**SELEÇÃO RECORRENTE FENOTÍPICA PARA MELHORAMENTO
DA QUALIDADE PROTÉICA EM DUAS POPULAÇÕES
DE MILHO (*Zea mays* L.) NÃO OPACO.**

ANTONIO AUGUSTO FRANCO GARCIA

Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior

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

P I R A C I C A B A
Estado de São Paulo - Brasil
Agosto - 1993

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

Garcia, Antonio Augusto Franco
G216s Seleção recorrente fenotípica para melhoramento da
qualidade protéica em duas populações de milho
(Zea mays L.) não opaco. Piracicaba, 1993.
125p.

Diss.(Mestre) - ESALQ
Bibliografia.

1. Milho - Composição química 2. Milho - Melhoramen
to 3. Milho - Seleção fenotípica 4. Proteína de milho-
Qualidade - Melhoramento I. Escola Superior de Agricul
tura Luiz de Queiroz, Piracicaba

CDD 633.15

SELEÇÃO RECORRENTE FENOTÍPICA PARA MELHORAMENTO
DA QUALIDADE PROTÉICA EM DUAS POPULAÇÕES
DE MILHO (*Zea mays* L.) NÃO OPACO.

ANTONIO AUGUSTO FRANCO GARCIA

Aprovada em: 27/08/1993

Comissão julgadora:

Prof.Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior	ESALQ/USP
Prof.Dr. Geraldo Antonio Tosello	ESALQ/USP
Prof.Dr. José Djair Vendramim	ESALQ/USP

Prof.Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior
Orientador

Aos meus pais WILSON e MAURA,
e aos meus irmãos ZAIRA, ANA
LÚCIA e ALEXANDRE

DEDICO

À Luciana

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior, pela orientação, estímulo e amizade, dedicados desde a época de iniciação científica, até a conclusão deste trabalho;

Ao Prof.Dr. Geraldo Antonio Tosello, pela orientação e amizade no decorrer do curso;

Ao Prof.Dr.Isaías Olívio Geraldi, pelo apoio e incentivo;

Aos amigos do curso de pós-graduação, particularmente a Maria Cristina Falco, José Baldin Pinheiro e Luís Antônio dos Santos Dias;

Aos funcionários Antônio Jocelino Desidério e Alfredo de Araújo, pela ajuda na condução dos experimentos;

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para que este trabalho fosse concluído.

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE TABELAS	vi
LISTA DE FIGURAS	xiii
RESUMO	xv
SUMMARY	xvii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Composição química dos grãos	4
2.2. Uso na alimentação	5
2.3. Mutantes para qualidade protéica	7
2.3.1. Ação dos principais genes	7
2.3.2. Vantagens nutricionais do opaco-2 ...	10
2.3.3. Efeitos pleiotrópicos do gene opaco-2 em caracteres agronômicos	12
2.4. Melhoramento para qualidade protéica	17
3. MATERIAL E MÉTODOS	24
3.1. Populações utilizadas	24
3.2. Obtenção dos ciclos	25
3.3. Renovação das sementes	29
3.4. Avaliação dos ciclos	30
3.4.1. Qualidade protéica	30
3.4.2. Caracteres agronômicos	35
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	38
4.1. Qualidade protéica	38
4.1.1. Teor de triptofano	38

4.1.1.1. Efeito do pólen (xênia) no no teor de triptofano dos grãos	38
4.1.1.2. Efeito dos ciclos de seleção.	39
4.1.2. Teor de proteína	44
4.1.3. Relação triptofano/proteína	45
4.2. Caracteres agronômicos	47
4.2.1. Peso de espigas	47
4.2.2. Peso de grãos	49
4.2.3. Rendimento	51
4.2.4. Prolificidade	52
4.2.5. Altura da planta	54
4.2.6. Altura da espiga	55
4.2.7. Posição relativa da espiga	57
4.2.8. Comprimento da espiga	58
4.2.9. Diâmetro da espiga	59
4.2.10. Número de fileiras por espiga	60
4.2.11. Número de grãos por fileira	61
4.3. Considerações finais	62
5. CONCLUSÕES	65
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	67
TABELAS	81
FIGURAS	111

LISTA DE TABELAS

Tabela <u>n</u>	Página
1 Quadro da análise de variância, com fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), soma de quadrados (SQ), quadrados médios (QM) e teste F, correspondentes aos modelos matemáticos usados...	34
2 Médias do teor de triptofano para cada ciclo seletivo (em % do grão, m, e em % da população original, mo) de IG-1, IG-2 e da testemunha ESALQ VD2-o ₂ , nas três análises laboratoriais.....	82
3 Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter teor de triptofano (% do grão)	83
4 Médias do teor de triptofano dos experimentos de polinização controlada, para cada ciclo seletivo (em % do grão, m, e em % da população original, mo) de IG-1, IG-2 e da testemunha ESALQ VD2-o ₂ , na análise conjunta	84
5 Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação da análise de variância conjunta dos experimentos de polinização controlada, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter teor de triptofano (% do grão)	85

6	Parâmetros da regressão linear para o caráter teor de triptofano nos grãos (%), nas populações IG-1 e IG-2, nas análises individuais e conjunta: coeficiente linear da reta (a), coeficiente angular da reta (b), b em porcentagem de a (b%), coeficiente de determinação (R^2), equação da reta de regressão linear (Eq)	86
7	Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter teor de triptofano (% do grão)	87
8	Médias da relação triptofano/proteína (%) para cada ciclo seletivo (em valores originais, m, e em % da população original, mo) de IG-1, IG-2 e da testemunha ESALQ VD2-oz, nas análises 1, 2 e conjunta	88
9	Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para a relação triptofano/proteína (%)	89
10	Parâmetros da regressão linear para a relação triptofano/proteína (em %), nas populações IG-1 e IG-2, na análise conjunta dos experimentos de polinização controlada: coeficiente linear da reta (a), coeficiente angular da reta (b), b em por-	

centagem de a ($b\%$), coeficiente de determinação (R^2), equação da reta de regressão linear (Eq)...	90
11 Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter peso de espigas (Kg/parcela).....	91
12 Parâmetros da regressão linear para o caráter peso de espigas (Kg/parcela), nas populações IG-1 e IG-2, na análise conjunta: coeficiente linear da reta (a), coeficiente angular da reta (b), b em porcentagem de a ($b\%$), coeficiente de determinação (R^2), equação da reta de regressão linear (Eq).....	92
13 Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter peso de grãos (Kg/parcela).....	93
14 Parâmetros da regressão linear para o caráter peso de grãos (Kg/parcela), nas populações IG-1 e IG-2, na análise conjunta: coeficiente linear da reta (a), coeficiente angular da reta (b), b em porcentagem de a ($b\%$), coeficiente de determinação (R^2), equação da reta de regressão linear (Eq).....	94

- 15 Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter rendimento (peso de grãos/peso de espigas, %). 95
- 16 Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter prolificidade (número de espigas por planta) 96
- 17 Parâmetros da regressão linear para o caráter prolificidade, nas populações IG-1 e IG-2, na análise conjunta: coeficiente linear da reta (a), coeficiente angular da reta (b), b em porcentagem de a (b%), coeficiente de determinação (R^2), equação da reta de regressão linear (Eq) 97
- 18 Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter altura da planta (m) 98
- 19 Parâmetros da regressão linear para o caráter altura da planta (m), nas populações IG-1 e IG-2, na análise conjunta: coeficiente linear da reta (a), coeficiente angular da reta (b), b em porcentagem de a (b%), coeficiente de determinação (R^2), equação da reta de regressão linear (Eq) ... 99

20	Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter altura da espiga (m).....	100
21	Parâmetros da regressão linear para o caráter altura da espiga (m), nas populações IG-1 e IG-2, na análise conjunta: coeficiente linear da reta (a), coeficiente angular da reta (b), b em porcentagem de a (b%), coeficiente de determinação (R^2), equação da reta de regressão linear (Eq)...	101
22	Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter posição relativa da espiga	102
23	Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter comprimento da espiga (cm).....	103
24	Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter diâmetro da espiga (cm).....	104

- 25 Parâmetros da regressão linear para o caráter diâmetro da espiga(m), nas populações IG-1 e IG-2, na análise conjunta: coeficiente linear da reta (a), coeficiente angular da reta (b), b em porcentagem de a (b%), coeficiente de determinação (R^2), equação da reta de regressão linear (Eq)... 105
- 26 Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter número de fileiras da espiga 106
- 27 Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter número de grãos por fileira 107
- 28 Médias envolvendo todos os locais para os caracteres peso de espigas (PE em ton/ha), peso de grãos (PG, em ton/ha), rendimento (RD, em porcentagem), prolificidade (PROL, número de espigas/planta), altura da planta (AP, em m), altura da espiga (AE, em m), posição relativa da espiga ($POS=AE/AP$). Populações IG-1 e IG-2, nos ciclos 0 e IV, e testemunha ESALQ VD2-02 108
- 29 Médias envolvendo todos os locais para os caracteres comprimento da espiga (CE, em cm), diâmetro da espiga (DE, em cm), número de fileiras (NF),

número de grãos por fileira (NGF). Populações IG-1 e IG-2, nos ciclos 0 e IV, e testemunha ESALQ VD2-02 109

30 Médias das análises conjuntas para os caracteres teor de proteína (PROT, em % do grão), peso de espigas (PE, em ton/ha), peso de grãos (PG, em ton/ha), rendimento (RD, em porcentagem), prolificidade (PROL, número de espigas por planta), altura da planta (AP, em m), altura da espiga (AE, em m), posição relativa da espiga (AE/AP), comprimento da espiga (CE, em cm), diâmetro da espiga (DE, em cm), número de fileiras (NF) e número de grãos por fileira (NGF). Populações IG-1 e IG-2, nos ciclos 0 a IV, testemunha ESALQ VD2-02 110

LISTA DE FIGURAS

Figura nº	Página
1 Alteração no nível de triptofano (% do grão), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta	112
2 Alteração no nível de proteína (% do grão), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta	113
3 Alteração na relação triptofano/proteína (%), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta	114
4 Alteração no peso de espigas (ton/ha), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta	115
5 Alteração no peso de grãos (ton/ha), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta	116
6 Alteração no rendimento (em %), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta..	117
7 Alteração na prolificidade (número de espigas por planta), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta	118
8 Alteração na altura da planta (m) em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta..	119

9	Alteração na altura da espiga (m) em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta..	120
10	Alteração na posição relativa da espiga, em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta	121
11	Alteração no comprimento da espiga (cm), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta	122
12	Alteração no diâmetro da espiga (cm), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta	123
13	Alteração no número de fileiras da espiga, em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta	124
14	Alteração no número de grãos por fileira, em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta	125

SELEÇÃO RECORRENTE FENOTÍPICA PARA MELHORAMENTO
DA QUALIDADE PROTÉICA EM DUAS POPULAÇÕES
DE MILHO (*Zea mays* L.) NÃO OPACO.

Autor: Antonio Augusto Franco Garcia

Orientador: Cláudio Lopes de Souza Júnior

RESUMO

Os grãos de milho são considerados fonte de energia nas dietas, em função de seu alto teor de carboidratos e por apresentar proteína de baixa qualidade, pobre nos aminoácidos essenciais lisina e triptofano. O gene mutante opaco-2 eleva consideravelmente os níveis desses aminoácidos, mas apresenta efeitos pleiotrópicos negativos em caracteres agrônômicos importantes, tais como peso, densidade dos grãos e sua qualidade física. Tais problemas provocaram dificuldade de aceitação comercial em larga escala de genótipos opacos.

O objetivo deste trabalho foi verificar a viabilidade de melhorar a qualidade protéica através de seleção recorrente fenotípica, sem introdução do gene opaco-2, evitando, portanto, os problemas associados a este mutante. Para tanto, foram realizados quatro ciclos deste método de melhoramento em duas populações desenvolvidas no Departamento de Genética da ESALQ/USP, denominadas IG-1 e IG-2, com seleção para teor de triptofano com 20% de intensidade. Usou-se como testemunha a variedade ESALQ VD2-opaco.

Os resultados mostraram a ocorrência de pequeno aumento nos níveis de triptofano para IG-1 (cerca de 0,7% por ciclo) e não alteração em IG-2. Conclui-se

que este reduzido ganho deve ter ocorrido devido a problemas nas populações e/ou no método de melhoramento usado. Houve aumento na relação triptofano/proteína para IG-1 (1,26% por ciclo), e os teores de proteína não se alteraram para as duas populações. A qualidade protéica da testemunha foi superior à das populações mesmo após a realização dos quatro ciclos. Verificou-se também a ocorrência de efeito de xênia sobre o teor de triptofano dos grãos.

Mediu-se a alteração em caracteres agronômicos, verificando-se reduções, ao longo dos ciclos, no peso de espigas e de grãos, prolificidade (apenas para IG-1) e diâmetro da espiga (apenas para IG-1). Houve pequena diminuição da altura da planta e da espiga, o que é vantajoso. As variáveis rendimento (peso de grãos/peso de espigas), posição relativa da espiga (altura da espiga/altura da planta), comprimento da espiga, número de fileiras de grãos e número de grãos por fileira, não se alteraram. Estas respostas correlacionadas devem ter ocorrido devido à presença de correlações genéticas entre caracteres. Deste modo, o baixo ganho associado às alterações desfavoráveis em caracteres agronômicos indicam que este método de seleção proposto, possivelmente, não é eficiente para elevar a qualidade protéica e contornar os problemas presentes em populações de milho opaco.

PHENOTYPIC RECURRENT SELECTION FOR IMPROVING
PROTEIN QUALITY IN TWO NON-OPAQUE MAIZE
(*Zea mays* L.) POPULATIONS.

Author: Antonio Augusto Franco Garcia

Adviser: Prof.Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior

SUMMARY

The maize kernels are considered as food and feed energy source because of the high level of carbohydrates and poor protein quality; essential aminoacids as lysine and tryptophan are quantitatively low in the protein contents. Maize genotypes *o2o2*, known as opaque maize, increase the levels of these aminoacids in the protein, but they present negative pleiotropic effects on important agronomic traits as, for example, grain yield, kernel density, and increase the grains physical damage. Due to these problems, the opaque maize cultivars have not been accepted by the farmers.

Thus, a phenotypic recurrent selection was carried out in two non-opaque maize populations aimed to verify the possibility of improving protein quality, without the problems caused by the pleiotropic effects of the opaque maize. The populations used were IG-1 and IG-2 developed at the Department of Genetics, ESALQ/USP. Four cycles were completed, and a 20% selection intensity for tryptophan content in the kernels has been used; about 250 ears were analysed in each cycle. The original and the four selection cycles were evaluated in three locations for agronomic traits; for protein and tryptophan content a separated trial was carried out because the plants in the plots were hand-pollinated.

Results showed no increase in tryptophan content in the IG-2 population, whereas for IG-1 population it was observed a small increase (0.60% per cycle); the protein content did not increase in both populations; the ratio tryptophan/protein increased at 1.25% per cycle in IG-1 population. The check ESALQ VD2-o2 (opaque maize cultivar) was superior than both populations for protein quality, as expected, even after four selection cycles have been completed. The results showed, also, the pollen effects on the tryptophan content. Agronomic traits as grain yield, unhusked ear weight, prolificacy, ear diameter, and plant and ear height, decreased with selection cycles. The ratios grain yield/unhusked ear weight and ear height/plant height, ear length, ear row number, and kernel number per row, did not show any change with selection cycles.

The changes in the agronomic traits that decreased with selection cycles could have occurred because of the negative genetic correlations between tryptophan content and those traits. Therefore, phenotypic recurrent selection in non-opaque maize cultivars was not able to increase at reasonable rates the protein quality of maize kernels. Furthermore, negative changes in the grain yield were observed. These results show that it may be difficult to increase protein quality and, simultaneously, overcoming the problems associated with opaque maize cultivars through recurrent selection.

1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma espécie muito cultivada no Brasil e no mundo, sendo utilizado em rações para animais, predominantemente aves e suínos, e como alimento para crianças e adultos. É o cereal que apresenta maior número de produtos industrializados. Seus grãos são usados principalmente como fonte de energia, em função do alto teor de amido que apresentam, numa forma facilmente digerível e de baixo custo. Alguns tipos especiais de milho são de interesse na produção de alimentos. É o caso do milho doce (sugary-1), que apresenta características próprias para enlatamento e consumo na forma de milho verde. O milho ceroso (waxy), que apresenta amido com 100% de amilopectina, é usado como fonte produtora de glucose e outros produtos da indústria alimentícia, tais como pudins, sorvetes, gomas, cremes e sopas. Outro tipo é o milho de alta amilose (amylose-extender), de grande utilidade na manufatura de produtos industriais como filmes, plásticos, celofane e adesivos (TOSELLO, 1987).

A proteína do milho é classificada como de baixa qualidade, por apresentar níveis reduzidos dos aminoácidos essenciais lisina e triptofano, sem os quais há ocorrência de deficiências nutricionais. Este fato impossibilita seu uso como fonte protéica exclusiva, requerendo suplementações nas dietas (GLOVER & MERTZ, 1987).

A identificação do fenótipo opaco por Jones & Singleton nos Estados Unidos, na década de 20 (NELSON, 1971) e a posterior descoberta de que o gene mutante opaco-2 (oz) provoca aumento sensível nos níveis de lisina e triptofano (MERTZ et alii, 1964), mostrou novas perspectivas do uso do milho. A potencialidade que o milho opaco apresenta como fonte de proteína de boa qualidade tem sido descrita em trabalhos de nutrição, principalmente para animais monogástricos na fase jovem, onde lisina e triptofano são limitantes para o bom desenvolvimento (TOSELLO, 1987). Estudos comparativos entre milho normal e opaco mostraram a vantagem deste na alimentação de ratos (MERTZ et alii, 1965) e suínos (CROMWELL et alii, 1968; MANER, 1972). Na alimentação humana, o opaco também se mostrou superior ao milho normal (PRADILLA et alii, 1972). Levantou-se então a possibilidade de combater a desnutrição humana utilizando-se milho opaco na dieta, substituindo-se os cultivares normalmente usados por similares opacos (CLARK et alii, 1977). Seu emprego em rações para animais monogástricos e aves, reduzindo a necessidade de suplementação protéica, também foi sugerido (MENTEN, 1982).

Porém, genótipos opacos apresentam problemas ocasionados por efeitos pleiotrópicos do gene oz em características agronômicas, tais como redução da densidade dos grãos (tornando-os mais quebradiços) e da produtividade. Isto provocou sua baixa aceitação pelos agricultores, com uso aquém do esperado (GLOVER & MERTZ, 1987).

As duas principais propostas para contornar esse problema são: 1) uso de genes modificadores do oz , conferindo-lhe endosperma vítreo

(mais denso); 2) seleção para elevar a qualidade protéica de milhos normais, sem introdução do gene α_2 , através dos métodos de seleção empregados com sucesso para outros caracteres (ZUBER & HELM, 1972). Estes autores obtiveram sucesso com esta segunda alternativa, elevando o teor de lisina em populações de milho normal.

O presente trabalho teve por objetivo investigar esta segunda alternativa, ou seja, estudar a possibilidade do uso de seleção recorrente fenotípica (massal) para elevar o teor de triptofano, em duas populações, IG-1 e IG-2, sem introdução do gene *opaque-2*. Buscou-se então elevar a qualidade protéica, evitando os problemas oriundos da introdução do gene mutante. Para tanto, foram realizados quatro ciclos de seleção nestas populações, selecionando-se as progênies superiores com 20% de intensidade.

Foram medidas alterações nos teores de triptofano, proteína e na relação triptofano/proteína, para verificar se o método empregado alterou estes caracteres. Foi investigado o efeito do genótipo do grão de pólen, dito efeito de xênia, no teor de triptofano, visando inferir sobre como a seleção e avaliação devem ser feitas.

Mudanças ao longo dos ciclos em caracteres agronômicos relativos à produção, ao porte das plantas e às dimensões da espiga, foram quantificados, uma vez que influem na produtividade.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Composição química dos grãos

A composição química dos grãos de milho varia em função de fatores como tipo de semente, solo, fertilizante e condições climáticas. Em termos médios, consiste em cerca de 70% de amido, 10% de proteína, 5% de lipídios e 2% de açúcares (TOSELLO, 1987). O milho plantado no Brasil possui teores de proteína variando entre 8,94 e 12,5% (ZIMBACK, 1985; TOSELLO et alii, 1987).

O grão de milho é uma cariopse, com uma semente por fruto. WATSON (1977) dividiu os grãos em endosperma (82,3%), embrião (11,5%), pericarpo (5,3%) e ponta (0,8%), sendo que o endosperma possui alto teor de amido (87,6%). Já o embrião, se analisado separadamente, sem secagem artificial, possui 33,5% de lipídios, 18,3% de proteína e 8,0% de amido (EARLE et alii, 1946).

O amido dos grãos é uma mistura de polímeros de alto peso molecular, feito de unidades de D-glucose. Milhos dentados e flint possuem cerca de 27% de amilose e 73% de amilopectina. Os grãos possuem também 5%, em média, de lipídios, do qual cerca de 85% deste total está presente no embrião. Este lipídio é de grande interesse para fins industriais (GLOVER & MERTZ, 1987).

Com respeito às proteínas presentes no embrião, mais ricas em lisina e triptofano que as

proteínas do endosperma, sabe-se que cerca de 40% destas são solúveis em ácido e 55% em álcali. A solubilidade sugere consistirem em albuminas, globulinas e nucleoproteínas, principalmente. O endosperma por sua vez possui 44% de suas proteínas solúveis em álcool, 26% solúveis em ácido e 28% solúveis em álcali (GLOVER & MERTZ, 1987).

O principal problema da proteína do endosperma do milho não opaco é a sua deficiência nos aminoácidos essenciais lisina e triptofano. Este problema foi descrito por OSBORNE & MENDEL (1914).

Os baixos níveis de aminoácidos essenciais, aliados ao reduzido teor total de proteína, implica no valor nutricional inferior da proteína do milho. Deste modo, a utilização do milho como fonte protéica não é eficiente. Além disso, cerca de 50% da proteína total é representada por zeína, que é de baixa digestibilidade para animais monogástricos (TOSELLO, 1987).

Variações na composição química dos grãos têm sido observadas entre diferentes variedades de milho. Com respeito aos aminoácidos, principalmente lisina, triptofano e metionina, muitas diferenças têm sido reportadas (BRESSANI et alii, 1962; TELLO et alii, 1965). Isto deve indicar presença de variabilidade genética, que pode ser explorada através do melhoramento genético.

2.2. Uso na alimentação

O milho no mundo é usado principalmente como alimento para humanos (27%) e animais (65%), além do seu uso industrial. É o principal ingrediente usado na formulação de rações para monogástricos, principalmente para suínos e aves. Em função da baixa qualidade

protéica, é necessária a adição de suplementos, sendo que o principal deles é a soja, que contribui para elevar os níveis dos aminoácidos lisina e triptofano (TOSELLO, 1987).

GLOVER & MERTZ (1987) afirmam que 50% da proteína das dietas no mundo provêm de cereais. Nos países em desenvolvimento, os cereais contribuem com cerca de 70%, sendo que o trigo (*Triticum aestivum* L.), arroz (*Oryza sativa* L.) e milho proporcionam aproximadamente 50% das calorias e 50% da proteína total à população.

Nos países subdesenvolvidos, a proteína animal não é disponível para grande parte da população, ao contrário do que ocorre nos países desenvolvidos. Deste modo, a proteína vegetal pode ser considerada uma importante alternativa (TOSELLO, 1987).

Nas Américas Central e do Sul, o milho é muito importante na nutrição humana. A maneira como é consumido varia de região para região, sendo uma forma muito comum na América Latina o consumo associado a leguminosas, como feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) (PRADILLA et alii, 1972). Contudo, o milho não opaco não é suficiente para suprir as exigências nutricionais de crianças em fase de crescimento, podendo haver ocorrência de diversas doenças, como a pelagra (GLOVER & MERTZ, 1987).

Até recentemente, não havia preocupação com a qualidade nutricional dos cereais consumidos, mas sim com a quantidade. Posteriormente, descobriu-se que a ingestão de altas concentrações de proteína de baixa qualidade em adultos pode até resolver o problema da subnutrição, mas é antieconômica, uma vez que há grandes perdas através da urina e fezes. Assim sendo, a demanda

por cereais de melhor qualidade protéica aumentou (PRADILLA et alii, 1972).

PRADILLA et alii (1972) afirmam que, apesar do problema da qualidade protéica ser contornável por alternativas como o uso de mistura de vegetais ou fontes alternativas de proteína, nem sempre essas informações são compreendidas pela população de baixa renda, que é a fração da população que apresenta problemas de nutrição mais graves. Assim, uma boa alternativa seria o fornecimento de alimentos com alta qualidade protéica, porém fenotipicamente idênticos aos normalmente usados.

ALTSCHUL (1972) afirma que não há esforço nos países subdesenvolvidos para a produção de fontes alternativas de proteína. O principal objetivo é elevar o consumo de leguminosas e proteína animal, o que deve ser difícil a curto prazo, além de não ser suficiente para acompanhar a alta taxa de crescimento populacional. Neste contexto, percebe-se a importância de fontes vegetais de proteína de alta qualidade.

O melhoramento para qualidade protéica do milho poderia ser de grande auxílio na solução de muitos problemas nutricionais encontrados no mundo, por tornar rica em proteína esta fonte alimentar de baixo custo e boa aceitação (ZUBER & HELM, 1972).

2.3. Mutantes para qualidade protéica

2.3.1. Ação dos principais genes

Atualmente são conhecidos diversos genes mutantes, capazes de provocar alterações nas propriedades físicas e químicas dos grãos de milho. Alguns, por exemplo, influenciam o tipo de amido, sua temperatura de

gelatinização e digestibilidade. Outros alteram a qualidade e quantidade das frações protéicas.

Entre os genes mutantes para qualidade protéica aparecem como mais promissores o opaco-2 (α) e o floury-2 (fl₂), tidos como mutantes para alta lisina (TOSELLO, 1987). O duplo mutante fl₂ mostrou também possuir alto teor de lisina, com o fenótipo da semente podendo aproximar-se muito do milho opaco (NELSON et alii, 1965).

O estudo das propriedades do gene opaco-2 foi iniciado pelo grupo da Universidade de Purdue nos EUA (MERTZ et alii, 1964). Este mutante modifica a proteína do endosperma, elevando sensivelmente o conteúdo de lisina e triptofano deste, conferindo, portanto, maior qualidade protéica aos grãos. Entretanto, reduz as proporções de outros aminoácidos, tais como ácido glutâmico, alanina e leucina (GLOVER & MERTZ, 1987).

Além destes genes, ditos de alta lisina, outros mutantes para qualidade protéica têm sido identificados. Pode-se citar como exemplo o opaco-7 (α ₇) (MISRA et alii, 1972), opaco-6 (α ₆) e floury-3 (fl₃) (MA & NELSON, 1975), e o mucronate (Mc) (SALAMINI et alii, 1983). A ação primária destes mutantes não é totalmente conhecida, mas sabe-se que reduzem a síntese de zeína em diferentes níveis, quando comparados aos milhos normais. Cada mutante possui um efeito diferente sobre os vários grupos de polipeptídeos da fração zeína (SALAMINI et alii, 1983).

Dos diversos genes mutantes descritos, alguns possuem pouca viabilidade de uso em função de graves efeitos associados. Por exemplo, os genes opaco-6 e floury-3 causam efeitos letais nos "seedlings" (MA & NELSON, 1975), o opaco-7 provoca efeitos negativos no

desenvolvimento dos grãos e acúmulo de proteína total (SALAMINI et alii, 1983).

O mutante floury-2 não tem sido usado pelos melhoristas, principalmente por provocar redução no peso de grãos e produtividade a campo, apresentar grande variabilidade na qualidade dos grãos e qualidade protéica intermediária entre o opaco-2 e os milhos normais (MARTINIELLO et alii, 1978). Além disso, os grãos apresentam alta umidade na colheita (GLOVER & MERTZ, 1987).

A grande ênfase nos programas para obtenção de milhos de alta qualidade protéica (ditos QPM, do inglês "quality protein maize") tem sido o uso do gene oz e genes modificadores deste, com maior chance de êxito. Inicialmente, tentou-se introduzir o gene mutante em linhagens melhoradas via retrocruzamentos, para posterior obtenção de híbridos. Porém, a presença de efeitos pleiotrópicos negativos mostrou a necessidade de estudos adicionais para contornar esse problema (GLOVER & MERTZ, 1987).

MISRA et alii (1976) mostraram que a fração zeína isolada do milho opaco-2 possuía supressão da síntese do polipeptídeo Z1, de alto peso molecular (25 kd). No milho floury-2, na fração zeína, os principais componentes dos maiores polipeptídeos foram igualmente suprimidos.

LEE et alii (1976) demonstraram que há redução do depósito de zeína para o alelo flz . Isto também se confirma para o alelo α (SOAVE et alii, 1976, 1978), cujo acúmulo de zeína cessa precocemente durante o desenvolvimento do endosperma, não havendo praticamente acúmulo 35 a 40 dias após a polinização, em oposição aos 50 dias no endosperma normal (TSAI, 1979). Além disso, há

aumento aparente nas frações albumina e globulina (NELSON, 1969). Com raras exceções, as diferenças no conteúdo de aminoácidos entre genótipos mutantes para qualidade protéica e genótipos normais, ocorrem no endosperma (GLOVER & MERTZ, 1987).

A atividade da enzima RNase é muito maior nos genótipos opaco-2, que nos normais (WILSON & ALEXANDER, 1967; TSAI, 1979). LEE & TSAI (1984) afirmam que esta maior atividade pode explicar a hipótese da degradação do mRNA da zeína, após a transcrição, no endosperma. Isto implicaria na redução do acúmulo de zeína, já citada anteriormente. Os mutantes também apresentam término precoce do acúmulo de amido, levantando a hipótese de alteração nas enzimas responsáveis por essa síntese (BAENZIGER & GLOVER, 1977).

O gene *oz* altera a concentração de óleo e ácidos graxos (RUSCHEL & BAUMAN, 1973) e aumenta o nível de potássio nos grãos (GOODSELL, 1968). Apesar desse gene alterar também os teores de fósforo, magnésio, ferro e zinco, as únicas mudanças de magnitude considerável são em lisina, triptofano, potássio e zinco (GLOVER & MERTZ, 1987).

2.3.2. Vantagens nutricionais do opaco-2

O milho opaco-2, de alta qualidade protéica, tem sido sugerido como alimento para suprir as necessidades protéicas de crianças em idade pré-escolar (PRADILLA et alii, 1972) e adultos (CLARK et alii, 1977).

A superioridade do opaco-2 em dietas para animais tem sido amplamente demonstrada. MERTZ et alii (1965) demonstraram isto em pesquisas com ratos, e GIPP & CLINE (1972) e KEMM et alii (1977), com suínos.

MANER (1972) concluiu que o milho opaco-2 pode ser usado como única fonte de proteína da dieta de suínos nas fases de engorda, pré-gestação e gestação, sem redução da performance. Porém, para leitões recém-nascidos e em fase de crescimento, bem como fêmeas lactantes, há necessidade de fornecer suprimento protéico.

MENTEN (1982) comparou versões opaco e normal da população de milho Piranão, para nutrição de suínos. O opaco apresentou 80% a mais de lisina e maiores níveis dos aminoácidos triptofano, treonina, arginina, valina e histidina. A versão opaco necessita, assim, de menor adição de suplementos protéicos nas dietas.

PRADILLA et alii (1972) mostraram que a doença conhecida como "kwashiorkor", que é uma severa deficiência de proteínas em crianças, pode ser curada com o uso de opaco-2 como única fonte protéica. GRAHAM et alii (1980a,b) mostraram que milhos sugary-2 e opaco-2 são adequados como fonte de energia e proteína para adolescentes e crianças.

Estudos de nutrição de frangos têm sido conduzidos. FONSECA et alii (1970) mostraram que o opaco-2 promoveu maior taxa de crescimento que o milho normal, mas uma suplementação com lisina foi necessária para maximização desta taxa. CROMWELL et alii (1968) compararam dietas contendo soja misturada com milho normal e soja misturada com milho opaco, verificando a superioridade desta segunda.

THOMAS et alii (1976) estudaram o efeito de mutantes oz e genótipos normais misturados com soja na alimentação de bovinos. Não houve efeito significativo do uso de genótipos mutantes.

Estas citações mostram que cultivares de

milho com melhor qualidade protéica podem ser importantes na alimentação humana, de suínos e aves.

2.3.3. Efeitos pleiotrópicos do gene opaco-2 em caracteres agronômicos

O genótipo ozo2 provoca redução na produtividade, porque reduz o peso dos grãos e densidade do endosperma. A qualidade física do grão é reduzida, já que o endosperma fica quebradiço, causando perdas na colheita, manuseio e armazenamento (LAMBERT et alii, 1969; FEIST & LAMBERT, 1970; PAEZ & ZUBER, 1973; FORNASARI et alii, 1975; MARTINIELLO et alii, 1978; BARREIRO NETO et alii, 1982). O endosperma menos compacto provoca baixa aceitação pela indústria de moagem, já que requer mudança nas técnicas usualmente empregadas (GLOVER & MERTZ, 1987).

ZUBER & HELM (1972) afirmaram que os principais efeitos pleiotrópicos negativos do gene opaco-2 são reduções na produtividade, maior teor de umidade dos grãos na colheita e menor compactação do endosperma. Estas alterações contribuíram para sua menor aceitação com fins comerciais.

LAMBERT et alii (1969) observaram menor produção (8%) e peso de grãos (5%) entre 18 híbridos com o gene α introduzido por retrocruzamento. SREERAMULU & BAUMAN (1970) mostraram que o fenótipo de 28 híbridos opacos possuíam peso e produção de grãos reduzidos (cerca de 11%), quando comparados com os híbridos normais.

TOSELLO (1978) estudou os efeitos do gene opaco-2 sobre caracteres agronômicos e observou que estes efeitos variam em função da população usada e local da mensuração. Para produção de grãos, altura da planta e

espiga, comprimento e diâmetro do sabugo não foram notadas diferenças entre as versões normal e opaco das populações, o que indica que os efeitos do opaco-2 devem ser melhor investigados, já que podem não apresentar conseqüências negativas.

A produtividade de híbridos de alta qualidade protéica foi revisada por Glover (1976)¹, citado por GLOVER & MERTZ (1987). Híbridos opaco-2 do Corn Belt dos EUA apresentaram 80 a 90% da produção dos híbridos normais. A proteína dos híbridos variou entre 8,6 e 10,7%, e o conteúdo de lisina de 39,4 a 47,4 g por Kg de proteína. Outros híbridos opacos do Corn Belt, mais recentes e melhorados geneticamente, apresentaram produção de grãos variando de 86 a 100% em relação aos híbridos normais, alguns sendo até ligeiramente superiores, indicando que o melhoramento genético pode permitir obtenção de genótipos opacos tão produtivos quanto os anteriores comumente usados. LAMBERT et alii (1969) detectaram híbridos opaco-2 com produção superior a dos normais.

O gene *o2* interage com a constituição genética do endosperma, o que pode explicar porque alguns híbridos ou cultivares com este gene possuem produção de grãos inferior, enquanto outros são iguais ou até superiores aos genótipos normais. É também conhecido que há diferenças entre genótipos de opaco-2 para teor de lisina e teor de triptofano (GLOVER & MERTZ, 1987). Essa variabilidade deve ser melhor investigada, uma vez que

¹Glover, D.V. Improvement of protein quality in maize, p.68-97. In: H.L. WILCKE (ed.). Improving the nutritional quality of cereals II. Washington, D.C., 1976.

materiais superiores podem ser identificados.

Nos estudos iniciais de milhos com alta qualidade protéica, julgava-se que a baixa produtividade do opaco-2 era associada à baixa densidade de seu endosperma. Assim sendo, foi proposta seleção para obtenção de milhos opacos com endosperma vítreo (mais denso) para resolver este problema (VASAL, 1972). Alguns autores (DUDLEY et alii, 1971; MOTTO et alii, 1978) afirmam que este procedimento não é eficiente, já que densidade do grão e produtividade não possuem correlação significativa, sendo possivelmente independentes.

Correlações negativas são relatadas entre densidade de grãos e caracteres relativos à qualidade protéica (tais como teores de lisina, triptofano e proteína). Contudo, esses valores de correlação são frequentemente baixos e muitas vezes não significativos (GLOVER & MERTZ, 1987).

GUPTA et alii (1975), estudando populações de milho normal e com o gene opaco-2, encontraram correlações negativas e significativas entre caracteres da qualidade protéica e componentes da produção (especialmente na presença do gene opaco-2). Observaram ainda, correlação positiva entre porcentagem de proteína e de lisina.

A umidade na colheita de híbridos opaco-2 geralmente é superior em até 20% à dos híbridos normais (PAEZ et alii, 1969b). BAENZIGER & GLOVER (1979) notaram que os genótipos opaco-2 possuíam maior umidade nos grãos, durante o desenvolvimento, quando comparados aos genótipos normais. Muitas vezes, porém, esta diferença não ocorreu no momento da colheita.

GLOVER & MERTZ (1987) citam que milhos opaco-2 possuem pericarpo mais fino que os genótipos

normais, afetando a umidade do grão. MARTIN et alii (1980) porém, não encontraram diferenças significativas na espessura do pericarpo entre grãos normais e os de grãos opacos.

Nos primeiros híbridos opacos obtidos, havia alta incidência (até 89%) de grãos quebrados (LAMBERT et alii, 1969). GLOVER & MERTZ (1987) afirmam que os milhos opaco-2 são pouco resistentes a danos mecânicos na colheita e manuseio, por possuir endosperma com baixa densidade, o que o torna mais sujeito a quebras.

O endosperma opaco-2 normalmente é associado à grande suscetibilidade a doenças e pragas de grãos armazenados (GUPTA et alii, 1979). Estas pragas podem se tornar um sério problema, principalmente nas regiões de clima tropical e subtropical (GLOVER & MERTZ, 1987).

A taxa de germinação de genótipos opaco-2 é inferior à de genótipos normais. Sugere-se a presença de correlação negativa e de pequena magnitude entre os caracteres associados à qualidade protéica e à emergência dos "seedlings" (LOESCH et alii, 1978; LOESCH & BAILEY, 1980). JONES & TSAI (1977) mostraram que a zeína é mais rapidamente mobilizada que outras proteínas durante a germinação, o que pode comprovar porque os milhos opaco-2 (com menos zeína) germinam mais lentamente.

DUDLEY et alii (1971) estudaram a variabilidade e relações entre caracteres em famílias de meios-irmãos de 4 sintéticos opaco-2 (Syn Ao2-0, Syn Ao2-I, SSSS- α e Syn D.O.-o2). Os autores indicam que é possível melhorar o teor de lisina e a produção de grãos simultaneamente. Aumento no teor de lisina eleva a relação lisina/proteína e, possivelmente, o teor de

proteína, implicando porém em redução da densidade dos grãos, em função da correlação negativa entre estes caracteres.

Muitas sugestões são propostas para contornar os problemas mencionados anteriormente, oriundos da introdução do gene opaco-2. Uma delas é a seleção direta nas populações com o gene mutante, melhorando-as. Outra é o uso de genes modificadores do opaco-2. A respeito destes genes modificadores, GLOVER & MERTZ (1987) indicam, como mais promissores, os que conferem endosperma vítreo, mais denso.

PAEZ et alii (1969a,b) observaram a presença de genótipos opaco-2 com grãos com endosperma fenotipicamente metade translúcidos e metade opacos. Estas frações não diferiram no conteúdo de lisina, suscitando a possibilidade de se obter mutantes com fenótipo semelhante ao milho normal.

Algumas combinações do opaco-2 com outros genes mutantes para endosperma têm sido investigadas, com a finalidade de combinar as características destes genes num mesmo material, além de melhorar os defeitos que os grãos opaco-2 apresentam, tais como baixa densidade e alta umidade (TOSELLO, 1974). Mutantes para alteração no amido, tais como floury-2:opaco-2, amylose extender:opaco-2, dull:opaco-2, waxy:opaco-2 e mutantes deficientes em amido como sugary-2:opaco-2, brittle-1:opaco-2, brittle-2:opaco-2, shrunken-2:opaco-2 e shrunken-4:opaco-2 exibiram peso e tamanho de grãos reduzidos em relação aos milhos normais e opaco-2 (GLOVER & MERTZ, 1987).

GLOVER & MERTZ (1987) afirmam que, apesar dos esforços para melhorar caracteres agrônômicos dos genótipos opaco-2, o progresso obtido não tem sido ainda

suficiente para produzir materiais estáveis e produtivos de maneira comparável aos híbridos comumente usados, o que não indica falta de perspectivas, já que o milho opaco não foi tão estudado e melhorado como os milhos normais. As pesquisas com este mutante centram-se principalmente nos EUA, Brasil, Colômbia, Itália e países da Europa Ocidental. Na opinião destes autores, uma maximização das características de materiais com o gene opaco-2 será conseguida através do uso de genótipos adequados para receber este gene.

A aceitação do milho opaco pelos consumidores é variável em função da região estudada. GLOVER & MERTZ (1987) revisaram este assunto na literatura, observando que em certos países, tais como Bolívia e Guatemala, há regiões que apresentam facilidade de aceitação. Já em certas regiões da Colômbia e do Brasil, isto não ocorre.

2.4. Melhoramento para qualidade protéica

Diversos estudos com raças e variedades de milho mostraram a presença de variabilidade genética nos teores de proteína e/ou aminoácidos (FREY et alii, 1949; MILLER et alii, 1952; EL-ERYANI & FLEMING, 1968; PAEZ et alii, 1969c; GOERTZ et alii, 1978).

WOODWORTH & JUGENHEIMER (1948) afirmam que o teor de proteína deve ser um caráter quantitativo, controlado por 20 a 40 genes de ação predominantemente aditiva. Trabalhos da literatura afirmam que o teor protéico é fortemente influenciado pelo genótipo, com pouca influência ambiental (ZUBER et alii, 1954; GENTER et alii, 1956). MOTTO (1979) sugere que a ação gênica que controla o teor protéico é predominantemente aditiva.

Estudos de SAUBERLICH et alii (1953) mostraram que os aminoácidos respondem de modo diferente ao aumento no teor de proteína total; enquanto leucina, alanina, fenilalanina e prolina aumentaram, arginina, glicina, lisina e triptofano diminuíram. Alguns aminoácidos, como isoleucina, cistina, histidina, metionina, serina, tirosina, ácido aspártico e glutâmico, permaneceram inalterados.

CHOE et alii (1976) reportaram altos valores para estimativas de herdabilidade para teor de lisina (cerca de 80%) no cultivar de polinização livre Logan County. Para proteína, as estimativas foram menores (cerca de 50%). Os autores sugerem dois sistemas operando na síntese de lisina: um deles associado ao gene opaco-2 *per se*, e um segundo envolvendo outros genes quantitativos. Esses dois sistemas aparentemente complementam-se de maneira aditiva.

GOERTZ et alii (1978) também obtiveram estimativas elevadas de coeficientes de herdabilidade (70 a 85%) para vários caracteres associados a lisina e proteína. A estimativa para teor de triptofano foi de 27%, num estudo com 85 acessos de germoplasma coletado nas principais áreas de cultivo das regiões andinas. Desses 85 acessos, 62 correspondiam a coletas em campos de agricultores, 19 a cultivares melhorados e 4 a populações experimentais.

Estes resultados, mostrando a presença de variabilidade genética para caracteres relativos à qualidade protéica, indicam a alternativa de melhoramento da qualidade protéica através de seleção recorrente, sem o uso de mutantes específicos. Isto poderia ser vantajoso, já que elevaria a qualidade protéica sem as alterações agronômicas desfavoráveis associadas aos genes

mutantes (ZUBER & HELM, 1972; GLOVER & MERTZ, 1987). É necessário porém, melhor conhecimento do fenômeno, porque autores como EAST & JONES (1920) indicaram correlação negativa entre produtividade e porcentagem de proteína, o que é desfavorável.

KAUFFMANN & DUDLEY (1979) compararam a eficiência da seleção massal e da seleção de famílias de meios-irmãos para aumentar o nível de proteína no milho, verificando que ambos foram eficientes para tanto.

Do ponto de vista nutricional, as mudanças desejadas são o aumento de lisina e triptofano, com diminuição da leucina, que aparentemente antagoniza a utilização de isoleucina e triptofano (NELSON, 1971).

Estudos iniciais para elevar o teor de lisina em milho normal, via seleção recorrente fenotípica, foram encorajadores (ZUBER & HELM, 1972). Estes autores utilizaram três variedades de polinização aberta (Midland Yellow Dent, Logan County Composite e Reid Yellow Dent), com teor de lisina conhecido como acima da média, descrito em trabalho anterior de PAEZ et alii (1969b). Aproximadamente 75 plantas em cada variedade foram autofecundadas, analisando-se o teor de lisina e proteína dos grãos, com base numa amostra de cada espiga (30 sementes). As espigas com maior conteúdo de lisina foram selecionadas (10%), iniciando-se o primeiro ciclo, com mistura equitativa das sementes, visando obter 150 plantas no campo. Essas plantas foram intercruzadas por 2 gerações, sendo posteriormente autofecundadas. Assim, cada ciclo corresponde a 2,5 anos. O mesmo procedimento foi repetido no segundo ciclo. Observou-se um aumento na concentração de lisina dos grãos entre os ciclos 1 e 2 de 34,6% (Midland), 48,2% (Logan County) e 30,8% (Reid). Não houve alteração no

teor protéico das populações. Os autores fazem ressalvas quanto ao valor do ganho mensurado, já que os ciclos 1 e 2 não foram avaliados no mesmo ano agrícola. Podem ter havido alterações em função dos ambientes diferentes, mas como as 3 populações mostraram grande acréscimo, supõe-se que os efeitos ambientais não influenciaram demasiadamente os resultados.

Ainda neste trabalho, foram estimados valores do coeficiente de correlação entre caracteres, no segundo ciclo, nas três populações. Foram obtidos valores positivos e significativos de coeficientes de correlação entre teor de lisina e proteína, teor de lisina e peso do endosperma, e teor de lisina e peso do embrião, na população Midland (0,49; 0,21 e 0,26, respectivamente). Nas variedades Logan County e Reid, observou-se somente valor significativo de correlação entre teor de lisina e proteína (0,57 e 0,41, respectivamente). Os autores concluem que aumentos na quantidade de lisina podem ser acompanhados por elevação no teor de proteína, mas não necessariamente por aumento no embrião e densidade do endosperma, já que as estimativas de correlação não foram significativas em duas das três populações. É sugerida ação de muitos genes controlando a síntese de lisina em populações normais. Caso o sistema genético relacionado com o aumento de lisina via gene opaco-2 seja diferente deste (hipótese levantada por CHOE et alii, 1976, citado anteriormente), a combinação desses dois sistemas (via introdução do gene *oz* em populações melhoradas por seleção recorrente), poderia resultar em níveis ainda maiores desses aminoácidos.

ZIMBACK (1985) obteve valores de herdabilidade (no sentido restrito, a nível de médias) de 53,71% e 47,60%, para teor de triptofano em duas

subpopulações de grãos opacos. TOSELLO et alii (1987) encontraram valor de 43,14% para herdabilidade para teor de triptofano, ao nível de médias de progênies, em uma população de milho opaco.

Em duas populações de milho opaco, ESALQ VD2 e ESALQ VF1, foram estimados valores de herdabilidade para teor de triptofano, no sentido restrito, a nível de médias, de 28,57% para ESALQ VD2 e 31,44% para ESALQ VF1 (MAMEDE, 1991).

O efeito de seleção divergente para teor de proteína foi estudado no cultivar Burr's White, nos EUA. Após 70 ciclos, o teor alterou-se de 10,9% iniciais para 26,6% e 4,7% nas novas populações. A população selecionada para baixo teor de proteína encontra-se atualmente no nonagésimo ciclo e parece ter estabilizado por volta de 4% de proteína; a população com alto teor (32%) parece apresentar ainda potencial para responder à seleção (DUDLEY & LAMBERT, 1992).

Deutscher & Zuber (1984), em comunicação pessoal a GLOVER & MERTZ (1987), citaram a obtenção de quatro ciclos de seleção recorrente para teor de lisina em três variedades de milho normal. Duas destas apresentaram um modesto incremento de lisina e proteína, mas como a produção de grãos foi reduzida substancialmente, a seleção não foi efetiva para elevar a produtividade de lisina e proteína.

POMMER (1976) estudou o efeito de quatro ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos nas populações IAC Maya opaco-2 e IAC-1 opaco-2, visando elevar a produtividade e o teor de lisina na proteína. Foi observado aumento na produtividade e prolificidade em ambas populações, mas a relação lisina/proteína não se alterou. Detectou-se ainda a

presença de correlação negativa entre teor de lisina e produção de grãos em ambas populações, no segundo ciclo.

DOMANSKI (1991) avaliou o potencial genético para seleção recorrente recíproca de dois compostos, L-14 CIM65 Flint amarelo e L-15 CIM66 Dent amarelo, para melhoramento de caracteres agrônômicos e valor nutricional. Os resultados indicaram potencial destas populações para obtenção de híbridos comerciais, mesmo na presença do gene opaco-2.

A questão sobre correlações entre teor de proteína e produção de grãos foi levantada inicialmente por WOODWORTH & JUGENHEIMER (1948), que encontraram valores negativos em suas estimativas.

ZIMBACK (1985) encontrou correlação genética aditiva positiva entre teor de triptofano e relação triptofano/proteína em duas subpopulações de uma variedade de milho opaco ($r_A=0,829$ e $r_A=0,990$). Não encontrou correlação entre teor de triptofano e proteína, e entre peso de espigas e teor de triptofano.

TOSELLO et alii (1987) estimaram correlação genética aditiva entre teor de triptofano e relação triptofano/proteína com valor alto e positivo ($r_A=0,600$). Entre peso de grãos e teor de triptofano não foi observada correlação.

MAMEDE (1991) obteve estimativas de correlações genéticas aditivas de 0,742 entre teor de triptofano e proteína na população ESALQ VD2 opaco, e 0,279 na população ESALQ VF opaco. Entre teor de triptofano e relação triptofano/proteína, o valor encontrado foi 0,416 em ESALQ VD2 opaco. Detectou-se ainda inexistência de correlação aditiva entre teor de triptofano e peso de espigas em ambas populações.

Além da seleção recorrente, outros métodos

têm sido sugeridos para contornar o problema da introdução dos genes mutantes. É possível citar a seleção para elevar o tamanho do embrião e consequentemente a qualidade protéica, já que a proteína do embrião é de melhor qualidade (GLOVER & MERTZ, 1987).

Milhos QPM têm sido estudados pelo CIMMYT. A estratégia consiste em elevar a qualidade protéica com introdução do gene *oz*, contornando seus problemas com o uso de genes modificadores do endosperma, para torná-lo vítreo. O principal objetivo é obter populações QPM com boas características agrônômicas e potencial para obtenção de híbridos (VASAL, 1984). Num dialelo, para testar o potencial de populações QPM de climas tropical e subtropical, foram encontradas combinações promissoras, que mostraram boa heterose (VASAL et alii, 1993a,b).

No Brasil, a EMBRAPA investigou o potencial de populações QPM desenvolvidas pelo CIMMYT para a obtenção de híbridos e os resultados foram promissores, já que encontraram populações com boa adaptação e alta capacidade de combinação (MAGNAVACA et alii, 1989; GUIMARÃES et alii, 1992).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Populações utilizadas

Para realização dos ciclos seletivos, foram utilizadas duas populações de milho de polinização aberta denominadas IG-1 e IG-2. As duas populações 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 inter cruzamento das populações CMS-05 (Suwan-DMR), oriunda do Centro Nacional de Pesquisa de 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 inter cruzamento das populações CMS-06 do CNPMS e a população ESALQ PB4 do Departamento de Genética da ESALQ (Souza Jr., 1993)¹.

A testemunha usada nos experimentos foi a variedade ESALQ VD2- α , possuindo portanto o genótipo opaco-2, conferindo-lhe maior qualidade protéica, representada por elevação no teor de lisina e triptofano. Essa variedade também foi obtida no Departamento de Genética da ESALQ/USP, possuindo ciclo tardio e plantas

¹Souza Jr., C.L. Departamento de Genética, ESALQ/USP. Comunicação pessoal.

de porte relativamente alto².

3.2. Obtenção dos ciclos

As descrições dos procedimentos para a obtenção dos ciclos seletivos, citados a seguir, referem-se às duas populações, IG-1 e IG-2.

O método de melhoramento empregado para elevar o teor de triptofano, aminoácido essencial ligado à qualidade protéica, foi a seleção fenotípica (massal). Neste esquema, plantas individuais são avaliadas e selecionadas fenotipicamente, ou seja, baseando-se apenas no fenótipo (teor de triptofano, no caso). As unidades de seleção e recombinação são a mesma (genótipos individuais), e a população melhorada é obtida diretamente da recombinação dos indivíduos selecionados (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

No ano agrícola 1986/87, em área experimental localizada no Departamento de Genética, foram plantadas cerca de 2.000 sementes de cada população, utilizando-se as práticas recomendadas para a cultura do milho, com espaçamento de 1,00 m entre linhas e 0,20 m entre plantas, perfazendo um estande de 50.000 plantas por hectare.

Foram obtidas cerca de 400 espigas em cada população, pelo intercruzamento de plantas ao acaso, evitando-se, contudo, plantas com acamamento e presença de pragas e doenças. As plantas usadas como fêmeas não foram usadas como macho, e vice-versa, visando maior representatividade dos gametas presentes nas populações.

²Tosello, G.A. Departamento de Genética, ESALQ/USP. Comunicação pessoal.

Estas 400 espigas foram colhidas e encaminhadas ao galpão, onde efetuou-se seleção visual das espigas para sanidade, conformação e número de grãos resultantes da polinização. Visou-se a obtenção de aproximadamente 250 espigas em cada população.

Cada espiga foi numerada, retirando-se 20 grãos da região mediana para análises laboratoriais. O restante dos grãos foi debulhado, acondicionado em sacos de papel individualmente, e armazenado em câmara seca para evitar queda do poder germinativo (ditas sementes remanescentes).

De cada espiga, foram retiradas ainda 20 sementes, que foram misturadas e armazenadas em câmara seca. Como não houve seleção, esta mistura representa a população original. Isto foi feito para posterior avaliação dos ciclos de seleção.

As análises laboratoriais foram feitas para determinação dos teores de triptofano (% do grão) e proteína (% do grão). Calculou-se a relação triptofano/proteína, em porcentagem.

A metodologia para análise de triptofano foi a de HERNANDES & BATES (1969), onde são usadas amostras de 20 grãos moídos e desengordurados com o uso de hexano. Cerca de 90 a 100 mg das amostras são misturados com solução de papaína (obtida pela dissolução de 4 mg de papaína por ml de acetato de sódio 0,1 N) e incubados a 65°C por uma noite, com a finalidade de hidrolisar as proteínas. Um "blank" é preparado também com papaína. Após esta incubação, os tubos são agitados para que o sobrenadante fique claro. É pipetado 1 ml deste hidrolisado para um tubo contendo 4,0 ml de um reagente formado pela dissolução de 270 mg de $\text{FeCl}_3 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$ em 0,5 ml de H_2O e diluído para 1 litro com ácido acético

glacial e misturado em partes iguais a uma solução de H_2SO_4 30 N. Esta mistura é deixada em repouso por 15 minutos a 65°C . Após resfriamento, a solução é transferida para tubo de colorímetro, onde é feita a leitura a 545 nanômetros no espectrofotômetro. A curva obtida é posteriormente confrontada com uma curva padrão, possibilitando determinar o conteúdo de triptofano da amostra.

Para a proteína, utilizou-se a metodologia do Micro-Kjeldahl (A.O.A.C., 1965). São colocados 40 mg das amostras previamente desengorduradas em 2,5 ml de ácido sulfúrico concentrado, juntamente com uma solução catalista formada por 396 g de K_2SO_4 , 16,4 g de HgO e 3,2 g de CuSO_4 , durante uma hora. Após resfriamento, transfere-se o material para o destilador, lavando-se os frascos com água para dissolver sólidos aderidos na parede. É colocado sob o condensador um Erlenmeyer de 50 ml, contendo 6 ml de ácido bórico e 4 gotas do indicador. Adicionam-se, pela tubulação lateral do destilador, 10 ml de solução de $\text{NaOH-Na}_2\text{S}_2\text{O}_3$ formada por 500 g de NaOH e 50 g de $\text{Na}_2\text{S}_2\text{O}_3 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$, completados a 1000 ml com água destilada. A destilação é feita até surgir cerca de 50 ml do destilado no Erlenmeyer. Titula-se até surgir a coloração salmão (usando-se HCl 0,02 N), repetindo-se os mesmos procedimentos com prova em branco. Calculam-se as porcentagens de nitrogênio (%N) e proteína(%P), com base nas seguintes relações: $\%N = [(ml \text{ HCl da amostra} - ml \text{ HCl "blank"}) \times \text{normalidade} \times 14,007 \times 100] / \text{mg amostra}$; $\%P = \%N \times 6,25$.

De posse dos resultados das análises, efetuou-se seleção das 20% progênies superiores com base no teor de triptofano, descartando as que porventura apresentaram valor de proteína inferior a 10%. Este

esquema corresponde à seleção fenotípica, uma vez que não foram feitos testes de progênie em experimentos com repetições. Conforme citado na revisão de literatura, as estimativas do coeficiente de herdabilidade encontradas por diversos autores foram altas, permitindo supor que a seleção massal deve ser eficiente para elevar o teor de triptofano.

Observando-se os níveis de proteína nos ciclos I e II, verificou-se que eles se mantiveram constantes com a seleção para teor de triptofano. Decidiu-se então, com base nestas informações, não considerar mais este caráter na seleção, que a partir do III ciclo foi feita com base apenas no teor de triptofano (dita seleção truncada).

Retiraram-se 40 sementes de cada progênie selecionada, utilizando-se as sementes remanescentes armazenadas. Estas sementes foram misturadas, visando a obtenção de cerca de 2.000 sementes de cada população.

No ano agrícola 1987/88, estas sementes, que pertenciam ao primeiro ciclo de seleção, foram plantadas na mesma área experimental e foram repetidos os procedimentos anteriormente descritos. A obtenção das espigas polinizadas para início de novo ciclo promoveu a recombinação dos genótipos superiores, economizando-se assim uma etapa.

Cada ciclo, portanto, consistiu das seguintes etapas: 1) obtenção das espigas polinizadas; 2) análises laboratoriais; 3) seleção das plantas superiores (20% de intensidade); 4) recombinação dos genótipos selecionados, através do plantio das sementes remanescentes, coincidindo com a obtenção de novas espigas para início do próximo ciclo. Como já descrito, 40 sementes de todas as progênies da etapa 1 foram

armazenadas, pois representam o ciclo seletivo a que pertencem; estas foram usadas para posterior renovação das sementes para avaliação dos ciclos seletivos.

A repetição desse esquema, de forma recorrente, foi feita por 5 anos agrícolas, resultando assim em 4 ciclos de seleção fenotípica (massal) para teor de triptofano.

Esquemáticamente, tem-se:

ANO AGRÍCOLA	SEMENTES PLANTADAS
1986/87	CICLO 0
1987/88	CICLO I
1988/89	CICLO II
1989/90	CICLO III
1990/91	CICLO IV

3.3. Renovação das sementes

Conforme descrito anteriormente, sementes representativas de cada ciclo de seleção foram armazenadas em câmara seca. Como foram obtidas em anos agrícolas diferentes, houve necessidade de renovação destas sementes, com o plantio no mesmo ano, para posterior inclusão nos ensaios. Buscou-se assim eliminar este efeito de idades das sementes na comparação dos ciclos.

No ano agrícola 1990/91 plantaram-se lotes com cerca de 1.000 plantas dos ciclos 0, I, II e III das duas populações, e da testemunha ESALQ VD2- α . Nestes lotes efetuou-se polinização manual, visando obtenção de 400 espigas com polinização ao acaso, utilizando-se cada planta uma única vez, como macho ou fêmea, aumentando a representatividade dos gametas.

O ciclo IV estava, neste ano, na etapa de recombinação (início do V ciclo, não incluído na dissertação), não requerendo portanto renovação das sementes.

Estas espigas foram colhidas, eliminando-se as que apresentaram falhas excessivas no número de grãos e sanidade. Foram obtidas cerca de 250 espigas de sementes renovadas em cada ciclo, bem como da testemunha. Procedeu-se a debulha e mistura de 100 sementes de cada espiga, as quais foram acondicionadas em câmara seca.

3.4. Avaliação dos ciclos

3.4.1. Qualidade protéica

Para avaliar se ocorreu alteração dos teores de triptofano, proteína, e da relação triptofano/proteína ao longo dos 4 ciclos de seleção, foram instalados três experimentos no Departamento de Genética da ESALQ/USP, em Piracicaba, SP, no ano agrícola 1991/92.

O delineamento utilizado foi blocos ao acaso, com 5 repetições. As parcelas foram de 5 m², com 25 plantas por parcela. Para assegurar este estande final, foram plantadas 2 sementes por cova, efetuando-se desbaste manual aos 25 dias.

Os 11 tratamentos incluídos nos ensaios foram: IG-1 original (ciclo 0), IG-1 ciclo I, IG-1 ciclo II, IG-1 ciclo III, IG-1 ciclo IV, IG-2 original (ciclo 0), IG-2 ciclo I, IG-2 ciclo II, IG-2 ciclo III, IG-2 ciclo IV, testemunha (ESALQ VD2-02).

Dentro de cada parcela, efetuou-se polinização manual, visando evitar cruzamentos entre os

tratamentos. Isto foi feito porque os teores de triptofano e proteína foram medidos nos grãos, sendo portanto função do genótipo do endosperma (que é triplóide), devendo sofrer influência da constituição genética do pólen (xênia). Obtiveram-se cerca de 20 espigas polinizadas em cada parcela.

Foram retirados 10 grãos da região mediana de 10 espigas tomadas ao acaso em cada parcela, e misturados aos pares, totalizando 5 amostras (5 pares) com 20 sementes em cada amostra. Assim, em cada parcela obtiveram-se 5 amostras de 20 sementes, cada amostra oriunda de 2 espigas.

Estas amostras foram encaminhadas ao laboratório para análise do teor de triptofano, proteína e cálculo da relação triptofano/proteína, seguindo a metodologia descrita anteriormente. O número total de amostras analisadas foi de 275, oriundas de 5 amostras por parcela com 11 tratamentos e 5 repetições.

De posse dos resultados das análises, foram tiradas as médias das 5 observações por parcela. Este procedimento foi repetido, sendo as amostras enviadas ao laboratório, quando do término da primeira análise, para avaliar a repetibilidade das análises, o que é importante em programas desta natureza.

Um terceiro experimento foi instalado de modo idêntico, excluindo-se a polinização dentro das linhas. O objetivo foi verificar se houve efeito de xênia (grãos de pólen) no teor de triptofano nos grãos, mediante comparação destes três experimentos.

Para cada experimento, foi feita análise de variância (ANAVA) segundo o modelo matemático do delineamento (STEEL & TORRIE, 1960):

$$Y_{ij} = m + t_i + b_j + e_{ij} \dots\dots\dots(1),$$

sendo:

Y_{ij} = valor fenotípico do i-ésimo tratamento na j-ésima repetição;

m = média geral;

t_i = efeito do i-ésimo tratamento, $i = 1$ a 11;

b_j = efeito do j-ésimo bloco, $b = 1$ a 5;

e_{ij} = erro experimental associado ao tratamento i no bloco j .

O modelo foi considerado do Tipo I, onde todos os efeitos, com exceção do erro experimental, são fixos.

Havendo 11 tratamentos, o número de graus de liberdade (GL) desta fonte de variação (FV) é 10. Procedeu-se a decomposição ortogonal destes GL em ciclos da população IG-1 (4 GL), ciclos da população IG-2 (4 GL), e da comparação de IG-1 e IG-2 com a testemunha (com 2 GL).

As ANAVAS foram feitas utilizando-se o programa SAS (SAS, 1988). As somas de quadrados e os respectivos graus de liberdade de tratamentos foram desdobrados em IG-1, IG-2 e comparação IG-1 versus IG-2 versus Testemunha. Posteriormente, desdobraram-se as fontes de variação IG-1 e IG-2 em efeitos lineares e desvios, com o objetivo de se avaliar os efeitos dos ciclos de seleção. Desta maneira, foi verificado se as alterações nos caracteres estão relacionadas às diferenças nos ciclos seletivos. As variáveis independentes (eixo X) correspondem aos ciclos seletivos aplicados, e as dependentes (eixo Y) aos caracteres teor de proteína, triptofano e teor de triptofano na proteína.

Cada regressão linear associa as variáveis dependentes e independentes de acordo com a seguinte expressão (STEEL & TORRIE, 1960):

$$Y = a + bX_k + e \dots \dots \dots (2),$$

sendo:

Y = variável dependente;

a = coeficiente linear da reta;

b = coeficiente angular da reta;

X_k = k-ésima variável independente (no caso k varia de 0 a 4, ou seja, da população original à população no quarto ciclo);

e = erro experimental associado.

Essas equações foram estimadas para as 3 variáveis em questão. O parâmetro "a" estima o valor da variável analisada no ciclo 0 (se os dados puderem ser ajustados a uma reta). O valor de "b", que em termos matemáticos é a tangente do ângulo da reta, estima a alteração na variável dependente por ciclo seletivo, podendo, assim, ser usado como estimativa do ganho de seleção. Valores de "b" significativos, quando positivos, indicam aumento ao longo dos ciclos e quando negativos, indicam redução. Valores não significativos se traduzem na impossibilidade de traçar a reta. Expressou-se também "b" em porcentagem do valor de "a", ou seja, a alteração percentual por ciclo (b%).

Estimou-se o coeficiente de determinação (R^2), que mede o ajuste dos dados a reta de regressão. As médias dos diferentes ciclos foram comparadas através do teste de Duncan.

O quadro final da análise de variância segue o seguinte esquema (Tabela 1):

TABELA 1: Quadro da análise de variância, com fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL), soma de quadrados (SQ), quadrados médios (QM) e teste F, correspondentes aos modelos matemáticos usados.

FV	GL	SQ	QM	F
BLOCOS	$j-1=4$	SQB	QMB	-
TRATAMENTOS	$i-1=10$	SQT	QMT	QMT/QMR
IG-1	$m-1=4$	SQ1	QM1	QM1/QMR
LINEAR	1	SQ11	QM11	QM11/QMd1
DESVIOS	$4-1=3$	SQd1	QMd1	QMd1/QMR
IG-2	$n-1=4$	SQ2	QM2	QM2/QMR
LINEAR	1	SQ12	QM12	QM12/QMd2
DESVIOS	$4-1=3$	SQd2	QMd2	QMd2/QMR
IG1vsIG2vsTEST.	$10-4-4=2$	SQ3	QM3	QM3/QMR
RESÍDUO	$(j-1)(i-1)=40$	SQR	QMR	-
TOTAL	$ij-1=54$			

Onde:

j = número de blocos, $j=5$;

i = número de tratamentos, $i=11$;

m = número de tratamentos em IG-1, $m=5$;

n = número de tratamentos em IG-2, $n=5$.

Conforme indicado no quadro da ANAVA, os quadrados médios (QM) de IG-1, IG-2 e IG-1 versus IG-2 versus Testemunha foram testados com o QM do resíduo. Já os QM da regressão linear foram testados com os respectivos desvios. Os QM de desvios foram testados com o QM do resíduo.

Para cada caráter, efetuou-se a ANAVA conjunta das análises individuais. O modelo matemático usado foi

(COCHRAN & COX, 1969):

$$Y_{ijk} = m + t_i + l_k + (tl)_{ik} + b_j + e_{ijk} \quad (3),$$

onde:

Y_{ijk} = valor fenotípico do i-ésimo tratamento, na j-ésima repetição, na k-ésima análise;

m = média geral;

t_i = efeito do i-ésimo tratamento;

b_j = efeito do j-ésimo bloco;

l_k = k-ésima análise laboratorial;

$(tl)_{ik}$ = interação do i-ésimo tratamento com a k-ésima análise.

e_{ijk} = erro experimental.

As médias dos experimentos na ANAVA conjunta foram comparadas através do teste de Duncan. Da mesma maneira que nas ANAVAS individuais, os 10 graus de liberdade de tratamento foram decompostos, analisando-se a regressão linear.

Os quadros da ANAVA conjunta foram idênticos ao anterior, incluindo duas fontes de variação (análises e interação tratamentos x análises).

3.4.2. Caracteres agronômicos

Para verificar possíveis alterações nos caracteres agronômicos das duas populações, foram instalados seis experimentos, com polinização aberta dentro das parcelas, já que estes caracteres são controlados apenas pelo genótipo da planta mãe. Dois destes experimentos foram locados na Fazenda Caterpillar (locais 1 e 2), outros dois na Fazenda Areião (locais 3 e 4), e os restantes no Departamento de Genética da ESALQ/USP (locais 5 e 6). As três áreas localizam-se em Piracicaba, SP.

Cada experimento foi conduzido segundo delineamento em blocos casualizados, com 10 repetições. Os tratamentos foram os mesmos descritos no item anterior, bem como o tamanho das parcelas, espaçamento e estande final.

Dentro de cada parcela foram amostradas 5 plantas, nas quais mediu-se altura da planta e altura da espiga, por ocasião do florescimento. Calculou-se a relação altura da espiga/altura da planta (posição relativa da espiga). Tirou-se a média dessas 5 plantas para se efetuar as ANAVAS.

Foram anotados o número de plantas por parcela (estande) e o número de espigas colhidas. A relação número de espigas/estande indica a prolificidade de cada parcela, variável também incluída nas análises. As espigas da parcela foram pesadas antes da debulha (obtendo-se o peso de espigas, em Kg/parcela) e após a debulha (obtendo-se o peso de grãos, em Kg/parcela). Estes pesos de espigas e grãos foram corrigidos com base no estande médio de cada experimento, pelo método da covariância, onde um grau de liberdade do resíduo é subtraído em função dessas correções. A relação peso de grãos/peso de espigas, em porcentagem, foi calculada como rendimento.

Cinco espigas por parcela foram amostradas, nas quais mediu-se o comprimento (cm) e diâmetro da região central (cm). Nessas espigas mediu-se ainda o número de fileiras de grãos e o número de grãos por fileira. Foi obtida a média dessas 5 observações.

Para cada variável nesses experimentos foi feita ANAVA segundo descrição no item anterior (modelo 1), com as mesmas decomposições e análises de regressão (modelo 2). Foi feita também a ANAVA conjunta desses seis

experimentos (modelo 3), onde foi possível estudar a interação tratamentos x locais, que permite determinar se os genótipos apresentam comportamento diferencial em função do local em que se encontram. Os parâmetros da regressão foram usados para medir a magnitude das alterações que eventualmente ocorreram. As médias dos diferentes ciclos foram comparadas através do teste de Duncan.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Qualidade protéica

4.1.1. Teor de triptofano

4.1.1.1. Efeito do pólen (xênia) no teor de triptofano dos grãos

As médias do teor de triptofano para as análises com polinização controlada dentro das linhas no campo (análises 1 e 2) e de polinização aberta (análise 3) são apresentadas na Tabela 2. Nas análises 1 e 2, IG-1 e IG-2 foram, em todos os ciclos seletivos, significativamente inferiores à testemunha, o que não ocorreu na análise 3. Percebe-se ainda, que a média geral na análise 3 (0,06562) foi inferior à das análises 1 e 2 (0,08159 e 0,08653, respectivamente). A testemunha ESALQ VD2-02 possui níveis superiores de triptofano, devido a presença do genótipo $\alpha 2$. Isto não foi detectado na análise 3, já que todas as médias foram estatisticamente iguais. Essa impossibilidade de separação, além da média inferior nessa análise, permite concluir que deve haver efeito de xênia no teor desse aminoácido nos grãos, implicando na necessidade de se efetuar polinização controlada em populações nas quais se deseja mensurar esse caráter.

Os quadrados médios das análises de variância destas três análises, com regressão linear, são mostrados na Tabela 3. Observa-se que foi detectada significância para tratamentos nas análises 1 e 2, em função da diferença de IG-1 e IG-2 com a testemunha, o que também pode ser visto na Tabela 2. Percebe-se que nenhum quadrado médio significativo foi observado na análise 3, reiterando a necessidade de controle da polinização em experimentos dessa natureza.

Este efeito de xênia era esperado, já que o principal componente do grão é o endosperma, triplóide ($3n$), com $2n$ materno e n paterno, sendo portanto importante o genótipo do grão de pólen na composição química dos grãos.

4.1.1.2. Efeito dos ciclos de seleção

Uma vez conhecida a necessidade do controle da polinização, a mensuração das alterações no teor de triptofano serão feitas com base nos resultados das análises 1 e 2, onde se efetuou polinização dentro das parcelas.

As médias para os diferentes ciclos de IG-1 e IG-2 (Tabela 2) mostram que ocorreu tendência de aumento no teor de triptofano com o avanço dos ciclos (exceto para IG-2 na análise 1), mensurados em valores médios e em relação ao ciclo zero (população original). Convém lembrar que a análise 1 e 2 são idênticas, feitas apenas com intervalo de tempo entre elas. Isto foi feito com o objetivo de aumentar o número de graus de liberdade do resíduo na análise conjunta, melhorando a precisão das conclusões, além de permitir a verificação da repetibilidade dos resultados das análises laboratoriais.

Embora seja percebida essa tendência de aumento, apenas em IG-1 na análise 1 as médias mostraram tendência a um aumento consistente ao longo dos ciclos (3,275% após 4 ciclos). Para IG-1 e IG-2, na análise 2, os ciclos I a IV foram superiores ao ciclo 0, mas esse valor oscilou sem apresentar a mesma linearidade que IG-1 mostrou na análise 1. As alterações foram pequenas, já que os ciclos não diferiram entre si na análise de variância (e conseqüentemente no teste de Duncan), e nenhum deles se igualou à testemunha com o gene opaco-2. Apesar de IG-2, na análise 1, apresentar valores indicando redução ao longo dos ciclos, esta redução não foi linear e ocorreu possivelmente devido a variações experimentais.

A alteração dos valores de triptofano com o avançar dos ciclos foi mensurada através da análise de regressão linear, apresentada na Tabela 3. Observa-se que não ocorreu diferença significativa entre os ciclos de IG-1 e IG-2 nas análises 1 e 2, porque as alterações foram pequenas ou não ocorreram (o quadrado médio de IG-1 e IG-2 não foram significativos). A tendência de aumento linear nos níveis de triptofano ao longo dos ciclos foi detectada apenas para IG-1 na análise 1. Nos demais casos, isso não foi observado.

As médias da análise de variância conjunta das análises laboratoriais 1 e 2 são apresentadas na Tabela 4. Percebe-se aumento com o avanço dos ciclos e tendência à linearidade para IG-1, o que não ocorreu com IG-2. Porém, os ciclos também não diferiram entre si e nenhum valor foi estatisticamente igual à testemunha. Supõe-se também que IG-1 seja mais responsivo à seleção que IG-2, por apresentar maior alteração do ciclo 0 ao IV (2,403%).

Os quadrados médios apresentados na Tabela 5 mostram que houve diferença significativa entre tratamentos graças à superioridade da testemunha, já que não houve diferença entre os ciclos de IG-1 ou IG-2 (quadrado médio de IG-1 e IG-2 não significativo), mas sim quando de sua comparação com a testemunha. A tendência de aumento linear, com a realização dos ciclos seletivos, foi detectada apenas para IG-1 (5%), do mesmo modo que ocorreu nas análises individuais.

Os parâmetros estimados na regressão linear (para as análises 1, 2 e conjunta) são mostrados na Tabela 6. Conforme indicado também na Tabela 3, na análise 1 é possível detectar aumento linear em IG-1 com o passar dos ciclos, aumento este de 0,0062% de triptofano no grão por ciclo (indicado por b, coeficiente angular da reta, significativo). O valor inicial estimado de triptofano, ou seja, no ciclo zero, foi de 0,0773% (estimado por a, coeficiente linear da reta, significativo). O valor de b% estimado indica o valor percentual da alteração em b por ciclo, ou seja, 8,02% de aumento por ciclo sobre o valor inicial de triptofano, o que pode ser considerado bom aumento, em função da fácil aplicação do método de seleção proposto. Houve bom ajuste dos dados à reta proposta, já que o coeficiente de determinação foi alto ($R^2 = 0,95$). A equação da reta estimada ($Y = 0,0773 + 0,0062 X$) permite prever que seriam necessários, neste caso, apenas 3 ciclos para que IG-1 elevasse seus níveis de triptofano até se igualar à testemunha.

Contudo, na análise 2, IG-1 não mostrou o mesmo ganho de seleção, com b não sendo significativo e R^2 apresentando baixo valor (0,35); assim, essas estimativas não são válidas como mensuração do ganho. Já

na análise conjunta, isto foi possível (b foi significativo e R^2 alto, com valor 0,80), indicando um aumento de 0,0005% no teor de triptofano dos grãos por ciclo (ou 0,68% de a por ciclo), necessitando a realização de cerca de 32 ciclos para atingir o nível da testemunha (estimativa baseada na equação de regressão).

IG-2 não mostrou valores significativos para b nas análises individuais e conjunta, sendo estes estatisticamente iguais a zero. Não é possível afirmar que houve alteração ao longo dos ciclos, já que as equações de regressão estimadas não são significativas. Os valores de R^2 também são baixos, variando de 0,03 a 0,27. Esta população pode não ter respondido à seleção, ou ter apresentado elevações pequenas cujo valor a precisão dos experimentos não permitiu mensurar.

Com base nesses resultados, percebe-se a necessidade de alta precisão nas análises laboratoriais, porque os aumentos, que porventura tenham ocorrido, são de difícil detecção, dada sua pequena magnitude. O progresso em IG-1 foi detectado nas análises 1 e conjunta, mas b variou muito entre essas análises (0,0062% a 0,0005%) por ciclo. Como a análise conjunta apresenta maior precisão, supõe-se então que o ganho se aproxime mais de pequenos valores.

Para IG-2, o coeficiente b foi próximo de zero nas 3 análises. Isto pode ser devido, além da baixa precisão nas análises laboratoriais durante a obtenção dos ciclos e/ou avaliação destes, à ineficiência da seleção recorrente fenotípica para melhorar a qualidade protéica dessa população. A população IG-2 pode também apresentar problemas para responder à seleção, o que é função das variâncias genéticas (e herdabilidade) que apresentam para o caráter em questão.

As dúvidas quanto às causas desse pequeno (ou inexistente) progresso com seleção poderiam ser melhor entendidas com uso de delineamentos genéticos apropriados para estimar as propriedades genéticas das populações, através de parâmetros como variâncias aditiva, genética e fenotípica, coeficiente de herdabilidade (h^2) e ganho esperado com seleção (G_s). Valores baixos de h^2 e G_s nas populações indicariam a ineficiência do método proposto e problemas com as populações; valores altos por sua vez sugeririam que as análises laboratoriais não foram precisas durante a obtenção dos ciclos e/ou na sua avaliação. As médias do experimentos 1 e 2 de polinização controlada foram diferentes, pois o quadrado médio de análises foi significativo (Tabela 5), mas não houve significância na interação tratamentos x análises, o que permite concluir que não houve comportamento diferencial dos genótipos nas análises, indicando boa precisão dos resultados. Contudo, pequenas variações podem ter ocorrido, já que as médias dos experimentos diferiram.

Poucos resultados são encontrados na literatura a esse respeito para populações de milho normal. GOERTZ et alii (1978) obtiveram baixo valor de h^2 para teor de triptofano (27%), levantando a suspeita de problemas do método de seleção proposto (seleção recorrente fenotípica), que não faz usos de teste de progênie, eficiente apenas para caracteres de alta herdabilidade. MAMEDE (1991) encontrou valores de herdabilidade (a nível de médias) semelhantes a estes em duas populações de grãos opacos, ESALQ VD2 ($h^2 = 29\%$) e ESALQ VF1 ($h^2 = 31\%$). DOMANSKI (1991) também encontrou baixos valores de herdabilidade a nível de médias para teor de triptofano em uma população de milho opaco ($h^2 =$

20,80%). POMMER (1976) encontrou pequeno ganho (1,84% por ciclo) após quatro ciclos de seleção para teor de lisina, que está intimamente relacionado à qualidade protéica, em uma população de milho opaco.

A Figura 1 ilustra os valores de triptofano para IG-1 e IG-2 nos diferentes ciclos, bem como da testemunha, na análise conjunta. É possível assim notar a tendência de elevação dos níveis de triptofano em IG-1 com o passar dos ciclos, o que não ocorre em IG-2. A superioridade da testemunha é notada, e embora IG-2 aparentemente seja superior a IG-1, esta diferença não é significativa, como já foi discutido.

4.1.2. Teor de proteína

Os quadrados médios das análises 1, 2 e conjunta, com regressão linear, são apresentados na Tabela 7. Na análise 1, nenhum deles foi significativo, indicando a não ocorrência de alteração linear no teor de proteína de IG-1 e IG-2 após seleção para elevação do teor de triptofano. As populações não diferiram ao longo dos ciclos, nem entre si e nem quando comparadas com a testemunha. O quadrado médio dos desvios foi significativo apenas para IG-2 na análise 2, indicando que, neste caso, deve haver outro modelo, que não o linear, para expressar a variação dos dados.

Na análise 2, embora os quadrados médios de tratamento IG-1 e IG-2 tenham sido significativos (indicando diferenças entre os valores de proteína nos diferentes ciclos), não ocorreu alteração de forma linear nesse caráter em função da seleção. Isto também foi observado na análise conjunta, exceto que o quadrado médio de tratamentos e de IG-2 não foram significativos.

É possível então afirmar que a aplicação de seleção recorrente para elevar os níveis de triptofano não alterou o teor de proteína na população IG-1. Isto discorda dos resultados de MAMEDE (1991), que encontrou correlação genética aditiva alta e positiva ($r_a = 0,742$), entre estes caracteres, supondo que a seleção de um deles afete o outro.

Observa-se que o gene α eleva a qualidade protéica, mas não a quantidade de proteína total, pois a testemunha não diferiu das demais populações em nenhuma das análises. A média das análises foi diferente e, embora a interação tratamentos x análises não tenha sido significativa, há indicação de que os resultados das análises laboratoriais estão sujeitos a certas variações quando repetidos, pois houve diferença significativa entre as análises (Tabela 7).

A Figura 2, que inclui apenas os dados da análise conjunta, mostra que as diferenças nos níveis de proteína entre os ciclos seletivos de IG-1 e IG-2 não podem ser explicadas pela regressão linear, conforme já discutido anteriormente. A diferença entre os teores protéicos das duas populações nos diferentes ciclos, quando comparados com a testemunha, não é significativa. As médias do teor de proteína, na análise conjunta, são apresentadas na Tabela 30.

4.1.3. Relação triptofano/proteína

As médias da relação triptofano/proteína (%), nas análises 1, 2 e conjunta, são apresentadas na Tabela 8. Nota-se a tendência de aumento dos valores nas duas populações, com exceção de IG-2 na análise 1. Isto é esperado, já que foi mostrado anteriormente que o teor de

triptofano tende a aumentar e o de proteína não. ZIMBACK (1985), TOSELLO et alii (1987) e MAMEDE (1991) estimaram correlação genética aditiva positiva entre teor de triptofano e relação triptofano/proteína, o que pode explicar a presença de resposta correlacionada à seleção encontrada neste caso. Os ciclos tenderam a não diferir entre si, sendo contudo geralmente inferiores à testemunha. Não percebe-se porém linearidade nestes valores, exceto para IG-1 na análise conjunta.

Os resultados mostrados na Tabela 9 confirmam que as populações tenderam a diferir da testemunha, já que o quadrado médio de IG-1 vs IG-2 vs Testemunha foi significativo nas 3 análises. Os ciclos de IG-1 e IG-2 não diferem ao longo dos ciclos, uma vez que as populações IG-1 e IG-2 não apresentaram nenhum quadrado médio significativo. Contudo, alguns valores dessa relação chegaram a ser estatisticamente iguais aos da testemunha, como já indicado na Tabela 8. Isto ocorreu porque todos os tratamentos apresentaram o mesmo nível de proteína e pelo fato de ter ocorrido aumento do teor de triptofano.

Os parâmetros da regressão linear para IG-1 e IG-2, na análise conjunta, são apresentados na Tabela 10. Para IG-1, b foi significativo e indicou um aumento de 0,0088% na relação a cada ciclo seletivo (1,26% do valor inicial $a = 0,7000\%$ por ciclo). Houve bom ajuste dos dados ($R^2 = 0,88$) a reta $Y = 0,7000 + 0,0088 X$, sendo necessária a realização de cerca de 16 ciclos para alcançar os níveis da testemunha. IG-2, por sua vez, não mostrou b significativo, com baixo ajuste dos dados à reta ($R^2 = 0,21$), possivelmente devido a problemas na mensuração do teor de triptofano e/ou baixos valores das alterações por ciclo.

A Figura 3 ilustra as alterações na relação triptofano/proteína por ciclo seletivo na análise conjunta, mostrando a tendência à linearidade que IG-1 apresenta. Nota-se que as duas populações estão aquém da testemunha e, embora IG-2 seja ligeiramente superior a IG-1, esta diferença não é significativa.

4.2. Caracteres agrônômicos

Conforme descrito anteriormente, nos experimentos para avaliação de alterações em caracteres relacionados à produtividade, foram usados 3 ambientes, com dois experimentos cada: Fazenda Caterpillar, Piracicaba-SP (locais 1 e 2), Fazenda Areião, Piracicaba-SP (locais 3 e 4) e Departamento de Genética da ESALQ/USP (locais 5 e 6). As médias de todos os caracteres avaliados, que serão discutidos a seguir, são apresentadas na Tabela 30.

4.2.1. Peso de espigas

A Tabela 11 mostra que, com exceção do local 4, em todos locais e na análise conjunta, detectou-se diferença significativa entre tratamentos. Porém, isto deve ser devido ao fato desse experimento apresentar o maior CV dentre todos (19,53%). Essa significância pode ser atribuída principalmente a diferenças entre as populações e a testemunha, pois o quadrado médio de IG-1 vs IG-2 vs Testemunha foi significativo nos locais 1, 2, 3, 5 e 6, bem como na análise conjunta. Foram identificadas diferenças entre os ciclos de IG-1 e IG-2 apenas na análise conjunta e no local 2. Houve diferença entre os locais, mas a interação tratamentos x locais não

foi significativa (Tabela 11), indicando que não houve alteração sensível no comportamento relativo dos genótipos, quando locados em ambientes diferentes.

É possível identificar alterações lineares ao longo dos ciclos nos locais 2, 3, 6 e na análise conjunta para IG-1 e em todos locais (exceto no 4) e na conjunta para IG-2. Deste modo, percebe-se que a seleção para qualidade protéica deve ter alterado o peso de espigas ao longo dos ciclos de maneira linear.

Os parâmetros da regressão linear, para IG-1 e IG-2 na análise conjunta (Tabela 12), mostram que houve diminuição ao longo dos ciclos, já que b foi negativo e significativo ($-0,0700$ Kg/parcela/ciclo para IG-1 e $-0,1047$ Kg/parcela/ciclo para IG-2). Estes valores correspondem a redução de $-2,10\%$ em relação à população original ($a = 3,3285$ Kg/parcela) para IG-1 e $-3,28\%$ em relação à população original ($a = 3,1918$ Kg/parcela) para IG-2. Tanto para IG-1 ($R^2 = 0,96$) como para IG-2 ($R^2 = 0,97$) houve bom ajuste dos dados à reta. Estas reduções são de magnitude considerável, podendo acarretar problemas futuros, já que haverá diminuição na produtividade e conseqüente redução na produção total de triptofano por área. Isto pode ser devido à presença de correlações genéticas negativas entre caracteres, o que deve ser melhor investigado em experimentos específicos para tal fim, dada sua importância. MAMEDE (1991) não encontrou correlação significativa entre estes caracteres em uma população de milho opaco.

A Tabela 28 apresenta as médias, em ton/ha, do peso de espigas de IG-1 e IG-2 nos ciclos 0 e IV e da testemunha. Observa-se que para IG-1 do ciclo 0, que produziu $6,70$ ton/ha, ao IV, com $6,13$ ton/ha, houve redução de $0,57$ ton/ha, provocando inclusive diferença

significativa entre esses ciclos. Em IG-2, a redução de 0,80 ton/ha do ciclo 0, com 6,35 ton/ha, ao ciclo IV, com 5,55 ton/ha, também foi alta, chegando os ciclos a diferirem significativamente. Estas reduções implicaram em inferioridade significativa das duas populações no ciclo IV em relação à testemunha, o que é desvantajoso. IG-1 mostrou-se superior à IG-2 nos ciclos 0 e IV.

A Figura 4 ilustra esses resultados, mostrando o decréscimo linear em IG-1 e IG-2 com o avanço dos ciclos e a inferioridade destas populações no ciclo IV, com relação à testemunha.

4.2.2. Peso de grãos

Os quadrados médios apresentados na Tabela 13 mostram a ocorrência de diferença significativa entre tratamentos para todas análises, exceto a do local 4, que apresenta o maior coeficiente de variação ($CV = 20,67\%$). Esta significância é devida a alterações ocorridas durante os ciclos, pois detectaram-se diferenças significativas para IG-1 nas análises dos locais 2, 6 e conjunta e para IG-2 nas análises dos locais 1, 2, 5, 6 e conjunta. A comparação com a testemunha, feita por IG-1 vs IG-2 vs Testemunha, foi significativa em todas as análises, exceto nos locais 2 e 4.

Foi observada alteração linear para IG-1 ao longo dos ciclos nos locais 2, 3, 6 e na análise conjunta e para IG-2 nos locais 1, 2, 3, 6 e conjunta.

Houve diferença entre os locais e a interação tratamentos x locais foi significativa, mostrando que o caráter peso de grãos está sujeito a variações em função do ambiente em que se encontra. Os

parâmetros da regressão linear da análise conjunta, apresentados na Tabela 14, indicam que ocorreu redução significativa no peso de grãos em IG-1 de $b = -0,0566$ Kg/parcela/ciclo, ou -2,21% por ciclo em relação à população original, que produziu 2,5623 kg/parcela. A população IG-2 apresentou redução de $b = -0,0944$ Kg/parcela/ciclo, ou -3,75% em relação à população original, que produziu 2,5196 kg/parcela. Estas alterações são grandes, como as que ocorreram para o peso de espigas, e desfavoráveis, portanto. Podem ser devidas à presença de correlações genéticas negativas entre caracteres, que devem ser melhor investigadas. TOSELLO et alii (1987) não detectaram correlação significativa entre peso de grãos e teor de triptofano. MAMEDE (1991) não encontrou correlação entre estes caracteres na população ESALQ VD2 opaco, mas sim em ESALQ VF1 opaco ($r_a = 0,207$). POMMER (1976) detectou correlação negativa entre produção de grãos e teor de lisina, que também relaciona-se com qualidade protéica, em uma população de milho opaco.

Houve bom ajuste dos dados às retas de regressão, com $R^2 = 0,92$ para IG-1 e $R^2 = 0,95$ para IG-2. Essa redução no peso de grãos, associada à redução já mencionada para peso de espigas, pode causar diminuição na produção de triptofano por área.

A Tabela 28 apresenta as médias do peso de grãos (em ton/ha) de IG-1 e IG-2, nos ciclos 0 e IV, e da testemunha, na análise conjunta. Percebe-se a grande alteração que IG-1 apresentou, diminuindo de 5,15 ton/ha no ciclo 0 para 4,68 ton/ha no ciclo IV, ou seja, perdendo 0,47 ton/ha, chegando a diferir significativamente. O mesmo ocorreu com IG-2, indo de 4,98 ton/ha a 4,22 ton/ha (queda de 0,76 ton/ha). Percebe-se ainda que, no ciclo zero, as populações não

diferiram da testemunha, que produziu 4,97 ton/ha, o que ocorreu porém ao chegarem no ciclo IV. Neste ciclo, IG-1 foi estatisticamente superior à IG-2, que sofreu maior redução nesses 4 ciclos. Na Figura 5, podemos visualizar a redução linear em IG-1 e IG-2, notando que chegam a ser inferiores à testemunha.

4.2.3. Rendimento

Na Tabela 15, são apresentados os quadrados médios das análises de variância individuais e conjunta para o caráter rendimento. Observa-se que o quadrado médio de tratamentos foi significativo em todas análises, exceto nos locais 3 e 6. Esta significância é devida, principalmente, a diferenças entre as populações e a testemunha, já que não houve nenhuma diferença significativa entre os ciclos de IG-1; para IG-2, esta diferença ocorreu nos locais 2, 6 e na análise conjunta. O quadrado médio de IG-1 vs IG-2 vs Testemunha foi, por sua vez, significativo em todas análises, exceto na do local 6. Houve diferença entre os locais e a interação tratamentos x locais não foi significativa. O quadrado médio de desvios, que indica que outros modelos de regressão não lineares podem explicar a variação dos dados, foi significativo para IG-2 nas análises dos locais 2 e conjunta.

Nenhum efeito da regressão linear foi identificado para IG-2, o sendo apenas para IG-1 no local 2 ($a = 71,11$, $b = -0,3030$ e $R^2 = 0,92$), o que permite afirmar que não ocorreu alteração no rendimento ao longo dos ciclos. Caso tenha ocorrido, sua magnitude foi tão pequena que impossibilitou sua detecção.

As médias do rendimento na análise

conjunta são apresentadas na Tabela 28. É possível notar que não há diferença entre os ciclos 0 e IV de IG-1. Embora isto ocorra em IG-2, não é possível atribuir esse efeito à regressão linear. No ciclo 0, IG-2 mostrou-se superior à testemunha; os demais não diferiram significativamente da testemunha e entre si. A Figura 6 mostra que as alterações no rendimento, apresentadas por IG-1 e IG-2 com o passar dos ciclos, não são lineares.

4.2.4. Prolificidade

São mostrados, na Tabela 16, os resultados das análises de variância e regressão linear para o caráter prolificidade. O quadrado médio de tratamentos foi significativo em todas análises, exceto no local 3, principalmente devido às diferenças de IG-1, IG-2 e testemunha, já que estes quadrados médios foram significativos em todas análises, exceto nos locais 3 e 4. Diferenças entre os ciclos de IG-1 só foram detectadas na análise conjunta; a regressão linear foi significativa na análise do local 2 e na conjunta. Para IG-2, observou-se diferenças entre os ciclos nas análises dos locais 4, 6 e conjunta, porém a regressão só foi significativa nos locais 1 e 4. Houve diferença entre os locais e a interação tratamentos x locais foi significativa, mostrando que estes tratamentos podem apresentar comportamento diferencial em função do ambiente em que se encontram. O quadrado médio de desvios, indicando que deve haver outro modelo não linear para explicar a variação dos dados, foi significativo apenas para IG-2 na análise conjunta.

Os parâmetros da regressão, apresentados na Tabela 17, mostram que houve tendência de redução na

prolificidade de IG-1 com o passar dos ciclos ($b = -0,0152$, significativo, com $R^2 = 0,84$), o que é indesejável. Este valor de b corresponde a uma diminuição de $-1,43\%$ na prolificidade inicial $1,06$ (estimada por a), podendo assim ser considerada de pequena magnitude. Para IG-2, embora os valores apresentados não sejam significativos, com exceção do parâmetro a , percebe-se que o sinal de b é negativo. Nas análises dos locais 1 e 4, onde b foi significativo, seus valores foram de $b = -0,0264$ e $b = -0,0436$, respectivamente. Deste modo, estudos de correlação genética entre esse caráter e teor de triptofano também devem ser feitos, já que é de interesse do melhorista elevar a prolificidade, que é correlacionada positivamente com a produção (SOUZA JR. et alii, 1985).

A Tabela 28 apresenta as médias da análise conjunta para IG-1 e IG-2 nos ciclos 0 e IV, bem como da testemunha. Percebe-se que tanto IG-1 como IG-2 apresentam ciclo IV com valor significativamente inferior de prolificidade, embora em IG-2 esta alteração não tenha sido detectada pela regressão linear. IG-1 mostrou-se superior à IG-2, igualando-se à testemunha somente no ciclo 0, o que demonstra a importância de estudos correlacionando prolificidade e teor de triptofano.

A Figura 7 ilustra a redução na prolificidade ao longo dos ciclos seletivos. Embora a regressão linear não tenha sido significativa para IG-2, nota-se claramente a tendência de diminuição. Visualiza-se ainda a superioridade de IG-1 sobre IG-2, além do distanciamento que ocorreu com relação à testemunha, com o passar dos ciclos.

4.2.5. Altura da planta

Os resultados das análises de variância individuais e conjunta são apresentados na Tabela 18. Observa-se que o quadrado médio de tratamentos foi significativo em todas as análises, devido a diferenças entre as populações e a testemunha uma vez que o quadrado médio de IG-1 vs IG-2 vs Testemunha foi significativo em todas análises, e a diferenças entre os ciclos de IG-1, cujo quadrado médio foi significativo na análises dos locais 1, 5, 6 e conjunta e para IG-2, que apresentou significância nos locais 1, 2, 5 e na análise conjunta. Esta diferença entre os ciclos foi explicada pela regressão linear para IG-1 nas análises dos locais 2, 3, 5, 6 e conjunta e para IG-2 nos locais 2, 3 e conjunta. A interação tratamentos x locais foi significativa, além de ter havido diferença entre os locais, mostrando que há influência do local na altura da planta, como era de se esperar. O quadrado médio de desvios, indicando que outros modelos não lineares podem explicar a variação dos dados, foi significativo apenas para IG-2 na análise do local 5 e conjunta.

Os parâmetros da regressão, mostrados na Tabela 19, mostram que ocorreu redução da altura da planta ao longo dos ciclos, o que é favorável, já que maiores alturas implicam em maior acamamento. Para IG-1, a redução foi de $-0,0238$ m a cada ciclo, ou $-1,15\%$ por ciclo em relação ao valor inicial $a = 2,07$ m, com bom ajuste à reta de regressão ($R^2 = 0,97$). Para IG-2, os valores foram semelhantes, com redução de $-0,0292$ m por ciclo, ou $-1,42\%$ com relação ao valor original $a = 2,05$ m, com $R^2 = 0,79$. Embora de pequena magnitude, estas alterações podem se adicionar às resultantes de seleção

massal direta para reduzir o porte, o que é feito normalmente ao longo dos ciclos de seleção, num programa. Estudos de correlação também podem ser feitos, para auxiliar o entendimento do fenômeno.

As médias de altura da planta na análise conjunta, apresentadas na Tabela 28, mostram que a redução na altura provocou surgimento de diferença significativa entre os ciclos 0 e IV de IG-1 e IG-2. Ambas populações, no ciclo IV, tornaram-se ainda mais baixas que a testemunha, o que é vantajoso. IG-1 apresentou uma redução de 0,09 m nestes 4 ciclos; e IG-2 de 0,10 m, consideradas de pequeno valor. IG-1 e IG-2 não diferiram entre si nos ciclos 0 e IV. Esta altura elevada da testemunha provoca suscetibilidade ao acamamento.

A Figura 8 ilustra a redução na altura da planta com o avanço dos ciclos, mostrando que as populações não diferem entre si e se tornam cada vez mais distantes da testemunha, que possui plantas muito altas.

4.2.6. Altura da espiga

Os resultados das análises de variância, com regressão linear, são mostrados na Tabela 20. Nota-se que os quadrados médios significativos são praticamente os mesmos da altura da planta (Tabela 18), o que era esperado, já que esses caracteres apresentam correlação positiva (VENCovsky, 1987). Todos os quadrados médios de tratamentos foram significativos devido a diferenças entre IG-1, IG-2 e testemunha, já que o quadrado médio desta fonte de variação foi significativo em todas as análises. Houve ainda diferença entre os ciclos de IG-1, detectada nas análises dos locais 1, 5, 6 e conjunta e IG-2, notada nas análises dos locais 1, 5 e conjunta.

Houve diferença entre os locais, e a interação tratamentos x locais foi significativa, indicando diferentes valores relativos para altura da espiga em função do local em que se encontram.

Identificou-se efeito da regressão linear para IG-1 nas análises dos locais 2, 3, 5 e conjunta e IG-2 nos locais 1, 5 e conjunta. Deste modo, nota-se a tendência da altura de espiga se alterar linearmente ao longo dos ciclos seletivos.

Os parâmetros da regressão linear, apresentados na Tabela 21, indicam que a mudança foi no sentido de reduzir a altura da espiga, já que b foi significativamente negativo. Para a população IG-1, a redução foi de $-0,0154$ m/ciclo (b), ou $-1,41\%$ com relação ao valor inicial $a = 1,10$ m por ciclo, havendo bom ajuste dos dados à reta de regressão ($R^2 = 0,89$). Para a população IG-2 os valores foram semelhantes, com redução de $-0,0171$ m por ciclo, ou $-1,59\%$ com relação ao valor inicial $a = 1,08$ m, também com bom ajuste à reta ($R^2 = 0,94$). Esta redução é vantajosa, uma vez que implica em menor acamamento, fato amplamente discutido na literatura (Souza Jr., 1988)¹. Embora essa redução seja de pequeno valor, a mesma pode ser aumentada com a prática de seleção massal durante as etapas de programa de melhoramento, do mesmo modo que para altura da planta, citado anteriormente. Estudos de correlação também poderiam ser interessantes neste caso, para melhor entendimento do fenômeno.

As médias para altura da espiga na análise conjunta, apresentadas na Tabela 28, indicam que a

¹Souza Jr., C.L. Departamento de Genética, ESALQ/USP. Comunicação pessoal.

diminuição da altura ocasionou diferença significativa entre os ciclos 0 e IV, para IG-1 e IG-2. Em IG-1 a redução foi de 0,05 m nestes 4 ciclos, e em IG-2, de 0,06 m, ambas de pequena magnitude. As populações, que já diferiam da testemunha no ciclo zero, ficaram ainda mais distantes no ciclo IV, não diferindo entre si. Devido à elevada altura da planta e da espiga, a testemunha mostrou-se mais suscetível ao acamamento.

A Figura 9 mostra as alterações apresentadas pelas populações com o decorrer dos ciclos, na análise conjunta, e nota-se claramente a tendência de redução da altura da espiga, bem como o melhor porte das populações em relação à testemunha.

4.2.7. Posição relativa da espiga

Os resultados das análises de variância individuais e conjunta, apresentados na Tabela 22, mostram que todos os quadrados médios de tratamentos foram significativos devido a diferenças entre IG-1, IG-2 e a testemunha, já que somente esta fonte de variação foi significativa em todas as análises. Supõe-se então que a seleção para teor de triptofano não alterou esse caráter. Houve diferenças entre os locais, mas a interação tratamento x locais não foi significativa, como ocorreu com altura da planta e da espiga. O quadrado médio de desvios foi significativo apenas para IG-1 na análise conjunta e para IG-2 nas análises dos locais 2 e 3, indicando que existem, nestes casos, outros modelos não lineares que podem explicar a variação dos dados ao longo dos ciclos.

A Tabela 28 mostra que, tanto no ciclo 0 quanto no IV, que não diferiram entre si, as populações

IG-1 e IG-2 apresentam espigas inseridas mais abaixo na planta que a testemunha, o que lhes pode conferir maior resistência ao acamamento.

A Figura 10 apresenta a alteração na posição relativa da espiga, ao longo dos ciclos, em IG-1 e IG-2, na análise conjunta. Verifica-se que a testemunha é superior às populações, indicando sua maior suscetibilidade ao acamamento. Nota-se que não há tendência à linearidade para IG-1 e IG-2.

4.2.8. Comprimento da espiga

Os resultados das análises de variância e regressão linear, mostrados na Tabela 23, indicam que todos quadrados médios de tratamentos foram significativos, devido principalmente a diferenças entre IG-1, IG-2 e testemunha, cujo quadrado médio foi significativo em todas análises. Para IG-1 não se observou diferença significativa entre os ciclos e as regressões foram significativas nas análises dos locais 3 e 5, onde os valores de b foram negativos ($b = -0,1250$ cm/ciclo e $b = -0,1690$ cm/ciclo, significativos a 5%), indicando tendência de pequena redução no comprimento da espiga. A população IG-2, por sua vez, não apresentou nenhuma regressão significativa, embora fosse notada diferença entre ciclos nos locais 2, 5 e 6 e na análise conjunta. Houve diferença entre os locais, mas a interação tratamentos x locais não foi significativa. O quadrado médio de desvios, indicando que outros modelos não lineares podem explicar a variação dos dados, foi significativo para IG-2 nas análises dos locais 5, 6 e conjunta.

É possível afirmar que, caso tenha havido

redução no comprimento da espiga, o que é desvantajoso, esta redução foi de pequena magnitude e difícil detecção.

A Tabela 29 apresenta os valores do comprimento da espiga de IG-1 e IG-2, nos ciclos 0 e IV, na análise conjunta. Nota-se que IG-1 apresentou diferença entre os ciclos 0 e IV de 0,4 cm, mas isto não se explica pela regressão linear. IG-2 não mostrou diferença significativa entre os ciclos 0 e IV. A testemunha foi estatisticamente superior às duas populações e IG-1 superou IG-2. Estudos de correlação genética podem auxiliar na compreensão do fenômeno.

A Figura 11 mostra as alterações nas duas populações, que não são explicadas pela regressão linear. Nota-se a ligeira superioridade da testemunha.

4.2.9. Diâmetro da espiga

A Tabela 24 apresenta os resultados das análises de variância individuais e conjunta, com regressão linear. Nota-se que os quadrados médios de tratamentos foram significativos em função das diferenças entre IG-1, IG-2 e testemunha em todas as análises. Não detectou-se diferença significativa entre os ciclos para IG-1, exceto no local 2, e IG-2. A regressão linear só foi significativa para IG-1 na análise conjunta. Houve diferença entre os locais, e a interação tratamentos x locais não foi significativa. O quadrado médio de desvios só foi significativo para IG-1 na análise do local 1.

Os parâmetros da regressão linear na análise conjunta são apresentados na Tabela 25. Nota-se que para IG-1 b foi negativo, indicando ligeira redução no diâmetro da espiga de $-0,0163$ cm por ciclo, ou $-0,35\%$ do valor inicial $a = 4,60$ cm, com bom ajuste ($R^2 = 0,88$).

Esta pequena redução, provavelmente, não causará diminuições perceptíveis no diâmetro da espiga. Para IG-2, b não foi significativo, sendo estatisticamente igual a zero ($b = 0,0008$).

É possível afirmar que, caso tenham ocorrido mudanças nas duas populações, estas foram tão pequenas que apenas foram detectadas para IG-1 na análise conjunta. Não são problemas para as populações, do mesmo modo que ocorreu com o diâmetro da espiga.

A Tabela 29 mostra que a redução no diâmetro da espiga não fez que os ciclos 0 e IV de IG-1 e IG-2 diferissem estatisticamente. IG-2 mostrou maior diâmetro da espiga que IG-1 e ambas populações foram superiores à testemunha. A Figura 12 mostra a pequena redução linear no diâmetro em IG-1 e sua inferioridade com relação à IG-2, que não se alterou linearmente. Percebe-se a superioridade de ambos com relação à testemunha.

4.2.10. Número de fileiras por espiga

A Tabela 26 mostra que todos os quadrados médios de tratamento foram significativos devido principalmente a diferenças de IG-1 e IG-2 com a testemunha, com quadrado médio significativo em todas as análises. Não se detectou diferença significativa entre os ciclos de IG-1, exceto no local 1. Para IG-2, isto também ocorreu, com exceção do local 6 e da análise conjunta. A única regressão linear significativa ocorreu para IG-2, no local 2, mostrando tendência de redução ao longo dos ciclos. Os parâmetros estimados foram $a = 13,90$ fileiras; $b = -0,1480$ fileiras por ciclo; $b\% = -1,07\%$; $R^2 = 0,89$. Assim, supõe-se que não ocorreram alterações

sensíveis no número de fileiras, ou que as reduções foram tão pequenas, que somente uma análise as identificou. Não devem ser problema nos programas de melhoramento genético desta natureza. A interação tratamentos x locais não foi significativa e os quadrados médios de desvios apresentaram significância nas análises dos locais 1 e 2 para IG-1 e nas análises do local 6 e conjunta para IG-2.

Observando a Tabela 29, percebemos que IG-1 foi superior a IG-2, e ambos superiores à testemunha. Não houve diferença entre os ciclos 0 e IV dentro de cada população. A Figura 13 ilustra esta superioridade e a não significância da regressão linear.

4.2.11. Número de grãos por fileira

Todos quadrados médios de tratamentos foram significativos (Tabela 27), bem como os de IG-1 vs IG-2 vs testemunha, indicando que as diferenças com a testemunha são as principais responsáveis por esta significância. Foi observada diferença significativa entre ciclos de IG-1 e IG-2 na análise conjunta, sendo que isto também ocorreu para IG-2 no local 1. Contudo, estas não puderam ser explicadas com base na regressão linear, o que permite concluir que não ocorreu alteração linear ao longo dos ciclos. É possível concluir que este caráter não deve estar correlacionado ao teor de triptofano, podendo ser melhorado separadamente. O quadrado médio de desvios só foi significativo para IG-2 na análise conjunta.

Na Tabela 29, nota-se que o ciclo 0 foi estatisticamente superior ao ciclo IV para IG-1, embora isto não seja explicado pela regressão. Para IG-2 não houve esta diferença, sendo esta população superior à IG-

1. A testemunha foi superior a ambas populações. Estes resultados podem ser visualizados na Figura 14.

4.3. Considerações finais

Como discutido anteriormente, os aumentos no teor de triptofano não foram suficientemente grandes para que a seleção recorrente fenotípica seja recomendada para elevar a qualidade protéica em milho normal. Isto não era esperado, pois os resultados citados na literatura com seleção e estimativas de ganhos genéticos para aumentar os níveis de lisina, aminoácido também ligado à qualidade de proteína, têm sido promissores (ZUBER & HELM, 1975; CHOE et alii, 1976; GOERTZ et alii, 1978). O reduzido ganho em IG-1 e a ausência de ganho em IG-2 podem ser devidos à ineficiência da seleção massal, necessitando de empregos de métodos de melhoramento mais elaborados, com testes de progênie.

O progresso com seleção é função da variabilidade genética para teor de triptofano nas populações em questão, podendo não ter havido ganho sensível caso esta variabilidade estivesse em baixos níveis. Não há, na literatura, estimativas de parâmetros genéticos relativos à qualidade protéica em populações de milho não opaco, tais como variâncias genéticas e herdabilidade, o que impossibilita comparações. Para esclarecer estas dúvidas, devem ser conduzidos experimentos seguindo delineamentos adequados, que permitam a estimação destes parâmetros, que são muito importantes para a seleção.

Apesar de não ter sido detectado estatisticamente, a população IG-2 mostrou-se ligeiramente superior à IG-1 para qualidade protéica,

medida pelo teor de triptofano e relação triptofano/proteína. Não é possível afirmar se isto se deve ao fato da população IG-2 ser de grãos dentados e IG-1 de grãos flint, já que não há resultados a este respeito na literatura. Porém, convém lembrar que para muitos caracteres agronômicos, o tipo de grão é usado para explicar diferenças entre as populações.

Foi detectado efeito de xênia sobre o teor de triptofano dos grãos, o que dificulta os programas de melhoramento, pois além do trabalho adicional de realizar polinizações manuais, implica na necessidade de estudos básicos para determinar o tamanho mínimo adequado das parcelas em testes de progênie.

Caso seja necessário realizar estes testes, a variabilidade dentro das progênies deve ser considerada, o que varia em função do tipo de progênie usado. A uniformidade é maior em progênies S_2 , seguida de S_1 , irmãos germanos e meios-irmãos. As do tipo S_2 parecem ser mais adequadas, permitindo parcelas menores e mais uniformes, necessitando assim, de menor amostragem.

O teor de triptofano foi pouco alterado, mas caracteres para os quais a seleção não foi feita diretamente apresentaram grandes mudanças. Os pesos de espigas e grãos e a prolificidade sofreram grandes reduções, consideradas desfavoráveis por influírem na produtividade. Já as pequenas reduções na altura da planta e da espiga são consideradas favoráveis, porque reduções no porte devem reduzir o acamamento. O diâmetro da espiga diminuiu linearmente, mas em pequena intensidade, não chegando a ser problema. Os caracteres rendimento de grãos, posição relativa da espiga, comprimento da espiga, número de fileiras de grãos e número de grãos por fileira não se alteraram com a

seleção para triptofano. As correlações genéticas entre estes caracteres que se alteraram e o teor de triptofano devem ser de magnitude elevadas, pois apresentaram elevadas alterações com os ciclos de seleção. Os caracteres peso de grãos e espiga apresentaram as maiores reduções com os ciclos de seleção, quando comparados com os demais caracteres, seguidos pela prolificidade.

Uma alternativa para contornar a redução na produção de grãos seria realizar seleção para elevar a prolificidade, que possui alta herdabilidade e é correlacionada positivamente com o peso de grãos e espigas. Outra maneira seria criar índices de seleção, unindo os caracteres de modo a minimizar o efeito negativo das respostas correlacionadas.

Entretanto, os reduzidos ganhos de seleção encontrados, associados às alterações em caracteres agronômicos importantes, parecem indicar a ineficiência de seleção massal como alternativa à introdução do gene opaco-2, visando melhorar a qualidade protéica do milho.

5. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos no presente trabalho e suas interpretações permitem concluir que, pelo menos no caso das populações estudadas:

a) Há efeito do genótipo do grão de pólen, dito efeito de xênia, no teor de triptofano dos grãos;

b) O aumento no teor de triptofano é de pequena magnitude, quando se faz seleção recorrente fenotípica em milho não opaco;

c) Há redução no peso de espigas e de grãos, na prolificidade, na altura da planta e da espiga, no diâmetro da espiga, como resposta correlacionada à seleção para teor de triptofano;

d) Não há alteração, como resposta indireta à seleção, no rendimento de grãos, na posição relativa da espiga, no comprimento da espiga, no número de fileiras da espiga e no número de grãos por fileira;

e) A seleção recorrente fenotípica não é um método eficiente para melhorar a qualidade protéica em milho não opaco, em função do baixo ganho no teor de triptofano e das alterações desfavoráveis em caracteres agronômicos;

f) A alteração dos caracteres agronômicos, para os quais não foi feita seleção direta, indica possível presença de correlações entre tais caracteres e o teor de triptofano.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALTSCHUL, A.M. Worldwide needs for quality protein. In: CIMMYT - Purdue International Symposium on Protein Quality in Maize. Stroudsburg, Dowden, Hutchinson & Ross, 1972. p.3-13.

ASSOCIATION OF OFFICIAL AGRICULTURAL CHEMISTS (A.O.A.C.). Microchemical methods. In: _____. Official methods of analysis. 10 ed. St. Paul, 1965. p.740-51.

BAENZIGER, P.S. & GLOVER, D.V. Protein body size and distribution and protein matrix morphology in various mutants endosperm of *Zea mays* L. **Crop Science**, Madison, 17: 417-21, 1977.

BAENZIGER, P.S. & GLOVER, D.V. Dry matter accumulation in maize hybrids near isogenic endosperm mutants conditioning protein quality. **Crop Science**, Madison, 19: 345-9, 1979.

BARREIRO NETO, M.; SILVA, J.C.; BARBOSA, J.G.; SANT'ANNA, R. Seleção para densidade das sementes em milho (*Zea mays* L.) opaco-2 e seu efeito sobre caracteres agrônômicos e teores de proteína e lisina. **Revista Ceres**, Viçosa, 29(165): 489-502, 1982.

- BRESSANI, R.; ELIAS, L.G.; SCHRIMSHAW, N.S.; GUZMAN, M.A.
Nutritive value of Central American corns. VI. Varieties and environmental influences on the nitrogen, essential amino acids, and fat content of ten varieties. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 39: 59-67, 1962.
- CHOE, B. H.; ZUBER, M.S.; KRAUSE, G.F.; HILDEBRAND, E.S.
Inheritance of high lysine in maize. *Crop Science*, Madison, 16: 34-8, 1976.
- CLARK, H.E.; GLOVER, D.V.; BETZ, J.L.; BAILEY, L.B.
Nitrogen retention of young men who consumed isonitrogenous diets containing normal, opaque-2, or sugary-2 opaque-2 corn. *Journal Nutrition*, Philadelphia, 107: 404-14, 1977.
- COCHRAN, W.G. & COX, G.M. *Experimental Design*. London, Wiley and Sons, 1969. 610p.
- CROMWELL, G.L.; ROGLER, J.C.; FEATHERSTON, W.R.; CLINE, T.R.
A comparison of the nutritive value of opaque-2, floury-2 and normal corn for the chick. *Poultry Science*, Ithaca, 47: 840-7, 1968.
- DOMANSKI, C.E. Avaliação de dois compostos de milho opaco-2 modificado (*Zea mays* L.) para o melhoramento interpopulacional. Piracicaba, 1991. 133p. (Doutorado-Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- DUDLEY, J.W. & LAMBERT, R.J. Ninety generations of selection for oil and protein in maize. *Maydica*, Bergamo, 37: 81-7, 1992.

- 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.
- EARLE, F.R.; CURTIS, J.J.; HUBARD, J.E. Composition of the component parts of the corn kernel. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 23: 504-11, 1946.
- EAST, E.M. & JONES, D.F. Genetic studies on the protein content of maize. *Genetics*, Baltimore, 5(6): 543-610, 1920.
- EL-ERYANY, A.A. & FLEMING, A.A. Differences in free amino acids between stocks of the same long-time inbred lines of maize (*Zea mays* L.). *Crop Science*, Madison, 8: 529-32, 1968.
- FEIST, W.A. & LAMBERT, R.J. Changes in six different opaque-2 genotypes of *Zea mays* L. during successive generations of backcrossing. *Crop Science*, Madison, 10: 663-5, 1970.
- FONSECA, J.B.; ROGLER, J.C.; FEATHERSTON, W.R.; CLINE, T.R. Further studies on the nutritive value of opaque-2 corn for the chick. *Poultry Science*, Ithaca, 49: 1518-25, 1970.
- FORNASARI, E.; GENTINETTA, E.; MAGGIORE, T.; SALAMINI, F.; STANCA, A.M.; LORENZONI, C. Efficacy of the DBC test in the identification of maize inbreds with high-quality proteins. *Maydica*, Bergamo, 20: 185-95, 1975.

- FREY, K.J.; BRIMHALL, B.; SPRAGUE, G.F. The effects of selection upon protein quality in the kernel. *Agronomy Journal*, Madison, 41: 399-403, 1949.
- GENTER, C.F.; EHEART, J.F.; LINKOUS, W.N. Effects of location, hybrid, fertilizer, and rate of planting on the oil and protein of corn grains. *Agronomy Journal*, Madison, 48: 63-7, 1956.
- GIPP, W.F. & CLINE, T.R. Nutritional studies with opaque-2 and high protein opaque-2 corns. *Journal of Animal Science*, Albany, 34: 963-8, 1972.
- GLOVER, D.V.; MERTZ, E.T. Corn. In:_____. *Nutritional Quality of Cereal Grains: Genetic and Agronomy Improvement. Agronomy Monograph n°28*, Madison, 1987. Cap7, p.183-336.
- GOERTZ, P.G.; POLLMER, W.G.; VILLEGAS, E.; DHILLON, B.S. Nutritional quality of Andean maize collections and comparisions of some chemical screening methods. *Maydica*, Bergamo, 23: 221-30, 1978.
- GOODSELL, S.F. Potassium in mature kernels of normal and opaque-2 maize. *Crop Science*, Madison, 8: 281-2, 1968.
- GRAHAM, G.G.; GLOVER, D.V.; ROMANA, G.L.; MORALES, E.; MacLEAN Jr., W.C. Nutritional value of normal, opaque-2 and sugary-2 opaque-2 maize hybrids for infants and children. I. Digestibility and utilization. *Journal Nutrition*, Philadelphia, 110: 1061-9, 1980a.

- GRAHAM, G.G.; PLACKO, R.P.; MacLEAN Jr., W.C. Nutritional value of normal, opaque-2 and sugary-2 opaque-2 maize hybrids for infants and children. II. Plasma free amino acids. *Journal Nutrition*, Philadelphia, 110: 1070-5, 1980b.
- GUIMARÃES, P.E.O.; PARENTONI, S.N.; CARVALHO, H.W.L.; SILVA, A.E.; VIAU, L.V.M.; AGUIAR, C.; VASCONCELOS, M.J.V.; GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R.; SANTOS, M.X.; PACHECO, C.A.P.; FERNANDES, F.T. Potencial de utilização de híbridos amarelos de alta qualidade protéica (QPM) no Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 19, Porto Alegre, 1992. *Resumos*. FAPERGS, Porto Alegre, 1992. p7.
- GUPTA, D.; KOVACS, I.; GASPAR, L. Protein quality traits and their relationship with yield and yield components of opaque-2 and analogous normal maize hybrids and inbred lines. *Theoretical and Applied Genetics*, Heidelberg, 45: 341-8, 1975.
- GUPTA, H.O.; LODHA, M.L.; RASTOGI, D.K.; SINGH, J.; MEHTA, S.L. Nutritional evaluation of hard endosperm opaque-2 maize. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, Easton, 27(2): 390-2, 1979.
- HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. Selection: Theory. In: _____. *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. 2 ed. Ames, Iowa State University Press, 1988. Cap.6.
- HERNANDES, H.; BATES, L. A modified method for rapid tryptofan analysis in maize. *CIMMYT Research Bulletin*, Mexico, (13), 1969.

- JONES, R.A. & TSAI, C.Y. Changes in lysine and tryptophan content during germination of normal and mutant maize seed. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 54(3): 565-71, 1977.
- KAUFMANN, K.D. & DUDLEY, J.W. Selection indices for corn grain yield, percent protein and kernel weight. *Crop Science*, Madison, 19(5): 583-8, 1979.
- KEMM, E.H.; GEVERS, H.O.; SMITH, G.A.; RAS, M.N. The use of South African bred opaque-2 maize in pig growth diets. *Journal of Animal Science*, Albany, 7: 127-30, 1977.
- LAMBERT, R.J.; ALEXANDER, D.E.; DUDLEY, J.W. Relative performance of normal and modified protein (opaque-2) maize hybrids. *Crop Science*, Madison, 9: 242-3, 1969.
- LEE, L. & TSAI, C.Y. Zein synthesis in the embryo and endosperm of maize mutants. *Biochemical Genetics*, New York, 22: 729-37, 1984.
- LEE, K.H.; JONES, R.A.; DALBY, A.; TSAI, C.Y. Genetic regulation of storage protein synthesis in maize endosperm. *Biochemical Genetics*, New York, 14: 641-50, 1976.
- LOESCH, P.J. & BAILEY JUNIOR, T.B. Field emergence comparisons of opaque-2 and sugary-2 opaque-2 segregates in two maize synthetics. *Crop Science*, Madison, 20: 459-62, 1980.
- LOESCH, P.J.; WISER, W.J.; BOOTH, G.D. Emergence comparisons between opaque and normal segregates in two maize synthetics. *Crop Science*, Madison, 18: 802-5,

- 1978.
- MA, Y. & NELSON, O.E. Amino acid composition and storage proteins in two new high-lysine mutants in maize. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 52: 412-8, 1975.
- MAGNAVACA, R.; OLIVEIRA, A.C.; MORAIS, A.R.; GAMA, E.E.G.; SANTOS, M.X. Family selection of quality protein maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, Bergamo, 34(1): 63-71, 1989.
- MAMEDE, F.B.F. Estimaco de parmetros genticos e fenotpicos em duas populaes de milho (*Zea mays* L.) opaco. Piracicaba, 1991. 183p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MANER, J.H. Quality protein maize in swine nutrition. In: CIMMYT - Purdue International Symposium on Protein Quality in Maize. Stroudsburg, Dowden, Hutchinson & Ross, 1972. p.58-82.
- MARTIN, S.S.; LOESCH, P.J.; WISER, W.J. A simplified technique for measuring pericarp thickness in maize. *Maydica*, Bergamo, 29: 916, 1980.
- MARTINIELLO, P.; LORENZONI, C.; STANCA, A.M.; MAGGIORE, T.; GENTINETTA, E.; SALAMINI, F. Seed quality differences between normal, floury-2, and opaque-2 maize inbreds. *Euphytica*, Wageningen, 27: 411-6, 1978.
- MENTEN, J.F.M. Uso de milho opaco-2 na alimentao de sunos em crescimento-terminao e seus efeitos sobre o desempenho e caractersticas da carcaa. Piracicaba, 1982. 100 p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura

"Luiz de Queiroz"/USP).

MERTZ, E.T.; BATES, L.S.; NELSON, O.E. Mutant gene that changes protein composition and increases content of maize endosperm. *Science*, Washington, **145**: 279-80, 1964.

MERTZ, E.T.; VERNON, O.A.; BATES, L.S.; NELSON, O.E. Growth of rats fed on opaque-2 maize. *Science*, Washington, **148**: 1541-742, 1965.

MILLER, P.A.; HURST, T.L.; BRIMHALL, B. Relationships of lysine and niacin with the crude protein and certain protein components in corn grain. *Agronomy Journal*, Madison, **44**: 343-5, 1952.

MISRA, P.S.; JAMBANATHAN, R.; MERTZ, E.T.; GLOVER, D.V.; BARBOSA, H.M.; McWHIRTER, K.S. Endosperm protein synthesis in maize mutants with increased lysine content. *Science*, Washington, **176**: 1425-7, 1972.

MISRA, P.S.; MERTZ, E.T.; GLOVER, D.V. Studies on corn proteins. X: Polypeptides molecular-weight distribution in Landry-Moreaux fraction of normal mutant endosperm. *Cereal Chemistry*, St. Paul, **53**: 705-11, 1976.

MOTTO, M. Heritability and interrelations of seed quality and agronomic traits in a modified opaque-2 synthetic variety of maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, Bergamo, **24**: 193-202, 1979.

MOTTO, M.; LORENZONI, C.; GENTINETTA, E.; MAGGIORE, T.; SALAMINI, F. Expected genetic gain for protein related traits and allocation of resources in a modified opaque-2

synthetic. *Maydica*, Bergamo, 23: 35-43, 1978.

NELSON, O.E. Genetic modification of protein quality in plants. *Advances in Agronomy*, New York, 171-94, 1969.

NELSON, O.E. O programa de milho opaco-2 na Universidade de Purdue. In: REUNIÃO BRASILEIRA DO MILHO, 7.; SIMPÓSIO SOBRE O MILHO OPACO, 1., Viçosa, 1971. *Anais*. Viçosa, UFV, 1971. p.160-83.

NELSON, O.E.; MERTZ, E.T.; BATES, L.S. Second mutant genes affecting the amino acid pattern of maize endosperm proteins. *Science*, Washington, 150: 1469-70, 1965.

OSBORNE, T.B. & MENDEL, L.B. Nutritive properties of proteins of the maize kernel. *Journal of Biological Chemistry*, Baltimore, 18: 1-6, 1914.

PAEZ, A.V.; HELM, J.L.; ZUBER, M.S. Lysine content of opaque-2 maize kernels having different phenotypes. *Crop Science*, Madison, 9: 251-2, 1969a.

PAEZ, A.V.; HELM, J.L.; ZUBER, M.S. Kernel opacity during development and moisture content within maize ears segregating for opaque-2 and floury-2. *Agronomy Journal*, Madison, 61: 443-4, 1969b.

PAEZ, A.V.; USSARY, J.P.; HELM, J.L.; ZUBER, M.S. Survey of maize strains for lysine content. *Agronomy Journal*, Madison, 61: 886-9, 1969c.

PAEZ, A.V. & ZUBER, M.S. Inheritance of test-weight components in normal, opaque-2, and floury-2 corn (*Zea*

- mays* L.). *Crop Science*, Madison, 13: 417-9, 1973.
- POMMER, C.V. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos para produção e qualidade protéica em duas populações de milho (*Zea mays* L.) opaco-2. Campinas, 1976. 111p. (Doutorado - Instituto de Biologia / UNICAMP).
- PRADILLA, A.G.; HARPSTEAD, D.D.; SARRIA, D.; LINARES, F.A.; FRANCIS, C.A. Quality protein maize in human nutrition. In: CIMMYT - Purdue International Symposium on Protein Quality in Maize. Stroudsburg, Dowden, Hutchinson & Ross, 1972. p.27-7.
- RUSCHEL, R. & BAUMAN, L.F. Seleção para alto teor de óleo no grão numa população de milho opaco-2. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Rio de Janeiro, 8: 239-44, 1973.
- SALAMINI, F.; DI FONZO, N.; FORNASARI, E.; GENTINETTA, E.; REGGIANI, R.; SOAVE, C. Mucronate *Mc*, a dominant gene of maize which interacts with opaque-2 to suppress zein synthesis. *Theoretical and Applied Genetics*, Heidelberg, 65: 123-8, 1983.
- SAS Institute. The REG procedure. In: SAS/STAT User's Guide. Cary, NC, 1988. Cap. 28, p.773-876.
- SAUBERLICH, H.E.; CHANG, W.Y.; SALMON, W.D. The amino acid and protein content of corn as related to variety and nitrogen fertilization. *Journal Nutrition*, Philadelphia, 51(2): 241-50, 1953.

- SOAVE, C.; DOSSENA, S.; LORENZONI, C.; DI FONZO, N.; SALAMINI, F. Expressivity of the floury-2 allele at the level of zein molecular components. *Maydica*, Bergamo, 23: 145-52, 1978.
- SOAVE, C.; REGGIANI, R.; LORENZONI, C.; GENTINETTA, E.; SALAMINI, F. Expressivity of the opaque-2 gene at the level of zein molecular components. *Maydica*, Bergamo, 21: 61-75, 1976.
- SOUZA JÚNIOR, C.L.; GERALDI, I.O.; ZINSLY, J.R. Influence of tassel size on the expression of prolificacy in maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, Bergamo, 30(3): 321-8, 1985.
- SREERAMULU, C. & BAUMAN, L.F. Yield components and protein quality of opaque-2 and normal diallels of maize. *Crop Science*, Madison, 10: 262-5, 1970.
- STEEL, R.G.D. & TORRIE, J.H. *Principles and Procedures of Statistics*. New York, McGraw Hill-Book Company, 1960. 481p.
- TELLO, F.; ALVAREZ-TOSTADO, M.A.; ALVAREZ, G. A study on the improvement of the essential amino acid balance of corn proteins. 1. Correlation between racial and varietal characteristics and lysine levels of corn. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 42: 368-84, 1965.
- THOMAS, V.M.; GLOVER, D.V.; BEESON, W.M. Nitrogen and energy utilization of new endosperm types of corn with growing steers. *Journal of Animal Science*, Albany, 42: 529-34, 1976.

TOSELLO, G.A. Comparação entre populações de milho (*Zea mays* L.) opaco e normal. Piracicaba, 1978. 80p. (Livre-docência - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

TOSELLO, G.A. Evaluation of proteins and carbohydrate quality and content in selected endosperm mutants and their double-mutant combinations with opaque-2 at two immature stages of development in *Zea mays* L. Purdue, 1974. 120 p. (PhD - Purdue University, EUA).

TOSELLO, G.A. Milhos especiais e seu valor nutritivo. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., eds. **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. 2 ed. Campinas, Fundação Cargill, 1987. Cap.9, p.373-409.

TOSELLO, G.A.; SOUZA JÚNIOR, C.L.; GERALDI, I.O. Estimativa de parâmetros genéticos de caracteres da planta e da qualidade do grão em uma população de milho opaco (*Zea mays* L.). **Anais da E.S.A. "Luiz de Queiroz"**, Piracicaba, 44(1): 627-42, 1987.

TSAI, C.Y. Early termination of zein accumulation in opaque-2 maize mutant. **Maydica**, Bergamo, 24: 129-40, 1979.

VASAL, S.K. Use of genetic modifiers to obtain normal-type kernels with the opaque-2 gene. In: CIMMYT - Purdue International Symposium on Protein Quality in Maize. Stroudsburg, Dowden, Hutchinson & Ross, 1972. p.197-216.

VASAL, S.K. Approaches and methodology in the development of QPM hybrids. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO,

- 15, Maceió, 1984. *Anais*. Brasília, EMBRAPA, 1984. p.419-30.
- VASAL, S.K.; SRINIVASAN, G.; GONZÁLEZ, F.; BECK, D.L.; CROSSA, J. Heterosis and combining ability of CIMMYT'S quality protein maize germplasm: II. Subtropical. *Crop Science*, Madison, 33: 51-7, 1993a.
- VASAL, S.K.; SRINIVASAN, G.; PANDEY, S.; GONZÁLEZ, F.; CROSSA, J.; BECK, D.L. Heterosis and combining ability of CIMMYT'S quality protein maize germplasm: I. Lowland Tropical. *Crop Science*, Madison, 33: 46-51, 1993b.
- VENCOVSKY, R. Herança Quantitativa. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., eds. *Melhoramento e produção do milho no Brasil*. 2 ed. Campinas, Fundação Cargill, 1987. Cap. 5, p.135-214.
- WATSON, S.A. Industrial utilization of corn. In: SPRAGUE, G.F., ed., *Corn and corn improvement*. 2 ed. Madison, American Society of Agronomy, 1977. Cap. 13, p.721-63.
- WILSON, C.M. & ALEXANDER, D.E. Ribonuclease activity in normal and opaque-2 mutant endosperm maize. *Crop Science*, Madison, 155: 1575-6, 1967.
- WOODWORTH, C.M. & JUGENHEIMER, R.W. Breeding and genetics of high protein corn. In: HECKERDORN, H. & ANDERSON, M., eds., *What's New in the Production Storage and Utilization of Hybrid Seed Corn*, no 3. Chicago, ASTA, 1948. p.75-83.

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

ZUBER, M.S. & HELM, J.L. Approaches to improving protein quality in maize without the use of specific mutants. In: CIMMYT - Purdue International Symposium on Protein Quality in Maize. Stroudsburg, Dowden, Hutchinson & Ross, 1972. p.241-52.

ZUBER, M.S.; SMITH, G.E.; GEHRKE, C.W. Crude protein of corn grain and stover as influenced by different hybrids, plant populations and nitrogen level. *Agronomy Journal*, Madison, 46: 257-61, 1954.

TABELAS

TABELA 2. Médias do teor de triptofano para cada ciclo seletivo (em % do grão, m, e em % da população original, mo) de IG-1, IG-2 e da testemunha ESALQ VD2O₂, nas três análises laboratoriais. Médias seguidas da mesma letra não diferem ao nível de 5% no teste de Duncan.

População	Ciclo	Análise 1		Análise 2		Análise 3	
		m	mo	m	mo	m	mo
IG-1	O	0,07756 b	100,000	0,08224 b	100,000	0,06376 a	100,000
	I	0,07782 b	100,335	0,08268 b	100,535	0,06574 a	103,106
	II	0,07852 b	101,238	0,08506 b	103,429	0,06512 a	102,133
	III	0,07898 b	101,831	0,08460 b	102,870	0,06540 a	102,572
	IV	0,08010 b	103,275	0,08354 b	101,581	0,06718 a	105,364
IG-2	O	0,08326 b	100,000	0,08514 b	100,000	0,06542 a	100,000
	I	0,08294 b	99,616	0,08728 b	102,514	0,06586 a	100,673
	II	0,08188 b	98,343	0,08702 b	102,208	0,06618 a	101,162
	III	0,07992 b	95,988	0,08912 b	104,675	0,06532 a	99,847
	IV	0,08258 b	99,183	0,08676 b	101,903	0,06720 a	102,721
Testemunha		0,09388 a	--	0,09836 a	--	0,06464 a	--
Média geral		0,08159		0,08653		0,06562	

TABELA 3. Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter teor de triptofano (% do grão).

FV	GL	QM ^{a)}		
		ANÁLISE 1	ANÁLISE 2	ANÁLISE 3
TRATAMENTOS	10	1,04210*	0,9875*	0,0508
IG-1	4	0,05114	0,07285	0,07555
Linear	1	0,19470**	0,10215	0,21125
Desvios	3	0,00328	0,06310	0,03030
IG-2	4	0,08851	0,10087	0,02864
Linear	1	0,09590	0,12905	0,04560
Desvios	3	0,08605	0,09150	0,02300
IG1vsIG2vsTest	2	4,93120**	4,5900**	0,04573
ERRO	40	0,40600	0,39120	0,09480
CV(%)		7,81	7,23	4,69

a) Os quadrados médios estão multiplicados por 10⁻⁴.

*,**) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 4. Médias do teor de triptofano dos experimentos de polinização controlada, para cada ciclo seletivo (em % do grão, m, e em % da população original, mo) de IG-1, IG-2 e da testemunha ESALQ VD2- α , na análise conjunta. Médias seguidas da mesma letra não diferem ao nível de 5% no teste de Duncan.

População	Ciclo	m	mo
IG-1	0	0,07990 b	100,000
	I	0,08025 b	100,438
	II	0,08179 b	102,365
	III	0,08179 b	102,365
	IV	0,08182 b	102,403
IG-2	0	0,08420 b	100,000
	I	0,08511 b	101,081
	II	0,08445 b	100,297
	III	0,08452 b	100,380
	IV	0,08467 b	100,558
Testemunha	-	0,09612 a	-

TABELA 5. Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) da análise de variância conjunta dos experimentos de polinização controlada, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter teor de triptofano (% do grão).

FV	GL	QM ^{a)}
TRATAMENTOS(T)	10	1,94446**
IG-1	4	0,09083
Linear	1	0,2894*
Desvios	3	0,0246
IG-2	4	0,01133
Linear	1	0,0012
Desvios	3	0,0147
IG1vsIG2vsTest	2	9,51802**
ANÁLISES(A)	1	6,71593**
T x A	10	0,08512
ERRO MÉDIO	80	0,39862
CV(%)	7,51	

a) Os quadrados médios estão multiplicados por 10^{-4} .

*,**) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 6. Parâmetros da regressão linear para o caráter teor de triptofano nos grãos (%), nas populações IG-1 e IG-2, nas análises individuais e conjunta: coeficiente linear da reta (a), coeficiente angular da reta (b), b em porcentagem de a (b%), coeficiente de determinação (R^2), equação da reta de regressão linear (Eq).

POPULAÇÃO	PARÂMETRO	ANÁLISE1	ANÁLISE2	CONJUNTA
IG-1	a	0,0773**	0,0827**	0,0800**
	b	0,0062**	0,0005	0,0005*
	b(%)	8,0207	0,6046	0,6750
	R^2	0,9519	0,3505	0,7968
	Eq	$Y=0,0773+0,0062X$	$Y=0,0827+0,0005X$	$Y=0,0800+0,0005X$
IG-2	a	0,0830**	0,0861**	0,0845**
	b	-0,0004	0,0005	0,0001
	b(%)	-0,4819	0,5807	0,0473
	R^2	0,2709	0,3198	0,0270
	Eq	$Y=0,0830-0,0004x$	$Y=0,0861+0,0005x$	$Y=0,0845+0,0001x$

*,**) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 7. Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter teor de proteína (% do grão).

FV	GL	QM		
		ANÁLISE 1	ANÁLISE 2	CONJUNTA
TRATAMENTOS (T)	10	0,22707	0,43446**	0,32958
IG-1	4	0,20420	0,40238**	0,21125*
Linear	1	0,01310	0,76385	0,48860
Desvios	3	0,26790	0,28190	0,11880
IG-2	4	0,32021	0,49604**	0,53413
Linear	1	0,45695	0,02690	0,35280
Desvios	3	0,27460	0,65240**	0,59460
IG1vsIG2vsTest.	2	0,08652	0,37546	0,15717
ANÁLISES (A)	1	—	—	1,80993**
T x A	10	—	—	0,33194
ERRO	40	0,36666	0,12306	0,24486**
CV(%)		5,29	3,13	4,37

a) Erro médio, com 80 GL.

*,**) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 8. Médias da relação triptofano/proteína (%) para cada ciclo seletivo (em valores originais, m, e em % da população original, mo) de IG-1, IG-2 e da testemunha ESALQ VD2-O₂, nas análises 1, 2 e conjunta. Médias seguidas da mesma letra não diferem ao nível de 5% no teste de Duncan.

População	Ciclo	Análise 1		Análise 2		Conjunta	
		m	mo	m	mo	m	mo
IG-1	O	0,6773	b	0,7320	c	0,7047	b
	I	0,6907	b	0,7156	c	0,7032	b
	II	0,6806	b	0,7469	bc	0,7138	b
	III	0,7124	b	0,7515	bc	0,7320	b
	IV	0,6954	b	0,7731	bc	0,7342	b
IG-2	O	0,7140	b	0,7599	bc	0,7369	b
	I	0,7075	b	0,7765	bc	0,7420	b
	II	0,7364	ab	0,8036	abc	0,7700	b
	III	0,6978	b	0,8349	ab	0,7663	b
	IV	0,7325	ab	0,7600	bc	0,7462	b
Testemunha		0,8153	a	0,8605	a	0,8379	a

TABELA 9. Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para a relação triptofano/proteína (%).

FV	GL	QM		
		ANÁLISE 1	ANÁLISE 2	CONJUNTA
TRATAMENTOS (T)	10	0,00738	0,00944*	0,01442**
IG-1	4	0,00096	0,00233	0,00218
Linear	1	0,00165	0,00700	0,00770*
Desvios	3	0,00075	0,00080	0,00030
IG-2	4	0,00135	0,00519	0,00223
Linear	1	0,00035	0,00170	0,00180
Desvios	3	0,00170	0,00635	0,00240
IG1vsIG2vsTest	2	0,03228**	0,03219**	0,06332**
ANÁLISES (A)	1	—	—	0,09745**
T x A	10	—	—	0,00240
ERRO	40	0,00498	0,00356	0,00427**
CV(%)		9,87	7,71	8,78

a) Erro médio, com 80 GL.

*,**) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 10. Parâmetros da regressão linear para a relação triptofano/proteína (em %), nas populações IG-1 e IG-2, na análise conjunta dos experimentos de polinização controlada: coeficiente linear da reta (a), coeficiente angular da reta (b), b em porcentagem de a (b%), coeficiente de determinação (R^2), equação da reta de regressão linear (Eq).

POPULAÇÃO	PARÂMETRO	ESTIMATIVA
IG-1	a	0,7000**
	b	0,0088*
	b(%)	1,2571
	R^2	0,8855
	Eq	$Y=0,7000+0,0088X$
IG-2	a	0,7437**
	b	0,0043
	b(%)	0,5782
	R^2	0,2076
	Eq	$Y=0,7437+0,0043X$

*,**) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 11. Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter peso de espigas (Kg/parcela).

QM										
FV	GL	LOCAL1	LOCAL2	LOCAL3	LOCAL4	LOCAL5	LOCAL6	CONJUNTA		
TRATAMENTOS(T)	10	0,3915**	0,6252**	0,4664**	0,2282	0,4667**	0,6804**	1,7785**		
IG-1	4	0,0949	0,6564**	0,1877	0,0797	0,1478	0,4939	0,7643**		
Linear	1	0,1306	1,9785**	0,7157**	0,1409	0,3289	1,8469**	2,9388**		
Desvios	3	0,0830	0,2157	0,0117	0,0592	0,0874	0,0430	0,0394		
IG-2	4	0,6102**	0,5937**	0,0892	0,1825	0,3001	0,3042	1,6944**		
Linear	1	2,2500**	2,2650**	0,3158*	0,4812	0,9557*	1,0931*	6,5808**		
Desvios	3	0,0637	0,0366	0,0136	0,0829	0,0815	0,0413	0,0654		
IG1xIG2xTest.	2	0,5473*	0,6258*	1,7786**	0,6165	1,4377**	1,8358**	3,9753**		
LOCAIS(L)	5	—	—	—	—	—	—	34,6257**		
TxL	50	—	—	—	—	—	—	0,2160		
ERRO	89	0,1453	0,1571	0,1178	0,2088	0,1300	0,2286	0,1646**		
CV(%)		11,59	11,55	14,07	19,53	10,26	13,31	13,08		

a) Erro médio, com 534 GL.

*,**) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 12. Parâmetros da regressão linear para o caráter peso de espigas (Kg/parcela), nas populações IG-1 e IG-2, na análise conjunta: coeficiente linear da reta (a), coeficiente angular da reta (b), b em porcentagem de a (b%), coeficiente de determinação (R^2), equação da reta de regressão (Eq).

POPULAÇÃO	PARÂMETRO	ESTIMATIVA
IG-1	a	3,3285**
	b	-0,0700**
	b(%)	-2,1030
	R^2	0,9613
	Eq	$Y=3,3285-0,0700X$
IG-2	a	3,1918**
	b	-0,1047**
	b(%)	-3,2803
	R^2	0,9710
	Eq	$Y=3,1918-0,1047X$

**) Significativo a 1%.

TABELA 13. Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter peso de grãos (Kg/parcela).

QM									
FV	GL	LOCAL1	LOCAL2	LOCAL3	LOCAL4	LOCAL5	LOCAL6	CONJUNTA	
TRATAMENTOS (T)	10	0,3047**	0,4026**	0,2258**	0,1470	0,2054*	0,6296**	1,0318**	
IG-1	4	0,1547	0,4463**	0,0929	0,0560	0,0999	0,3871*	0,5194**	
Linear	1	0,0889	1,4092*	0,3606**	0,0871	0,1781	1,4090*	1,9194**	
Desvios	3	0,1766	0,1253	0,0037	0,0456	0,0738	0,0464	0,0528	
IG-2	4	0,4021**	0,4332**	0,0489	0,1241	0,2341*	0,5828**	1,4054**	
Linear	1	1,5141**	1,6078*	0,1885**	0,3047	0,7022	1,8023*	5,3490**	
Desvios	3	0,0314	0,0683	0,0024	0,0639	0,0781	0,1763	0,0906	
IG1xIG2xTest.	2	0,4101*	0,2140	0,8455**	0,3749	0,3589*	1,2082**	1,3094**	
LOCAIS (L)	5	—	—	—	—	—	—	20,9278**	
TxL	50	—	—	—	—	—	—	0,1767**	
ERRO	89	0,0977	0,1084	0,0836	0,1405	0,0830	0,1136	0,1045 ^{a)}	
CV(%)		12,22	12,42	15,43	20,67	10,53	12,21	13,48	

a) Erro médio, com 534 GL.

*, **) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 14. Parâmetros da regressão linear para o caráter peso de grãos (Kg/parcela), nas populações IG-1 e IG-2, na análise conjunta: coeficiente linear da reta (a), coeficiente angular da reta (b), b em porcentagem de a (b%), coeficiente de determinação (R^2), equação da reta de regressão (Eq).

POPULAÇÃO	PARÂMETRO	ESTIMATIVA
IG-1	a	2,5623**
	b	-0,0566**
	b(%)	-2,2090
	R^2	0,9238
	Eq	$Y=2,5623-0,0566X$
IG-2	a	2,5196**
	b	-0,0944**
	b(%)	-3,7466
	R^2	0,9515
	Eq	$Y=2,5196-0,0944X$

**) Significativo a 1%.

TABELA 15. Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter rendimento (peso de grãos/peso de espigas, em %).

QM								
FV	GL	LOCAL1	LOCAL2	LOCAL3	LOCAL4	LOCAL5	LOCAL6	CONJUNTA
TRATAMENTOS(T)								
	10	34,7635*	14,6567*	7,8297	9,4519**	20,7123**	21,4808	58,0124**
IG-1								
	4	26,3483	2,4890	3,0850	5,3197	3,3207	5,9203	10,2701
Linear	1	0,4761	9,1809**	4,0804	0,0441	0,5776	15,6025	2,3064
Desvios	3	34,9724	0,2584	2,7532	7,0900	4,2351	2,6929	12,9246
IG-2								
	4	2,6990	19,6403*	6,1047	1,5193	10,9058	47,7392*	42,5139**
Linear	1	2,5921	7,0225	0,1521	0,1600	4,7961	89,4916	42,2412
Desvios	3	2,7346	23,8462*	8,0889	1,9724	12,9424	33,8217	42,6048**
IG1xIG2xTest.								
	2	115,7227**	24,0249*	20,7690*	33,5815**	75,1088**	0,0848	184,4940**
LOCALS(L)								
	5	—	—	—	—	—	—	24,8078*
TxL	50	—	—	—	—	—	—	10,1765
ERRO	90	13,8606	6,5688	4,7519	3,7294	7,0740	17,9538	8,9897 ^{a)}
CV(%)								
		4,78	3,32	2,84	2,50	3,41	5,51	3,88

a) Erro médio, com 540 GL.

*,**) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 16. Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter prolificidade (número de espigas por planta).

QM								
FV	GL	LOCAL1	LOCAL2	LOCAL3	LOCAL4	LOCAL5	LOCAL6	CONJUNTA
TRATAMENTOS (T)	10	0,02655*	0,03590**	0,02264	0,03824**	0,07237**	0,08608**	0,15491**
IG-1	4	0,00524	0,01684	0,02804	0,03673	0,00212	0,01472	0,04137**
Linear	1	0,0004	0,0605*	0,0835	0,0441	0,0001	0,0216	0,1386*
Desvios	3	0,0069	0,0023	0,0095	0,0343	0,0028	0,0124	0,0090
IG-2	4	0,01793	0,02160	0,01864	0,05489**	0,01300	0,05527**	0,13327**
Linear	1	0,0697**	0,0246	0,0310	0,1901*	0,0199	0,0906	0,3624
Desvios	3	0,0007	0,0206	0,0145	0,0098	0,0107	0,0435	0,0570**
IG1xIG2xTest.	2	0,08642**	0,10263**	0,01986	0,00796	0,33163**	0,29042**	0,42526**
LOCAIS (L)	5	—	—	—	—	—	—	1,85148**
TxL	50	—	—	—	—	—	—	0,02538**
ERRO	90	0,01137	0,00979	0,01353	0,01497	0,00846	0,01202	0,01169**
CV(%)		12,95	11,47	11,18	11,51	8,22	9,77	10,76

a) Erro médio, com 540 GL.

*, **) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 17. Parâmetros da regressão linear para o caráter prolificidade, nas populações IG-1 e IG-2, na análise conjunta: coeficiente linear da reta (a), coeficiente angular da reta (b), b em porcentagem de a (b%), coeficiente de determinação (R^2), equação da reta de regressão linear (Eq).

POPULAÇÃO	PARÂMETRO	ESTIMATIVA
IG-1	a	1,0609**
	b	-0,0152*
	b(%)	-1,4327
	R^2	0,8378
	Eq	$Y=1,0609-0,0152X$
IG-2	a	1,0167**
	b	-0,0246
	b(%)	-2,4196
	R^2	0,6802
	Eq	$Y=1,0167-0,0246X$

*,**) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 18. Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter altura da planta (m).

QM								
FV	GL	LOCAL1	LOCAL2	LOCAL3	LOCAL4	LOCAL5	LOCAL6	CONJUNTA
TRATAMENTOS (T)								
	10	0,19331**	0,15917**	0,12097**	0,07206**	0,28778**	0,23698**	0,98406**
IG-1								
	4	0,02290*	0,01031	0,02141	0,00673	0,03520**	0,04230*	0,08720**
Linear	1	0,0676	0,0361*	0,0767*	0,0046	0,1399**	0,1544*	0,3390**
Desvios	3	0,0080	0,0017	0,0030	0,0074	0,0003	0,0049	0,0032
IG-2								
	4	0,07018**	0,02677*	0,02606	0,00758	0,06541**	0,02679	0,16256**
Linear	1	0,2088	0,0882*	0,0955*	0,0123	0,1706	0,0272	0,5118*
Desvios	3	0,0240	0,0063	0,0029	0,0060	0,0304*	0,0266	0,0462**
IG1xIG2xTest.								
	2	0,78037**	0,72169**	0,50991**	0,33169**	1,23769**	1,04671**	4,42077**
LOCAIS (L)								
	5	—	—	—	—	—	—	5,07329**
TxL	50	—	—	—	—	—	—	0,01724**
ERRO	90	0,00820	0,01074	0,01172	0,01089	0,00914	0,01374	0,01074**
CV(%)								
		4,52	5,15	5,87	5,77	4,18	5,06	5,06

a) Erro médio, com 540 GL.

*,**) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 19. Parâmetros da regressão linear para o caráter altura da planta (m), nas populações IG-1 e IG-2, na análise conjunta: coeficiente linear da reta (a), coeficiente angular da reta (b), b em porcentagem de a (b%), coeficiente de determinação (R^2), equação da reta de regressão linear (Eq).

POPULAÇÃO	PARÂMETRO	ESTIMATIVA
IG-1	a	2,0704**
	b	-0,0238**
	b(%)	-1,1495
	R^2	0,9717
	Eq	$Y=2,0704-0,0238X$
IG-2	a	2,0548**
	b	-0,0292*
	b(%)	-1,4211
	R^2	0,7867
	Eq	$Y=2,0548-0,0292X$

*,**) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 20. Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter altura da espiga (m).

QM								
FV	GL	LOCAL1	LOCAL2	LOCAL3	LOCAL4	LOCAL5	LOCAL6	CONJUNTA
TRATAMENTOS (T)								
	10	0, 19106**	0, 16480**	0, 08380**	0, 08193**	0, 22635**	0, 18652**	0, 86409**
IG-1								
	4	0, 01559*	0, 00727	0, 00527	0, 00518	0, 01565*	0, 02596*	0, 03985**
Linear	1	0, 0269	0, 0250*	0, 0166*	0, 0012	0, 0581**	0, 0708	0, 1422*
Desvios	3	0, 0118	0, 0014	0, 0015	0, 0065	0, 0015	0, 0110	0, 0058
IG-2								
	4	0, 03653**	0, 01221	0, 01795	0, 00615	0, 02489**	0, 01286	0, 04659*
Linear	1	0, 1156*	0, 0018	0, 0408	0, 0014	0, 0812*	0, 0139	0, 1752**
Desvios	3	0, 0102	0, 0157	0, 0103	0, 0077	0, 0061	0, 0125	0, 0038
IG1xIG2xTest.								
	2	0, 85106**	0, 78501**	0, 37255**	0, 38700**	1, 05067**	0, 85495**	4, 14758**
LOCAIS (L)								
	5	—	—	—	—	—	—	3, 24825**
TxL	50	—	—	—	—	—	—	0, 01407**
ERRO	90	0, 00528	0, 00596	0, 00750	0, 00770	0, 00546	0, 00790	0, 00663**
CV (8)								
		6, 27	6, 77	9, 81	10, 12	5, 99	7, 08	7, 47

a) Erro médio, com 540 GL.

*, **) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 21. Parâmetros da regressão linear para o caráter altura da espiga (m), nas populações IG-1 e IG-2, na análise conjunta: coeficiente linear da reta (a), coeficiente angular da reta (b), b em porcentagem de a (b%), coeficiente de determinação (R^2), equação da reta de regressão linear (Eq).

POPULAÇÃO	PARÂMETRO	ESTIMATIVA
IG-1	a	1,0954**
	b	-0,0154*
	b(%)	-1,4059
	R^2	0,8908
	Eq	$Y=1,0954-0,0154X$
IG-2	a	1,0780**
	b	-0,0171**
	b(%)	-1,5863
	R^2	0,9396
	Eq	$Y=1,0780-0,0171X$

*,**) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 22. Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter posição relativa da espiga.

FV	GL	QM						CONJUNTA
		LOCAL1	LOCAL2	LOCAL3	LOCAL4	LOCAL5	LOCAL6	
TRATAMENTOS (T)	10	0,00721**	0,00762**	0,00411**	0,00651**	0,00543**	0,00490**	0,03014**
IG-1	4	0,00089	0,00050	0,00011	0,00044	0,00022	0,00104	0,00063
Linear	1	0,0001	0,0010	0,00001	0,00001	0,0004	0,0008	0,0013
Desvios	3	0,0012	0,0003	0,0001	0,0006	0,0002	0,0011	0,0750**
IG-2	4	0,00062	0,00361	0,00267	0,00119	0,00069	0,00186	0,00148
Linear	1	0,0013	0,0045	0,0008	0,0001	0,0012	0,0004	0,0001
Desvios	3	0,0004	0,0033*	0,0033*	0,0015	0,0005	0,0024	0,0018
IG1xIG2xTest.	2	0,03301**	0,02988**	0,01498**	0,02930**	0,02535**	0,01873**	0,14650**
LOCAIS (L)	5	—	—	—	—	—	—	0,20290**
TxL	50	—	—	—	—	—	—	0,00113
ERRO	90	0,00069	0,00087	0,00117	0,00082	0,00051	0,00121	0,00088**
CV(%)		4,55	5,20	7,15	5,99	4,17	6,43	5,59

a) Erro médio, com 540 GL.

*,**) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 23. Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter comprimento da espiga (cm).

QM								
FV	GL	LOCAL1	LOCAL2	LOCAL3	LOCAL4	LOCAL5	LOCAL6	CONJUNTA
TRATAMENTOS (T)	10	2, 5942**	4, 4272**	3, 8594**	3, 8443**	2, 1554**	3, 1521**	16, 5725**
IG-1	4	0, 5645	1, 0668	0, 4260	0, 9620	0, 8288	0, 8713	1, 9744
Linear	1	0, 8649	3, 0976	1, 5625*	0, 3364	2, 8561*	0, 5329	5, 5680
Desvios	3	0, 4644	0, 3899	0, 0472	1, 1705	0, 1530	0, 9841	0, 7764
IG-2	4	1, 0228	1, 8137*	1, 5693	1, 7933	1, 6545*	3, 6343**	7, 8717**
Linear	1	1, 6900	4, 8841	1, 9881	0, 1444	0, 0529	2, 6896	7, 5042
Desvios	3	0, 8004	0, 7902	1, 4297	2, 3929	2, 1884*	3, 9492**	7, 9942**
IG1xIG2xTest.	2	9, 7965**	16, 3748**	15, 3065**	13, 7109**	5, 8104**	6, 7493**	63, 1706**
LOCAIS (L)	5	—	—	—	—	—	—	58, 6982**
TxL	50	—	—	—	—	—	—	0, 6920
ERRO	90	0, 4354	0, 7234	0, 8682	1, 0815	0, 5757	0, 6198	0, 7173**
CV (8)		4, 07	5, 23	6, 12	6, 85	4, 54	4, 66	5, 27

a) Erro médio, com 540 GL.

*,**) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 24. Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter diâmetro da espiga (cm).

QM								
FV	GL	LOCAL1	LOCAL2	LOCAL3	LOCAL4	LOCAL5	LOCAL6	CONJUNTA
TRATAMENTOS(T)								
	10	0,2721**	0,1917**	0,0861*	0,1396**	0,1880**	0,1374**	0,8167**
IG-1								
	4	0,0643	0,0765*	0,0053	0,0153	0,0567	0,0158	0,0456
Linear	1	0,0004	0,1521	0,0036	0,0324	0,1296	0,0169	0,1602*
Desvios	3	0,0856*	0,0513	0,0059	0,0096	0,0324	0,0154	0,0074
IG-2								
	4	0,0137	0,0293	0,0077	0,0588	0,0873	0,0873	0,0167
Linear	1	0,0049	0,0400	0,0001	0,0081	0,0676	0,0001	0,0006
Desvios	3	0,0166	0,0257	0,0102	0,0757	0,0939	0,0349	0,0222
IG1xIG2xTest.								
	2	1,2045**	0,7469**	0,4043**	0,5499**	0,6521**	0,6030**	0,0167**
LOCALS(L)								
	5	—	—	—	—	—	—	4,5029**
TxL	50	—	—	—	—	—	—	0,0396
ERRO	90	0,0276	0,0298	0,0396	0,0438	0,0406	0,0361	0,0362**
CV(%)								
		3,44	3,57	5,04	5,65	4,32	4,72	4,11

a) Erro médio, com 540 GL.

*,**) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 25. Parâmetros da regressão linear para o caráter diâmetro da espiga (cm), nas populações IG-1 e IG-2, na análise conjunta: coeficiente linear da reta (a), coeficiente angular da reta (b), b em porcentagem de a (b%), coeficiente de determinação (R^2), equação da reta de regressão linear (Eq).

POPULAÇÃO	PARÂMETRO	ESTIMATIVA
IG-1	a	4,6027**
	b	-0,0163*
	b(%)	-0,3541
	R^2	0,8779
	Eq	$Y=4,6027-0,0163X$
IG-2	a	4,7410**
	b	0,0008
	b(%)	0,0169
	R^2	0,0062
	Eq	$Y=4,7410+0,0008X$

*,**) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 26. Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter número de fileiras da espiga.

QM								
FV	GL	LOCAL1	LOCAL2	LOCAL3	LOCAL4	LOCAL5	LOCAL6	CONJUNTA
TRATAMENTOS (T)	10	4, 6628**	4, 5763**	4, 7476**	4, 6580**	6, 6664**	6, 1940**	27, 4683**
IG-1	4	1, 7568*	1, 6208	0, 1880	0, 2480	0, 8080	0, 6720	0, 8827
Linear	1	0, 0576	0, 0016	0, 2704	0, 4096	1, 8496	0, 3136	0, 1536
Desvios	3	2, 3232*	2, 1605*	0, 1605	0, 1941	0, 4608	0, 7915	1, 1256
IG-2	4	1, 0512	0, 6160	1, 3368	0, 9252	1, 3080	3, 0232**	4, 1469**
Linear	1	0, 7744	2, 1904*	0, 5776	0, 6084	0, 5184	0, 6400	0, 1230
Desvios	3	1, 1435	0, 0912	1, 5899	1, 0308	1, 5712	3, 8176**	5, 4880**
IG1xIG2xTest.	2	17, 6978**	18, 4079**	20, 6882**	20, 9434**	29, 1000**	23, 5794**	127, 2825**
LOCAIS (L)	5	—	—	—	—	—	—	5, 2973**
TxL	50	—	—	—	—	—	—	0, 8073
ERRO	90	0, 6689	0, 7654	0, 9883	0, 6721	0, 7168	0, 6347	0, 7410**
CV (8)		5, 95	6, 38	7, 13	5, 91	5, 97	5, 59	6, 17

a) Erro médio, com 540 GL.

*, **) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 27. Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação (CV%) das análises de variância individuais e conjunta, com decomposição ortogonal dos graus de liberdade (GL) e regressão linear, para o caráter número de grãos por fileira.

QM								
FV	GL	LOCAL1	LOCAL2	LOCAL3	LOCAL4	LOCAL5	LOCAL6	CONJUNTA
TRATAMENTOS (T)								
	10	51,850**	54,778**	25,299**	52,744**	56,458**	27,838**	228,371**
IG-1								
	4	13,422	5,512	7,311	8,105	2,333	8,667	15,461*
Linear	1	16,974	14,745	1,000	7,182	5,108	12,674	24,401
Desvios	3	12,238	2,435	9,414	8,414	0,408	7,332	12,481
IG-2								
	4	22,621*	5,019	13,115	8,245	3,554	6,389	27,698**
Linear	1	28,090	12,816	36,482	0,194	1,440	3,842	38,710
Desvios	3	20,798	2,420	5,324	10,929	4,259	7,238	24,027**
IG1xIG2xTest.								
	2	187,161**	252,824**	85,644**	231,017**	270,515**	109,079**	1055,539**
LOCAIS (L)								
	5	—	—	—	—	—	—	183,363**
TxL	50	—	—	—	—	—	—	8,119
ERRO	90	7,811	4,532	5,516	7,635	4,808	7,309	6,268 ^{a)}
CV(%)								
		8,11	6,12	7,24	8,56	6,26	7,71	7,36

a) Erro médio, com 540 GL.

*,**) Significativo a 5% e 1%, respectivamente.

TABELA 28. Médias envolvendo todos os locais para os caracteres peso de espigas (PE, em ton/ha), peso de grãos (PG, em ton/ha), rendimento (RD, em porcentagem), prolificidade (PROL, número de espigas/planta), altura da planta (AP, em m), altura da espiga (AE, em m), posição relativa da espiga (POS=AE/AP). Populações IG-1 e IG-2, nos ciclos 0 e IV, e testemunha ESALQ VD2-o₂. Médias seguidas da mesma letra, para cada caráter, não diferem ao nível de 5% no teste de Duncan.

CARÁTER	IG-1			IG-2			TESTEMUNHA			
	C0	CIV	C0	CIV	C0	CIV	ESALQ-VD2o ₂			
PE	6,70	a	6,13	b	6,35	b	5,55	c	6,51	a
PG	5,15	a	4,68	b	4,98	a	4,22	c	4,97	a
RD	76,7	b	76,3	b	78,1	a	76,7	b	76,4	b
PROL	1,06	a	1,01	b	0,99	b	0,89	c	1,07	a
AP	2,07	b	1,98	c	2,06	b	1,96	c	2,41	a
AE	1,09	b	1,04	c	1,08	b	1,02	c	1,44	a
POS	0,53	b	0,52	b	0,52	b	0,52	b	0,60	a

TABELA 29. Médias envolvendo todos os locais para os caracteres comprimento da espiga (CE, em cm), diâmetro da espiga (DE, em cm), número de fileiras (NF), número de grãos por fileira (NGF). Populações IG-1 e IG-2, nos ciclos 0 e IV, e testemunha ESALQ VD2-o₂. Médias seguidas da mesma letra, para cada caráter, não diferem ao nível de 5% no teste de Duncan.

CARÁTER	IG-1		IG-2		TESTEMUNHA					
	C0	CIV	C0	CIV	ESALQ-VD2o ₂					
CE	16,6	b	16,2	c	16,1	cd	15,8	d	17,0	a
DE	4,6	b	4,5	b	4,7	a	4,7	a	4,4	c
NF	14,12	ab	14,29	a	13,81	b	13,84	b	11,99	c
NGF	33,04	c	31,97	d	35,95	b	35,05	b	37,66	a

TABELA 30. Médias das análises conjuntas para os caracteres teor de proteína (PROT, em % do grão), peso de espigas (PE, em ton/ha), peso de grãos (PG, em ton/ha), rendimento (RD, em porcentagem), prolificidade (PROL, número de espigas por planta), altura da planta (AP, em m), altura da espiga (AE, em m), posição relativa da espiga (AE/AP), comprimento da espiga (CE, em cm), diâmetro da espiga (DE, em cm), número de fileiras (NF) e número de grãos por fileira (NGF). Populações IG-1 e IG-2, nos ciclos de 0 a IV, testemunha ESALQ VD2-02.

CICLO	IG-1	IG-2	IG-1	IG-2	IG-1	IG-2	IG-1	IG-2
	PROT		PE		PG		RD	
0	11,23	11,23	6,70	6,35	5,15	4,98	76,7	78,1
I	11,09	11,27	6,51	6,26	5,02	4,92	77,1	78,4
II	11,31	10,94	6,31	5,91	4,81	4,65	76,3	78,8
III	11,03	10,92	6,25	5,77	4,83	4,55	77,2	78,6
IV	11,12	11,24	6,13	5,55	4,68	4,22	76,3	76,7
Test.	11,16		6,51		4,97		76,4	
	PROL		AP		AE		POS	
0	1,06	0,99	2,07	2,06	1,09	1,08	0,53	0,52
I	1,06	1,00	2,05	2,04	1,09	1,06	0,53	0,52
II	1,03	1,00	2,02	1,97	1,06	1,04	0,52	0,53
III	1,00	0,95	1,99	1,94	1,04	1,02	0,52	0,52
IV	1,01	0,89	1,98	1,96	1,04	1,02	0,52	0,52
Test.	1,07		2,41		1,44		0,60	
	CE		DE		NF		NGF	
0	16,6	16,1	4,6	4,7	14,12	13,81	33,04	35,95
I	16,3	15,8	4,6	4,8	14,32	14,25	31,78	35,45
II	16,4	15,3	4,6	4,8	14,02	14,32	32,32	34,18
III	16,1	15,3	4,5	4,7	14,14	14,34	31,92	34,71
IV	16,2	15,8	4,5	4,7	14,29	13,84	31,97	35,05
Test.	17,1		4,4		11,99		37,66	

FIGURAS

Figura 1. Alteração no nível de triptofano (% do grão), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta.

Figura 2. Alteração no teor de proteína (%), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta.

Figura 3. Alteração na relação triptofano/proteína (%), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta.

Figura 4. Alteração no peso de espigas (ton/ha), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta.

Figura 5. Alteração no peso de grãos (ton/ha), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta.

Figura 6. Alteração no rendimento (%), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta.

Figura 7. Alteração na prolificidade (número de espigas por planta), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta.

Figura 8. Alteração na altura da planta (m), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta.

Figura 9. Alteração na altura da espiga (m), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta.

Figura 10. Alteração na posição relativa da espiga, em IG-1 e IG-2,
ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta.

Figura 11. Alteração no comprimento da espiga (cm), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta.

Figura 12. Alteração no diâmetro da espiga (cm), em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta.

Figura 13. Alteração no número de fileiras da espiga, em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta.

Figura 14. Alteração no número de grãos por fileira, em IG-1 e IG-2, ao longo dos ciclos seletivos. Análise conjunta.