento da porcentagem de óleo dentro do germe.

MISEVIC & ALEXANDER (1989) encontraram ao avaliar 24 ciclos de seleção recorrente fenotípica para porcentagem de óleo, alterações em muitas características morfológicas da variedade sintética Alexho. Estas alterações foram maiores nos ciclos "per se" que nos "test-cross" para a altura da planta, altura da espiga, comprimento da espiga, peso de grãos e acamamento, além da queda no rendimento de grãos.

3.4. Correlações entre o Teor de Óleo e Caracteres da Planta e Espiga

O conhecimento do grau de associação entre os caracteres da planta, representa um dos caminhos para poupar tempo e esforço na obtenção de ideotipos pelo melhorista.

Essa associação pode ser gerada pela pleiotropia, ligações gênicas ou ambiente (GOLDENBERG, 1968; FALCONER, 1980). Podendo-se expressar como associação completa, como é o caso de caracteres qualitativos, ou apresentar graus de correlação expresso numericamente pelo coeficiente de correlação (r), o que constitui uma característica das associações quantitativas (GOLDENBERG, 1968). A pleiotropia ocorre quando um gene afeta dois ou mais caracteres de modo que se o gene estiver segregando, causará variações simultânea nesses caracteres. O grau de correlação originado da pleiotropia expressa o quanto dois caracteres são

influenciados pelos mesmos genes. O ambiente por sua vez, é uma causa de correlação sempre que dois caracteres são influenciados pelas mesmas condições do ambiente. A correlação de ambiente não é apenas a correlação dos desvios do ambiente, mas sim a somatória desta com os desvios genéticos não aditivos. As ligações gênicas também podem ser causa de correlação entre caracteres, porém são transitórios, especialmente em populações derivadas de cruzamentos entre linhagens divergentes (FALCONER, 1980).

A informação dos coeficientes de correlação entre duas variáveis é muito útil no direcionamento dos trabalhos de melhoramento de plantas para a seleção indireta de caracteres que apresentam baixa herdabilidade e/ou que sejam difíceis de medir, sendo interessante conhecer as associações entre o teor de óleo e caracteres da planta e espiga para o desenvolvimento de genótipos num programa de melhoramento para teor de óleo.

Correlações genéticas baixas e negativas entre a porcentagem de óleo com altura da planta e espiga, tem sido relatadas por ELROUBY & PENNY (1967), BIANCO et al. (1987), exceção da associação com a altura da espiga que foi positiva e próxima a zero nos valores obtidos pelos primeiros pesquisadores. De acordo com estes resultados, a seleção para aumento no teor de óleo, podem conduzir a um leve decréscimo na altura da planta e espiga.

Existe controvérsia quanto aos resultados encontrados na literatura referente à correlação entre a porcentagem de óleo e peso da espiga. Valores negativos foram encontrados por ELROUBY & PENNY (1967); DUDLEY et al. (1977); BIANCO et al. (1987) e MISEVIC & ALEXANDER (1989). Entretanto, valores positivos foram evidenciados por BIANCO (1984); ZIMBACK (1985) e ZANOTTO (1986). Porém, com relação ao peso de 100 grãos, ELROUBY & PENNY (1967); ZIMBACK (1985), encontraram associação negativa, e correlação positiva TOSELLO & GERALDI (1980a); RAMAN et al. (1983) e MISEVIC & ALEXANDER (1989). Esta divergência nos valores encontrados, possivelmente obedece ao tipo de população estudada e/ou ao avanço nos programas de melhoramento, permitindo desta maneira quebrar os blocos gênicos entre as características ditas.

3.5. Ressonância magnética nuclear (RMN) na determinação do teor de óleo em grãos de milho

A ressonância magnética nuclear é um fenômeno que pode ser observado em núcleos que possuem momento magnético nuclear (μ) diferente de zero. Tal fenômeno é devido à absorção de energia pelo núcleo, energia esta fornecida por uma fonte externa, e que no caso da RMN está na faixa de rádio frequência (R.F.) (BISCEGLI, 1977). O óleo nas sementes se encontram em estado líquido, micro-encapsulado dentro das

paredes celulares das sementes. Pequena reação ocorre entre a parede celular e o óleo. Desta forma, estando no estado líquido, a energia absorvida estimula-o, provocando uma estreita linha de ressonância. A parede celular e o resto da semente não contribuem para esta restrita banda de ressonância, e desta forma o tamanho deste componente é proporcional somente ao conteúdo de óleo das sementes (N.I.L., 1972).

As principais vantagens da técnica de RMN sobre os métodos químicos convencionais de análise de óleo na semente são: permite o maior progresso genético, maior velocidade e segurança na avaliação do teor de óleo, não destrói as sementes, o que representa uma ajuda na seleção de sementes com maior teor de óleo entre uma grande quantidade de progênies, não usa produtos químicos e os dados são automaticamente armazenados em arquivos no computador (COLNAGO, 1989).

A relação entre o método de extração por solvente e o uso de RMN na determinação de conteúdo de óleo em sementes de milho, foi estudado por CONWAY & EARLE (1963) onde obtiveram, entre estes métodos, uma correlação de $r = 0.993$.

Dessa forma, os dados obtidos por ambos os métodos são quase que idênticos. Importantes observações sobre o uso da análise do conteúdo de óleo das sementes no milho pelo método RMN foi dada por ALEXANDER et al. (1967), onde citaram

que as amostras devem ter pesos semelhantes, com um mesmo teor de umidade e a mesma variação no teor de óleo, ou seja, as sementes devem provir de uma mesma posição da espiga de preferência da parte central.

BAUMAN et al. (1963 e 1965) utilizaram o método RMN para determinar o conteúdo de óleo das sementes F_2 e F_3 provenientes do cruzamento entre os genótipos Hy x Oh₄₅ e suas respectivas progênes. Na determinação da herança da semente com sua progênie, usaram a análise de sementes individuais. Correlação do conteúdo de óleo nas sementes F_2 e suas progênes foi altamente significativa com $r = 0,75$.

Entre seis famílias F_3 e suas respectivas progênes as correlações foram todas altamente significativas com r variando de 0,54 a 0,85.

Apesar da grande diferença no conteúdo de óleo entre sementes de uma mesma espiga, estas foram herdáveis. Na geração F_2 e também na geração F_3 , onde a heterozigose é consideravelmente reduzida. A variabilidade no conteúdo de óleo entre sementes F_3 dentro da família foi correlacionada com grande variabilidade em suas progênes. Oito sementes F_3 com maior conteúdo de óleo produziram progênes com média de 4.99%. Comparando com a média de todas as progênes (4.28%), isto representa um ganho de 16% (0.71% de óleo) através de seleção de uma única semente em uma geração. A seleção de uma única semente para o conteúdo de óleo promove uma boa pressão

de seleção, podendo vir a ser usado conjuntamente com outros métodos de melhoramento, para aumentar a eficiência na seleção para o alto conteúdo de óleo em milho.

A determinação do conteúdo de óleo feita pelo método RMN (Ressonância Nuclear Magnética), quantifica o teor de óleo na própria semente, enquanto que o método de extração utilizando o solvente hexano, desenvolvido por TOSELLO (1978) e citado por BATISTA (1980), ZIMBACK (1985), ZANOTTO (1986) e TATIS (1990), fornece o conteúdo de óleo pela diferença de peso de amostra antes e depois da extração.

As determinações do teor de óleo na semente, baseia-se no princípio da radio-frequência por spins nucleares, orientado por imã. Os sinais de RMN são detectados pela técnica de pulso, que consiste na aplicação de um pulso de rádio-frequência (rf) com frequência igual à frequência da precisão do núcleo (25 MHz para hidrogênio). O pulso que tem a duração de alguns micro-segundos, tem a finalidade de deslocar os spins da posição de equilíbrio, voltando rapidamente a sua posição inicial, produzindo o sinal de RMN, que é detectado pelo aparelho e sua intensidade é proporcional à quantidade de hidrogênio presente na amostra (COLNAGO, 1989).

Os principais constituintes de semente contendo hidrogênio são os carboidratos e as proteínas que estão no estado sólido e a água e o óleo que são líquidos. Os sinais

provenientes dos constituintes sólidos decaem rapidamente após o pulso (menos de 100 microsegundos) enquanto que o sinal da água e óleo demoram vários milisegundos. Assim para eliminar a interferência dos constituintes sólidos, analisa-se o sinal em 150 microsegundos e neste intervalo de tempo, o sinal é devido apenas ao óleo, já que as sementes estiveram submetidas à secagem e o teor de óleo é quantificado com o auxílio da curva de calibração (TIWARI et al., 1972).

A determinação do conteúdo de óleo pelo uso da ressonância magnética nuclear, diferencia do método químico usual pelo fato de que esta medida é realizada na própria semente, livre dos erros de extração por solventes. Além de poder determinar o conteúdo de óleo de uma única semente, não a inviabiliza, pois trata-se de um método não destrutivo. Esta é uma grande vantagem para os programas de melhoramento, pois possibilita a obtenção da progênie da própria semente analisada, obtendo desta forma maiores progressos dentro do processo seletivo.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Material

Na presente pesquisa, as populações objeto deste estudo, foram IG-1 e IG-2. As duas populações de milho são de polinização aberta, possuem ciclo e porte intermediários, segundo a classificação utilizada para fins de avaliação de cultivares em ensaios regionais e nacional, sendo que a população IG-1 possui grãos duros alaranjados e a IG-2 grãos dentados amarelos.

A população IG-1 foi obtida pelo intercruzamento das populações CMS-05 (SUWAN-DMR), oriunda do Centro Nacional de Pesquisa do Milho e Sorgo (CNPMS) da EMBRAPA e a ESALQ-PB5 do Departamento de Genética da ESALQ, enquanto que a população IG-2 foi obtida pelo intercruzamento das populações CMS-06 do CNPMS e a população ESALQ-PB4 do Departamento de Genética da ESALQ/USP (SOUSA JR, 1993).¹

Foram utilizadas como testemunhas intercalares os híbridos triplo e simples P3232 e P3072, respectivamente, da Pioneer.

¹ SOUZA JR, C.L. Departamento de Genética, ESALQ/USP. Comunicação Pessoal.

4.2. MÉTODOS

4.2.1. Execução Experimental

Em 9 de outubro de 1990 as duas populações IG-1 e IG-2 foram plantadas em lotes contíguos. Por ocasião do florescimento nas plantas prolíficas selecionadas, as espigas inferiores foram autofecundadas e as espigas superiores foram polinizadas com uma mistura de pólen da outra população. Assim, em cada planta, as espigas superiores forneceram as progênes de meios irmãos interpopulacionais e as espigas inferiores progênes S_1 .

As progênes S_1 foram armazenadas em câmara de conservação e no ano agrícola de 1991/92 as progênes de meios irmãos interpopulacionais foram avaliadas em dois locais.

Foram avaliadas desta forma, as progênes de Meios Irmãos Interpopulacionais das duas populações utilizando-se o delineamento em látice 10 x 10 com testemunhas intercalares.

No ano agrícola de 1991/92, no dia 11 de outubro, de cada população IG-1 e IG-2 foram utilizadas 100 progênes de Meios Irmãos, para o desenvolvimento experimental deste trabalho.

As progênies das respectivas populações foram avaliadas nas áreas experimentais da Caterpillar e Areão, ESALQ, Piracicaba, São Paulo, usando o delineamento experimental em látice 10 x 10, com duas repetições e testemunhas intercalares que foram colocadas a cada 50 progênies. Cada parcela foi constituída de uma fileira de 4 metros de comprimento, espaçadas entre si de 1.0 metro, e, entre covas de 0,20 m. Cada cova recebeu duas sementes, deixando-se após o desbaste uma planta por cova, totalizando 20 plantas por parcela. Os tratos culturais obedeceram aos padrões de cultivos comerciais.

Dentro de cada progênie, cinco plantas foram amostradas para se obter informações relacionadas com a altura da planta e da espiga e foram tomadas cinco espigas diretamente por parcela para avaliar os demais caracteres, de acordo com os métodos abaixo relacionados:

1) Altura da planta: distância em metros, entre a superfície do solo, contígua ao colo da planta, e a inserção da folha superior (folha bandeira), determinada através de régua dividida em unidades de 5 centímetros.

2) Altura da espiga: distância em metro entre a superfície do solo, contígua ao colo da planta, e a inserção da primeira espiga, obtida pelo emprego da régua anteriormente descrita.

- 3) Comprimento da espiga: distância em centímetros, da base da espiga até a parte terminal da mesma, mediante uma régua com um dispositivo semelhante a um paquímetro.
- 4) Diâmetro da espiga: relativo ao diâmetro, em centímetros, da porção mediana de cada espiga, mediante o emprego da régua anteriormente descrita.
- 5) Número de fileiras por espiga: mediante a contagem do número de fileiras definidas em cada espiga.
- 6) Número de grãos por fileiras: foi escolhida uma fileira representativa de cada espiga, e feita a contagem dos grãos.
- 7) Porcentagem de óleo: foi determinada através de uma amostra de cinco sementes por espiga retirada da parte central.

Além destas avaliações realizadas individualmente, foram tomados dados de peso de espigas por parcela, no qual participavam todas as plantas de cada unidade experimental.

Após a colheita as espigas foram colocadas em esteiras para que a umidade se homogenizasse durante duas semanas.

A seguir foi feita correção para "stand" ideal de 20 plantas, empregando-se a fórmula relatada por MIRANDA FILHO (1976):

$$P_c = P - \beta(x - 20), \text{ onde}$$

P_c = peso corrigido de espiga;

P = peso observado de espiga;

β = coeficiente de regressão linear do peso de espigas ou de grãos, em relação às variações do "stand"

x = "stand" observado

4.2.2. Análise Estatística Genética

As mesmas progênies avaliadas no ensaio de produção foram também avaliadas para o teor de óleo, utilizando-se a técnica do RMN, equipamento em uso no Laboratório de Genética Fisiológica do Departamento de Genética da ESALQ.

Para fazer as análises do conteúdo de óleo nas sementes de milho, foram seguidos os seguintes passos:

- 1) Determinação de uma curva de calibração com padrão de óleo de milho conhecidos;
- 2) Medição do peso seco de cada amostra de semente em gramas;

- 3) Leitura no espectrômetro de ressonância que fornece a porcentagem de óleo de cada amostra de semente em relação a seu peso seco.

As análises de porcentagem de óleo para as amostras de sementes, foram feitas individualmente e em seguida foi calculado o valor médio da progênie através da média aritmética dos valores individuais.

4.2.2.1. Análise de variância

Inicialmente foram realizadas as análises individuais seguindo o delineamento utilizado (látice 10 x 10 com duas repetições) conforme COCHRAN & COX (1957). Posteriormente foram efetuadas análises de variâncias conjuntas para cada população. A obtenção e interpretação dos componentes genéticos das esperanças dos quadrados médios foram feitas segundo a metodologia relatada por VENCOVSKY (1969), empregando-se o seguinte modelo matemático para todos os caracteres com exceção à produção que não foram tomados dados a nível de plantas:

$$Y_{ijk} = \mu + P_i + r_j + e_{ij} + d_{ijk}$$

onde:

Y_{ijk} = observação da progênie i na repetição j do indivíduo k ;

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

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

r_j = efeito da repetição j ($j = 1, 2, \dots, J$), aleatório, portanto
 $\epsilon(r_j) = 0$ e $\epsilon(r_j^2) = \sigma_p^2$;

e_{ij} = erro experimental associado à progênie i na repetição
 j , $e_{ij} \cap N(0, \sigma^2)$, isto é, $\epsilon(e_{ij}) = 0$ e $\epsilon(e_{ij}^2) = \sigma^2$;

d_{ijk} = efeito do indivíduo k da progênie i do bloco j onde:

σ_g^2 = variância genética entre progênies;

σ_p^2 = variância do erro entre parcelas.

σ_d^2 = variância dentro da progênie.

Utilizaram-se para análise estatística as médias das parcelas e os dados foram transformados à nível individual. Assim, foram estimados os quadrados médios dentro de progênies.

Tabela 1 - Quadro da análise conjunta de variância com as respectivas esperanças dos quadrados médios para o carácter peso de espiga

Fonte de Variação	G.L.	Q.M.	E(Q.M.)*
Repetições/Local	G.L. ₁	-	-
Locais	G.L. ₂	-	-
Progênies	G.L. ₃	Q ₁	$\sigma^2 + r\sigma_{pl}^2 + r l \sigma_p^2$
Progênies x Locais	G.L. ₄	Q ₂	$\sigma^2 + r\sigma_{pl}^2$
Erro Efetivo Médio	G.L. ₅	Q ₃	σ^2

* r é o número de repetições; $\sigma^2 = \sigma_d^2/n + \sigma_e^2$.

Destas análises estimaram-se:

$$\sigma_p^2 = (Q_1 - Q_2) / r l$$

$$\sigma_{pl}^2 = (Q_2 - Q_3) / l$$

$$\sigma_F^2 = \sigma_p^2 + \sigma_{pl}^2 + \sigma_{e/r l}^2 + \sigma^2 / n r l$$

onde n, r e l referem-se ao número de plantas por parcela, repetição e locais respectivamente.

Em virtude de não terem sido tomados os dados de plantas individuais, considerou-se a relação $\sigma_d^2 = 10\sigma_e^2$, sendo σ_d^2 a estimativa de variância fenotípica.

As análises de variância conjunta envolvendo dois locais para cada experimento, para os outros sete caracteres analisados, foram realizadas de acordo com o seguinte modelo matemático (VENCOVSKY, 1987):

$$Y_{ijqK} = \mu + p_i + r_{j(q)} + l_q + (pl)_{iq} + e_{(ij)q} + d_{ijK(q)}$$

onde:

Y_{ijqK} = observação da planta k progênie i na repetição j do local q;

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

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

$r_{j(q)}$ = efeito da progênie j ($j = 1, 2, \dots, J$), dentro do local q, aleatório, portanto, $\epsilon(r_j) = 0$ e $\epsilon(r_j^2) = \sigma^2 r$;

l_q = efeito do local q ($q = 1, 2, \dots, Q$), aleatório portanto, $\epsilon(l_q) = l$ e $\epsilon(l_q^2) = \sigma^2 l$;

$(pl)_{iq}$ = efeito da interação da progênie i com o local q, portanto $\epsilon[(pl)_{iq}] = 0$ e $\epsilon[(pl)_{iq}^2] = \sigma_{pl}^2$;

$e_{(ij)q}$ = erro experimental médio, $e_{ijq} \cap N(0, \sigma^2)$, $\epsilon[e_{(ij)q}] = 0$ e $\epsilon[e_{(ij)q}^2] = \sigma^2$;

$d_{ijK(q)}$ = efeito do indivíduo K da progênie i no bloco j dentro do local q

onde:

σ_p^2 = variância genética entre progênies;

$\sigma^2 l$ = variância entre locais;

σ_{pl}^2 = variância da interação progênies x locais;

σ^2 = variância do erro médio.

Os quadros das análises de variâncias conjuntas, envolvendo locais dois a dois, das progênies de meios irmãos interpopulacionais, encontram-se nas Tabela 7 a 13.

Tabela 2 - Quadro da análise conjunta de variâncias, com respectivas esperanças dos quadrados médios para cada fonte de variação ao nível de plantas.

Fonte de Variação	G.L.	Q.M.	$E(Q.M.)^*$
Repetições/Locais	gl ₆	-	-
Locais	gl ₇	-	-
Progênies	gl ₈	Q ₄	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + rn\sigma_{pl}^2 + nrl\sigma_p^2$
Progênies x Local	gl ₉	Q ₅	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + rn\sigma_{pl}^2$
Erro Efetivo Médio	gl ₁₀	Q ₆	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2$
Erro Dentro	gl ₁₁	Q ₇	σ_d^2

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

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

P.M.I.₁₂ = IG-1 (fêmea) x IG-2 (macho), e

P.M.I.₂₁ = IG-2 (fêmea) x IG-1 (macho).

A partir destas análises obtiveram-se: Variâncias genéticas interpopulacionais entre progênies (σ^2_{p12} e σ^2_{p21}):

$$\sigma^2_p = (QM_p - QM_{pl})/nr1$$

Variância da interação progênies x locais (σ^2_{pl12} e σ^2_{pl21}):

$$\sigma^2_{pl} = (QM_{pl} - QM_e)/nr,$$

Variâncias fenotípicas entre médias de progênies (σ^2_{F12} e σ^2_{F21}):

$$\sigma^2_F = QM_{p/nr1} = \sigma^2_p + \sigma^2_{pl}/l + \sigma^2/r1 + \sigma^2_d/nr1$$

onde:

QM_p e QM_{pl} são os quadrados médios de progênies e da interação de progênies com locais;

QM_e é o quadrado médio do erro;

n, r e l referem-se ao número de plantas medidas por parcela, número de repetições e locais, respectivamente.

Estimou-se em seguida as variâncias genéticas aditivas para as duas populações em estudo.

A partir destas estimativas obtiveram-se:

$$\sigma^2_{A12} = 4 \sigma^2_{p12}$$

$$\sigma^2_{A21} = 4 \sigma^2_{p21}$$

$$\sigma^2_{A112} = 4 \sigma^2_{p112} \quad \text{e}$$

$$\sigma^2_{A121} = 4 \sigma^2_{p121}$$

Sendo que σ^2_{A12} refere-se à população IG-1 e σ^2_{A21} refere-se à população IG-2.

Estas variâncias genéticas aditivas interpopulacionais surgem quando populações IG-1 e IG-2 são utilizadas como machos nos cruzamentos.

As herdabilidades foram calculadas ao nível de médias de progênes de meios irmãos interpopulacionais 12 e 21;

$$h^2_{x(12)} = (\sigma^2_{p12}/\sigma^2_{F12}) \cdot 100$$

$$h^2_{x(21)} = (\sigma^2_{p21}/\sigma^2_{F21}) \cdot 100$$

As variâncias fenotípicas entre médias de progênes de meios irmãos interpopulacionais 12 e 21, foram calculadas usando as seguintes fórmulas:

$$\sigma^2_{F12} = \sigma^2_{p12} + \sigma^2_{p112}/1 + \sigma^2_{12}/r1 + \sigma^2_{d12}/nr1 = QMp_{12}/nr1$$

$$\sigma^2_{F21} = \sigma^2_{p21} + \sigma^2_{p121}/1 + \sigma^2_{21}/r1 + \sigma^2_{d21}/nr1 = QMp_{21}/nr1$$

Progressos genéticos esperados com a seleção

O progresso esperado com seleção interpopulacional é devido à seleção de progênies da população 1 ($G_{s_{12}}$) e de progênies da população 2, ($G_{s_{21}}$) (SOUZA JR.et al., 1993).

Assim,

$$G_{s_{12}} = ds_{12} \cdot \sigma_{p_{12}}^2 / \sigma_{F_{12}}, \text{ e}$$

$$G_{s_{21}} = ds_{21} \cdot \sigma_{p_{21}}^2 / \sigma_{F_{21}}$$

$$G_{s_{12}} = ds_{12} \cdot \sigma_{p_{12}}^2 / \sigma_{F_{12}} + ds_{21} \cdot \sigma_{p_{21}}^2 / \sigma_{F_{21}}$$

G_s = progresso esperado com seleção no híbrido interpopulacional IG-1 x IG-2.

ds = diferencial de seleção ($ds = X_{p_s} - X_p$)

Os progressos genéticos esperados foram obtidos em gramas por planta para o caráter peso de espigas em metros por planta para os caracteres altura da planta e da espiga, em centímetros por espiga para os caracteres comprimento e diâmetro da espiga, em número de fileira por espiga para o caráter número de fileira, em número de grãos por fileira da espiga para o caráter número de grãos por fileira e em porcentagem para o caráter teor de óleo no grão.

4.2.2.2. Análise de covariância

As análises de covariância entre os caracteres altura de planta, altura de espiga, peso de espigas e teor de óleo, foram efetuadas segundo a metodologia de KEMPTHORNE (1966).

Conforme este método, pode-se obter a análise da covariância apenas com a utilização da análise da variância. Assim, para a obtenção de covariância entre duas características X e Y, deve-se obter a análise de variância de X, Y e Z, sendo $Z = X + Y$ (Tabela 3).

Tabela 3 - Análise de produtos médios entre os caracteres peso de espiga, altura da planta e da espiga e teor de óleo.

Fonte de Variação	Q. Médio			Produtos Médios	
	X	Y	Z	X,	Y
Progenie ajustada	QMP_x	QMP_y	QMP_z	$PmP_{x,y} = 1/2(QMP_z - QMP_x - QMP_y)$	
Progenies x local	$QMPl_x$	$QMPl_y$	$QMPl_z$	$PmPl_{x,y} = 1/2(QMPl_z - QMPl_x - QMPl_y)$	
Erro efetivo médio	QME_x	QME_y	QME_z	$PmE_{x,y} = 1/2(QME_z - QME_x - QME_y)$	

onde:

X e Y = correspondem aos caracteres peso de espiga, altura de espiga, altura de espiga e o teor de óleo (observa-se que os caracteres são parecidos dois a dois).

$$Z = X + Y$$

QMP_x = quadrado médio entre progênies de caráter X

QMP_y = quadrado médio entre progênies de caráter Y

QMP_z = quadrado médio entre progênies de caráter Z

QME_x = quadrado médio residual entre parcelas do caráter X

QME_z = quadrado médio residual entre parcelas do caráter Y

$QMPl_x$ = quadrado médio de interação do caráter X

$QMPl_y$ = quadrado médio de interação de caráter Y

$QMPl_z$ = quadrado médio de interação de caráter Z

Desse modo, estimou-se a covariância genética entre progênies para os caracteres altura da planta e altura da espiga (COV_G) pela seguinte fórmula:

$$COV_G = \frac{(P_1 - P_2)}{nrl}$$

p_1 e p_2 são os produtos médios de progênies ajustadas da interação e do erro efetivo, respectivamente, r é o número de repetições, n é o número de plantas medidas por parcela e l é o número de locais

Considerando que as análises para produção foram efetuadas com totais de parcela onde $m = 20$ plantas por parcela e, as análises para altura da planta e altura da espiga, efetuadas com médias de parcelas, onde $n = 5$ plantas por parcela, tornou-se necessária a obtenção de uma "esperança dos produtos médios" devidamente adequada a esta situação, tornando possível a estimação das diferentes covariâncias contidas nos produtos médios obtidos. Tal esquema foi adaptado a partir daquele anteriormente deduzido por GERALDI (1977) segundo a Tabela 4.

Tabela 4 - Quadro de esperanças de produtos médios.

Fonte de variação	PM	E(PM) ao nível de plantas
Progênes ajustadas	$PMP_{x,y}(P_1)$	$COV_d + nCOV_e + nrCOV_{pl} + nrlCOV_p$
Progênes x local	$PMPl_{x,y}(P_2)$	$COV_d + nCOV_e + nrCOV_{pl}$
Erro efetivo médio	$PME_{x,y}(P_3)$	$COV_d + COV_e$

Adaptado por MIRANDA FILHO

onde:

$PMP_{x,y}$ = produto médio de progênes entre caracteres x e y

$PMPl_{x,y}$ = produto médio de interação de progênes entre
caracteres x e y

$PME_{x,y}$ = produto médio residual de parcelas entre os caracteres
x e y

COV_d = covariância fenotípica dentro de progênes para os
caracteres x e y, ao nível de plantas

COV_e = covariância ambiental entre parcelas para os carac-
teres x e y, ao nível de plantas

COV_p = covariância genética entre parcelas para os
caracteres x e y, ao nível de plantas

COV_{pl} = covariância genética da interação entre parcelas
para os caracteres x e y, ao nível de plantas

Segundo essa metodologia foram estimadas as covariâncias entre teor de óleo e altura da planta, teor de óleo e altura da espiga, teor de óleo e peso da espiga e a covariância genética, respectivamente, para os dois compostos. Os cálculos tiveram a sequência mostrada a seguir:

$$COV_G = \frac{(P_1 - P_2)}{nrl}$$

onde:

COV_G é a covariância genética entre progênes para teor de óleo e peso da espiga, teor de óleo e altura da planta e teor de óleo e altura da espiga: p_1 , p_2 e p_3 os produtos médios de progênes da interação e do erro, respectivamente, n é o número de plantas medidas por parcela, l é o número de locais e r o número de repetições.

Não foi possível estimar COV_d e COV_e isoladamente tendo em vista que, para o caráter peso da espiga não foram efetuadas mensurações em plantas individuais mas sim utilizou-se a produção de toda a parcela para a análise.

4.2.2.3. Estimativas das correlações e respostas correlacionadas

A partir das covariâncias, e utilizando a metodologia descrita por VENCOSKY (1969) foram estimados os coeficientes de correlação, conforme as fórmulas:

$$r_G(X, Y) = \frac{COV_G(X, Y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_{P(x)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{P(y)}^2}}$$

$$r_F(X, Y) = \frac{COV_F(X, Y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_{F(x)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{F(y)}^2}}$$

onde:

$r_G(x, y)$ = correlação genética entre os caracteres x e y,
ao nível de plantas

$r_{F(x, y)}$ = correlação fenotípica média entre os caracteres x
e y, ao nível de plantas.

As demais anotações já foram discriminadas nos itens anteriores.

Em seguida foi estimado, através da resposta correlacionada, o efeito genético esperado no peso da espiga, na altura da planta e da espiga, pela aplicação da seleção de meios irmãos interpopulacionais para o teor de óleo.

$$RC_{x, y} = I_1 \cdot \frac{\frac{1}{4} COV_{A(x, y)}}{\sqrt{\frac{Q_1}{n^2 r}}} + I_2 \cdot \frac{\frac{3}{8} COV_{A(x, y)}}{\sqrt{\sigma^2_{dy}}}$$

onde:

$RC_{x, y}$ = resposta correlacionada na altura da planta ou da espiga, selecionando-se para o teor de óleo

x = caráter altura da planta ou altura da espiga

y = caráter teor de óleo

Q_1 = quadrado médio de progênies ajustadas, para o caráter teor de óleo

n = número de plantas por parcelas

r = número de repetições

σ_d^2 = variância fenotípica dentro de progênies de meios irmãos, ao nível de plantas, para o caráter teor de óleo

i_1 e i_2 = intensidades de seleção iguais a 1,399 para i_1 e 1,704 para i_2

$COVG_{(x,y)}$ = Covariância genética entre os caracteres.

As análises de variância foram realizadas com médias de parcelas, em gramas por plantas (g/planta) para peso de espiga, em metros por planta (m/planta) para altura de planta e espiga e em porcentagem para o teor de óleo.

5 - RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Médias populacionais

Os valores médios obtidos para os caracteres estudados são apresentados na Tabela 5, juntamente com os valores do coeficiente de variação experimental obtidos para as progênies das duas populações sendo classificados como baixos e médios, conforme PIMENTEL GOMES (1978), e o coeficiente b.

Os coeficientes de variação para altura de planta foram considerados baixos e variam de 3,65% a 3,70%. Para altura da espiga, os mesmos foram considerados também baixos, variando de 5,32 a 5,59%, respectivamente para o IG-1 e IG-2. Para o peso de espigas, os valores obtidos foram 8,24 e 10,75%. Com relação ao caráter comprimento da espiga os valores obtidos foram superiores aos de altura de planta, mas, inferiores aos da altura da espiga e o peso de espiga, variando entre 4,46 a 4,71% para IG-2 e IG-1, respectivamente. Para o diâmetro da espiga, os valores foram ainda consideradas mais baixos ainda estando entre 3,16% a 3,17%

para IG-2 e IG-1. O carácter número de fileira por espiga teve o coeficiente de variação de 4,31 a 4,45% para IG-1 e IG-2. O coeficiente de variação para o carácter número de grãos por fileira apresentou valores próximos aos de altura de espiga, sendo de 5,40% e 5,53% para IG-1 e IG-2. O carácter teor de óleo obteve coeficientes de variação também considerados baixos e variaram de 5,43 a 5,67%. Os coeficientes de variação experimental obtidos no presente trabalho, indicam uma boa precisão dos dados para os oito caracteres em estudo.

O carácter peso de espigas foi o que apresentou o coeficiente de variação mais elevado, seguido pelo teor de óleo, altura de espiga, número de grãos por fileira por espigas, comprimento de espiga, número de fileiras por espiga, altura da planta e diâmetro de espiga. Nas duas populações o carácter altura de espiga apresentou coeficientes de variação experimental mais elevados que a altura da planta. Um fato notório é a consistência com que o carácter altura da espiga apresenta coeficiente de variação experimental mais elevado que os da altura da planta, não obstante as mensurações tenham sido feitas na mesma planta. RISSI (1980) estudando duas populações, Piranão-A e Piranão-B, também observou o mesmo fato. Em milhos normais, dados apresentados por RISSI et al. (1976), entre outros, mostram essa mesma tendência.

Os valores médios para altura da planta e da espiga, foram respectivamente 1,84 e 0,94 metros para IG-1 e 1,83 e 0,92 metros para o IG-2. Para o carácter peso de espiga, os valores médios obtidos para o IG-1 e IG-2 foram o 141,1 g/planta (7,06 t/ha) e 139 g/planta (6,95 t/ha), respectivamente. Com relação ao comprimento de espiga os valores médios obtidos foram de 15,92 a 15,77 cm para IG-1 e IG-2. O diâmetro da espiga obteve 4,49 e 4,47 cm para o IG-1 e IG-2. Os valores médios obtidos para o carácter número de fileiras por espiga foram de 13,55 para IG-1 e 13,45 para o IG-2. O carácter número de grãos por fileira teve como valor médio 35,41 para IG-1 e 35,41 para IG-2. Com relação ao teor de óleo nos grãos, foi observado um teor médio de 4,85% para IG-1 e 4,90% para IG-2.

O coeficiente b (C.V.g/C.V.e), para os caracteres altura da planta foram de 1,08 e 1,02 para as populações IG-1 e IG-2, respectivamente. Para altura da espiga esse coeficiente foi de 1,62 para IG-1 e 1,13 na população IG-2.

O coeficiente b obtido para IG-1 foi de 0,99 e para IG-2 foi de 1,09 (Tabela 5), para o carácter número de fileiras de grãos por espiga. Esses valores são superiores aos obtidos por TATIS (1990), trabalhando com populações Piranão VF-1-MI original (0,66) e Piranão VF-1-MI-AO (0,50), o que mostra que métodos simples de seleção podem proporcionar maiores progressos no número de fileiras de grãos por espiga.

No que se refere aos índices de variação b (Tabela 5), estes mostraram-se de maior magnitude na população IG-1 em relação a IG-2, o qual verifica as maiores possibilidades de sucesso para o caráter em questão na população flint em relação à dentada. Observa-se que a variabilidade genética é quase a mesma nas duas populações não havendo contudo diferenças significativas. Tais resultados indicam a presença de suficiente variabilidade genética entre progênies para a obtenção de ganhos por seleção.

A precisão do experimento foi suficiente para detectar diferenças altamente significativas entre as progênies, para os oito caracteres em questão, nas duas populações indicando deste modo a existência de variabilidade genética.

Populações	PE (g/pl)	AP (m/pl)	AE (m/pl)	TO (%)	CE (cm/esp)	DE (cm/esp)	NF (nf/esp)	NG/F (ng/f/esp)
IG-1	141,1	1,84	0,94	4,85	15,92	4,49	13,55	35,41
CV (%)	8,24	3,65	5,32	5,43	4,71	3,17	4,32	5,40
Testemunha A	132,30	1,90	1,01	4,46	17,45	5,02	14,13	41,20
Testemunha B	130,45	1,66	0,80	4,18	14,05	4,69	14,27	31,30
b	0,43	1,08	1,62	0,82	0,69	1,92	0,99	0,79
IG-2	139,00	1,83	0,92	4,90	15,77	4,47	13,45	35,41
CV (%)	10,75	3,70	5,59	5,67	4,46	3,16	4,45	5,54
Testemunha A	132,22	1,98	1,02	4,47	15,62	4,55	12,50	35,46
Testemunha B	115,95	1,66	0,79	4,41	14,32	4,7	13,66	30,58
b	1,23	1,02	1,13	0,52	0,68	2,40	1,09	0,72

b - índice de variação: $b = CVg/CVe$
CV(%) - coeficiente de variação do látex em porcentagem

5.2. Análises de Variâncias

Os resumos das análises da variância bem como a significância dos quadrados médios e estimativas de parâmetros genéticos para altura da planta, altura da espiga, peso de espigas, comprimento de espiga, diâmetro de espiga, número de fileiras por espiga, número de grãos por fileira e teor de óleo nos grãos, para as populações IG-1 e IG-2, são apresentados nas Tabelas 6 a 13 e 6A a 13A, respectivamente.

5.2.1. Estimativas de parâmetros para o caráter peso de espigas

Para o caráter peso de espigas os valores e significâncias dos quadrados médios das análises das variâncias são apresentadas na Tabela 6. Estes valores mostraram que existem diferenças altamente significativas ao nível de progênies assim como existem interações altamente significativas de progênies por local, o que indica que este parâmetro possa ser melhorado geneticamente.

As estimativas obtidas para o caracter peso de espiga, variância genética entre plantas (σ_p^2), variância do erro ambiental (σ_e^2), variância fenotípica entre plantas dentro de progênies, variância de interação da progênie e o local (σ_{pl}^2), variância genética aditiva (σ_A^2), variância de

interação (σ^2_{AI}), variância fenotípica entre plantas da progênie (σ^2_F), valores do coeficiente de variação genética (C.V.g%) das duas populações, são apresentadas na Tabela 6A.

Os valores de variância genética aditiva encontrados para o caracter em questão foram 174,8060 para o IG-1 e 191,7864 para o IG-2.

Estimativas de variância genética aditiva para peso de espiga tem sido calculadas por vários autores. RAMALHO (1978) obteve uma estimativa média de variância genética aditiva para 30 populações locais de milhos normais) de $0,320 \times 10^{-3}$ onde extremos foram $0,041 \times 10^{-3}$ (Caigang) e $0,758 \times 10^{-3}$ (Piramex original). SOUZA JUNIOR et al. (1993) trabalhando com duas populações de milho BR-105 e BR-106 obtiveram estimativas de variâncias genéticas aditivas de 136,6196 e 145,6464, respectivamente.

O coeficiente de variação genético (C.V.g%), para o IG-1 foi de 4,68% e para o IG-2 de 4,98%. Estes valores são inferiores aos obtidos por LORDELO (1982), que trabalhando com as populações Piranão-VD2 e Piranão-VF1, obteve valores de 11,95% para o primeiro e 14,62% para o segundo. RISSI (1980), trabalhando com Piranão-A e Piranão-B, obteve 6,09% e 9,26%, respectivamente. Para as populações locais de milhos normais, essa mensuração tem variado de 3,37 a 15,31%, com uma média de 7,31%, conforme mostrado por RAMALHO (1978). Assim, os valores obtidos para as duas populações podem ser

classificados abaixo da média, indicando certa variabilidade genética livre. Devido à ausência de diferença entre as médias das duas populações, uma comparação entre os coeficientes de variação genética não fica prejudicado.

No entanto, ainda pode ser feita outra comparação através do cálculo do coeficiente $b = C.V.g./C.V.e.$, proposto por VENCOVSKY (1975). Desta forma, a média do caráter não influi na comparação da variabilidade genética das duas populações. Para o IG-1, o valor de b foi de 0,43, enquanto que para o IG-2 foi de 1,23 (Tabela 5).

RAMALHO (1978) mostra o valor desse coeficiente para populações locais de milho normais, e os mesmos variam de 0,22 a 0,84, com uma estimativa média de 0,45.

Os resultados alcançados mostram que as duas populações em estudo apresentam boa quantidade de variabilidade genética livre para a produção.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade ao nível de progênies para o caráter peso de espiga, foram 39,25% para IG-1 e 30,00% para IG-2, valores estes inferiores aos encontrados por RISSI (1980), que obteve 50,53% para o Piranão-A e 70,73% para o Piranão-B. TOSELLO & GERALDI (1980a) trabalhando com a variedade Dentado opaco encontraram a herdabilidade de 24,95%, inferior a herdabilidade obtidas neste trabalho. Neste sentido as estimativas obtidas são consideradas médias, possibilitando o sucesso com o emprego de método de melhoramentos interpopulacionais.

O ganho genético esperado, praticando-se seleção de meios irmãos interpopulacional é de 10,1% (Tabela 14) indicando um certo valor heterótico no inter cruzamento dessas populações. O valor obtido mostra semelhança àquele relatado por SOUZA JR. et al. (1993).

Tabela 6 - Valores, significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises conjuntas de variâncias, para o peso de espigas despalhadas das progênes de meios irmãos interpopulacionais^a.

F.V.	Q.M.		
	G.L.	IG-1	IG-2
Rep./Locais	2	1077,5786	561,8257
Loc.	1	215757,7660	181567,7900
Prog.	99	445,2560**	639,1520**
Loc. x Prog.	99	270,4500**	447,3655**
Erro efetivo médio	162	124,7062	172,1875

^a - IG-1 e IG-2 são testadores recíprocos.

** p < 0.01

Tabela 6A - Estimativas das variâncias genéticas entre progênes de meios irmãos interpopulacionais ao nível de plantas (σ_p^2), variância fenotípica de interação (σ_{pl}^2), genética aditiva em m/pl (σ_A^2), interações com locais (σ_{Al}^2), fenotípica entre progênes ao nível de plantas (σ_F^2), herdabilidade ao nível de progênes de meios irmãos (h_x^2), coeficiente da variação genética em % (C.V.g), para peso de espigas, provenientes das populações IG-1 e IG-2.

Parâmetro	IG-1	IG-2
σ_p^2	43,7015	47,9466
σ_{pl}^2	72,8719	137,3858
σ_A^2	174,8060	191,7864
σ_{Al}^2	291,4876	549,5432
σ_F^2	111,3140	159,7080
h_x^2	39,25	30,00
C.V.g. %	4,68	4,98
σ_{A12}^2	183,2962	
σ_{A112}^2	420,5154	

5.2.2. Estimativas de parâmetros para os caracteres altura da planta e da espiga

Para os caracteres altura da planta e da espiga, pela análise de variância (Tabelas 7 e 8), verifica-se que existem diferenças altamente significativas ao nível de progênies, assim como existem interações altamente significativas de progênies por local indicando a existência de variabilidade genética dentro das populações.

Nas tabelas 7A e 8A são apresentados para esses dois caracteres, as estimativas de variância genética entre plantas (σ_p^2), variância do erro ambiental entre parcelas (σ_e^2), variância fenotípica entre plantas dentro da progênie (σ_d^2), variância da interação (σ_{pl}^2), variância genética aditiva a nível de plantas (σ_A^2), interação com local (σ_{Al}^2), variância fenotípica entre plantas de progênies (σ_F^2), valores do coeficiente de variação genética (C.V.g%) para as duas populações.

A variância genética aditiva (σ_A^2) foi maior para altura da planta do que para altura da espiga nas duas populações. Resultados semelhantes foram obtidos por RISSI (1980); LORDELO (1982); ELROUBY & PENNY (1967); TOSELLO & GERALDI (1980b); BIANCO (1984), ZIMBACK (1985). Para a altura da espiga os valores obtidos foram 0,00424 e 0,00356, respectivamente para IG-1 e IG-2; para altura das plantas as estimativas foram 0,00616 e 0,00566. Os resultados

encontrados para IG-1 foram superiores aos do IG-2. RISSI (1980), trabalhando com PIRANÃO-A e PIRANÃO-B, obteve resultado de variância genética aditiva para os caracteres em questão, superiores aos obtidos neste trabalho. Estimativa de variância genética aditiva em milhos normais para essas duas características, têm sido obtidas por vários autores.

CRISOSTOMO (1977), trabalhando com dois compostos (A e B) encontrou valores de variância genética aditiva para altura da espiga no Composto A ($35,4 \times 10^{-3}$) e para a altura da planta no Composto B ($43,6 \times 10^{-3}$), embora os resultados encontrados pela maioria dos autores nas mais variadas populações, mostram a tendência da variância genética aditiva ser maior para altura da planta do que para a altura da espiga.

A estimativa do coeficiente de herdabilidade ao nível de progênes de meios irmãos (h^2_x), ao nível de planta individual para altura da planta e da espiga estão nas Tabelas 7A e 8A. Para a altura da planta, os valores obtidos foram 39,13% para IG-1 e 38,08% para IG-2. Para altura da espiga os valores encontrados foram 30,45% e 38,11% para o IG-1 e IG-2, respectivamente. Para altura da planta e de espiga, as maiores estimativas de herdabilidade foram obtidas na população IG-2. Com o Dentado Composto, LIMA & PATERNIANI (1977), encontraram valores de coeficiente de herdabilidade de 67,9% para altura da planta e 51,9% para altura da espiga.

Para o Composto Flint, MIRANDA FILHO et al. (1972) estimaram herdabilidade de 76,8% para altura da planta e 66,6% para altura da espiga, portanto, estimativas maiores que as verificadas no presente trabalho para as populações IG-1 e IG-2. Para o Composto Dentado, obtiveram valores de 49,5% para altura da planta e 71,70% para altura da espiga.

SOUZA JR. et al. (1980), trabalhando com uma população de milho Suwan, encontraram valores do coeficiente de herdabilidade para altura de planta, igual a 46,61% e para altura de espiga 84,57%.

O progresso genético esperado foi de 4,4% para altura da planta e 6,0% para altura da espiga, praticando-se a seleção recorrente interpopulacional (Tabela 14).

Tabela 7 - Valores, significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises conjuntas de variâncias, para a altura de planta das progênes de meios irmãos interpopulacionais^a.

F. V.	Q.M.		
	GL	IG-1	IG-2
Rep./Locais	2	0,78721	3,17812
Loc.	1	8,0316	21,4715
Prog.	99	0,0787**	0,0743**
Loc. x Prog.	99	0,0479**	0,0460**
Erro efetivo médio	162	0,00978	0,00869
Erro dentro	1600	0,0032	0,00195

^a IG-1 e IG-2 são testadores recíprocos.

** p < 0.01

Tabela 7A - Estimativas das variâncias genéticas entre progênes de meios irmãos interpopulacionais ao nível de plantas (σ_p^2), ambiental entre parcelas ao nível de plantas (σ_e^2), variância fenotípica de interação (σ_{pl}^2), dentro de progênes ao nível de plantas (σ_d^2), genética aditiva em m/pl (σ_A^2), interações com locais (σ_{Al}^2), fenotípica entre progênes ao nível de plantas (σ_F^2), herdabilidade ao nível de progênes de meios irmãos (h_x^2), coeficiente da variação genética em % (C.V.g), para a altura da planta, provenientes das populações IG-1 e IG-2.

Parâmetro	IG-1	IG-2
σ_p^2	0,00154	0,001415
σ_e^2	0,001317	0,001348
σ_{pl}^2	0,003811	0,003731
σ_d^2	0,0032	0,00195
σ_A^2	0,00616	0,00566
σ_{Al}^2	0,01524	0,01492
σ_F^2	0,003935	0,003715
h_x^2	39,13	38,08
CVg.(%)	2,13	2,04
σ_{A12}^2		0,00591
σ_{Al12}^2		0,01508

Tabela 8 - Valores, significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises conjuntas de variâncias, para a altura da espiga das progênies de meios irmãos interpopulacionais^a.

F. V.	GL	Q.M.	
		IG-1	IG-2
Rep./Locais	2	3,2867	0,9709
Loc.	1	27,6626	39,1870
Prog.	99	0,0487**	0,0467**
Loc. x Prog.	99	0,0275**	0,0289**
Erro efetivo médio	162	0,00591	0,00624
Erro dentro	1600	0,0039	0,0028

^a IG-1 e IG-2 são testadores recíprocos.

** $p < 0.01$

Tabela 8A - Estimativas das variâncias genéticas entre progênies de meios irmãos interpopulacionais ao nível de plantas (σ_p^2), ambiental entre parcelas ao nível de plantas (σ_e^2), variância fenotípica de interação (σ_{pl}^2), dentro de progênies ao nível de plantas (σ_d^2), genética aditiva em m/pl (σ_A^2), interações com locais (σ_{Al}^2), fenotípica entre progênies ao nível de plantas (σ_F^2), herdabilidade ao nível de progênies de meios irmãos (h_x^2), coeficiente da variação genética em % (C.V.g), para a altura da espiga, provenientes das populações IG-1 e IG-2.

Parâmetro	IG-1	IG-2
σ_p^2	0,001060	0,00089
σ_e^2	0,000403	0,00689
σ_{pl}^2	0,002158	0,00226
σ_d^2	0,0039	0,0028
σ_A^2	0,00424	0,00356
σ_{Al}^2	0,008634	0,009062
σ_F^2	0,00348	0,002335
h_x^2	30,45	38,11
CVg.(%)	3,47	3,23
σ_{A12}^2		0,0039
σ_{Al12}^2		0,0088

5.2.3. Estimativas de parâmetros para o caráter teor de óleo nos grãos

Na análise de variância (Tabela 9) do caráter teor de óleo, verifica-se que existem diferenças altamente significativas ao nível de progênes nas duas populações e interações altamente significativas de progênes por local apenas para a população IG-1, o que indica que nesta população possa existir mais variabilidade genética em relação a população IG-2.

Na Tabela 9A são apresentados para o caráter teor de óleo nos grãos, estimativas de variância genética entre plantas (σ_p^2), variância do erro ambiental entre parcelas ao nível da planta (σ_e^2), variância de interação com local (σ_{pl}^2), fenotípica dentro de progênes ao nível de plantas (σ_d^2), variância genética aditiva (σ_A^2), interação (σ_{Al}^2), de variância fenotípica dentro de progênes ao nível de plantas (σ_F^2), herdabilidade ao nível de progênes de meios irmãos (hx), coeficiente de variação genética (C.V.g%), para as duas populações.

A estimativa da variância genética aditiva para o caráter teor de óleo nos grãos foi de magnitude superior no IG-2 que no IG-1, sendo os valores iguais a 0,1090 e 0,0836, bem inferiores aos valores encontrados por TOSELLO & GERALDI (1980a) para a variedade Dentado Opaco (1,4234) e BIANCO (1984) em variedades Piranão VD-2 (1,3519) e Piranão VF-1

(0,6314). HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981), encontraram valores de estimativa da variância genética aditiva média igual a 0,882, valor este de magnitude superior aos valores obtidos para IG-1 e IG-2. ELROUBY & PENNY (1967), trabalhando com populações de milho de alto teor de óleo encontraram valores de variância genética aditiva igual a 0,668. Os resultados da variância genética aditiva obtidos no presente trabalho são inferiores aos resultados encontrados na literatura. Para o coeficiente de variação genética foram encontrados os valores iguais a 2,97% para o IG-1 e 3,36% para o IG-2, inferiores aos obtidos por BIANCO (1984) que foram 12,59% para o Piranão VD-2 e 8,47% para o Piranão VF-1.

O coeficiente b obtido para IG-1 foi de 0,82 e para o IG-2 de 0,52 (Tabela 5). Observando esses valores verifica-se que são baixos e as duas populações em questão apresentam pouca variabilidade genética para o caráter teor de óleo nos grãos, com uma superioridade para o IG-1, o que dificultaria a exploração do caráter por esquemas de seleção mais simples.

Os valores de herdabilidade ao nível de progênes de meios irmãos interpopulacionais encontrados para o caráter teor de óleo nos grãos para a população IG-2, foi de 41,34% e para o IG-1 foi de 34,21%. Estes valores foram inferiores aos obtidos por TOSELLO & GERALDI (1980a), com a variedade Opaco (48,08%) e BIANCO (1984), com a variedade Piranão VD-2 (64,99%) e Piranão VF-1 (46,67%) e a herdabilidade de 43% na variedade "RED YELLOW DENT", obtida por MILLER et al. (1981),

mostrando que o caráter normalmente exibe altos valores de herdabilidade. A análise de variância mostra que a causa da baixa herdabilidade é devido à estimativas de erro muito baixas (Tabela 9) e o coeficiente de variação experimental também baixo (Tabela 5) mascarando o potencial genético da variedade, talvez por problemas de amostragem ou por efeito não controlado do pólen. HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) encontraram valores de herdabilidade para o caráter teor de óleo nos grãos, igual a 76,7%, valor este de magnitude superior aos obtidos no presente trabalho para as duas populações. DUDLEY et al. (1971), estudando famílias de meios irmãos em quatro sintéticos de milho opaco-2, também observaram que o caráter teor de óleo nos grãos apresenta elevada herdabilidade.

Com base nestes parâmetros, o ganho genético esperado (Tabela 14) para seleção do híbrido interpopulacional IG-1 x IG-2 foi de 0,34 (7,0%). Este ganho equivale ao obtido por BIANCO (1984) para a variedade Piranão-VD-2 (7,12%) usando a seleção massal com intensidade de 10%.

ELROUBY & PENNY (1967) estudando três diferentes métodos de seleção (seleção massal, seleção em família de meios irmãos e seleção recorrente recíproca) obtiveram um maior progresso genético com o método de seleção massal.

O grau de variabilidade apresentado pelas duas populações, permite a elaboração de programas de melhoramento que visam o aumento do teor de óleo nos grãos.

Tabela 9 - Valores, significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises conjuntas de variâncias, para o teor de óleo das progênes de meios irmãos interpopulacionais^a.

Q.M.			
F. V.	GL	IG-1	IG-2
Rep./Locais	2	1,5342	1,7444
Loc.	1	200,6737	144,3348
Prog.	99	1,2218**	1,3181**
Loc. x Prog.	99	0,6964**	0,7730
Erro médio	162	0,4012	0,7477
Erro dentro	1600	0,2498	0,2437

^a IG-1 e IG-2 são testadores recíprocos.

** p < 0.01

Tabela 9A - Estimativas das variâncias genéticas entre progênes de meios irmãos interpopulacionais ao nível de plantas (σ_p^2), ambiental entre parcelas ao nível de plantas (σ_e^2), variância fenotípica de interação (σ_{pi}^2), dentro de progênes ao nível de plantas (σ_d^2), genética aditiva em m/pl (σ_A^2), interações com locais (σ_{Ai}^2), fenotípica entre progênes ao nível de plantas (σ_F^2), herdabilidade ao nível de progênes de meios irmãos (h_x^2), coeficiente da variação genética em % (C.V.g), para o teor de óleo, provenientes das populações IG-1 e IG-2.

Parâmetro	IG-1	IG-2
σ_p^2	0,0263	0,0272
σ_e^2	0,03028	0,10081
σ_{pi}^2	0,02952	0,002525
σ_d^2	0,2498	0,2437
σ_A^2	0,0836	0,1090
σ_{Ai}^2	0,1181	0,01010
σ_F^2	0,06109	0,06591
h_x^2	34,21	41,34
CVg.(%)	2,97	3,36
σ_{A12}^2		0,0963
σ_{A12}^2		0,06408

5.2.4. Estimativas de parâmetros para o caráter comprimento da espiga

Pela análise de variância (Tabela 10), verifica-se que existem diferenças altamente significativas ao nível de progênies nas duas populações, assim como existem interações altamente significativas de progênies por local somente para a população IG-1, indicando a existência de variabilidade genética maior dentro da população IG-1 em relação a população IG-2.

As estimativas de variância genética aditiva (cm/espiga) para as duas populações acham-se na Tabela 10A. Pode-se constatar que a população IG-2 teve uma estimativa de variação genética aditiva, superior ao do IG-1. Estes valores foram de 0,7918 para IG-2 e 0,6162 para IG-1.

O coeficiente de variação genética (C.V.g.%), para IG-1 foi de 2,46 e para IG-2 foi 2,82%. Estes valores são inferiores aos obtidos por LORDÊLO (1982), que trabalhando com duas populações, obteve valores de 11,95% para o Piranão-VD2 e 14,62% para o Piranão-VF-1. RISSI (1980), trabalhando com Piranão-A e Piranão-B, obteve 6,09 e 9,24%, respectivamente. Para populações locais de milhos normais, essa mensuração tem variado de 3,37 a 15,31%, com uma média de 7,31%, conforme mostrado por RAMALHO (1978). Assim, os valores obtidos para as duas populações podem ser

classificados como baixos, indicando a presença de pouca variabilidade genética livre. Devido a pouca diferença entre as médias das duas populações, uma comparação entre os coeficientes de variação genético não fica prejudicada. No entanto, uma boa comparação pode ainda ser feita através do coeficiente $b = C.V.g./C.V.e.$, proposto por VENCOVSKY (1975). Desta forma, a média do caráter não influi na comparação da variabilidade genética das duas populações. Para o IG-1 o valor de b foi 0,69, enquanto para o IG-2, o valor foi de 0,68 (Tabela 5). RAMALHO (1978), mostra o valor desse coeficiente para populações locais de milhos normais, e os mesmos variam de 0,22 a 0,84, com uma estimativa média de 0,45. RISSI (1980) estudando populações braquíticas, obteve valores de b igual a 0,56 para Piranão-A e 0,88 para Piranão-B.

Nas estimativas dos coeficientes de herdabilidade ao nível de progênies (h^2_x) para o caráter comprimento da espiga. Os valores obtidos foram de 35,36 para o IG-1 e 44,39 para o IG-2, valores estes inferiores aos encontrados por RISSI (1980), que obteve 50,53% para o Piranão-A e 70,73% para o Piranão-B. SANTOS (1985) trabalhando com Piranão VD-2-MI-AO, obteve um coeficiente de herdabilidade de 36,58% para este caráter, valor este inferior aos obtidos neste trabalho, e inferior ainda ao fornecido por HALLAWER & MIRANDA FILHO (1982), de 38,10% para este caráter.

O ganho genético esperado foi de 5,4% (0,86 cm/espiga). Este valor é superior ao obtido por TATIS (1990), trabalhando com a população Piranão VD-2-MI original, que foi de 3,76% (0,60 cm/espiga) e inferior a Piranão VD-2-MI-AO, que foi de 9,7% (1,54 cm/espiga). O resultado do ganho genético é considerado aceitável para seleção proposta, uma vez que as estimativas da variância aditiva (σ^2_A) obtidas foram baixas.

Os resultados obtidos para o comprimento da espiga permitem concluir pela ampla variabilidade genética das duas populações, resultados esses na realidade já esperados, uma vez que populações são materiais que pela sua própria natureza exibem certo grau de variabilidade genética.

Tabela 10 - Valores, significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises conjuntas de variâncias, para o comprimento da espiga das progênies de meios irmãos interpopulacionais^a.

Q.M.			
F. V.	GL	IG-1	IG-2
Rep./Locais	2	2,92992	1,5213
Loc.	1	108,904	45,3004
Prog.	99	8,7149**	8,9182**
Loc. x Prog.	99	5,6335**	4,9592
Erro efetivo médio	162	3,686	4,339
Erro dentro	1600	2,0985	2,1801

^a IG-1 e IG-2 são testadores recíprocos.

** p < 0.01

Tabela 10A - Estimativas das variâncias genéticas entre progênies de meios irmãos interpopulacionais ao nível de plantas (σ_p^2), ambiental entre parcelas ao nível de plantas (σ_e^2), variância fenotípica de interação (σ_{pl}^2), dentro de progênies ao nível de plantas (σ_d^2), genética aditiva em m/pl (σ_A^2), interações com locais (σ_{Al}^2), fenotípica entre progênies ao nível de plantas (σ_F^2), herdabilidade ao nível de progênies de meios irmãos (h_x^2), coeficiente da variação genética em % (C.V.g.), para o comprimento da espiga, provenientes das populações IG-1 e IG-2.

Parâmetro	IG-1	IG-2
σ_p^2	0,15407	0,19795
σ_e^2	0,3175	0,4318
σ_{pl}^2	0,1947	0,0620
σ_d^2	2,0985	2,1801
σ_A^2	0,6162	0,7918
σ_{Al}^2	0,7790	0,2481
σ_F^2	0,4357	0,4459
h_x^2	35,36	44,39
CVg.(%)	2,46	2,82
σ_{A12}^2		0,7040
σ_{Al12}^2		0,5135

5.2.5. Estimativa de parâmetros para o caráter diâmetro da espiga

Para o diâmetro da espiga os valores e significâncias dos quadrados médios das análises de variâncias são apresentados na Tabela 11. Estes valores mostraram que houve diferenças altamente significativas para cada população, assim como existem interações altamente significativas de progênies por local, o que permite que este parâmetro possa ser melhorado geneticamente.

Os coeficientes de variação experimental do caráter diâmetro da espiga foram de 3,16% e 3,17% para IG-2 e IG-1, respectivamente (Tabela 5). Estes valores podem ser considerados inferiores aos fornecidos por SANTOS (1986), de 4,12% e 4,15%.

As estimativas de variância genética aditiva (cm/espiga) para as duas populações acham-se na Tabela 11A. Observa-se que a população IG-1 teve uma estimativa de variância genética aditiva superior a do IG-2. Esses valores foram de 0,05392 para o IG-1 e 0,03262 para IG-2.

TATIS (1990) trabalhando com quatro populações de milho obteve estimativas de variâncias genéticas aditivas para o parâmetro diâmetro de espiga, de $3581,714 \times 10^{-5}$, $2837,621 \times 10^{-5}$, $7944,02 \times 10^{-5}$ e $6056,3 \times 10^{-5}$ (cm/espiga)², semelhantes as obtidas neste trabalho, verificando-se que as

populações flint foram superiores às dentadas, o mesmo que aconteceu no presente trabalho onde o IG-1 (flint) teve a estimativa de variância genética aditiva superior a do IG-2 (dentado). Este fato foi ainda evidenciado por SOARES (1987), que encontrou magnitudes de $89,1848 \times 10^{-3}$ e $59,7500 \times 10^{-3}$, nas populações VF-1-B e Piranão VD-2-B.

Para se ter uma idéia geral da variabilidade genética existente nas populações estudadas, as estimativas obtidas para as variâncias genéticas aditivas por GALAL et al. (1977), VARGAS et al. (1982), SANTOS (1985) e TATIS (1990), bem como a média de trinta e cinco estimativas fornecidas por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1982), foram superiores em relação às populações dentadas e inferiores às flint, portanto, a população IG-1, tem maior potencial de melhoramento genético interpopulacional em relação ao IG-2.

Considerando os coeficientes de variação genética nota-se que a população flint apresentou valor um pouco mais elevado que a população dentada (2,58 e 2,02).

As magnitudes relativas aos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias acham-se na Tabela 11-A; verifica-se que estas magnitudes foram quase semelhantes nas populações do mesmo tipo de grãos (TATIS, 1990, PATERNIANI, 1972), evidenciando que o melhoramento deste parâmetro deve ser feito através de métodos de seleção associados com melhor controle das condições ambientais, como aqueles que se fundamentam em testes de progênies.

O ganho genético esperado praticando-se a seleção recorrente interpopulacional foi de 5,1% (0,23 cm/espiga) (Tabela 14). Este valor é superior aos obtidos por TATIS (1990), trabalhando com Piranão VD-2-MI original e Piranão VD-2-MI-AO, onde obteve valores de 3,55% (0,16 cm/espiga) e 3,10% (0,14 cm/espiga), respectivamente, para este caráter.

Tabela 11 - Valores, significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises conjuntas de variâncias, para o diâmetro da espiga das progênies de meios irmãos interpopulacionais*.

F. V.	Q.M.		
	GL	IG-1	IG-2
Rep./Locais	2	0,06241	3,08751
Loc.	1	27,8243	29,8901
Prog.	99	0,4907**	0,3635**
Loc. x Prog.	99	0,2211**	0,2004**
Erro efetivo médio	162	0,1151	0,0982
Erro dentro	1600	0,0970	0,0911

* IG-1 e IG-2 são testadores recíprocos.

** $p < 0.01$

Tabela 11A - Estimativas das variâncias genéticas entre progênies de meios irmãos interpopulacionais ao nível de plantas (σ_p^2), ambiental entre parcelas ao nível de plantas (σ_e^2), variância fenotípica de interação (σ_{pi}^2), dentro de progênies ao nível de plantas (σ_d^2), genética aditiva em m/pl (σ_A^2), interações com locais (σ_{Al}^2), fenotípica entre progênies ao nível de plantas (σ_F^2), herdabilidade ao nível de progênies de meios irmãos (h_x^2), coeficiente da variação genética em % (C.V.g), para o diâmetro da espiga, provenientes das populações IG-1 e IG-2.

Parâmetro	IG-1	IG-2
σ_p^2	0,01348	0,008155
σ_e^2	0,003626	0,001422
σ_{pi}^2	0,01059	0,01022
σ_d^2	0,0970	0,0911
σ_A^2	0,05392	0,03262
σ_{Al}^2	0,04238	0,04080
σ_F^2	0,02453	0,01817
h_x^2	54,94	44,86
CVg.(%)	2,58	2,02
σ_{A12}^2		0,04527
σ_{A112}^2		0,04159

5.2.6. Estimativa de parâmetros para o caráter número de fileiras de grãos por espiga

Os valores e significâncias dos quadrados médios relativos ao caráter número de fileira são apresentados na Tabela 12. Verifica-se que existem diferenças altamente significativas ao nível de progênies, mas não existe interações de progênies por local.

Na Tabela 12A, são apresentadas as estimativas obtidas das variâncias genéticas para as duas populações.

A estimativa de variância genética aditiva para o caráter número de fileiras de grãos por espiga foi de magnitude superior na população IG-2 em relação a IG-1, sendo os valores iguais a 1,1264 e 0,8464, bem superiores aos valores encontrados por TATIS (1990) para a população Piranão VD-2-MI-AO de 0,4099.

Associando os valores deste estudo com os relatados por SANTOS (1985), as estimativas obtidas foram de menor magnitude às fornecidas por este pesquisador, em razão da introgressão de genes da raça Cravo, nas populações melhoradas a qual tem em média dezenove (19) fileiras por espiga. De igual maneira os resultados aqui obtidos foram coerentes com os reportados por GALAL et al. (1977), e VARGAS et al. (1982).

Os valores encontrados para os coeficientes de herdabilidade média ao nível de plantas ($\hat{h}_x^2$), para o número

de fileiras foram superiores aos obtidos para o número de grãos/fileira, nas duas populações (Tabelas 12A e 13A).

Para o coeficiente de variação genética foram encontrados os valores 3,39% para IG-1 e 3,94% para IG-2, inferiores ao obtido por TATIS (1990), que foi de 4,25% para o Piranão VD-2-MI original.

Praticando-se a seleção recorrente interpopulacional neste parâmetro o ganho genético esperado foi de 9,5% (1,28 nf/esp.) (Tabela 14). Este ganho é de magnitude superior comparando com os valores obtidos por TATIS (1990), com as populações Piranão VD-2-MI-original e Piranão VD-2-MI-AO que foram de 8,75% (1,18 nf/esp.) e 6,08% (0.82 nf/esp.), respectivamente para este caráter.

Tabela 12 - Valores, significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises conjuntas de variâncias, para o número de fileira da espiga das progênes de meios irmãos interpopulacionais^a.

F. V.	Q.M.		
	GL	IG-1	IG-2
Rep./Locais	2	14,0960	6,5480
Loc.	1	20,00006	11,2500
Prog.	99	7,6558**	9,2191**
Loc. x Prog.	99	3,5962	3,5856
Erro efetivo médio	162	3,4239	3,0795
Erro dentro	1600	2,3650	2,4650

^a IG-1 e IG-2 são testadores recíprocos.

** p < 0.01

Tabela 12A - Estimativas das variâncias genéticas entre progênes de meios irmãos interpopulacionais ao nível de plantas (σ_p^2), ambiental entre parcelas ao nível de plantas (σ_e^2), variância fenotípica de interação (σ_{pi}^2), dentro de progênes ao nível de plantas (σ_d^2), genética aditiva em m/pl (σ_A^2), interações com locais (σ_{AI}^2), fenotípica entre progênes ao nível de plantas (σ_F^2), herdabilidade ao nível de progênes de meios irmãos (h_x^2), coeficiente da variação genética em % (C.V.g), para o número de fileira por espiga, provenientes das populações IG-1 e IG-2.

Parâmetro	IG-1	IG-2
σ_p^2	0,2110	0,2816
σ_e^2	0,2117	0,1229
σ_{pi}^2	0,01723	0,05061
σ_d^2	2,3650	2,4650
σ_A^2	0,8464	1,1264
σ_{AI}^2	0,06894	0,20244
σ_F^2	0,3828	0,4609
h_x^2	55,28	61,09
CVg (%)	3,39	3,94
σ_{AI2}^2		0,9864
σ_{AII2}^2		0,1356

5.2.7. Estimativas de parâmetros para o caráter número de grãos por fileira

Para o número de grãos por fileira os valores e significâncias dos quadrados médios das análises de variâncias acham-se na Tabela 13. Estes valores mostraram-se altamente significativos, indicando a presença de variabilidade genética entre progênies para cada população, apresentando no entanto, maior variabilidade as populações flint.

As estimativas das variâncias genéticas aditivas para o parâmetro número de grãos por fileira, foram 4,8180 e 4,5240, respectivamente para as duas populações IG-1 e IG-2, as quais estão contidas na Tabela 13A. Pode-se apreciar que a população flint apresentou um valor mais alto que a dentada. Comparando-se estes resultados com os obtidos por GALAL et al. (1977), VARGAS (1982), SANTOS (1985) e SHEATA et al. (1975), constatou-se a superioridade da população flint. Mesmo que as estimativas obtidas aqui estivessem distorcidas pelos efeitos da interação genótipo x ambiente, elas fornecem uma idéia de potencialidade genética destas populações.

Os valores encontrados para o coeficiente de herdabilidade ($\hat{h}_x^2$) para o caráter número de grãos por fileira, foram de 39,84 para o IG-1 e 37,04 para o IG-2. Estes valores foram inferiores aos obtidos por número de fileiras de grãos por espiga (Tabela 12A).

Considerando os coeficientes de variação genética (Tabela 13A), a população flint apresentou valor mais elevado que a população dentada, o qual evidencia a presença de maior variabilidade genética.

O ganho genético esperado foi de 3,1% (2,20 ngf/esp.), quando se pratica a seleção recorrente interpopulacional (Tabela 14). Este valor é de magnitude inferior ao obtido por TATIS (1990), trabalhando com população Piranão VD-2-MI original, que foi de 3,56% (2,53 ngf/esp.).

Tabela 13 - Valores, significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises conjuntas de variâncias, para o número de grãos por fileira por espiga das progênes de meios irmãos interpopulacionais^a.

F. V.	Q.M.		
	GL	IG-1	IG-2
Rep./Locais	2	32,2011	48,3731
Loc.	1	1914,9240	2054,3628
Prog.	99	60,4598**	61,0574**
Loc. x Prog.	99	36,3703**	38,4369**
Erro efetivo médio	162	28,0226	30,4544
Erro dentro	1600	18,6247	19,4477

^a IG-1 e IG-2 são testadores recíprocos.

** p < 0.01

Tabela 13A - Estimativas das variâncias genéticas entre progênes de meios irmãos interpopulacionais ao nível de plantas (σ_p^2), ambiental entre parcelas ao nível de plantas (σ_e^2), variância fenotípica de interação (σ_{pl}^2), dentro de progênes ao nível de plantas (σ_d^2), genética aditiva em m/pl (σ_A^2), interações com locais (σ_{Al}^2), fenotípica entre progênes ao nível de plantas (σ_F^2), herdabilidade ao nível de progênes de meios irmãos (h_x^2), coeficiente da variação genética em % (C.V.g), para o número de grãos por fileira por espiga, provenientes das populações IG-1 e IG-2.

Parâmetro	IG-1	IG-2
σ_p^2	1,2045	1,13102
σ_e^2	1,8795	2,2014
σ_{pl}^2	0,834765	0,798245
σ_d^2	18,6247	19,4477
σ_A^2	4,8180	4,5240
σ_{Al}^2	3,3391	3,1929
σ_F^2	3,0229	3,05287
h_x^2	39,84	37,04
CVg.(%)	3,10	3,00
σ_{A12}^2		4,6710
σ_{Al12}^2		3,2660

Tabela 14 - Valores médios obtidos dos oito caracteres para: amplitude de variação das progênes, diferencial de seleção ($d_s = X_{ps} - X_p$) e, progresso esperado (G_s) com seleção no híbrido interpopulacional IG-1 x IG-2.

	Parâmetros	IG-1	IG-2
Peso de espigas	Amplitude	104,65 a 166,24	107,37 a 169,04
valores médios	d_s	18,39	23,16
(g/planta)	G_s	14,16 (10,1%)	
Altura da planta	Amplitude	1,72 a 2,00	1,72 a 1,97
valores médios	d_s	0,099	0,109
(m/planta)	G_s	0,080 (4,4%)	
Altura da espiga	Amplitude	0,82 a 1,08	0,82 a 1,02
valores médios	d_s	0,087	0,078
(m/planta)	G_s	0,056 (6,0%)	
Comprimento da espiga	Amplitude	14,10 a 17,77	14,21 a 18,06
valores médios	d_s	0,950	1,172
(cm/espiga)	G_s	0,86 (5,4%)	
Diâmetro da espiga	Amplitude	4,16 a 4,86	4,16 a 4,72
valores médios	d_s	0,262	0,201
(cm/espiga)	G_s	0,230 (5,1%)	
Número de fileiras/espiga	Amplitude	12,05 a 14,88	11,75 a 15,00
valores médios	d_s	1,072	1,135
(nf/espiga)	G_s	1,28 (9,5%)	
Número de grãos/fileira/espiga	Amplitude	30,81 a 39,59	30,43 a 40,60
valores médios	d_s	2,92	2,80
(ng/f/espiga)	G_s	2,20 (3,1%)	
Teor de óleo	Amplitude	4,41 a 5,48	4,26 a 5,62
valores médios	d_s	0,394	0,409
(%)	G_s	0,34 (7,0%)	

5.2.8. Estimativas das correlações genéticas e fenotípicas e respostas correlacionadas

Com os valores do teor de óleo individual de cinco sementes de cada espiga, obtidos através do uso de técnica de ressonância magnética nuclear "NMR", obteve-se os coeficientes de correlação para as duas populações em questão. Os valores encontram-se na Tabela 15.

Quando correlacionados o caráter teor de óleo com peso de espigas, os valores encontrados foram -0,2575 para IG-1 e 0,5787 para IG-2. O caráter teor de óleo, quando correlacionado com altura da planta, os valores encontrados foram 0,6913 para IG-1 e 0,1352 para IG-2, respectivamente. Finalmente, quando o caráter teor de óleo foi correlacionado com a altura da espiga, os valores obtidos foram 0,5628 para IG-1 e 0,4035 para IG-2.

Pelos resultados desta correlação, nota-se que a seleção para elevação do nível do teor de óleo no grão implicará na diminuição do peso das espigas da população IG-1, enquanto que, na população IG-2, este aumento implicará também no aumento do peso das espigas. Para os caracteres altura da planta e da espiga, o aumento do teor de óleo nos grãos implicará também no aumento destes caracteres.

A maioria dos trabalhos encontrados na literatura CRISÓSTOMO (1977), DE LA ROCHE et al. (1971) e PATERNIANI

(1972), mostram a existência de uma correlação negativa entre os caracteres teor de óleo e peso das espigas. ELROUBY & PENNY (1967), encontraram um valor de correlação genética aditiva para os caracteres teor de óleo e peso das espigas igual a $-0,247$, valor de magnitude semelhante ao encontrado para a população IG-1. TOSELLO & GERALDI (1980), trabalhando com a população ESALQ-VD-opaco de milho, encontraram valor igual a $r = -0,500$, porém, existem trabalhos onde foram obtidas correlações positivas entre os dois caracteres (MILLER & BRIMHALL, 1951).

Com relação aos valores das estimativas das correlações genéticas entre os caracteres teor de óleo nos grãos e peso de espigas obtidas neste trabalho, notamos que a população IG-2, apresenta uma correlação positiva. PATERNIANI (1972), trabalhando com diferentes germoplasmas, bem como a interação entre eles, observou que o germoplasma "Flint Composto", foi que apresentou maior teor de óleo e consequentemente menor produção de grãos.

Os valores das estimativas das correlações genéticas entre os caracteres teor de óleo nos grãos e altura da planta foram $r = 0,6913$ para a população IG-1 e $r = 0,1352$ para IG-2. Nota-se para o IG-1, que a correlação genética entre os caracteres teor de óleo nos grãos e altura da planta foi maior que os valores da correlação genética obtida entre teor de óleo nos grãos e altura da espiga. Para o IG-2, observou-

se o inverso. ELROUBY & PENNY (1967), quando correlacionaram os caracteres teor de óleo nos grãos com altura da planta, obtiveram um valor de correlação genética aditiva $r = -0,160$. Este valor é de magnitude inferior ao valor obtido para o IG-2. Quando correlacionaram os caracteres teor de óleo nos grãos com altura da espiga, o valor da estimativa da correlação genética aditiva obtido foi $r = 0,052$, valor este positivo e de magnitude bem pequena e próxima de zero. Os valores obtidos neste trabalho são coerentes com os resultados encontrados na literatura.

Na Tabela 16 são apresentados os valores das respostas correlacionadas para os caracteres peso de espigas, altura da planta e altura da espiga, quando a seleção é feita para teor de óleo. De acordo com FALCONER (1964), o progresso em um caráter por seleção em outro (resposta correlacionada) é uma função direta da correlação genética entre ambos e da herdabilidade do caráter no qual a seleção é praticada. Além disso, de acordo com esse autor, a seleção indireta através de um caráter X pode ser inclusive mais eficiente para o melhoramento de outro caracter Y que a seleção direta em Y, se X tiver uma herdabilidade substancialmente maior e a correlação genética entre os dois for alta, isto é, se

$$r_{A(XY)} \cdot h_x > h_y$$

onde $r_{A(XY)}$ é a correlação genética entre X e Y, e h_x e h_y correspondem à raiz quadrada dos coeficientes de herdabilidade de X e Y, respectivamente.

Esta relação não se verifica entre os caracteres correlacionados no presente trabalho, para as duas populações, devido às correlações genéticas entre os caracteres correlacionados serem baixas, de modo que a seleção através do caráter teor de óleo nos grãos deve resultar em mudanças pequenas nos demais caracteres correlacionados.

Para o esquema de seleção proposto, os valores de respostas correlacionadas obtidos quando se faz seleção para teor de óleo nos grãos foram respectivamente de -0,06139 g/planta, 0,06336 m/planta e 0,0885 m/planta para peso de espiga, altura de espiga e altura de planta, para o IG-1; e 0,0722 g/planta, 0,0046 m/planta e 0,0426 m/planta na população IG-2. Para as respostas correlacionadas entre porcentagem de óleo e os caracteres altura da planta e altura da espiga, os valores das respostas correlacionadas são de baixa magnitude quando comparados com os ganhos genéticos esperados nas Tabelas 14 e 16, estimados para a seleção no próprio parâmetro.

As respostas correlacionadas entre o peso de espiga e a porcentagem de óleo, foram de -0,0613 e -0,0722, respectivamente para as populações flint (IG-1) e dentada (IG-2) (Tabela 16). BIANCO (1984) reportava valores de 3,73

e -7,64 para Piranão-VD e Piranão VF e ZINBACK (1985) 1,01 e 0,83 para as subpopulações A e B da variedade Dentada Braquítico Opaco.

Na população IG-1 a diminuição no teor de óleo leva a um pequeno aumento no peso de espigas, sendo que o mesmo não ocorre na população IG-2; este fato no IG-1 pode ser explicado uma vez que o composto flint apresenta maior teor de óleo nos grãos e conseqüentemente menor peso de espigas (PATERNIANI, 1972).

Tabela 15 - Estimativas das correlações genéticas (r_G) e fenotípicas (r_F) entre médias de progênes, entre os parâmetros, teor de óleo x peso de espiga, teor de óleo x altura de planta e teor de óleo x altura da espiga, relativas às progênes de Meios-Irmãos provenientes das populações IG-1 e IG-2, Piracicaba, SP. 1991/92.

Parâmetros	IG-1		IG-2	
Correlacionados	r_G	r_F	r_G	r_F
TO x PE	-0.2572	0.0012	0.5787	0.2484
TO x AP	0.6913	0.2508	0.1352	0.1262
TO x AE	0.5628	0.1810	0.4035	0.2144

r_G = coeficiente de correlação genética aditiva entre os parâmetros x e y das plantas

r_F = coeficiente de correlação fenotípica entre os parâmetros x e y, ao nível médio de progênes.

Tabela 16 - Respostas correlacionadas para altura da planta, altura da espiga e peso de espiga pela seleção para teor de óleo nas populações IG-1 e IG-2. Piracicaba, SP. 1991/92.

População	Respostas correlacionadas à teor de óleo		
	Peso da Espiga	Altura da Planta	Altura da Espiga
	RC PE/TO	RC AP/TO	RC AE/TO
IG-1	-0.06139 g/planta	0.0885 m/planta	0.0636 m/planta
IG-2	-0.0722 g/planta	0.0426 m/planta	0.0046 m/planta

6 - CONCLUSÕES

Os resultados obtidos no presente trabalho permitem evidenciar as seguintes conclusões:

- a) As duas populações IG-1 e IG-2 apresentam suficiente variabilidade genética para obtenção de progressos em programas de melhoramento, para todos os caracteres estudados.
- b) As médias obtidas para os oito caracteres analisados indicam que as duas populações são bastante promissoras, apresentam uma produtividade média superior às testemunhas, com altura da planta e espiga num nível desejado e um teor de óleo superior aos padrões normais.
- c) Os valores de herdabilidade encontrados foram considerados de nível médio para os caracteres altura da planta, teor de óleo, comprimento e diâmetro de espiga. Para os demais caracteres, os valores de herdabilidade encontrados foram considerados baixos.

d) Os valores de herdabilidade diferem entre si no comportamento de alguns caracteres entre populações.

e) As correlações obtidas quando selecionamos para o teor de óleo, leva a pequenas alterações positivas na altura da planta e da espiga nas duas populações, porém, em relação a peso de espigas, essas alterações são desprezíveis.

LITERATURA CITADA

ALEXANDER, D.E. High oil corn. In: **Illinois Maize Genetics Laboratory**. Urbana, University of Illinois, 1978. p.16-26.

ALEXANDER, D.E. Breeding special nutritional and industrial types. In: SPRAGUE, G.F. & DUDLEY. J.W., ed. **Corn and Improvement**. 3.ed., Madison, ASA, 1988. p.869-80. (Agronomy, 18).

ALEXANDER, D.E. & LAMBERT, R.J. Relationship of Kernel oil content to yield in maize. **Crop Science**, Madison, 8(3):273-4, 1968.

ALEXANDER, D.E.; SILVEIRA, L.; COLLINS, F.I. & RODGERS, R.C. Analysis of oil content of maize by wide line NMR. **Journal American Oil Chemistry Society**, Illinois, 44(9):555-8, 1967.

BATISTA, L.A.R. Seleção para tamanho do embrião relacionada com o teor de óleo do grão de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1980. 72p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

BATISTA, L.A.R. & TOSELLO, G.A. Influência de fonte polinizadora sobre o conteúdo de óleo em grãos de milho (*Zea mays* L.). **Relatório Científico do Departamento de Genética**, Piracicaba, n.15, p.5-19, 1981.

BATISTA, L.A.R. & TOSELLO, G.A. Alterações nos caracteres de peso, volume e densidade dos grãos de milho (*Zea mays* L.) provocadas pela seleção segundo o tamanho do embrião. **Anais da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"**, Piracicaba, **44**(1):533-47, 1987.

BAUMAN, L.F.; CONWAY, F.D.; WATSON, S.A. Herétability of variations in oil content of individual corn kernel. **Science**, New York, **139**(3554):498-9, 1963.

BAUMAN, L.F.; CONWAY, F.D.; WATSON, S.A. Inheritance of variations in oil content of individual corn (*Zea mays* L.) kernel. **Crop Science**, Madison, **5**(2):137-8, 1965.

BIANCO, S. Avaliação da potencial genética de populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico para teor de óleo na semente. Piracicaba, 1984. 98p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

BIANCO, S.; TOSELLO, G.A.; SOUZA JUNIOR, C.L. Correlações genéticas e fenotípicas em duas populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico e suas aplicações no melhoramento do teor de óleo no grão. **Anais da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"**, Piracicaba, **44**(1):801-9, 1987.

BISCEGLI, C.I. Construção de um espectômetro de ressonância magnética nuclear (NMR) de banda larga. Duas aplicações tecnológicas dessa técnica. São Carlos, 1977. 62p. (Mestrado - Instituto de Física e Química de São Carlos/USP).

COCHRAN, W.G. & COX, G.M. **Experimental designs**. 2.ed., New York, John Wiley and Sons, 1957. 611p.

COLNAGO, L.A. Espectrômetro de ressonância magnética nuclear. **Informativo UAPDIA**, São Carlos, **6**:2, jul./dez., 1989.

- CONWAY, T.F. & EARLE, F.R. Nuclear magnetic ressonance for determining oil content of seeds. **Journal American Oil Chemists Society**, Illinois, **40**(2):265-8, 1963.
- CRISÓSTOMO, J.R. Estimação de parâmetros genéticos em duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1977. 65p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- CURTIS, P.E.; LENGH, E.R.; HAGEMAN, F.R. Developmental changes in oil and fatty acid content of maize strains varying in oil content. **Crop Science**, Madison, **8**(6):689-93, 1968.
- CURTIS, J.J.; BRUNSON, A.M.; HUBBARD, J.E.; EARLE, F.R. Effect of the pollen parent on oil content of corn Kernel. **Agronomy Journal**, Madison, **48**(12):551-5, 1956.
- DE LA ROCHE, I.A.; ALEXANDER, D.E.; WEBER, E.J. Inheritance of oleic and linoleic acid *Zea mays* L. **Crop Science**, Madison, **11**(6):856-9, 1971.
- DUDLEY, J.W.; LAMBERT, R.J.; ALEXANDER, D.E. Variability and relationships among characters in *Zea mays* L. synthetics with improved protein quality. **Crop Science**, Madison, **11**):512-4, 1971.

DUDLEY, J.W.; LAMBERT, R.J.; ALEXANDER, D.E. Seventy generations of selection for oil protein in maize. In: DUDLEY, J.W., ed. **Seventy generations of selection for oil protein in maize**. Madison, Crop Science Society of America, 1974. p.181-211.

DUDLEY, J.W.; LAMBERT, R.J.; DE LA ROCHE, I.A. Genetic analysis of crosses among corn shains divergently selected for percent oil and protein. **Crop Science**, Madison, 17(1):111-7, 1977.

ELROUBY, M.M. & PENNY, L.H. Variation and covariation in high oil population of corn (*Zea mays* L.) and their implications in selection. **Crop Science**, Madison, 7(3):216-9, 1967.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. New York, Ronald Press, 1964. 365p.

FITCH, B. Corn oil. **Journal of the American Oil Chemists Society**, Illinois, 62(11):1524-7, 1985.

GAJIC, M. & SAVIC, R. Efficiency of recurrent selection in maize breeding for high oil content. In: MEETING OF THE MAIZE AND SORGHUM, 10., Vaine, 1979. **Proceedings**. Apud **Plant Breeding Abstracts**, Cambridge, 54(9):649, Sept. 1984. (Resumos).

GALAL, H.E.; ADB-ALLA, S.A.; EL-KASSABY, Y.A. Effect of sample size on precision of the estimates of genetic variance in maize II ear characters. **Egyptian Journal of Genetic and Cytology**, Giza, 6(2):306-18, 1977.

GARWOOD, D.L.; WEBER, E.J.; LAMBERT, R.J.; ALEXANDER, D.E. Effects of different cytoplasms on oil, fatty acids, plant height, and ear height in maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, Madison, 10(1):39-41, 1970.

GENTER, C.F.; EHEART, J.F.; LINKOUS, W.N. Effects of location, hybrid, fertilizer, and rate of planting on the oil and protein contents of corn grain. **Agronomy Journal**, Madison, 48(1):63-7, 1956.

GERALDI, I.O. Estimaco de parmetros genticos do pendo em milho (*Zea mays* L.) e perspectivas de melhoramento. Piracicaba, 1977. 103p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

GOLDENBERG, J.B. El empleo de la correlacin en el mejoramento gentico de las plantas. **Fitotecnica Latinoamericana**, Bogot, 5(2):1-8, 1968.

- HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative genetics in maize breedings. 1^a ed. Iowa State University Press, Ames, 1981. 468p.
- HOPKINS, C.G. Improvement in the chemical composition of the corn Kernel. In: DUDLEY, J.W. ed., 1974. **Seventy generations of selection for oil and protein in maize.** Madison, Crop Science Society of America, 1974, p.1-31.
- HOPKINS, C.G.; SMITH, L.H.; EAST, E.M. The structure of the corn kernel and the composition of its different parts. In: DUDLEY, J.W., ed. **Seventy generations of selection for oil protein in maize.** Madison, Crop Science Society of America, 1974. p.33-63.
- JELLUM, M.D. & MARION, J.E. Factors affecting oil content and content oil composition of corn (*Zea mays* L.) grain. **Crop Science**, Madison, 6(1):41-2, 1966.
- JELLUM, M.D. Fatty acid composition of corn (*Zea mays* L.) oil as influenced by kernel position of ear. **Crop Science**, Madison, 7(6):593-5, 1967.
- JELLUM, M.D. & WIDSTROM, N.W. Inheritance of stearic acid in germ oil of the maize kernel. **The Journal of Heredity**, Washington, 74(5):383-4, 1983.

JUGENHEIMER, R.W. Breeding for oil and protein content in maize. *Euphytica*, Wageningen, 10(2):152-6, 1961.

KEMPTHORPE, O. An introduction to genetic statistics. 3.ed., New York, John Wiley & Sons, 1966. 545p.

LAMBERT, R.J.; ALEXANDER, D.E.; RODGERS, R.C. Effect of Kernel position on oil content in corn (*Zea mays* L.). *Crop Science*, Madison, 7(2):143-4, 1967.

LENG, E.R. Changes in weight, germ ration, and oil content during Kernel development in high oil corn (*Zea mays* L.). *Crop Science*, Madison, 7(4):333-4, 1967.

LIMA, M. & PATERNIANI, E. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em progênies de meios irmãos de milho (*Zea mays* L.) e suas implicações no melhoramento. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, Piracicaba, n.11, p.84-9, 1977.

LORDÊLO, J.A.C. Parâmetros genéticos das populações de milho Piranão VD-2 e Piranão VF-1. Piracicaba, 1982. 75p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

MADSEN, E. Nuclear magnetic resonance spectrometry as quick method of determination of oil content in rapeseed. **Journal of The American Oil Chemists Society**, Illinois, 53(7):467-9, 1976.

MILLER, P.A. & BRIMHALL, B. Factors influencing the oil and protein content of corn grain. **Agronomy Journal**, Madison, 43(7):305-11, 1951.

MILLER, R.L.; DUDLEY, J.W.; ALEXANDER, D.E. High intensity selection for percent oil in corn. **Crop Science**, Madison, 21(3):433-7, 1981.

MIRANDA FILHO, J.B.; PATERNIANI, E.; VENCovsky, R. Variância genética aditiva da altura da planta e da espiga em dois compostos de milho e suas implicações no melhoramento. **Relatório Científico do Departamento de Genética**, Piracicaba, n.6, p.104-8, 1972.

MIRANDA, P.; RUSCHEL, R. & PATERNIANI, E. Avaliação de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) Centralmex, para produção de grãos e óleo. **Boletim Técnico do Instituto de Pesquisas Agronômicas**, Recife. n.76, 37p, 1976.

- MISEVIC, D. & ALEXANDER, D.E. Twenty-four cycles of phenotypic recurrent selection for percent oil in maize. Per se and test-cross performance. **Crop Science**, Madison, **29**(2):320-4, 1989.
- MISOVIC, M.; TATKOVIC, S.; MIHAJLDVIC, M.; KAPOR, S.; TRIFUNOVIC, V.; DUMANOVIC, J. Variability of content and fatty acid composition of oil in maize and breeding potential. **Plant Breeding Abstracts**, Cambridge, **50**(3):181, Mar. 1980.
- MITRA, R. & BHATIA, C.R. Bioenergetic consideration in the improvement of oil content and quality in oil seed crops. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, **54**(1):41-7, 1979.
- MORENO-GONZALES, J.; DUDLEY, J.W.; LAMBERT, R.J. A design III study of linkage disequilibrium for percent oil in maize. **Crop Science**, Madison, **15**(6):840-3, 1975.
- N.I.L. Newport Instruments Limited. Use of Newport Quantity Analyser. Newport Pagnell. Buckingham shire, England. 40p. 1972.

PATERNIANI, E. Genética e melhoramento de milho. In: **Cultura e adubação de milho**. São Paulo, Instituto Brasileiro de Potassa. 1966. p.109-52.

PATERNIANI, E. Relação entre tamanho do embrião do milho avaliado visualmente e o teor de óleo. **Relatório Científico do Instituto de Genética**, Piracicaba, n.6, p.86-90, 1972.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 8ª ed. São Paulo, Livraria Nobel, 1978. 430p.

PLEWA, M.J. & WEBER, D.F. Monosomic analysis of fatty acid composition in embryo lipids of *Zea mays* L. **Genetic**, Austin, **81**(2):277-86, 1975.

PONELEIT, C.G. & BAUMAN, E. Diallel analysis of fatty acids in corn (*Zea mays* L.) oil. **Crop Science**, Madison, **10**(4):338-41, 1970.

RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacionais do milho baseados em famílias não endógamas. Piracicaba, 1978, 112p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

RAMAN, R.; SARKAR, K.R.; SINGH, D. Correlations and regressions among oil content, grain yield and yield componentes in maize. **Indian Journal Agricultural Science**, New Delhi, 53(5):285-8, 1983.

RISSI, R.; VIEGAS, G.P.; PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Comportamento de híbridos e populações de milho (*Zea mays* L.) de porte baixo, em duas densidades de plantio e em quatro locais. **Relatório Científico do Departamento de Genética**, Piracicaba, n.10, p.186-960, 1976.

RISSI, R. Estimação de parâmetros genéticos em duas subpopulações de variedades de milho (*Zea mays* L.) Piranão. Piracicaba, 1980, 60p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

RUSCHEL, R. & BAUMAN, L.F. Seleção para alto teor de óleo no grão numa população de milho opaco-2. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, 8(8):239-44, 1973.

SANTOS, M.X. Estudo do potencial genético de duas raças brasileiras de milho (*Zea mays* L.) para fins de melhoramento. Piracicaba, 1985. 186p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

SCHADLEY, J. & WEBER, D. Location of chromosomal regions controlling fatty acid composition of embryo oil in *Zea mays* L. **Canadian Journal of Genetic and Cytology**, Ottawa, 28(2):260-5, 1986.

SHEATA, A.H. & DRAWN, N.L. Genetic analysis of grain yield in maize as manifested in genetically diverse varietal populations and their crosses. **Egyptian Journal of Genetic and Cytology**, Giza, 4:90-116, 1975.

SMITH, L.H. Ten generation of corn breeding. In: DUDLEY, J.W., ed. **Seventy generations of selection for oil protein in maize**. Madison, Crop Science Society of America, 1974. p.65-94.

SOUZA JÚNIOR, C.L. Variâncias genéticas interpopulacionais e suas relações com a obtenção e seleção de híbridos. Piracicaba, 1988. (Livre-Docência - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

SOUZA JR, C.L.; GERALDI, I.O.; ZINSKY, J.R. Estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos de alguns caracteres na população de milho *Zea mays* L. Suwan. **Relatório Científico do Departamento de Genética**, Piracicaba, n.14, p.146-52, 1980.

- SOUZA JUNIOR, C.L.; SANTOS, M.X.; MAGNAVACA, R.GAMA, E.E.G.
Estimativas de parâmetros genéticos na Interpopulação de milho BR-105 x BR-106 e suas implicações no melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, 28(4):473-9, Abril, 1993.
- SPRAGUE, G.F. & BRIMHALL, B. Quantitative inheritance of oil in the corn Kernel. **Agronomy Journal**, Madison, 41(1):30-3, 1949.
- SPRAGUE, G.F.; MILLER, P.A.; BRIMHALL, B. Additional studies of the relative effectiveness of two systems of selection for oil content of corn Kernel. **Agronomy Journal**, Madison, 44(6):329-31, 1952.
- TATIS, H.A. Seleção para alto teor de óleo na semente de milho e seus efeitos sobre caracteres agronômicos. Piracicaba, 1990. 126p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- TIWARI, P.N.; GAMBHIR, P.N.; RAJAN, T.S. Rapid and non destructive determination of seed oil by pulsed nuclear magnetic resonance technique. **Journal of the American Oil Chemists Society**, Illinois, 51(3):104-9, 1974.

TOSELLO, G.A. & GERALDI, I.O. Correlações genéticas e fenotípicas envolvendo caracteres de planta e da qualidade do grão na população ESALQ-VD opaco de milho. **Relatório Científico do Departamento de Genética**, Piracicaba, (14):190-3, 1980a.

TOSELLO, G.A. & GERALDI, I.O. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para caracteres da planta e da qualidade do grão na população de milho ESALQ-VD opaco. **Relatório Científico do Departamento de Genética**, Piracicaba, (14):183-90, 1980b.

TRIFONOVIC, V.; RATKOVIC, S.; MISOVIC, M.; KAPOR, S.; DUMANOVIC, J. Variability in content and fatty acid composition of maize oil. **Maydica**, Bergamo, 20(4):175-83, 1975.

VARGAS, J.E.; MOLINA, J.D. & CERVANTES, T. Selección masal y parámetros genéticos en la variedad de maiz ZAC 58. **Agrociencia**, Chapingo, 48:93-181, 1982.

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR, W.E., org. **Melhoramento e Genética**. São Paulo, Melhoramento, 1969. p.17-38.

VENCOVSKY, R. Progresso esperado na seleção ewcorrente, recíproca baseada em famílias de meios irmãos e plantas prolifíticas. **Relatório Científico do Departamento de Genética**, Piracicaba, 9:192-6, 1975.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., ed. **Melhoramento e Produção de Milho**. Campinas, Fundação Cargill, 1987. vol.1, p.137-209.

WIDSTROM, N.W. & JELLUM, M.D. Chromossomal location of genes controlling oleic and linoleic composition in the germ oil of two maize inbreds. **Crop Science**, Madison, 24(6):1113-5, 1984.

ZANOTTO, M.D. Variabilidade genética e endogamia em duas populações de milho (*Zea mays* L.) contrastantes para teor de óleo. Piracicaba, 1986. 62p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

ZIMBACK, L. Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em uma variedade de milho dentado braquítico opaco (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1985. 169p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).