AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO (Zea mays L.) OBTI-
DOS DE LINHAGENS COM DIFERENTES GRAUS DE ENDOGAMIA

SEGUNDO ALFONSO VASCO MEDINA
Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

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

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Abril - 1990

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

Vasco Medina, Segundo Alfonso

V331a Avaliação de híbridos simples de milho (Zea mays
L.) obtidos de linhagens com diferentes graus de en-
dogamia. Piracicaba, 1990.
210p.

Diss.(Mestre) - ESALQ

Bibliografia.

1. Endogamia em milho 2. Milho - Melhoramento 3.
Milho híbrido - Avaliação I. Escola Superior de A-
gricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba

CDD 633.15

AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO (Zea mays L.) OBTI-
DOS DE LINHAGENS COM DIFERENTES GRAUS DE ENDOGAMIA

SEGUNDO ALFONSO VASCO MEDINA

Aprovado em: 21/05/1990

Comissão Julgadora:

Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho	ESALQ/USP
Prof. Dr. Gerhard Bandel	ESALQ/USP
Dra. Marlene Lima	IAC

PROF. DR. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO
Orientador

Aos meus pais,

Manuel e Maria (in memoriam)

A meus irmãos,

Alberto, Marina e Enrique

OFEREÇO

\
À minha esposa Sonia

A meus filhos, Diana,

Paola e Fabricio

DEDICO

AGRADECIMENTOS

O autor expressa os seus agradecimentos a todos aqueles que contribuíram para a realização deste trabalho e, em especial, às seguintes pessoas e instituições:

Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho, pela orientação, estímulo e amizade, durante o desenvolvimento do Curso e conclusão deste estudo.

Instituto Nacional de Investigações Agropecuárias (INIAP) do Equador, pela designação para realização do Curso de Pós-graduação.

Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT) de México, pela bolsa de estudo concedida para realização do Curso de Pós-graduação.

Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo, Piracicaba S.P. Brasil, pela contribuição à nossa formação científica e cultural.

Departamento e Instituto de Genética da ESALQ/USP, através de seus professores, pelos ensinamentos recebidos.

Programa Sul-Americano de Milho do CIMMYT no Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) da Colombia, nas pessoas do Dr. Shivaji Pandey e Dr. Wayne L. Haag, pelo assessoramento, colaboração na condução de um

experimento e auxílio nas análises estatísticas, apoio constante, compreensão e interesse pelo meu desenvolvimento científico, sem os quais esta tese não teria sido realizada.

Estação Experimental Tropical Pichilingue (EETP) do INIAP, Quevedo, Equador, na pessoa de seu Diretor Eng. Agr. Francisco Mite V., pela oportunidade de aperfeiçoamento técnico oferecida.

Programa de Milho da Estação Experimental Tropical Pichilingue (EETP) do INIAP, Quevedo, Equador, na pessoa do Eng. Agr. Santiago Crespo O., demais colegas e funcionários, pelo apoio e ajuda concedida para a realização deste trabalho.

Dr. Surinder Kumar Vasal, melhorista de híbridos de milho do CIMMYT, México, pelo apoio dispensado na condução de um dos experimentos.

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), em particular ao Dr. Ricardo Magnavaca, pela colaboração na condução de um experimento.

Dr. R.L. Paliwal, Dr. Alejandro D. Violic, Senhoritas Yolanda Guerrero, Leticia González e Liliana Villaseñor, funcionários do CIMMYT, México, pela gentil atenção, apoio e valiosa colaboração.

Professores Dr. Roland Vencovsky, Dr. Ernesto

Paterniani e Dr. Gerhard Bandel, pelas valiosas críticas e sugestões apresentadas.

Professores, Dr. Cosme Damião da Cruz e Dra. Maria Cristina S. Nogueira, pela colaboração na elaboração de análises estatísticas.

O O
Eng. Agr. Nelson Fonseca Jr., Sr. José Luiz Zem e Sra. Elizabete A.P. Rodriguez, pela ajuda nas análises estatísticas.

Senhorita Silvia Marina Cuco pela correção do português. Colega e amigo Pedro Araujo, pela amizade e companheirismo durante os anos de curso.

Minha esposa Sonia, pelas inúmeras cooperações na datilografia deste trabalho.

Funcionários do Departamento e Instituto de Genética pela dedicação e serviços prestados; meu reconhecimento a Sres. Antonio Mioto e Marcos Cella, pelo auxílio no campo.

Senhorita Kátia M.P. de Andrade e Senhora Eliana M.G. Sabino, pela correção das referências bibliográficas.

Amigos e colegas de estudo, pelo companheirismo de todas as horas.

Finalmente, sou grato a todos que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho.

INDICE

	Página
RESUMO	x
SUMMARY	xiii
RESUMEN	xvi
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Milho híbrido	4
2.2. Avaliação de linhagens	10
2.2.1. Capacidade geral e específica de combinação	10
2.2.2. O teste precoce	20
2.3. Cruzamentos dialélicos	28
2.3.1. Modalidades de cruzamentos dialé- licos	28
2.3.2. Dialélico parcial	33
2.4. Caracteres avaliados nos híbridos	40
2.4.1. Peso de espigas e peso de grãos ..	40
2.4.2. Altura da planta e altura da espi- ga	44
2.4.3. Época de florescimento	48
2.4.4. Tamanho do pendão	53
2.5. Correlações entre caracteres	58
3. MATERIAL E METODOS	64
3.1. Material Experimental	65
3.1.1. Populações base	65

	Página
3.1.2. Linhagens endogâmicas (S_1 a S_4) ..	67
3.1.3. Testemunhas	68
3.2. Métodos	68
3.2.1. Descrição das três fases do projeto	68
3.2.2. Delineamento experimental	73
3.2.3. Coleta dos dados experimentais ...	76
3.2.4. Análise estatístico-genética	80
3.2.4.1. Análises individuais agrupando conjuntos por local	81
3.2.4.3. Análise conjunta	84
3.2.5. Análise de capacidade combinatória	87
3.2.6. Estimativas de parâmetros genéticos	87
3.2.7. Correlação fenotípica entre os caracteres estudados	89
4. RESULTADOS	90
4.1. Avaliação dos híbridos simples na localidade 1: INIAF/Equador	90
4.2. Avaliação dos híbridos simples na localidade 2: CIAT/Colombia	92
4.3. Avaliação dos híbridos simples na localidade 3: ESALQ/Brasil	94
4.4. Avaliação dos híbridos simples na localidade 4: ESALQ/Brasil	

	Página
dade 4: CIMMYT/México	97
4.5. Avaliação dos híbridos simples na locali-	
dade 5: EMBRAPA/Brasil	99
4.6. Análise conjunta dos dados	101
4.7. Médias dos conjuntos dialélicos	102
4.8. Acamamento de raiz (AR), acamamento de	
colmo (AC) e espigas podres (EP)	103
4.9. Médias dos híbridos e das testemunhas no	
caráter produção de grãos (PG)	104
4.10. Análise da capacidade de combinação das	
linhagens	105
4.10.1. Análise da variância para capa -	
cidade de combinação	106
4.10.2. Efeitos de capacidade geral de	
combinação	107
4.10.3. Amplitudes de variação das esti-	
mativas dos efeitos da capacida-	
de específica de combinação	111
4.11. Estimativas de parâmetros genéticos	113
4.12. Correlações fenotípicas ao nível de mé -	
dias entre os caracteres estudados	115
5. DISCUSSÃO	117
5.1. Análise geral e precisão experimental ...	117
5.2. Avaliação dos híbridos simples	119
5.2.1. Produção de grãos: Peso total de	

espigas (PT) e peso de grão (PG)..	122
5.2.2. Altura da planta (AP) e altura da espiga (AE)	126
5.2.3. Florescimento feminino (FF)	128
5.2.4. Número de ramificações do pendão (NRP) e peso específico de grão (PE)	130
5.3. Efeitos de capacidade geral e capacidade específica de combinação	131
5.4. Estimativas dos parâmetros genéticos ...	138
5.5. Correlações fenotípicas ao nível de mé - dias entre os caracteres estudados	139
6. CONCLUSÕES	141
TABELAS	146
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	174
APÊNDICES	205

AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO (*Zea mays* L.)
OBTIDOS DE LINHAGENS COM DIFERENTES GRAUS DE ENDOGAMIA

Autor: SEGUNDO ALFONSO VASCO MEDINA

Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

RESUMO

O presente trabalho foi conduzido em cinco localidades latino-americanas (1. INIAP/Equador; 2. CIAT/Colombia; 3. ESALQ-USP/Brasil; 4. CIMMYT/México; 5. EMBRAPA/Brasil) e teve por objetivo avaliar o potencial genético de linhagens com diferentes graus de endogamia, através de híbridos simples obtidos de duas populações de milho, POZA RICA 8024 e PICHILINGUE 7928. De cada população foram utilizadas sete linhagens em quatro níveis de endogamia (S_1, S_2, S_3 e S_4), totalizando 28 linhagens parentais, as quais foram cruzadas de acordo com o esquema dialélico parcial (esquema fatorial), formando quatro conjuntos de cruzamentos 7×7 . Os 49 híbridos simples de cada conjunto dialélico (C_1, C_2, C_3 e C_4) foram avaliados em blocos casualizados sendo os conjuntos agrupados dentro de repetições segundo o esquema de parcela subdividida. Os seguintes caracteres foram avaliados: peso total de

espigas (PT), peso de grãos (PG), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e dias para florescimento feminino (FF).

Nas análises da variância foram detectadas significâncias para a variação entre híbridos simples para todos os caracteres em todos os experimentos nas diferentes localidades. Foram obtidas estimativas da variância genética entre híbridos (σ^2_{G}), variância fenotípica (σ^2_F) e do coeficiente de herdabilidade no sentido amplo ao nível de médias de híbridos (h^2). As análises da variância das tabelas dialélicas para os caracteres de produção mostraram alta significância para os efeitos de capacidade geral de combinação (g_i e g_j) para as linhagens de ambas as populações, indicando a importância da variação genética aditiva para aqueles caracteres. Por outro lado, os efeitos de capacidade específica de combinação não mostraram significância nas análises, embora tenham tido participação expressiva nas médias de alguns híbridos.

Para cada conjunto dialélico e em cada localidade foram identificados os híbridos simples mais promissores quanto à produtividade. Os híbridos mais produtivos tiveram produção de grão da ordem de 38, 45, 49, 41 e 28% nos locais 1, 2, 3, 4 e 5, em relação às testemunhas. Por outro lado, as médias de conjuntos não mostraram diferença estatística para cada um dos caracteres nos vários locais. Na comparação entre locais,

constatou-se uma maior produtividade média no local 5 (EMBRAPA/Brasil), seguido do local 2 (CIAT/Colombia). Para FF a menor média foi para o local 1 (INIAP/Equador), enquanto que para AP e AE as melhores médias foram no local 4 (CIMMYT/México). No local 3 (ESALQ-USP/Brasil) foram também avaliados o número de ramificações do pendão (NRP) e o peso específico do grão (PE), os quais também mostram, em geral, alta variabilidade.

Nos vários conjuntos e locais constatou-se correlação fenotípica positiva e significativa para as combinações de caracteres: AP x AE, PT x PRO, PG x PRO, PT x AP, PT x AE, PG x AP, PG x AE, PT x AE/AP e PG x AE/AP.

Os resultados obtidos indicam que as duas populações apresentam bom potencial para produção de híbridos, pois, nos vários níveis de endogamia, mais de 50% dos híbridos simples avaliados apresentaram produções superiores às testemunhas.

EVALUATION OF SINGLE-CROSSES OF MAIZE (Zea mays L.)
OBTAINED FROM LINES IN DIFFERENT INBREEDING LEVELS

Author: SEGUNDO ALFONSO VASCO MEDINA

Adviser: Prof. Dr. JOSE BRANCO DE MIRANDA FILHO

SUMMARY

The present study was carried out at five Latin-American locations (1. INIAP/Ecuador; 2. CIAT/Colombia; 3. ESALQ-USP/Brazil; 4. CIMMYT/México; 5. EMBRAPA/Brazil) and the objective was to evaluate the genetic potential of lines at different inbreeding levels, in single crosses from two maize populations, POZA RICA 8024 and PICHILINGUE 7928. Twenty eight lines from each population, comprising seven lines from each generation of inbreeding (S_1 , S_2 , S_3 and S_4), were crossed according to the partial diallel scheme (factorial) thus resulting four sets of 7 x 7 crosses. The 49 single crosses of each diallel set (C_1 , C_2 , C_3 and C_4) were evaluated in completely randomized block experiments where the diallel sets were grouped within replications following the split-plot arrangement. The following traits were evaluated: total ear weight (PT), grain weight (PG), plant

height (AP), ear height (AE) and days to female flowering (FF).

In the analyses of variance, significant differences were detected for the variation among single crosses for all traits in all experiments at all locations. Estimates were obtained for the genetic variance among hybrids ($\hat{\sigma}_G^2$), phenotypic variance ($\hat{\sigma}_F^2$) and for the broad sense coefficient of heretability at hybrid mean level (h^2). The analyses of variance of the diallel tables for yield traits showed a high significance for the effects of general combining ability (g_i and g_j) for lines of both populations, thus indicating the importance of the additive genetic variance for those traits. On the other hand, the specific combining ability effects showed no significance, although they have had expressive contribution in the mean of some specific hybrids.

For each diallel set and in each location, the most promising single crosses for yield were identified. The best crosses showed yields of the order of 38, 45, 49, 41 and 28% relative to checks in locations 1, 2, 3, 4 and 5, respectively. On the other hand, the means of diallel sets did not show significant differences for each trait in the several locations. For the comparison among locations the higher average yield was observed in 5. EMBRAPA/Brazil, followed by 2. CIAT/Colombia. For FF the lower mean was for 1. INIAP/Ecuador while for AP and AE the lower means were in

4. CIMMYT/México. In 3. ESALQ-USP/Brazil the traits tassel branch number (NRP) and grain specific weight (PE) also were evaluated and showed high variabilities.

In the several diallel sets and locations a positive and significant correlation was detected for combinations of traits: AP x AE, PT x PRO, PG x PRO, PT x AP, PT x AE, PG x AP, PG x AE, PT x AE/AP, PG x AE/AP.

The overall results indicated that inbred lines from both populations show a good potential for the obtention of outstanding hybrids in the several inbreeding levels; in fact more than 50% of the evaluated single crosses showed to be higher yielding than checks.

EVALUACION DE HIBRIDOS SIMPLES DE MAIZ (Zea mays L.)
OBTENIDOS DE LINEAS CON DIFERENTES GRADOS DE ENDOGAMIA

Autor: SEGUNDO ALFONSO VASCO MEDINA

Orientador: Prof. Dr. JOSE BRANCO DE MIRANDA FILHO

RESUMEN

El presente trabajo fue conducido en cinco localidades latino-américanas (1. INIAP/Ecuador; 2. CIAT/Colombia; 3. ESALQ-USP/Brasil; 4. CIMMYT/México; 5. EMBRAPA/Brasil) y tuvo por objetivo evaluar el potencial genético de líneas con diferentes grados de endogamia, através de híbridos simples obtenidos en dos poblaciones de maíz, POZA RICA 8024 y PICHILINGUE 7928. De cada población fueron utilizadas siete líneas en cuatro niveles de endogamia (S_1 , S_2 , S_3 y S_4), totalizando 28 líneas progenitoras, las cuales fueron cruzadas de acuerdo con el esquema dialélico parcial (esquema factorial), formando cuatro conjuntos de cruzamientos 7×7 . Los 49 híbridos simples de cada conjunto dialélico (C_1 , C_2 , C_3 y C_4) fueron evaluados en bloques al azar siendo los conjuntos agrupados dentro de repeticiones según el esquema de parcela subdividida. Los siguientes caracteres fueron

evaluados: peso total de mazorcas (PT), peso de granos (PG), altura de la planta (AP), altura de la espiga (AE) y días para florecimiento femenino (FF).

En los análisis de variancia fueron detectadas significaciones para la variación entre híbridos simples para todos los caracteres en todos los experimentos en las diferentes localidades. Fueron obtenidas estimativas de la variancia genética entre híbridos (σ^2_G), variancia fenotípica (σ^2_F) y del coeficiente de heredabilidad en el sentido amplio al nivel de medias de híbridos (h^2). Los análisis de variancia de las tabelas dialélicas para los caracteres de producción mostraron alta significación para los efectos de capacidad general de combinación (g_i y g_j) para las líneas de ambas poblaciones, indicando la importancia de la variación genética aditiva para aquellos caracteres. Por otro lado, los efectos de capacidad específica de combinación no mostraron significación en los análisis, aunque hayan tenido participación expresiva en las medias de algunos híbridos.

Para cada conjunto dialélico y en cada localidad fueron identificados los híbridos simples más promisorios en cuanto a productividad. Los híbridos mas productivos tuvieron producción de grano en el orden de 38, 45, 49, 41 y 28% en los locales 1, 2, 3, 4 y 5, en relación a los testigos. Por otro lado, las medias de conjuntos no mostraron diferencia estadística para cada

uno de los caracteres en los varios locales. En la comparación entre locales, se constató una mayor productividad media en el local 5 (EMBRAPA/Brasil), seguido del local 2 (CIAT/Colombia). Para FF la menor media fue para el local 1 (INIAP/Ecuador), en cuanto que para AP y AE las mejores medias fueron en el local 4 (CIMMYT/México). En el local 3 (ESALQ-USP/Brasil) fueron también evaluados el número de ramificaciones de pendón (NRP) y el peso específico de grano (PE), los cuales también muestran, en general, alta variabilidad.

En los varios conjuntos y locales se constató correlación fenotípica positiva y significativa para las combinaciones de caracteres: APx AE, PT x PRO, PG x PRO, PT x AP, PT x AE, PG x AP, PG x AE, PT x AE/AP y PG x AE/AP.

Los resultados obtenidos indican que las dos poblaciones presentan buen potencial para producción de híbridos, pues, en los varios niveles de endogamia, mas del 50% de los híbridos simples evaluados presentaron producción superior a la de los testigos.

1. INTRODUÇÃO

O milho é uma das principais fontes de alimento utilizadas no mundo, sendo usado na alimentação animal, na transformação de proteínas em animais, como também diretamente na alimentação humana. É uma cultura largamente cultivada porque se adapta a uma ampla variedade de condições edafoclimáticas convertendo-se no cereal de maior produção de grãos.

A introdução do milho híbrido na década de 1920 deu um grande impulso à agricultura moderna. Os estudos que sobrevieram à introdução de milho híbrido trouxeram ainda contribuições de importância, tanto aplicada como básica. Algumas informações da literatura permitem estimar o progresso obtido com o milho híbrido, além do progresso obtido com as práticas culturais (MIRANDA FILHO & VIEGAS, 1987).

Desde que EAST (1909) e SHULL (1909) descobriram o vigor de híbrido a partir do cruzamento entre linhagens endogâmicas de milho, e principalmente,

após o advento e viabilidade do milho híbrido duplo, proposto por JONES (1918), a atenção dos melhoristas de milho foi dirigida para a obtenção de melhores linhagens com alta capacidade de combinação, que quando cruzadas, resultassem em híbridos cada vez mais produtivos. A partir daí, os programas de obtenção de milho híbrido iniciaram a produção de linhagens em grande escala, e logo tornou-se um problema mais difícil a avaliação do comportamento das linhagens em combinações híbridas que a obtenção das mesmas.

No desenvolvimento de linhagens endogâmicas a serem utilizadas na produção de híbridos, a grande dificuldade reside em sua avaliação, sendo que uma das questões envolvidas é o estágio de endogamia em que os testes para capacidade combinatória poderiam ser feitos de modo mais eficiente. Outro problema é com relação à escolha de testadores adequados. Os conceitos de capacidade geral e específica de combinação, introduzidos por SPRAGUE & TATUM (1942), a partir de cruzamentos dialélicos, trouxeram grande contribuição para uma melhor compreensão do comportamento de linhagens em cruzamentos. Em qualquer esquema de cruzamento, uma boa avaliação de linhagens seria aquela capaz de prever com segurança o comportamento das mesmas em combinações híbridas.

O êxito de um programa de formação de híbridos depende da variabilidade genética do germoplasma com que se está trabalhando, da metodologia empregada e do

critério do melhorista para que se possa identificar genótipos superiores. Atualmente, a maioria dos programas de melhoramento de milho, procura utilizar a heterose entre populações, entre famílias e entre linhagens endogâmicas, para formar combinações híbridas com alta produtividade e estabilidade (VELASQUEZ *et alii*, 1979; CORDOVA *et alii*, 1980a e b).

A partir de um grupo de cruzamentos dialélicos avaliados previamente na Estação Experimental Tropical Pichilingue do Instituto Nacional de Investigações Agropecuarias (INIAP) e em diversas propriedades rurais, pertencentes a agricultores que comercializam milho da zona Central do Litoral do Equador, sobressaiu-se o cruzamento intervarietal Poza Rica 8024 x Pichilingue 7928 (VASCO & PANDEY, 1986). Este resultado motivou o presente estudo, no sentido de avaliar o potencial das referidas populações como fontes de linhagens endogâmicas para utilização em híbridos. Para esse fim utilizou-se o esquema fatorial de cruzamento (dialélico parcial), visando aos seguintes objetivos:

- a) Estudar o comportamento de híbridos de linhagens entre as populações Poza Rica 8024 x Pichilingue 7928.
- b) Verificar o efeito do grau de endogamia das linhagens no comportamento dos híbridos.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Milho híbrido

O milho híbrido é a primeira geração do cruzamento entre linhagens endogâmicas. Para POEHLMAN (1971) a produção de milho híbrido envolve: a) a obtenção de linhagens autofecundadas, por autopolinização controlada; b) a determinação de quais das linhagens autofecundadas podem combinar-se em cruzamentos produtivos e c) utilização comercial dos cruzamentos para a produção de sementes.

Os atuais híbridos de milho entre linhagens têm maior potencial de rendimento que as variedades de polinização livre comuns ou os sintéticos. JUGENHEIMER (1981) indica que os híbridos, por sua maior eficiência fisiológica, produzem mais grãos que as variedades sintéticas, quando se usam os fertilizantes e as práticas culturais modernas adequadas.

SHULL (1909) iniciou uma nova era no melhoramento de milho, ao sugerir um método para a produção de semente híbrida, consistindo de: (a) autofecundação para obtenção de linhagens endogâmicas e, (b) cruzamento das linhagens endogâmicas para formação de híbridos de produção uniforme. Resultados similares foram propostos por EAST (1909) num trabalho de autofecundação de milho. Inicialmente parecia que o método de melhoramento de milho híbrido não seria prático devido ao custo elevado da produção da semente híbrida. O problema foi resolvido, quando JONES (1918) propôs a utilização do híbrido duplo através do cruzamento de dois híbridos simples. Mesmo assim, só depois de 1940 os híbridos passaram a ser utilizados de forma extensiva nos Estados Unidos (POEHLMAN, 1971).

Os melhoristas de milho acreditam que para aumentar a probabilidade de obtenção de híbridos superiores é necessário aumentar a frequência de genótipos superiores na população fonte de linhagens. COMSTOCK (1964) afirmou que as plantas de milho de uma população heterogênea são essencialmente híbridos simples, pois resultam de cruzamento. Se uma amostra aleatória de linhagens for obtida da população, os híbridos simples entre elas representam combinações genotípicas que ocorrem na população original, e ocorrem com a mesma probabilidade. Um programa extensivo de obtenção de linhagens endogâmicas de milho envolve tempo, trabalho e

altos custos, e a identificação de linhagens satisfatórias para a produção de híbridos comerciais não tem sido facilmente nem rapidamente atingida. Maior probabilidade de êxito, sem dúvida, seria de esperar quando se pode identificar e escolher as melhores populações para compor um programa de melhoramento, sendo uma das tarefas mais difíceis, que pode significar ou não o sucesso de um programa a longo prazo.

Conforme CORDOVA (1984), a maioria dos caracteres de interesse para o melhorista de milho são controlados pelos tipos de ação gênica aditiva. Os efeitos de dominância contribuem ao rendimento. Embora os efeitos epistáticos sejam de limitada importância em populações em equilíbrio e acasalamento aleatório, combinações híbridas específicas terão importância.

O rendimento é considerado fundamental na produção do milho híbrido. POEHLMAN (1971) assinala que a capacidade peculiar do milho híbrido para produzir altos rendimentos é a principal razão da rápida substituição das variedades de polinização livre.

O rendimento é o objetivo mais complexo com que trabalha o melhorista de milho. Para POEHLMAN (1971) basicamente está determinado pela ação de numerosos genes, muitos dos quais afetam os processos vitais dentro da planta, como a nutrição, a fotossíntese, a transpiração, a translocação e o armazenamento dos nutrientes. Também afetam direta ou indiretamente o rendimento, a

precocidade, a resistência ao acamamento, a resistência aos insetos e doenças e outras características que podem ser avaliadas com maior precisão que o rendimento por seleção visual.

MIRANDA FILHO & VIEGAS (1987) consideram a endogamia como um fenômeno inverso ao da heterose, isto é, perda de vigor. Nos programas de híbridos, as linhagens endogâmicas são obtidas por um processo de autofecundação com consequente perda de vigor. Mediante o cruzamento, restaura-se o vigor em uma combinação híbrida específica, cuja superioridade pode ser atribuída à concentração de genes favoráveis dominantes de ambas as linhagens (hipótese da sobredominância).

PATERNIANI (1974) apresentou uma série de vantagens e desvantagens do milho híbrido. Entre as vantagens relaciona a possibilidade de: (1) associar características de distintos progenitores; (2) obter genótipos superiores em um prazo relativamente curto; (3) utilizar interações gênicas na geração híbrida; (4) produzir genótipos uniformes; (5) conseguir menor interação com o ambiente (maior homeostase) na geração F₁; (6) produzir sementes de milho híbrido em escala comercial, com reflexos gerais favoráveis sobre a economia da região. De outro lado, aponta as seguintes desvantagens: (1) somente uma parte dos genes úteis existentes no milho será utilizada, se não houver concurso de métodos que permitam aumentar a frequência dos genes favoráveis; (2) a heterose

é explorada de modo aleatório, atingindo um teto difícil de ser ultrapassado; (3) só em espécies em que a semente híbrida é produzida com facilidade, é possível utilizar a heterose; (4) a produção da semente híbrida só é viável onde houver facilidade para seu processamento e distribuição.

No melhoramento genético, quando se utilizam duas populações de milho, simultaneamente, uma das finalidades é a obtenção de cruzamento entre elas para aproveitar os efeitos heteróticos. Estudos a respeito indicam que à medida que as populações vão sendo melhoradas, os seus híbridos também tendem a ser cada vez mais produtivos e agronomicamente superiores. Porém, esses resultados podem ter limitações se as populações escolhidas em seu início não expressam médias elevadas de produção, assim como uma adequada estrutura genética para alcançar um maior progresso no processo de seleção (VALDIS & VENCOSKY, 1983).

VALDIS & VENCOSKY (1983) aplicando seleção recorrente intrapopulacional em duas populações de milho lograram estabelecer que esta atua de maneira negativa sobre a produção de grãos do híbrido interpopulacional, nos ciclos de seleção mais avançados. A seleção recorrente entre duas populações não pode ser uma garantia para reter a heterose inicial existente entre elas, pois se ocorrer alteração na frequência dos genes com alguma dominância, poderá provocar uma redução da heterose, sendo isto

desfavorável aos interesses do melhorista.

SOUZA Jr. & MIRANDA FILHO (1985) teoricamente verificaram a alteração na heterose, via seleção intra e interpoblacional. Eles indicam que a heterose tende a ser negativa para a seleção intrapoblacional e positiva para a seleção interpoblacional, para os modelos com dominância completa e sobredominância.

A utilização de linhagens com poucas gerações de autofecundação pode ser valiosa em um programa de milho. WELLHAUSEN (1954) relatou que as primeiras variedades melhoradas no México foram sintéticas de linhagens S. Em seguida foram utilizados híbridos duplos e triplos de linhagens S₁, continuando-se a utilização de híbridos duplos e triplos a partir de linhagens mais homozigóticas. O autor apresentou algumas vantagens de uso de linhagens S₁ ou S₂ em relação a linhagens mais homozigóticas: (a) maior facilidade de produção de sementes devido ao maior vigor e produtividade das linhagens; (b) flexibilidade e facilidade de alterações à medida que novas moléstias ou outros fatores se tornam problemáticos. Considerando as variedades selecionadas como ponto de referência, os sintéticos aumentaram a produção em 17%, os híbridos de linhagens S₁ aumentaram 34% e os híbridos envolvendo linhagens mais homozigóticas aumentaram 33%. O autor ressaltou que a experiência tem mostrado uma maior uniformidade nos híbridos de linhagens mais homozigóticas,

mas não necessariamente maior produtividade.

A maneira mais rápida de se obter homozigose é a autofecundação e também o método mais comumente usado. No caso do milho, RICHEY (1945) considerou que 6 gerações de autofecundação são suficientes para obter linhagens consideravelmente estáveis e bastante uniformes quanto ao híbrido correspondente. BRAUER (1983) relatou que, em geral, quando não há uma exigência comercial muito forte para produzir híbridos bem uniformes, o mais prático, rápido e eficaz é fazer só 4 a 5 autofecundações. Por razões de suscetibilidade a doenças ou a pragas e para obter maior amplitude de adaptabilidade é conveniente conservar certo grau de variabilidade genética nos híbridos.

Tanto a adaptação como a produção, são considerados fatores complexos na criação do milho híbrido devido a muitas características da planta. De acordo com POEHLMAN (1971) os fatores que afetam a adaptação são: (a) uma maturação satisfatória para a área de produção; (b) a resposta ao grau de fertilidade do solo; (c) a resistência ao calor e à seca e (d) a resistência ao frio.

2.2. Avaliação de linhagens

2.2.1. Capacidades geral e específica de conbi - nação

A avaliação final de uma linhagem é

determinada com base no comportamento dos híbridos. A princípio, o valor de uma linhagem era avaliado em combinações híbridas só depois que atingisse avançado grau de homozigose. Trata-se de um trabalho demorado e laborioso, pois com um número relativamente pequeno de linhagens é grande o número de híbridos possíveis (Tabela 1) de serem produzidos (MIRANDA FILHO & VIEGAS, 1987).

Tabela 1. Número de linhagens parentais e sua correspondência com o número possível de diversos tipos de híbridos.

No.de li- nhagens	Top crosses	Híbridos simples	Híbridos triplos	Híbridos duplos
5	5	10	12	15
10	10	45	360	630
20	20	190	3.420	14.535
100	100	4.950	485.100	11.763.623
"	"	"	"	"
"	"	"	"	"
"	"	"	"	"
n	n	$n(n-1)/2$	$n(n-1)(n-2)/2$	$n(n-1)(n-2)(n-3)/8$

No período de 1920 até 1930 poucas linhagens eram disponíveis nos programas de híbridos e, devido a isto, as avaliações em combinações híbridas eram feitas em todas as $n(n-1)/2$ combinações possíveis de um conjunto de n

linhagens. Porém, a medida que o número de linhagens aumentava, o cruzamento e teste de linhagens por este procedimento tornaram-se impossíveis (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988), surgindo a necessidade de um método mais simples, rápido e menos custoso.

DAVIS (1927) introduziu o uso de "topcrosses" para a avaliação das linhagens endogâmicas, que é um tipo de teste de progênie que consiste no cruzamento de uma linhagem com uma variedade para avaliar a capacidade de combinação da linhagem em programas de melhoramento de milho. LINDSTROM (1931) verificando que algumas linhagens destacavam-se pelo seu comportamento em combinações, sugeriu que fosse utilizado o esquema de "topcross" para avaliação. JENKINS & BRUNSON (1932) encontraram altas correlações entre a produção das linhagens e dos "topcrosses". Então, o uso de "topcrosses" se tornou o método geral para avaliar o comportamento preliminar das linhagens, principalmente para capacidade de combinação. O uso do híbrido simples como testador também é um processo muito empregado, já que permite avaliar muitas linhagens e dá informações de uso mais imediato.

JENKINS (1934) e JOHNSON & HAYES (1936) indicaram aumento na eficiência de seleção de linhagens para produção, avaliados pelo método de "topcrosses", devido ao grande número de linhagens que podem ser descartadas com base em um teste preliminar, sendo possível a avaliação das linhagens selecionadas em combinações de híbridos simples

ou duplos. Mais recentemente, BAKTASH et alii (1981) estimaram coeficientes de correlação entre "topcrosses" e cruzamentos dialélicos, obtidos do cruzamento de dez linhagens, verificaram correlações positivas e significativas entre os "topcrosses" e os híbridos simples para produção de grãos, número de grãos por espiga e comprimento da espiga, indicando que o método de "topcross" pode ser usado eficientemente na avaliação das linhagens.

SPRAGUE & TATUM (1942), introduziram os conceitos de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), surgindo então novas modificações para o uso de "topcrosses". Na seleção para capacidade geral de combinação é usado como testador uma população de ampla base genética, tais como variedades de polinização aberta ou sintéticos; quando o testador tem uma base genética estreita, tais como linhagens ou híbridos simples, diz-se que a seleção é para capacidade específica de combinação. Os autores associaram a capacidade geral de combinação (CGC) com a ação gênica aditiva dos genes e a capacidade específica de combinação (CEC) como resultante de efeitos de dominância, epistasia ou interação genótipo x ambiente.

De acordo com MIRANDA FILHO & VIEGAS (1987), a capacidade geral de combinação (CGC) refere-se ao comportamento médio de uma linhagem em uma série de híbridos, isto é, o comportamento dessa linhagem quando cruzada com várias outras. Por outro lado, a capacidade

específica de combinação (CEC) refere-se ao comportamento de uma linhagem quando cruzada com outra, num híbrido simples. LONNQUIST & RUMBAUGH (1958) estudaram testadores de ampla e de estreita base genética na avaliação de linhagens de milho; concluíram que um testador de base genética ampla seria adequado para selecionar linhagens com alta CGC, sendo posteriormente feito o teste para CEC dentre as linhagens então selecionadas.

Os termos capacidade geral e capacidade específica de combinação são muitas vezes mal empregados na literatura (KEMPTHORNE, 1973). A capacidade geral de combinação de uma linhagem não é propriedade fixa da mesma, pois depende da constituição genética da população utilizada como testador (KEMPTHORNE & CURNOW, 1961). Além disso, GARDNER & EBERHART (1966) mostram que em cruzamentos dialélicos de linhagens ou variedades, a capacidade geral de combinação de uma delas (g_j) depende também do h_j , um parâmetro que mede a heterose da linhagem quando cruzada com uma mistura de todas as outras, sendo, portanto, função dos efeitos de dominância que se manifestam nos cruzamentos.

Para HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988), o uso de "topcrosses" ou "testcrosses", em melhoramento de milho, tem os seguintes objetivos: 1) avaliação de capacidade de combinação de linhagens em combinações híbridas e, 2) avaliação do valor genético dos genótipos da população a melhorar. Mas, em cada caso, o problema de

escolha do testador, que promove a melhor discriminação entre os genótipos de acordo com os propósitos de seleção, é essencialmente o mesmo.

Conforme HALLAUER & LOPEZ-PEREZ (1979), o melhorista considera várias alternativas na seleção de um testador: 1) ampla base genética vs estreita base genética; 2) alta frequência vs baixa frequência gênica; 3) capacidade geral de combinação (CGC) vs capacidade específica de combinação (CEC) e 4) alta produção vs baixa produção. Os autores, também indicam que outros fatores a se considerar na escolha de um testador podem ser: 5) o estágio de desenvolvimento do programa; 6) a disponibilidade de testadores; 7) os tipos de materiais sob teste e 8) os tipos de híbridos para os quais as linhagens sob estudo serão usadas.

Os testadores têm sido definidos de diferentes formas. MATZINGER (1953), definiu um testador desejável como sendo aquele que combina simplicidade no uso com máxima informação do rendimento das linhagens. Um "bom testador" foi definido por RAWLINGS & THOMPSON (1962), como o que classifica corretamente, referindo-se ao rendimento das linhagens e discriminando eficientemente entre o material testado. ALLISON & CURNOW (1966), consideram que o melhor testador é aquele que maximiza a produção média esperada de uma variedade sintética produzida por cruzamento ao acaso de genótipos selecionados. HALLAUER (1975) expressa que um testador

adequado deve incluir: 1) simplicidade no uso; 2) informação que corretamente classifique o mérito relativo das linhagens e, 3) maximização do ganho genético.

Os testadores de base genética ampla têm sido usados sob a hipótese de que a superioridade das linhagens selecionadas é devida à sua maior capacidade geral de combinação, a qual está associada principalmente aos efeitos gênicos aditivos. HALLAUER & LOPEZ-PEREZ (1979) relataram que a vantagem do uso de um testador de base genética ampla é a presença de menor influência devida às interações linhagem x ambiente e linhagem x testador. No entanto, os testadores de base genética estreita não possuem os problemas de amostragem dos gametas de um testador de base ampla.

Pesquisadores como RAWLINGS & THOMPSON (1962); COMSTOCK (1964); ALLISON & CURNOW (1966), associaram seus resultados a uma base genética quantitativa. De um modo geral, tanto os estudos teóricos como as evidências experimentais, estão a favor da superioridade de um testador homozigoto recessivo ou de uma variedade com baixa frequência dos genes importantes, conforme preconiza a hipótese de HULL (1945).

HALLAUER & LOPEZ-PEREZ (1979) relataram um estudo que incluiu 50 linhagens S_1 e S_8 não selecionadas (linhagens S_1 obtidas por descendência direta de uma única planta a partir das linhagens S_8). Essas S_1 linhagens foram cruzadas com cinco testadores selecionados

por suas supostas diferenças nas frequências alélicas para produção. Os testadores foram: 1) a população original; 2) uma linhagens melhorada obtida da população original e com produção média; 3) uma linhagem ⁸ derivada da população base e classificada como sendo de baixa produção; 4) uma linhagem de alta produção; sendo todas elas relacionadas às linhagens sob avaliação e, 5) uma linhagem de alta produção não relacionada com as linhagens que estavam sendo avaliadas. Os resultados indicaram que para os testadores relacionados, a maior variação entre "testcrosses" foi para os testadores de base genética estreita. Esses resultados concordam com a hipótese de HULL (1945), sendo que os testadores com baixa frequência de alelos favoráveis mostraram a maior variabilidade entre as linhagens em ambos os níveis de endogamia. Porém, o testador não relacionado, de alta produção, obteve a maior produção em ambos os níveis e a variabilidade entre "testcrosses" foi similar aos testadores de baixa produção. Os autores sugerem que o testador não relacionado pode identificar as linhagens que têm boa capacidade de combinação com as linhagens da população contrastante.

Segundo JUGENHEIMER (1981) o uso de "topcrosses" proporciona um método eficiente para avaliação preliminar de linhagens endogâmicas, sendo especialmente de grande utilidade para determinar a capacidade geral de combinação (CGC) de um grande número de linhagens. Por outro lado, RUSSELL (1969) indicou que a seleção visual das

linhagens permite ao melhorista avaliar um maior número delas que as que se avaliam usualmente em ensaios de produção. O autor sugere que a seleção visual pode ser aplicada durante aproximadamente 3 gerações de autofecundação, logo do qual se pode testar para capacidade específica de combinação (CEC) cruzando-as com uma linhagem ou híbrido simples.

GAMA & HALLAUER (1977) indicaram que seleção visual não pode ser aceita como um método de melhoramento de linhagens que dê híbridos superiores, considerando o teste de produção de linhagens através de híbridos simples como o único procedimento para determinar o valor potencial de uma linhagem em combinações híbridas.

De acordo com MIRANDA FILHO & VIEGAS (1987), o esquema mais usual de avaliação de linhagens se resume em: (1) avaliação para capacidade de combinação através de "topcrosses" e, (2) avaliação para capacidade específica de combinação geralmente através de cruzamentos dialélicos. Sendo também comum a avaliação de linhagens para capacidade de combinação com um testador específico, quando o testador já é um dos progenitores de um híbrido comercial e quer-se obter o outro progenitor do híbrido.

VENCOVSKY (1978) relatou que quando são obtidas linhagens de duas populações contrastantes, o esquema de cruzamento dialélico parcial pode ser utilizado, sendo, neste caso, somente feitos os híbridos entre linhagens da população A com linhagens da população B. Em

outro estudo, VENCOVSKY (1987) relatou que no decorrer do processo de obtenção de linhagens já se pratica seleção, pois só as populações melhoradas é que devem servir de material básico para extrairmos linhagens. De modo que é de vital importância o binômio, seleção recorrente e obtenção de linhagens.

Conforme ZAMBEZI et alli (1986), dez parentais (9 linhagens S e a população original de base² ampla) de uma população foram cruzados num desenho fatorial com um conjunto semelhante de parentais de uma outra população, e os resultantes 100 cruzamentos (10 envolvendo cada parental) foram testadas em 2 localidades. Estimativas significativas dos efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) foram obtido em ambas as populações para rendimento de grão, altura de espiga, taxa de sabugo, e percentagens de plantas em pé na colheita. Efeito de capacidade específica de combinação (CEC) estimativos foram significativos, mas menores que aquelas para CGC. Segundo LANDI et alli (1986) três conjuntos dialélicos de cruzamentos entre 10, 7 e 8 linhas, respectivamente, foram plantados em 3 localidades em 1981-83 entre os meados de junho até início de julho. Diferenças entre híbridos foram significativas para rendimento de grãos, conteúdo de humidade dos grãos, data de liberação de polen, altura da planta, altura da espiga e percentagem de plantas em pé e foram, na maioria dos casos, devido a ambos os efeitos de capacidade geral e específica de combinação. Rendimento de

grãos foi positivamente correlacionada com a altura da planta em todos os conjuntos dialélicos. As interações entre híbridos x localidades para rendimento foi significativo para os 3 dialélicos.

Linhagens de milho amarelo dentado ND259 (testado como ND82-8) e ND260 (testado como ND82-9) foram selecionadas, após de 8 gerações de autofecundação, respectivamente, para características desejáveis de planta e de espiga. Quando avaliadas num número de combinações híbridas em diversos sítios em 1983-1985, ND259 produziu altos rendimentos em cruzamentos com ND301, CM105, ND256 e ND250 e ND260 em cruzamentos com CM105, ND245 e ND256. ND259 tinha efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) acima da média para alto rendimento de grãos e baixo acamamentos de colmos, enquanto ND260 tinha bons efeitos CGC para alto rendimento e conteúdo baixo de umidade na colheita e acamamento.

Embora seja grande a quantidade de estudos sobre testadores, MORAN (1984) considera que ainda existem muitos aspectos que deverão ser esclarecidos para se chegar a um critério seguro sobre o uso de testadores no melhoramento de milho pois, na maioria dos casos, os melhoristas utilizam critérios próprios e subjetivos para a escolha de testadores nos seus programas de melhoramento.

2.2.2. O teste precoce

Nos programas de obtenção do milho híbrido,

muitas das linhagens com boas características agronômicas e boa produtividade, obtidas ao final de um longo processo de autofecundação e seleção, podem ser eliminadas por não apresentarem boa capacidade de combinação.

O teste precoce foi proposto por JENKINS (1935) e SPRAGUE (1946), sendo sua finalidade evitar que se avance nas gerações de autofecundações com materiais de baixa capacidade de combinação, sugerindo-se a avaliação das linhagens de milho nos estágios iniciais do processo de endogamia. IDE (1983) indicou que essa sugestão se baseia na premissa de que haja diferenças acentuadas na capacidade de combinação entre plantas de polinização livre ou nos primeiros estágios de autofecundação e que as amostras selecionadas tenham potencial para fornecer uma grande proporção de linhagens superiores após a endogamia.

DAVIS (1934), através da avaliação de sucessivas gerações endogâmicas concluiu que na geração S₂ já ocorria a fixação de alguns caracteres de produção em combinações híbridas. O autor indicou também que essa geração se apresentava melhor em "topcrosses" porque já havia sofrido alguma alteração para produção ou caracteres relacionados.

JENKINS (1935) avaliou "topcrosses" depois de oito gerações de autofecundação concluindo, a respeito da capacidade geral de combinação, que as linhagens endogâmicas adquirem sua individualidade como progenitores dos "topcrosses" após a primeira geração de autofecundação,

permanecendo relativamente estáveis nas gerações subsequentes.

Por outro lado, SPRAGUE (1939), testando plantas S_0 , concluiu que havia grande variação entre os seus "topcrosses", sendo possível avaliar a capacidade geral de combinação de plantas que não foram ainda autofecundadas.

SINGLETON & NELSON (1945) apresentaram resultados do comportamento de "topcrosses" com linhagens de milho doce durante três gerações de autofecundação. Eles observaram uma mudança significativa na capacidade de combinação, de geração a geração, medida pela comparação de variância do erro. Entretanto, quando a variância para gerações é testada com a interação de linhagem x geração, não existe indícios de alteração na capacidade de combinação de S_1 para S_3 .

Contudo, SPRAGUE (1946) avaliou o comportamento de "topcrosses" de plantas S_0 e S_1 , verificando que em ambos os casos ocorriam diferenças significativas na capacidade de combinação. O autor concluiu que o comportamento médio em combinações simples das linhagens obtidas através da técnica do teste precoce eram consistentemente superiores àsquelas obtidas pelo método tradicional, sendo o teste precoce uma útil ferramenta em um programa de melhoramento, devido a que a capacidade de combinação é uma característica herdável.

RICHEY (1947) concluiu que o "topcross"

permite avaliar o comportamento de uma linhagem em qualquer estágio de endogamia, mas não existem bons indicadores da capacidade de combinação de uma linhagem antes que se atinja razoável homozigose. O autor argumentou ainda que o comportamento de uma progênie autofecundada não é bom critério para avaliação da capacidade de combinação antes de se eliminar, por seleção, os genes recessivos de maior efeito individual e menor frequência.

Segundo LONNQUIST (1949), o teste precoce pode ser aplicado em qualquer fonte de material endogâmico, seja variedade, sintético ou geração avançada de linhagens a partir de linhagens S_1 , ao invés de se usar plantas S_0 não fornece uma boa indicação de seu potencial genético, o qual pode ser mais adequadamente avaliado em linhagens S_1 .

LONNQUIST (1950) realizou um estudo sobre seleção divergente para alta e baixa capacidade de combinação, a partir de linhagens S_1 obtidas da variedade Krug. Na geração S_4 , as linhagens de comportamento superior em "topcross" eram aquelas que se originavam de linhagens S_1 , que também apresentavam alta capacidade de combinação. Esses resultados permitiram ao autor emitir as seguintes conclusões:

- a) O teste precoce de linhagens S_1 pode fornecer uma melhor amostra de material do que a autofecundação ao acaso de uma população;
- b) As linhagens endogâmicas segregam para fatores

determinantes, tanto da produção quanto para outros caracteres, sendo que as melhores segregações dentro das famílias podem ser identificadas por métodos apropriados de seleção para capacidade de combinação durante as primeiras gerações segregantes;

- c) Desde que se possa esperar mudanças na capacidade de combinação em todas as linhagens durante o período de endogamia, iniciando-se o processo de autofecundação com linhagens S_1 de alta capacidade de combinação, em geral, resultará em linhagens com comportamento superior àquelas obtidas de linhagens S_1 de baixa capacidade de combinação.

WELLHAUSEN & WORTMAN (1954) comparando a capacidade de combinação dos S_1 e dos S_3 , verificaram uma seleção eficiente das linhagens S_1 quando avaliadas em "topcrosses". RUSSELL (1969) confirmou a viabilidade do teste precoce como técnica de melhoramento para obtenção de linhagens de milho somente quando as linhagens obtidas são utilizadas em combinações híbridas com o testador empregado. Posteriormente, RUSSELL (1975) concluiu que o teste precoce apresenta vantagens ao permitir a identificação do melhor germoplasma quanto à capacidade de combinação quando a variabilidade genética é máxima. Entretanto, o elevado custo de avaliação restringe o tamanho e, portanto, a base genética da população selecionada.

SPRAGUE & EBERHART (1977) relataram que duas

das linhagens públicas mais extensivamente utilizadas na produção comercial de sementes híbridas de milho nos Estados Unidos em 1970, B14 e B37, foram obtidas através do procedimento do teste precoce.

Em geral, MARTINS (1986) considerou que o valor do teste precoce depende basicamente da população que se usa para iniciar o processo de endogamia. Usando-se uma população altamente heterozigota e com muitos genes deletérios e subletais, dificilmente se conseguirão boas linhagens. Entretanto, quando se usa um sintético ou uma população que já tenha sido submetida à autofecundação, o uso do teste precoce é de maior valia porque há uma chance maior de se obterem linhagens com bom comportamento agronômico per-se.

A seleção das linhagens está determinada por sua capacidade de combinação e suas características per-se. MARTINS (1986) assinala que o teste precoce seja feito na geração S_0 ou S_1 , pois quando ele é feito nas plantas S_2 ou S_3 o número de tratamentos no ensaio de "topcross" é muito grande ou não representa uma boa amostra da população; além disso, as linhagens selecionadas pela sua alta capacidade de combinação não conseguirão avançar nas gerações de endogamia, devido a perda de vigor ou problemas de esterilidade.

O passo inicial de um programa de melhoramento visando a síntese de híbridos, é a determinação do potencial das populações per-se e de suas

heteroses, o que é feito através de cruzamentos dialélicos. Com base nestes resultados, populações S_0 são submetidas a autofecundações sucessivas até S_3 . Neste período, de S_0 a S_3 , as linhagens são selecionadas visualmente para características desejáveis: Seleção Fenotípica. Após obtenção das linhagens S_3 , estas são cruzadas com um ou dois testadores de base genética ampla, visando selecionar linhagens com alta capacidade de combinação. As melhores linhagens S_3 selecionadas em topcross, agora já em S_4 , serão novamente cruzadas com os testadores e avaliadas em ensaios de produção. Tanto na fase 1 quanto na fase 2, as linhagens com alta capacidade de combinação selecionadas constituem-se em dois grupos com padrões heteróticos bem definidos, as quais são testadas em combinações de híbridos simples, para capacidade geral e específica de combinação e para previsões de híbridos duplos.

Existe divergência de opiniões a respeito do estágio de teste para capacidade de combinação na avaliação de linhagens de milho. De acordo com JUGENHEIMER (1981), existem melhoristas partidários do teste tardio das linhagens, que sugerem um processo de endogamia por 3 a 5 gerações antes de avalia-las em combinações híbridas, período onde se pratica nas linhagens seleção para vigor geral, resistência ao acamamento, às doenças e aos insetos, entre outras características desejáveis, pois o comportamento das linhagens em cruzamentos pode mudar durante o processo de endogamia crescente. Muitas das

linhagens podem ser descartadas durante o programa de melhoramento, sendo o processo de teste muito mais oneroso e laborioso que o desenvolvimento de linhagens endogâmicas. JENKINS (1935) e SPRAGUE (1939, 1946), consideram que o processo de endogamia por 5 a 7 gerações acompanhadas de seleção visual é um processo estático e por isso sugeriram o teste precoce das linhagens. SPRAGUE (1946) explicou que o teste precoce difere do procedimento usual em dois aspectos: 1) as plantas S_0 são cruzadas com um testador por ocasião da primeira autofecundação, permitindo assim a avaliação da capacidade de combinação e do comportamento geral das "topcrosses"; e 2) o primeiro descarte permite maior concentração de esforços nas linhagens promissoras durante as gerações S_1 e S_2 , quando existe maior oportunidade para a seleção dentro das linhagens. O referido teste é baseado em duas premissas: 1) existe uma grande diferença na capacidade de combinação entre plantas de uma mesma população e, 2) a amostra, com base no teste de capacidade de combinação, dará mais segurança em selecionar melhores progênies do que aquelas obtidas com base na seleção fenotípica.

RICHEY (1945), relatou dúvidas quanto ao valor de seleção baseado no teste precoce devido aos seguintes argumentos: (a) o testcross permite avaliar o comportamento de uma linhagem em qualquer estágio do programa, mas não existem bons indicadores de capacidade de combinação de uma linhagem antes que ela atinja um nível

razoável de homozigose; (b) o comportamento de uma progênie autofecundada não é bom critério para capacidade de combinação antes de eliminar, por seleção, os genes recessivos de maior efeito individual e menor frequência. O autor considera que com a eliminação dos genes recessivos e progresso para maior homozigose, os resultados obtidos pelos testes de progênies autofecundadas ou cruzadas, serão mais consistentes; também relatou que pela autofecundação é possível selecionar dentro de famílias, enquanto que na avaliação em cruzamentos a seleção é feita somente entre famílias.

Conforme JUGENHEIMER (1981), existe um terceiro grupo de melhoristas de milho situados entre o teste extremamente precoce e tardio, que fazem seleção visual de novas linhagens durante um ou dois anos de autofecundação e as melhores linhagens S são cruzadas com um testador apropriado, para serem avaliadas em ensaios de produção quanto à sua capacidade de combinação, sendo que as melhores linhagens podem ainda ser avaliadas em S ou S .
 $\begin{matrix} 2 \\ 3 \end{matrix}$ $\begin{matrix} 4 \end{matrix}$

2.3. Cruzamentos dialélicos

2.3.1. Modalidades de cruzamentos dialélicos

Um dos objetivos fundamentais dos melhoristas, têm sido a obtenção de linhagens melhoradas para a utilização de híbridos comerciais. O valor de uma linhagem no processo de produção comercial do híbrido

depende das características da própria linhagem e do seu comportamento em combinações híbridas. Muitos estudos têm sido feitos visando estabelecer um método rápido quanto às suas capacidades de formarem híbridos superiores. Uma forma efetiva de testar um grupo de linhagens é através dos cruzamentos dialélicos, os mesmos que, têm sido também utilizados por geneticistas, visando obter melhor entendimento da natureza da ação dos genes envolvidos em caracteres de importância na agricultura e evolução. Na análise de dialélicos têm sido propostos vários esquemas (HAYMAN, 1954A; 1954B; 1958; 1960; GRIFFING, 1956a; KEMPTHORNE, 1956; GARDNER, 1965; GARDNER & EBERHART, 1966; GARRETSEN & KEULS, 1978; entre outros) que apesar de algumas distinções, são aplicáveis a um conjunto mínimo de $p(p-1)/2$ híbridos simples resultantes de todas as combinações entre as p linhagens parentais.

Os cruzamentos dialélicos utilizados pelos geneticistas e melhoristas, têm a finalidade de verificar o potencial de variedades, populações e linhagens em combinações híbridas. O princípio desse esquema é realizar todos os cruzamentos possíveis entre um grupo de linhagens, populações ou variedades, onde os dados são organizados em tabelas dialélicas. Segundo FEDERER (1967), um dos primeiros autores a discutir o conceito de cruzamentos dialélicos foi Schmidt em 1919, com um trabalho intitulado "Método dos cruzamentos dialélicos" e considerou o "testcross" (cruzamento de um dado número de linhagens com

testadores) como uma forma de cruzamento dialélico.

SPRAGUE & TATUM (1942) definiram capacidade geral de combinação (C.G.C.) e capacidade específica de combinação (C.E.C.) e, de acordo com esses autores, a C.G.C. expressa o comportamento médio de uma linhagem em combinações híbridas; e a C.E.C. expressa o comportamento de combinações híbridas específicas, independente do que se poderia esperar com base na C.G.C. das linhagens envolvidas. Após a definição dos conceitos de C.G.C. e C.E.C., o método dos cruzamentos dialélicos passou a ser amplamente estudado e aplicado. Em 1954a, HAYMAN introduziu um método de cruzamentos dialélicos que permite detectar a variância genética aditiva e desvios da dominância, e para sua aplicação ele estabeleceu algumas restrições: segregação diplóica, ausência de diferenças nos cruzamentos recíprocos, ação independente de genes não alélicos, ausência de alelismo múltiplo, pais homozigóticos e distribuição independente dos genes paternos. Com isso, sua utilização ficou praticamente restrita a plantas autógamas.

Um exame detalhado do conceito de capacidade de combinação, em relação aos sistemas de cruzamentos dialélicos, foi apresentado por GRIFFING (1956a e b), no qual é possível estimar os parâmetros de capacidade geral e específica de combinação. O mesmo autor desenvolveu uma metodologia que pode ser adaptada a diferentes situações. Assim, como base para classificação, são possíveis quatro

métodos experimentais:

1. com p linhagens paternas, um grupo de híbridos F_2 e seus recíprocos (todas as p combinações);
2. com as linhagens paternas e um grupo de híbridos F_1 , faltando seus recíprocos [$p(p + 1)/2$ combinações];
3. com os híbridos F_1 e seus recíprocos, faltando as linhagens paternas [$p(p - 1)$ combinações];
4. inclui-se apenas um grupo de híbridos F_1 , faltando tanto seus recíprocos, como as linhagens paternas [$p(p - 1)/2$ combinações].

Na literatura são encontrados inúmeros trabalhos referentes a cruzamentos dialélicos. FEDERER (1967), VENCovsky (1970), MIRANDA FILHO (1974) fizeram uma ampla abordagem sobre o assunto, no qual pode-se observar que os trabalhos mencionados até meados da década de 60, envolveram principalmente cruzamentos de linhagens homozigóticas. Porém, GARDNER (1965), GARDNER & EBERHART (1966) já haviam-se preocupado em apresentar uma metodologia de análise de cruzamentos dialélicos aplicado às variedades de polinização livre. A metodologia apresentada por esses autores permite obter informações a respeito do potencial genético das variedades e de seus respectivos cruzamentos. O modelo apresentado se baseia nos componentes aditivos (a_j) e de dominância (d_j), do efeito de variedades

(v_j), bem como do componente heterótico ($h_{jj'}$), que aparece nos cruzamentos, e que pode ser desdobrado em heterose média (h), heterose de variedades (h_j) e heterose específica ($s_{jj'}$). GARDNER (1967), segundo o modelo apresentado anteriormente, forneceu expressões para estimar os parâmetros genéticos e para obter as somas de quadrados da análise de variância. VENCOVSKY (1969) forneceu alguns dados adicionais na análise proposta por GARDNER & EBERHART (1966) determinando as variâncias das estimativas dos parâmetros genéticos do modelo, bem como as expressões para a estimação de médias de populações e as variâncias destas últimas.

Na literatura são encontradas vários trabalhos que utilizaram o modelo de GARDNER & EBERHART (1966) para analisar cruzamentos intervarietais de milho, e em alguns desses trabalhos, observou-se que para o caráter produção de grãos foi detectado significância dos efeitos de variedades (v_j), heterose média (h) e heterose de variedades (h_j) (HALLAUER & EBERHART, 1966; VENCOVSKY, 1970; BARRIGA & VENCOVSKY, 1973; MIRANDA FILHO, 1974 e SOUZA JR, 1981). Os trabalhos de HALLAUER & SEARS (1968), TROYER & HALLAUER (1968) e HALLAUER (1972) chegaram a resultados semelhantes aos apresentados pelos autores anteriores, com exceção de terem também detectado significância para heterose específica ($s_{jj'}$).

Apesar das vantagens apresentadas pela utilização do esquema de cruzamentos dialélicos, seu uso na

prática é limitado ao estudo de um pequeno número de materiais. Com o aumento do número de genótipos parentais, o número de combinações cresce demasiadamente, tornando difícil a condução experimental e para isso então, uma alternativa é a utilização de cruzamentos dialélicos parciais, em que somente uma amostra de todos os cruzamentos possíveis é estudada. As análises são menos precisas do que no dialélico completo, mas um grande número de cruzamentos pode ser estudado.

2.3.2. Dialélico parcial

O esquema de dialélico parcial é uma alternativa quando se deseja avaliar os cruzamentos de um número elevado de variedades, populações e linhagens, pois apenas parte de todas as combinações híbridas possíveis são requeridas para a análise. Tais esquemas de cruzamento têm sido designados de dialélicos parciais. O grau de precisão das análises é menor quando comparada com a do dialélico completo, por não ser totalmente balanceado. Entretanto, KEMPTHORNE & CURNOW (1961) e CURNOW (1963) enumeraram uma série de vantagens associadas aos cruzamentos dialélicos parciais, a saber: (1) um grande número de genótipos podem ser avaliados para capacidade geral de combinação e a perda em precisão é compensada pelo maior ganho genético, obtido através de uma seleção mais intensa, que pode ser aplicada nos genótipos parentais; (2) a seleção pode ser aplicada em um grande número de genótipos, avaliados em parte de todos

os cruzamentos possíveis; (3) a variância devido à capacidade geral de combinação das populações, das quais são amostradas, pode ser estimada mais corretamente.

A elaboração do método dos cruzamentos dialélicos parciais teve início com um trabalho não publicado, realizado por Brown em 1948, segundo KEMPTHORNE (1957). Este trabalho inspirou a KEMPTHORNE & CURNOW (1961) a desenvolverem um método completo a respeito de dialélicos parciais, baseado em $ns/2$ cruzamentos, onde n é o número de linhas progenitoras e s é um número inteiro igual ou maior do que 2, sendo que n e s não podem ser ímpares nem pares simultaneamente. Esse tipo de delineamento é denominado de circulante e tem sido utilizado na prática por diversos autores (BRAY, 1971; DHILLON, 1978; DHILLON & SINGH, 1978a; DHILLON & SINGH, 1981 e SINGH et alii, 1984; DANTAS, 1988, entre outros).

Com base no fato de delineamento circulante de KEMPTHORNE & CURNOW (1961), outros esquemas de cruzamentos dialélicos parciais foram propostos. FYFE & GILBERT (1963) apresentaram dois tipos de delineamento para dialélicos parciais, os triangulares e os fatoriais, onde o primeiro é para $p = n(n - 1)/2$ progenitores, sendo n um número inteiro. Os progenitores se agrupam em um triângulo dentro de um quadrado $(n - 1)(n - 1)$. O esquema fatorial é utilizado para $p = m \times n$ progenitores, com m e n inteiros. Os progenitores se apresentam dentro de um retângulo $m \times n$. De acordo com os autores, esses esquemas eram melhor

balanceados, proporcionando maiores informações sobre as capacidades gerais de combinação dos parentais, além de serem mais facilmente analisados.

Uma boa discussão a respeito da aplicabilidade dos métodos apresentados por FYFE & GILBERT (1963) são relatados pelos trabalhos de ANAND & RANA(1970), DHILLON & SINGH (1978b), DHILLON & SINGH (1979) e SINGH et alii (1984), entre outros.

Com o intuito de suprir algumas falhas encontradas no esquema circulante de KEMPTHORNE & CURNOW (1961), FEDERER (1967) desenvolveu um método circulante que diferiu do anterior principalmente no que se refere ao número de parentais utilizados no cruzamento, que é limitado no primeiro esquema.

Esses métodos são bem discutidos por DHILLON (1975), que fez uma ampla revisão sobre os cruzamentos dialélicos parciais e apontou as vantagens estatísticas, genéticas e econômicas desse delineamento. SINGH et alii (1984) fizeram um estudo para avaliar a eficiência dos métodos dialélicos parciais, apresentados por KEMPTHORNE & CURNOW (1961), FEDERER (1967) e FYFE & GILBERT (1963), e concluíram que o esquema apresentado por KEMPTHORNE & CURNOW (1961) é de qualidade inferior em relação aos outros dois métodos, e o esquema de FYFE & GILBERT (1963) é o que apresenta os melhores resultados, embora o esquema apresentado por FEDERER (1967) seja mais flexível quanto ao número de pais utilizados nos cruzamentos.

Com a crescente preocupação em se trabalhar com variedades de polinização livre, VENCovsky (1978) definiu os dialélicos parciais como sendo os cruzamentos de dois grupos fixos e distintos de variedades parentais em todas as combinações entre esses dois grupos, como por exemplo, entre materiais de grãos dentados e duros. MIRANDA FILHO & GERALDI (1980, 1984) propuseram uma adaptação do modelo completo de GARDNER & EBERHART (1966) no que se refere aos cruzamentos dialélicos parciais que foi utilizada na prática por LIMA (1982) e por MIRANDA FILHO (1986) na avaliação de dois grupos de variedades, tendo-se mostrado bastante eficiente. Neste esquema, são avaliados as I variedades do grupo 1, as J variedades do grupo 2 e os IJ híbridos intervarietais (entre grupos).

GERALDI & MIRANDA FILHO (1988) apresentaram uma metodologia de análise para cruzamento dialélico parcial entre dois grupos distintos de materiais conforme uma adaptação do método 2 do modelo de GRIFFING (1956b) em que se avaliam as médias das variedades e dos híbridos intergrupos.

Um problema adicional surge quando o número de combinações híbridas desejadas não foi obtido por algum motivo, como insuficiência de sementes, perda de parcela, épocas diferentes de florescimento, etc., ficando o sistema dialélico desbalanceado. Nesse caso, o uso da metodologia apresentada por KEULS & GARRETSEN (1977), GARRETSEN & KEULS (1978) têm sido mais adequado. Os autores apresentaram

formulas que podem ser usadas em todos os tipos de cruzamentos dialélicos, completo e incompleto, balanceado e desbalanceado. A metodologia apresentada por esses autores é semelhante àquela proposta por GRIFFING (1956b), que utiliza um sistema de equações normais obtidas pelo método de quadrados mínimos e que podem ser utilizadas em modelos aleatórios (KEULS & GARRETSEN, 1977) ou fixos (GARRETSEN & KEULS, 1978).

MACHADO (1986) avaliou variedades de milho dentado e duro, num esquema dialélico parcial incompleto, adaptando para a análise um modelo adaptado do método 4 de GRIFFING (1956b) que utiliza um sistema de equações normais obtidas pelo método dos quadrados mínimos. O autor observou a eficiência da metodologia na obtenção das estimativas de efeitos de capacidade geral e específica de combinação na soma de quadrados para análise da variância.

A avaliação de linhagens de milho em cruzamentos dialélicos parciais têm sido realizados. GONÇALVES (1987) introduziu uma modificação ao esquema de cruzamento dialélico parcial proposto por KEMPTHORNE & CURNOW (1961), para a avaliação de linhagens endogâmicas provenientes de duas populações diferentes de milho, "flint" e "dent". Neste esquema dialélico parcial circulante utilizado, cada linhagem de uma população foi cruzada com três linhagens da população oposta. Assim só são avaliados os híbridos simples entre grupos, que perfazem n cruzamentos, sendo n o número de linhagens em

cada grupo e s o número de cruzamentos de cada linhagem; portanto, ns representa um número bem menor do que os $n(2n-1)$ cruzamentos do dialélico completo. No trabalho de GONÇALVES (1987) ficou evidenciada a eficiência da metodologia para a análise da capacidade geral e específica de combinação das linhagens, bem como para fazer predições em combinações híbridas que não constaram do esquema de cruzamento.

DANTAS (1988) utilizou o esquema proposto por GONÇALVES (1987) para a avaliação da capacidade de combinação de linhagens das populações SuWan e ESALQ-PB1. Também neste caso confirmou-se a eficiência da metodologia, bem como foram introduzidos processos de predição de cruzamentos entre linhagens na forma de híbridos simples, triplos e duplos.

O cruzamento dialélico parcial, na forma de esquema fatorial semelhante ao delineamento II de COMSTOCK & ROBINSON (1948), onde somente são incluídos os híbridos intergrupos foi utilizado por MARTINS (1986); sendo eficiente para a avaliação da capacidade de combinação das linhagens. A metodologia proposta neste trabalho refere-se à avaliação das linhagens de duas populações e compreende as seguintes etapas: 1) Identificação das linhagens não aparentadas baseado na genealogia; 2) Subdivisão do conjunto de linhagens de cada população em n subconjuntos de k linhagens e, combinação aleatória dos subconjuntos das duas populações; 3) Realização dos cruzamentos $k \times k$ para

os $\frac{n}{2}$ pares de subconjuntos; 4) Avaliação experimental dos nk híbridos simples e, identificação das combinações híbridas superiores e das linhagens com maior capacidade geral de combinação; 5) Reavaliação dos híbridos simples superiores juntamente com outras combinações híbridas, previamente preditas ou entre linhagens aparentadas dos híbridos selecionados, e os $nk(n-1)$ restantes são avaliados indiretamente pela capacidade geral de combinação das respectivas linhagens envolvidas. MARTINS (1986) avaliou 30 linhagens de Piranão VD2 e 15 linhagens de Piranão VF1, utilizando o esquema de cruzamento dialélico parcial 5×5 , totalizando seis conjuntos de cruzamentos: $D_1 \times F_1$; $D_1 \times F_2$; $D_2 \times F_1$; $D_2 \times F_2$; $D_3 \times F_1$; $D_3 \times F_2$; sendo D e F designativos dos grupos de linhagens de Piranão VD2 e Piranão VF1, respectivamente. O autor concluiu que os valores observados dos híbridos podem ser preditos com boa segurança (coeficiente de determinação r^2 variando de 0,79 a 0,90) com base nas estimativas da capacidade geral de combinação das linhagens. A análise da variância da tabela dialélica é feita segundo o modelo fatorial, onde os efeitos principais correspondem à capacidade geral de combinação e à interação à capacidade específica de combinação.

De maneira geral, MARTINS (1986) trabalhando com híbridos simples, obtidos a partir de linhagens provenientes das populações braquíticas Piranão VD-2B e Piranão VF-1B, verificou que a obtenção de híbridos simples

mais produtivos que a testemunha variedade comercial Piranão VD-2 em cerca de 50%, refletem o bom potencial de conjunto de linhagens das duas populações, para a obtenção de híbridos duplos e triplos de alta produtividade. Os altos valores obtidos para relação variância genética/variância fenotípica evidenciam a presença de alta variabilidade de híbridos simples entre as duas populações. As altas significâncias ($p < 1\%$) verificadas entre as diferenças de capacidade geral de combinação, refletem uma alta variabilidade para os conjuntos de linhagens flint que apresentou-se consistentemente maior do que entre linhagens dente em todos os experimentos.

Devido às facilidades e vantagens dos esquemas dialélicos parciais, eles estão sendo utilizados em escala crescente pelos programas de melhoramento genético que visam conhecer melhor a estrutura das populações, o grau de divergência genética entre elas e suas capacidades combinatórias.

2.4. Caracteres avaliados nos híbridos

2.4.1. Peso de espigas e peso de grãos

Peso de espigas e peso de grãos, são as variáveis representativas de produção ou de produtividade (produção por unidade de área) que, sem dúvida, é o caráter mais importante do ponto de vista do melhoramento.

Praticamente todos os estudos sobre melhoramento genético do milho envolvem análise da produtividade, o que torna inexequível uma análise detalhada da literatura pertinente. O estudo de populações tem mostrado uma preponderância da variância genética aditiva embora a variância dominante seja também expressiva como componente da variância fenotípica total; estimativas destes componentes da variância revelam valores médios da ordem de $468,6 \text{ (g/planta)}^2$ para variância aditiva e de $279,9 \text{ (g/planta)}^2$ para variância dominante em populações americanas (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). Em populações brasileiras, a variância aditiva média foi da ordem de 309 (g/planta)^2 (VENCOVSKY et alii, 1988). Num levantamento das estimativas obtidas de trabalhos com progênies de meios-irmãos, desenvolvidos no Departamento de Genética da ESALQ/USP, em Piracicaba, e totalizando 30 populações, foi encontrado um valor médio de 320 (g/planta)^2 para variância aditiva. A heterose, a nível de híbridos intervarietais, foi da ordem de 19,5% e 8,2% (média de 1394 cruzamentos) em relação à média dos pais e ao pai mais produtivo, respectivamente (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). Por outro lado, a depressão causada pela endogamia tem variado de 37 a 63% na produção de populações submetidas a uma geração de autofecundação (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). No Brasil, vários trabalhos foram conduzidos para determinar depressão endogâmica em populações de milho, tais como VIANNA et alii (1982), LIMA et alii (1984),

MIRANDA FILHO & MEIRELLES (1986), entre outros. De acordo com HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) a produtividade é classificada como um caráter de baixa herdabilidade, cujo coeficiente geralmente é menor do que 0,20 ou 20%.

O uso de cruzamentos intervarietais é um meio de determinar o relacionamento entre os pais e serve também como guia na determinação das variedades que se devem conservar para futuros trabalhos de melhoramento. LONNQUIST & GARDNER (1961) utilizando 12 variedades de polinização livre e compostos que representavam ampla variabilidade de germoplasma adaptado, avaliaram a heterose em cruzamentos desse grupo de variedades como guia na seleção de estoques adequados para iniciar um programa de seleção recorrente recíproca. A heterose média em relação à média dos pais, foi de 108,5%; em relação ao pai mais produtivo, de 102,8%. Estimativas de capacidade geral de combinação (efeitos aditivos) e da capacidade específica de combinação (efeitos não aditivos) foram obtidas para produção de grãos. De modo geral, os efeitos aditivos foram mais importantes que os não aditivos. Os autores sugeriram que sejam utilizadas na hibridação linhagens endogâmicas obtidas de populações em que a frequência de genes favoráveis seja alta e que mostrem substancial heterose, quando cruzadas.

PATERNIANI (1980) estudou 6 variedades de polinização livre de milho, 3 de grãos dentados e 3 de grãos duros, 15 F1's e 15 F2's e 30 retrocruzamentos,

juntamente com 6 híbridos comerciais como testemunhas, e avaliou a produção de grãos durante dois anos. As principais conclusões foram: a heterose média dos F₁'s, em relação à média dos pais foi de 18,8% com amplitude de 5,6% a 36,8%, e que a capacidade de produção dos pais teve importância no vigor dos cruzamentos correspondentes. Foi verificado apenas um decréscimo de cerca de 3,3% na produção dos F₂'s, em relação aos F₁'s. As gerações F₂ e retrocruzamentos foram semelhantes e superiores aos pais. Isso indica que grande parte do vigor observado no F₁ permanece nas gerações avançadas, como resultado de genes fixáveis, provavelmente recombinações e efeitos gênicos aditivos.

Estimativas da variância genética aditiva, herdabilidade e progresso esperado pela seleção obtidas por MIRANDA FILHO et alii (1972), respectivamente: 440 (g/planta)², 12,62% e 10,61% (para 15% de seleção entre e 20% dentro de progênies de meios-irmãos), levaram aos autores a concluir que o composto ESALQ-VD-2 apresenta suficiente variabilidade genética para uma seleção eficiente de progênies. Resultados promissores para este composto também foram encontrados por LIMA (1977), que, em três ciclos de seleção com uma intensidade média de 16,4% entre e 11,2% dentro de famílias de meios-irmãos, obteve um progresso médio esperado de 8,15% e observado de 10,8%. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade, ao nível de planta, foram de 8,10%, 12,23% e 18,61% para os ciclos

originais, I e II, respectivamente. Para a variância genética aditiva, foi observado um valor médio de 387^2 (g/planta), e as estimativas não tiveram decrescimos significativos a cada ciclo, sendo os valores, em sua ordem, de 439^2 (g/planta), 376^2 (g/planta) e 344^2 (g/planta).

CASTRO et alii (1968), depois de estudar 5 variedades geneticamente diversas, sugeriram a utilização das gerações avançadas dos híbridos triplos e duplos de maiores produções como material genético básico em programas de seleção massal antes do início de qualquer programa de melhoramento que envolva endogamia.

Segundo HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988), os efeitos da seleção sobre a variabilidade genética das populações dependem de diversos fatores, tais como intensidade de seleção, frequências gênicas, desequilíbrio de ligação e taxa de recombinação.

2.4.2. Altura da planta e altura da espiga

Os caracteres altura da planta (AP) e altura da espiga (AE) têm sido a preocupação dos melhoristas de milho em seus respectivos programas, visando a obtenção de plantas de porte baixo. As plantas altas de milho, típicas das regiões tropicais e sub-tropicais, são mais sujeitas ao acamamento, pela ação dos ventos e chuvas fortes, em relação às plantas de porte baixo, o que afeta sua produtividade. A justificativa para resolver isso é a busca de uma planta cuja arquitetura permita resistência ao

acamamento, maior adaptação à colheita mecânica, possibilidade de se utilizar maiores densidades de plantio e obter-se produções maiores.

O controle genético para reduzir a AP e AE pode ser monogênico através do gene braquítico br2 ou gene do nanismo (HAYES et alii, 1955), mas também pode ser poligênico. Segundo BANDEL (1987) o gene braquítico br2 (gene maior), embora possua muitos modificadores, promove um encurtamento dos internódios das plantas e sua altura é conseqüentemente reduzida, sendo que o número e o tamanho das folhas não se altera, e o tamanho da espiga permanece o mesmo. O controle poligênico pode ocorrer através do controle do comprimento dos internódios ou do número destes.

Vários trabalhos com milho relataram a utilização do gene braquítico br2 (CIMMYT, 1972; PATERNIANI, 1973; ARBOLEDA et alii, 1974; MIRANDA FILHO, 1979), assim como também da característica poligênica (CIMMYT, 1972; MIRANDA FILHO, 1974; MORO et alii, 1981).

GIESBRECHT (1961) estudando duas linhagens de milho, verificou variação em seis fatores para AE, dos quais dois controlavam o número de internódios e quatro o comprimento dos internódios. Dominância parcial foi encontrada para maior AE pelo maior comprimento de internódios, enquanto que o número de internódios não mostrou efeitos de dominância. As estimativas de herdabilidade para os caracteres número de internódios,

comprimento de internódios e AE foram de 65,5%, 38,4% e 82,4%, respectivamente.

Altura da planta (AP) e altura da espiga (AE) estão catalogados como caracteres de alta herdabilidade. HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) encontraram coeficientes de herdabilidade para estas características da ordem de 50 a 70%.

Sobre AE muitos trabalhos foram conduzidos em diversas populações de milho, no sentido de se estimar parâmetros genéticos. Assim REGAZZI et alii (1980) utilizando o Composto Dentado B, observaram coeficientes de herdabilidade de 70,02% no sentido amplo e 25,10% no sentido restrito. SOUZA JÚNIOR et alii (1980) na população SuWan, obtiveram herdabilidade de 85,57% no sentido restrito. TOSELLO & GERALDI (1980) estudando a população ESALQ-VD opaco, verificaram herdabilidade de 57,64% no sentido restrito.

Para altura da planta e da espiga a nível de híbridos intervarietais em relação à média dos pais foram de 2,0% e 4,2%, respectivamente (MIRANDA FILHO, 1984). Por outro lado, a depressão causada pela endogamia em populações brasileiras submetidas a uma geração de autofecundação foram de 14,1% para altura da planta e 15,4% para altura da espiga (LIMA et alii, 1984).

Ainda com relação à redução da altura da planta JOSEPHSON & KINCER (1977), consideram que um meio de reduzir o acamamento é efetuar seleção para reduzir a

altura da espiga sem diminuir a altura da planta devido à força de alavanca que exerce uma espiga localizada muito alta no colmo. RISSI (1980), indicou que no Brasil, a utilização do gene br2 como alternativa para a redução da altura da planta, tem-se mostrado bastante promissora. De acordo com PATERNIANI & RISSI (1976) a variedade Piranão portadora do genótipo br2br2, obtida no Instituto de Genética da ESALQ/USP, em Piracicaba, tem apresentado produções de 6-7 mil kg/ha no Estado de São Paulo, o que corresponde aos índices apresentados por alguns híbridos comerciais. Neste tipo de milho, a altura da planta e da espiga se situa em torno de 2,00 m e 1,00 m, respectivamente.

Além do gene br2, existem em milho vários outros genes que reduzem o porte da planta mas os resultados não têm sido positivos. Segundo BANDEL (1987), a maioria dos genes que afetam a altura da planta em milho pode ser encontrada de forma separada ou não, em linhagens norte-americanas especialmente selecionadas para este propósito, pois o comportamento desses genes nas linhagens originais é típico, enquanto que nos milhos onde eles são introduzidos, os modificadores podem alterar o fenótipo. O autor argumentou também que a procura de mutantes anões em populações e variedades é outra alternativa para a obtenção de plantas de porte reduzido.

MOSHI (1983) avaliou 5 dos 18 ciclos de seleção recorrente de irmãos-germanos para redução da

altura da planta da população Tuxpeño Crema I, obtida pelo CIMMYT. O autor verificou que os 18 ciclos de seleção reduziram a altura em 53%, existindo considerável variabilidade genética para altura da planta, produção e início do florescimento no décimo oitavo ciclo, sendo reduzida a variabilidade genética para acamamento e o número de espigas por planta.

2.4.3. Época de Florescimento

O conhecimento da base genética do caráter é importante num programa de melhoramento de milho. YANG (1949) visando conhecer a herança das características florescimento feminino e altura da planta em milho, estudou cruzamentos envolvendo duas linhagens endogâmicas de ciclo e altura de plantas semelhantes, avaliando as gerações F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2 . Os resultados mostraram que cada linhagem possuía diferentes genes e em número pequeno para o controle desses caracteres, sendo provavelmente 2 pares de genes os que controlam a época de florescimento e 3 pares para a altura da planta, existindo indicações de efeitos de dominância. Conforme SETTY (1975), o número de dias para o florescimento feminino em milho é controlado por 3 pares de genes.

GARDNER et alii (1953) estudando duas populações F_2 oriundas de cruzamentos de linhagens e os

respectivos parentais, determinaram que o grau médio de dominância para o caráter dias de florescimento na primeira e segunda população foram de 0,82 e 0,74, em sua ordem. As estimativas das variâncias genéticas dominante e aditiva para essa característica, mostrou uma predominância acentuada de efeitos gênicos aditivos nas duas populações estudadas.

DANIEL (1973a) fez um estudo para o caráter precocidade em milho, em um cruzamento dialélico envolvendo 11 linhagens que diferiam quanto a esse caráter, encontrando a presença de efeitos gênicos aditivos e a ocorrência de 4 locos com dominância parcial no controle da precocidade em milho. Outro trabalho desse mesmo autor, DANIEL (1973b), constatou ainda a ausência de epistase no controle desse caráter.

PATIL (1977), também relata que o número de dias para florescimento feminino e número de dias para a maturação fisiológica são controlados por efeitos genéticos aditivos.

Quanto ao número de genes que estariam no controle do florescimento feminino existe divergência na literatura. Sobre este aspecto DANIEL et alii (1974) concluíram que o número mínimo de alelos envolvidos é de 2 a 3. Esses autores também fizeram estimativas das variâncias devidas à capacidade geral e específica de combinação para diversos caracteres. Para florescimento feminino, a variância devido à capacidade geral de

combinação (CBC) foi maior que a devida à capacidade específica de combinação (CEC).

MURTHY *et alii* (1981) avaliando linhagens de milho encontraram predominância de ação gênica aditiva dos dias para a antese, dias para o florescimento feminino e dias para o secamento de palha e, ação gênica não aditiva para a produção de grãos por planta.

DHILLON *et alii* (1976) estudaram compostos, sintéticos, variedades de polinização aberta e cruzamentos de F₁, entre os parentais presentes. Os resultados revelaram a importância da sobredominância e a presença de apistasia complementar na herança dos caracteres dias para o florescimento feminino, produção e umidade do grão.

SHEHATA *et alii* (1976), estudaram o número de dias até 50% do florescimento feminino e até a maturação fisiológica dos grãos, de um ensaio de cruzamentos dialélicos feitos com 10 populações de milho de diversas origens. Para ambos os caracteres a capacidade geral de combinação (CBC) foi cerca de 10 vezes maior que a capacidade específica de combinação, o que indica que a seleção para precocidade pode ser efetiva para essas populações avaliadas.

A literatura apresenta uma expressiva amplitude de variação quanto ao número de dias para o florescimento. GOODMAN (1965) observou uma amplitude de 72 a 87 dias em quatro compostos. TROYER & BROWN (1972)

analisaram seis ciclos de seleção e encontraram uma variação de 78 a 68 dias do primeiro ao último ciclo para o florescimento feminino. VASCO (1981) estudando doze variedades de milho detectou para florescimento feminino uma variação de 54 a 60 dias. SZUNDY & KOVACS (1981) verificaram uma variação de 74 a 91 dias para o florescimento feminino entre quatro híbridos. SAMPAIO (1986) trabalhando com dois compostos de milho obteve os valores de 53 a 55 dias para o florescimento masculino.

RUAS (1983) estudando o tempo de florescimento feminino e masculino mediante a influência de cromossomos B em milho, verificou que a tendência dos cromossomos B tornarem o florescimento tardio foi mais evidente no florescimento masculino que no feminino.

TROYER & BROWN (1972) obtiveram redução do número de dias para o florescimento aumentando a densidade de plantio e a eficiência do método foi maior em relação ao florescimento feminino que em relação ao florescimento masculino.

HILLSON & PENNY (1965) verificaram que a maturação fisiológica ocorre em média, 56 dias após o florescimento feminino, com uma variação de 53 a 61 dias.

ALDRICH & LENG (1974) definem o processo de floração em milho como o estado funcional para que se formarem o pendão e a espiga. De acordo com FANCELLI & LIMA (1983), o milho é uma planta de ciclo vegetativo bastante variável, existindo desde cultivares

extremamente precoces, cuja polinização pode ocorrer 30 dias após o plantio, até outros mais tardios cujo ciclo pode ultrapassar 300 dias. Aham que podem contribuir para variações ainda maiores no ciclo da cultura, alguns fatores tais como clima, material genético e deficiências nutricionais.

LAVENDOWSKI (1987) considera três etapas para a alteração da duração das fases do ciclo de vida do milho: 1) redução da fase vegetativa; 2) coincidência da liberação de pólen com a emergência dos estilo-estigmas e, 3) aumento do período de enchimento dos grãos. Afirma que o período de enchimento de grão deve ser tão longo para alcançar a produção máxima e estocar a matéria seca, mas não tão longo que a morte das folhas ocorra antes da maturidade fisiológica.

Por outro lado, MARTIN & HALLAUER (1980) durante 7 ciclos de seleção recorrente recíproca para produção de grãos em dois sintéticos de milho, verificaram um aumento de produção de grãos no cruzamento entre as populações após a seleção e, uma redução significativa no número de dias plantio até 50% do florescimento feminino. contrastando com este resultado, MULAMBA *et alii* (1983) constatarem após 14 ciclos de seleção massal para produção em uma população de milho, um aumento na produção de 6,9% acompanhado por um florescimento mais tardio e um aumento na unidade dos grãos na colheita.

Num trabalho envolvendo híbridos triplos que

florescem em épocas diferentes, CHASE (1964), considerou que pode-se esperar maiores produções de híbridos que florescem mais tarde e após o estágio de maturação fisiológica.

BANDEL (1987) indicou que caracteres relacionados com a fisiologia da planta de milho são poligenicos, pois a precocidade, a adaptação a climas frios, quentes e secos, a dependência do fotoperíodo, a reação a deficiências minerais do solo, e outros caracteres fisiológicos, em geral estão controlados por muitos genes.

LEITE (1985) utilizando o composto de milho ESALQ PB-1, sobre o qual foram efetuados 3 ciclos de seleção para precocidade e 2 ciclos de seleção para plantas tardias, com base no florescimento feminino, verificou ganhos significativos na seleção para precocidade, com reduções no número de dias para o florescimento feminino de 4,5 dias/ciclo na estimativa feita em Anhumas e de 2,3 dias/ciclo na estimativa feita com base nos resultados de Piracicaba.

2.4.4. Tamanho do pendão

A relação existente entre pendão e produção de grãos de milho já foi observada há algum tempo, havendo a tendência, para o caráter tamanho do pendão nos programas de melhoramento de milho, de se diminuir seu tamanho pois, geralmente, os pendões das populações de milho são muito grandes e produzem uma quantidade excessiva de pólen, e a

diminuição do tamanho provocará um aumento na produtividade.

Os melhoristas de milho estão dando ênfase ao melhoramento da eficiência fotossintética para as mais diversas condições ambientais, o que pode ser atingido através da modificação da arquitetura das plantas, no sentido de melhorar o sistema de aproveitamento da energia solar, para se obterem plantas mais produtivas e eficientes na conversão de nutrientes em grãos (DONALD, 1968). Melhoristas, buscando a obtenção de um ideotipo de milho, têm procurado trabalhar com características que se relacionam à eficiência das plantas, tais como: porte, resistência ao acamamento, área foliar, orientação foliar, número de folhas, coincidência do florescimento feminino com a liberação do pólen, precocidade, desenvolvimento do sistema radicular e número de ramificações do pendão (MOCK & PEARCE, 1975; OSUNA *et alii*, 1984).

Número de ramificações do pendão (NRP) é uma característica de fácil avaliação. De acordo com ANDRADE (1988), NRP pode ser utilizado no processo seletivo das plantas mais produtivas, sendo ideal a eliminação das plantas fracas, normalmente com pendões menores, e dentre as mais vigorosas tomar aquelas de pendões menores. Os resultados também mostraram que, na população ESALQ PB-1, é possível reduzir-se a altura da espiga (AE) sem perdas na produção, permitindo-se assim uma arquitetura mais adequada para as plantas.

Na literatura tem-se encontrado um grande interesse pelo NRP de milho, em função de vários relatos referentes à sua influência sobre a produtividade de grãos, indicando, possivelmente, que o NRP compete com a espiga em relação aos nutrientes disponíveis, além de seu efeito prejudicial de sombreamento (DUNCAN et alii, 1967; HUNTER et alii, 1969; GERALDI, 1977; PATERNIANI, 1982).

SCHUETZ & MOCK (1978) estudaram a genética do NRP de seis cruzamentos de milho. Os resultados indicaram que, embora considerável ação gênica não aditiva estivesse envolvida em certos cruzamentos, significativos efeitos aditivos sempre estiveram presentes. As estimativas de herdabilidade no sentido restrito variaram de 54% a 64% e no sentido amplo variaram de 93% a 98%.

Segundo MORAN (1984), o NRP é um caráter de alta herdabilidade, menos influenciado pelo ambiente do que outros caracteres como altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), que apresentam um coeficiente de herdabilidade semelhante.

Em relação à seleção de linhagens para a produção de híbridos com pendões pequenos, SCHUETZ & MOCK (1978) consideraram alguns fatores, tais como: 1) determinação de qual parental seria usado como fêmea e como macho; 2) o tamanho do pendão das linhagens parentais e 3) a capacidade específica de combinação das linhagens para o tamanho do pendão. MOCK & SCHUETZ (1974) verificaram um cruzamento onde os pais tinham um NRP baixo, mas o F1

superou a ambos. Neste caso, as linhagens parentais poderiam ter alelos recessivos em diferentes locos e ao serem cruzadas ocorreu uma complementação. Para que o híbrido tenha um baixo NRP como as linhagens, há necessidade de que estas possuam o mesmo grupo de alelos para menor NRP. Argumentaram também que a seleção massal é um método eficiente para a diminuição do NRP.

MOCK & SCHUETZ (1974) determinaram que: 1) o NRP é herdado com um mínimo de oito fatores genéticos; 2) NRP alto é dominante comparando-se com o NRP baixo; 3) os efeitos gênicos aditivos são importantes para esse caráter e, 4) a herdabilidade do caráter está em torno de 53%.

Vários autores (OBILANA & HALLAUER, 1974; GERALDI, 1977; ANDRADE & MIRANDA FILHO, 1979; SOUZA JUNIOR et alii, 1980) tem estimado componentes de variância para o NRP, obtendo valores de variância aditiva que vão de 6,50 até 15,23 e herdabilidade de 45,8% a 64,3%.

A população de milho ESALQ PB-1 mostrou alta herdabilidade a nível de plantas para os caracteres comprimento, NRP e peso do pendão, detectando-se valores de 50,34%, 61,62% e 45,76%, respectivamente (ANDRADE & MIRANDA FILHO, 1979 e 1980). Similar estudo feito em três populações de milho para estes caracteres do pendão verificaram, em média, para as três populações, coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas de 36,1, 45,8% e 28,8% para peso, NRP e comprimento do pendão, em sua ordem (GERALDI et alii, 1985). Segundo SMITH et alii

(1982) o NRP é um caráter herdável quantitativamente, observando estimativas do coeficiente de herdabilidade de 91% e 78%, respectivamente, para densidades 42.383 e 96.875 plantas por hectare.

Por outro lado, PATERNIANI (1981) mostrou evidências sobre a hipótese de dominância apical, exercendo o tamanho do pendão influência sobre a posição relativa da espiga, pois diversas raças de milho com maior NRP apresentaram uma maior altura relativa da espiga. PATERNIANI (1982) concluiu que é desejável a seleção de genótipos de milho com pendões pequenos, visto que isto contribuiria para reduzir a altura da espiga e, possivelmente, proporcionaria efeitos benéficos na produção de grãos. JOHNSON & LAMBERT (1975) reduziram geneticamente o NRP de uma população de milho em 96%, indicando que este procedimento aumentou o potencial de produção em 590 kg/ha. BUREN et alii (1974) demonstraram que plantas com pendões pequenos são favoráveis à obtenção de produções mais elevadas, especialmente em condições adversas.

De acordo com SANFORD et alii (1965) pendões férteis continham 20% do nitrogênio total de uma planta na antese, enquanto que os pendões estéreis possuíam apenas 10%, porém essa diferença tornava-se nula após a antese. Os autores verificaram também que, na semana anterior à antese, 50% do nitrogênio acumulado por uma planta fértil foi para o pendão, enquanto que na planta estéril esse desvio foi de apenas 2%.

O caráter NRP é facilmente alterado através de processos simples de seleção como a seleção massal. Conforme ANDRADE (1988) NRP deve ser considerado em programas de melhoramento de milho, conjuntamente com outras características, visando a obtenção de cultivares com plantas que apresentam melhor arquitetura e maior produtividade.

ANDRADE (1988) trabalhando com seleção divergente na população ESALQ PB-1 durante três ciclos de seleção, determinou os efeitos diretos de seleção para as características número de ramificações do pendão (NRP) e altura da espiga (AE) e os efeitos indiretos sobre outras características de importância agronômica tais como altura da planta (AP), prolificidade (PRO), posição relativa da espiga (PRE), peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG). Os resultados mostraram que a seleção para maior NRP provocou aumentos significativos em AP, AE e PRE, além de diminuições em PRO, PE e PG; enquanto que para menor NRP provocou efeitos contrários nessas características.

2.5. Correlações entre caracteres

O estudo de correlações entre caracteres em milho tem sido muito intenso e envolve materiais diversos tais como linhagens, híbridos e progênies de populações. De acordo com FALCONER (1964), as causas genéticas de correlação são principalmente a pleiotropia e a ligação,

embora esta última seja uma causa transitória de correlação, em populações derivadas de cruzamentos entre materiais geneticamente divergentes, enquanto a pleiotropia é simplesmente a propriedade de um gene afetar a dois ou mais caracteres. Em outras palavras, a pleiotropia expressa a magnitude por meio do qual dois caracteres estão influenciados pelos mesmos genes.

A correlação tem importância no melhoramento de plantas porque permite a seleção de maneira mais apropriada, de forma a se obterem plantas mais eficientes. Na literatura existe uma ampla revisão que abrange evidências da correlação entre os caracteres altura da planta e altura da espiga, produção e altura da planta ou altura da espiga, dias para florescimento e altura da planta, produção e número de ramificações do pendão, entre outros caracteres.

Uma revisão sobre correlação de caracteres em milho, incluindo linhagens como material básico, é apresentado por QUEIROZ (1969) e HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988). JENKIS (1929) mostrou que a produção de linhagens endogâmicas foi significativa e positivamente correlacionada com altura da planta, número de espigas por planta, comprimento e diâmetro da espiga; sendo negativamente correlacionada com florescimento feminino.

Dentro dos híbridos simples, JUGENHEIMER (1981) verificou que a produção se correlacionou significativa e positivamente com florescimento masculino e

feminino, altura da planta, número de nós por planta, número de nós abaixo da espiga, número de espigas por planta, comprimento e diâmetro da espiga, ao mesmo tempo, foi negativamente correlacionada com a percentagem de espigas podres.

Vários trabalhos foram realizados procurando avaliar as relações entre caracteres das linhagens e dos híbridos. JENKIS (1929) apresentou uma vasta lista de correlações, sendo de maior interesse as que envolvem a produção de grãos. Segundo HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988), alguns estudos mostraram que linhagens têm maior capacidade de transmissão de seus caracteres aos híbridos, mas de modo geral as correlações, embora positivas na maioria dos casos, não foram suficientemente altas para serem efetivamente consideradas no processo de seleção; outros estudos, entretanto mostraram correlações positivas de magnitude suficiente para serem consideradas na seleção.

Estimativas de correlação entre produção de grãos e outros caracteres são de grande valia para auxiliar o melhorista na identificação de genótipos superiores. Assim correlações positivas e significativas entre produção e os caracteres altura da planta e altura de espiga foram verificadas por diversos autores, tais como ROBINSON et alii (1951), LINSEY et alii (1962), GOODMAN (1965), QUEIROZ (1969), TAVARES & ZINSLY (1971), CRISOSTOMO (1978), RISSI (1980), VASCO (1981), MORAN (1984), MARTINS (1986), entre outros. Essas correlações tem sido variáveis de acordo com

o material utilizado, pois podem também em alguns casos serem negativas, embora exista forte tendência de serem positivas. Sobre isto, MIRANDA FILHO (1974) relatou que é provável que a correlação entre esses caracteres seja uma propriedade intrarracial ou intrapopulacional do material estudado. RISSI (1980) salientou que provavelmente a principal causa dessa correlação sejam os genes ligados, uma vez que determinadas populações apresentam correlações positivas, nulas ou negativas, demonstrando uma diversidade dentro da espécie.

Correlações positivas e significativas entre altura da planta e altura da espiga foram encontradas por vários pesquisadores como ROBINSON *et alii* (1951), QUEIROZ (1969), MIRANDA FILHO *et alii* (1974), LIMA & PATERNIANI (1977), CRISOSTOMO (1978), RISSI (1980), VASCO (1981), MORAN (1984), MARTINS (1986).

CHASE (1964) fez várias comparações entre híbridos triplos que florescem em épocas diferentes, mas que apresentam porcentagem de umidade semelhante na colheita. O autor observou que os híbridos que florescem mais cedo tendem, com grande intensidade, a serem os mais produtivos, dando uma correlação positiva entre produção e o número de dias do plantio até o florescimento, para os híbridos com mesma umidade na colheita. TROYER & HALLAUER (1968) trabalhando com 10 variedades extremamente precoces e 45 cruzamentos entre elas, detectou correlações positivas e altamente significativas entre produção e o

número de dias para o florescimento ($r = 0,86$) e, entre produção e a porcentagem de umidade nos grãos ($r = 0,86$).

Por outro lado, MARTINS (1986) avaliando 120 híbridos simples de milho, encontrou correlações negativas e significativas entre produção e floração feminina ($-0,24$), altura de planta e floração feminina ($-0,21$) e, altura da espiga e floração feminina ($-0,19$).

O estudo do número de ramificações do pendão (NRP) tem mostrado grande interesse, desde que DUNCAN et alii (1967) e HUNTER et alii (1969) indicaram a influência do pendão sobre a produção de grãos. Isto levou diversos pesquisadores a desenvolverem trabalhos sobre correlações entre produção e caracteres do pendão.

Valores negativos e significativos de correlação entre produção e número de ramificações do pendão foram apresentadas por OBILANA & HALLAUER (1974), GERALDI (1977), ANDRADE & MIRANDA FILHO (1980), RISSI & PATERNIANI (1981), OSUNA et alii (1984), MORAN (1984), MARTINS (1986), entre outros. OBILANA & HALLAUER (1974) encontraram valores positivos entre número de ramificações do pendão e altura de planta.

HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) fizeram uma relevante revisão sobre correlações entre 13 caracteres da planta de milho. Dentre os caracteres de interesse pode-se citar várias médias de correlações entre produção e: altura da planta ($0,26$), altura da espiga ($0,31$), diâmetro da espiga ($0,41$), peso de grãos ($0,25$), dias para o floresci -

mento (0,14); altura da planta e altura da espiga (0,81); dias para florescimento e altura da espiga (0,42); diâmetro de sabugo e diâmetro da espiga (0,67). ANDRADE & MIRANDA FILHO (1980) estudando a população ESALQ PB-1, encontraram correlações entre altura da espiga e altura da planta (0,54), altura da espiga e peso relativo da espiga (0,71), altura da espiga e NRF (0,44). Por outro lado, a avaliação da produção total das espigas (PT) por parcela através de uma amostra aleatória de cinco espigas parece ser um critério eficiente. Conforme MARTINS (1986), as correlações obtidas entre peso total de espigas (FT) e peso de cinco espigas (PE) foram estatisticamente significativas e de magnitudes elevadas: 0,83 a 0,93, sendo este procedimento possível de ser utilizado com segurança na avaliação de híbridos simples.

3. MATERIAL E MÉTODOS

O presente trabalho, foi iniciado em janeiro de 1988 (época das chuvas), envolvendo três fases. As fases 1 e 2, foram conduzidas pelo Programa de Milho da Estação Experimental Tropical Pichilingue (EETP) do Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP), Quevedo, Equador. A fase 3 foi realizada em 1988/89 (período chuvoso) em 5 localidades latinoamericanas:

1. Estação Experimental Tropical Pichilingue do INIAP, Quevedo, Equador;
2. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) através do Programa Sul-americano de Milho do Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT), Cali, Colombia;
3. Estação Experimental do Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" da

Universidade de São Paulo (ESALQ/USP), Piracicaba, SP, Brasil;

4. Estação Experimental Poza Rica do CIMMYT, Poza Rica, México;
5. Centro nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (CNPMS/EMBRAPA), Sete Lagoas, MG, Brasil;

As características predominantes de cada localidade são apresentadas na Tabela 1.

3.1. Material experimental

3.1.1. Populações base

Foram utilizadas as populações POZA RICA 8024 e PICHILINGUE 7928, ambas introduzidas do CIMMYT-México em 1985, sendo estudadas e selecionadas no Programa de Milho da EET-Pichilingue do INIAP no Equador, por serem portadoras de ótimas características agronômicas, cujas descrições são as seguintes:

A população POZA RICA 8024 (ANTIGA VERACRUZ 181) constitui um milho de grãos amarelos semi-dentados, com altura de planta e ciclo intermediários. Está sendo melhorada sua resistência contra o ataque de lagarta (Spodoptera frugiperda). Apresenta bom comportamento em

Tabela 1. Fatores climáticos e coordenadas geográficas das localidades onde foi feito o estudo.

No	LOCALIDADE E INSTITUIÇÃO	CIDADE E PAIS	FATORES CLIMÁTICOS ^{1/}			COORDENADAS GEGRÁFICAS		
			Temp. Média (°C)	Umidade relativa média (%)	Precipitação no ciclo (mm)	Longitude	Latitude	Altitude
1	EET-Pichilingue- INIAP	Quevedo-Ecuador	25	88	1985	79° 29' W	01° 06' N	73
2	CIAT/CIMMYT	Calli-Colombia	24	74	423 ^{2/}	76° 19' W	03° 31' N	1001
3	Instituto Gene- tica ESALQ/USP	Piracicaba-Brasil	23	67	695	47° 18' W	22° 42' S	580
4	EE-Poza Rica - CIMMYT	Poza Rica-México	24	81	206 ^{2/}	97° 26' W	20° 32' N	60
5	CNPMS/EMBRAPA	Sete Lagoas-Brasil	18	77	151 ^{2/}	44° 15' W	19° 28' S	732

^{1/} Durante o ciclo do cultivo.^{2/} Complementado com irrigação por aspersão.

zonas tropicais baixas de América do Sul, América Central, México, Sudeste da África e Ásia.

A população FICHILINGUE 7928 (AMARELO DENTADO) é um milho adaptado para áreas tropicais baixas, com grãos amarelos dentados. Trata-se de uma mistura genética de germoplasma Caribenho, Mexicano, Centro Americano e Brasileiro, conseqüentemente portador de ampla base genética, alto potencial de rendimento, bom comportamento confirmado em regiões tropicais baixas do México, América Central, Sul da África e parte da Ásia.

3.1.2. Linhagens endogâmicas (S_1 a S_4)

Linhagens endogâmicas (S_1 a S_4) das populações POZA RICA 8024 e FICHILINGUE 7928, foram previamente obtidas, através de 4 gerações de autofecundação e, portanto, com coeficientes de endogamia (F) de 50%, 75%, 87,5% e 93,8%, respectivamente, segundo o método padrão (JONES, 1918, 1920), durante o período de 1986 a 1987.

Para este estudo, foram selecionadas 7 linhagens de cada geração de autofecundação em cada população de milho, obviamente baseado em suas características agronômicas. As linhagens escolhidas não apresentaram nenhum grau de parentesco por descendência, isto é, linhagens originadas de plantas S_0 independentes. Assim, obteve-se um total de 56 linhagens de grãos amarelos

duros, sendo metade de cada uma das populações. A genealogia das linhagens encontra-se na Tabela 2.

3.1.3. Testemunhas

Foram utilizados como testemunhas, nos ensaios de avaliação das 5 localidades, as populações originais Poza Rica 8024 e PICHILINGUE 7928, o híbrido intervarietal experimental Poza Rica 8024 x Pichilingue 7928, os híbridos comerciais INIAP H-550 e Cargill 511. Os quatro primeiros provenientes do Programa de Milho da EET-Pichilingue do INIAP-Ecuador apresentam ciclo normal com grãos semi-dentados e dentados amarelos; enquanto que o último é um híbrido duplo comercial de grãos semi-dentados amarelos e ciclo intermediário proveniente da Companhia de Sementes "Cargill Agrícola Ltda." do Brasil, tendo apresentado boa produtividade nos cultivos comerciais.

3.2. Métodos

3.2.1. Descrição das três fases do projeto

Fase 1 - Aumento de sementes: a) Aumento de sementes de 56 linhagens, representando 7 linhagens dos diferentes graus de endogamia (S_1 , S_2 , S_3 e S_4) provenientes de cada uma das populações POZA RICA 8024 e PICHILINGUE 7928, utilizando mistura de pólen para a

Tabela 2. Genealogia das 56 linhagens parentais da formação de híbridos simples correspondientes às populações Poza Rica 8024 e Pichilingue 7928.

POZA RICA 8024			PICHILINGUE 7928		
Nível endogamia e No. linhagem	Genealogia P-88-B		Nível endogamia e No. linhagem	Genealogia P-88-B	
S1 No 1	L-21		S1 No 1'	L-1	
" " 2	L-12		" " 2'	L-14	
" " 3	L-37		" " 3'	L-26	
" " 4	L-48		" " 4'	L-41	
" " 5	L-55		" " 5'	L-56	
" " 6	L-61		" " 6'	L-60	
" " 7	L-63		" " 7'	L-84	
S2 No 1	L-2-3		S2 No 1'	L-1-6	
" " 2	L-12-4		" " 2'	L-14-2	
" " 3	L-37-7		" " 3'	L-26-1	
" " 4	L-48-7		" " 4'	L-41-2	
" " 5	L-55-1		" " 5'	L-56-5	
" " 6	L-61-9		" " 6'	L-60-1	
" " 7	L-63-3		" " 7'	L-84-1	
S3 No 1	L-2-3-1		S3 No 1'	L-1-6-1	
" " 2	L-12-4-5		" " 2'	L-14-2-12	
" " 3	L-37-7-3		" " 3'	L-26-1-2	
" " 4	L-48-7-2		" " 4'	L-41-2-3	
" " 5	L-55-1-5		" " 5'	L-56-5-1	
" " 6	L-61-9-11		" " 6'	L-60-1-1	
" " 7	L-63-3-1		" " 7'	L-84-1-3	
S4 No 1	L-2-3-1-8		S4 No 1'	L-1-6-1-1	
" " 2	L-12-4-5-3		" " 2'	L-14-2-12-8	
" " 3	L-37-7-3-4		" " 3'	L-26-1-2-7	
" " 4	L-48-7-2-1		" " 4'	L-41-2-3-1	
" " 5	L-55-1-5-6		" " 5'	L-56-5-1-3	
" " 6	L-61-9-11-5		" " 6'	L-60-1-1-7	
" " 7	L-63-3-1-6		" " 7'	L-84-1-3-7	

P-88-B = EET-Pichilingue, ano e semestre.

Fase 3- Avaliação experimental dos híbridos.

No período chuvoso de 1989, os híbridos de linhagens endogâmicas obtidos nos quatro conjuntos dialélicos foram avaliados experimentalmente nos cinco locais, juntamente com as testemunhas. As linhagens progenitoras dos híbridos não foram avaliadas.

Os cruzamentos entre linhagens endogâmicas das populações POZA RICA 8024 e PICHILINGUE 7928, produziram sementes suficientes para os ensaios. Assim sendo, cada local ficou constituído como apresentado nas Tabelas 4 e 5. Os itens subsequentes referem-se à detalhamento da Fase 3.

Tabela 4. Distribuição de híbridos e testemunhas em cada localidade.

CONJUNTOS	TRATAMENTOS	
	Híbridos	Testemunhas
1 (S x S) 1 1	49	5
2 (S x S) 2 2	49	5
3 (S x S) 3 3	49	5
4 (S x S) 4 4	49	5
TOTAL	196	20

Tabela 5. Controlados tratamentos de híbridos de linhagens em quatro níveis de endogamia e testemunhas avaliados nas cinco localidades.

TRATAMENTO Nº	GENEALOGIA HÍBRIDOS POZA RICA 8024 x PICHILINGUE 7928			
	Conjunto 1	Conjunto 2	Conjunto 3	Conjunto 4
	S ₁ x S ₁	S ₂ x S ₂	S ₃ x S ₃	S ₄ x S ₄
1	1 x 1'	1 x 1'	1 x 1'	1 x 1'
2	2 x 1'	2 x 1'	2 x 1'	2 x 1'
3	3 x 1'	3 x 1'	3 x 1'	3 x 1'
4	4 x 1'	4 x 1'	4 x 1'	4 x 1'
5	5 x 1'	5 x 1'	5 x 1'	5 x 1'
6	6 x 1'	6 x 1'	6 x 1'	6 x 1'
7	7 x 1'	7 x 1'	7 x 1'	7 x 1'
8	1 x 2'	1 x 2'	1 x 2'	1 x 2'
9	2 x 2'	2 x 2'	2 x 2'	2 x 2'
10	3 x 2'	3 x 2'	3 x 2'	3 x 2'
11	4 x 2'	4 x 2'	4 x 2'	4 x 2'
12	5 x 2'	5 x 2'	5 x 2'	5 x 2'
13	6 x 2'	6 x 2'	6 x 2'	6 x 2'
14	7 x 2'	7 x 2'	7 x 2'	7 x 2'
15	1 x 3'	1 x 3'	1 x 3'	1 x 3'
16	2 x 3'	2 x 3'	2 x 3'	2 x 3'
17	3 x 3'	3 x 3'	3 x 3'	3 x 3'
18	4 x 3'	4 x 3'	4 x 3'	4 x 3'
19	5 x 3'	5 x 3'	5 x 3'	5 x 3'
20	6 x 3'	6 x 3'	6 x 3'	6 x 3'
21	7 x 3'	7 x 3'	7 x 3'	7 x 3'
22	1 x 4'	1 x 4'	1 x 4'	1 x 4'
23	2 x 4'	2 x 4'	2 x 4'	2 x 4'
24	3 x 4'	3 x 4'	3 x 4'	3 x 4'
25	4 x 4'	4 x 4'	4 x 4'	4 x 4'
26	5 x 4'	5 x 4'	5 x 4'	5 x 4'
27	6 x 4'	6 x 4'	6 x 4'	6 x 4'
28	7 x 4'	7 x 4'	7 x 4'	7 x 4'
29	1 x 5'	1 x 5'	1 x 5'	1 x 5'
30	2 x 5'	2 x 5'	2 x 5'	2 x 5'
31	3 x 5'	3 x 5'	3 x 5'	3 x 5'
32	4 x 5'	4 x 5'	4 x 5'	4 x 5'
33	5 x 5'	5 x 5'	5 x 5'	5 x 5'
34	6 x 5'	6 x 5'	6 x 5'	6 x 5'
35	7 x 5'	7 x 5'	7 x 5'	7 x 5'
36	1 x 6'	1 x 6'	1 x 6'	1 x 6'
37	2 x 6'	2 x 6'	2 x 6'	2 x 6'
38	3 x 6'	3 x 6'	3 x 6'	3 x 6'
39	4 x 6'	4 x 6'	4 x 6'	4 x 6'
40	5 x 6'	5 x 6'	5 x 6'	5 x 6'
41	6 x 6'	6 x 6'	6 x 6'	6 x 6'
42	7 x 6'	7 x 6'	7 x 6'	7 x 6'
43	1 x 7'	1 x 7'	1 x 7'	1 x 7'
44	2 x 7'	2 x 7'	2 x 7'	2 x 7'
45	3 x 7'	3 x 7'	3 x 7'	3 x 7'
46	4 x 7'	4 x 7'	4 x 7'	4 x 7'
47	5 x 7'	5 x 7'	5 x 7'	5 x 7'
48	6 x 7'	6 x 7'	6 x 7'	6 x 7'
49	7 x 7'	7 x 7'	7 x 7'	7 x 7'
50	P. Rica 8024	P. Rica 8024	Poza Rica 8024	P. Rica 8024
51	Pichlin.7928	Pichlin.7928	Pichlin.7928	Pichlin.7928
52	PR 8024xPich.7928	PR 8024xPich.7928	PR 8024xPich.7928	PR 8024xPich.7928
53	INIAP H 550	INIAP H 550	INIAP H 550	INIAP H 550
54	Cargill 511	Cargill 511	Cargill 511	Cargill 511

3.2.2. Delineamento experimental

Para cada um dos quatro conjuntos (níveis de endogamia) utilizou-se o delineamento em blocos casualizados envolvendo 54 tratamentos em tres repetições. Utilizou-se o arranjo de conjuntos dentro de repetições em um esquema semelhante ao de parcelas subdivididas, tal que, em cada repetição os conjuntos são distribuídos aleatoriamente em quatro sub-blocos em parcelas e os tratamentos casualizados independentemente dentro de conjuntos (Figura 1).

Assim, os experimentos podem ser caracterizados como segue:

Tratamentos em cada conjunto: 54 (49 híbridos simples + 5 testemunhas).

Conjuntos: 4, representando quatro experimentos (Níveis de endogamia) agrupados em repetições ($S_1 \times S_2$; $S_1 \times S_3$; $S_1 \times S_4$ e $S_2 \times S_3$).

Testemunhas: Poza Rica 8024, Pichilingue 7928,
Poza Rica 8024 x Pichilingue 7928,
INIAP H 550 e Cargill 511.

Total de tratamentos por repetição: 216 (54 x 4).

Nas cinco localidades de estudo, os ensaios foram plantados a partir de Janeiro de 1989 (período

Figura 1. Esquema de campo do experimento de milho devidamente aleatorizado^{1/}

Tratamento
(Híbrido + Testemunhas)

^{1/} Cada localidade apresentou diferente aleatorização.

chuvoso), à exceção da localidade 5 que foi semeada em Abril e seu desenvolvimento complementado com irrigação, sendo seu ciclo mais longo por ter alcançado a época fria (Inverno).

As datas de plantio e de colheita dos experimentos conduzidos nas diferentes localidades são mostradas na Tabela 6.

Tabela 6. Datas de plantio e de colheita dos experimentos em cada localidade.

LOCALIDADE	1989		Ciclo (dias)
	Plantio	Colheita	
1. INIAP/Equador	Janeiro 5	Maio 16	131
2. CIAT/Colombia	Janeiro 12	Maio 30	138
3. ESALQ/Brasil	Janeiro 16	Junho 5	140
4. CIMMYT/México	Janeiro 2	Maio 29	148
5. EMBRAPA/Brasil	Abril 5	Outubro 2	180

Cada parcela se constituiu em uma fileira de 5,00 m, com espaçamento de 0,90 x 0,20 m e uma área de 4,50 m², plantando-se duas sementes por cova para posteriormente deixar 25 plantas por fileira após o desbaste, o que equivaleria a uma densidade de 55.555 plantas por hectare.

Em geral, para cada localidade se utilizaram as formulações de adubação, herbicidas, inseticidas e

todos os tratos culturais requeridos para os ensaios. Obviamente tais aplicações não foram homogêneas nas cinco localidades.

3.2.3. Coleta dos dados experimentais

Durante o desenvolvimento da cultura de milho, em cada localidade foram avaliados os seguintes caracteres relacionados com a planta, a saber:

- FF - Número de dias para florescimento feminino: foi anotado o dia em que cerca de 50% das plantas nas parcelas iniciaram o florescimento feminino.
- AP - Altura de planta (m): medida do solo à inserção da última folha; avaliações de uma amostra aleatória de 5 plantas competitivas, após o total florescimento masculino.
- AE - Altura de espiga (m): medida do solo à inserção da primeira espiga (superior); amostra de plantas idêntica à de AP.
- NRP - Número de ramificações do pendão: contagem do número de ramificações de uma amostra aleatória de 5 plantas competitivas. (Caráter restrito à localidade 3).
- ST - Número de plantas por parcela (estande) por ocasião

de colheita.

AR - Acamamento de raiz: contagem do número de plantas acamadas que apresentaram uma inclinação menor que 0 45 em relação ao nível do solo. A percentagem foi estimada baseando-se no número de plantas colhidas.

AC - Acamamento de colmo: contagem do número de plantas quebradas abaixo da espiga. A percentagem foi estimada de forma idêntica à de AR.

Devido a fortes ventos e precipitações, que envergaram apreciável percentagem das plantas nos ensaios das localidades 1 e 3, os dados referentes ao acamamento não foram registrados, considerando-se unicamente nas localidades 2, 4 e 5. Por causa destas condições climáticas desfavoráveis foi eliminada uma das repetições realizadas no local 1.

Por ocasião da colheita, as espigas de cada parcela foram despalhadas e ensacadas. Posteriormente foram tomadas observações para os seguintes caracteres relacionados com a produção:

PT - Peso total de espigas (kg/parcela): obtido pelo peso das espigas despalhadas de cada parcela.

NE - Número de espigas por parcela: pela contagem do número total de espigas produzidas por parcela.

EP - Número de espigas podres por parcela: pela contagem

do número total de espigas apodrecidas por parcela. A percentagem foi estimada baseando-se no número de espigas colhidas, utilizando-se a seguinte fórmula:

$$\% \text{ espigas podres} = \frac{\text{No de espigas podres}}{\text{No de espigas colhidas}} \times 100$$

PE - Peso específico de grão: peso de 100 gramas por parcela (caráter restrito à localidade 3), corrigido a 15,5% de umidade com a seguinte fórmula:

$$P' = P \left(\frac{1 - U/100}{1 - U'/100} \right)$$

Onde: P' = peso de grão de 100 gramas corrigido

P = peso de grão de 100 gramas não corrigido

U = umidade à colheita

U' = umidade corrigida a 15,5%

PG - Peso de grãos (kg/parcela): peso de grãos das espigas debulhadas de cada parcela.

PU - Percentagem de umidade de grão: medido em amostras de 100 gramas de grão com o determinador de umidade STEINLITE.

Os dados referentes às características peso total de espigas e peso de grãos foram ajustados para as variações de estande utilizando-se o método de covariância (STEEL e TORRIE, 1960) com ajuste para estande ideal de 25 plantas por parcela, com uma modificação, pois ao invés de médias de todas as parcelas foi considerado para o cálculo

cada parcela individualmente. Os ajustes foram feitos para as parcelas individuais, utilizando a fórmula:

$$PC = P + b (25 - S),$$

Sendo: PC = peso de espigas, ajustado

P = peso de espigas, não ajustado

S = estande final

b = coeficiente de regressão linear da produção (peso total de espigas e peso de grãos) sobre as variações de estande:

$$b = \frac{SP}{E(P,S)} \quad \frac{SQ}{E(S)}$$

Onde: SPE e SQE representam a soma de produtos (P x S) e soma de quadrados (S) referentes ao erro experimental da análise de covariância, no delineamento em blocos casualizados.

Em seguida em cada uma das parcelas efetuou-se a correção para 15,5% de umidade e kg/ha mediante as seguintes fórmulas:

$$PTC = (PT \times (100-U)/84,5) \times (10.000/4,5)$$

$$PGC = (PG \times (100-U)/84,5) \times (10.000/4,5)$$

Sendo: PTC = peso total de espigas corrigido a 15,5% de umidade e kg/ha.

PT = peso total de espigas, não corrigido

100-U = coeficiente de percentagem de matéria seca

84,5 = coeficiente para correção de umidade de 15,5%

$10.000/4,5 = \text{fator de correção em kg/parcela } 4,5 \text{ m}^2 \text{ para } 10.000 \text{ m}^2$
 $\text{kg/ha (10.000 m}^2\text{)}$

3.2.4. Análise estatístico-genética

3.2.4.1. Análises individuais por conjunto e local

Os dados experimentais dos híbridos de linhagens com quatro níveis de endogamia e testemunhas dos caracteres em estudo foram analisados, primeiramente mediante o delineamento de blocos casualizados para cada conjunto (níveis de endogamia) em cada local. O modelo matemático é:

$$Y_{ij} = m + t_i + b_j + e_{ij}$$

Onde: Y_{ij} : é o valor observado relativo à parcela que recebeu o tratamento i no bloco j .

m : é a média geral;

t_i : mede o efeito do tratamento i ;

b_j : mede o efeito do bloco j ; e

e_{ij} : é a contribuição do acaso, isto é, a parte de variação devida a fatores não controlados.

Na Tabela 7 é mostrado o quadro geral da análise da variância, para cada conjunto dialélico em cada

local, com as respectivas relações entre quadrados médios, para obtenção dos testes F.

3.2.4.2. Análises individuais agrupando conjuntos por local

As análises dos experimentos envolvendo todos os conjuntos (níveis de endogamia) foram efetuadas,

Tabela 7. Esquema da análise de variância individual em blocos casualizados e esperanças de quadrados médios, para híbridos simples, segundo modelo fixo.

F.V.	G.L.	Q.M.	F	E(Q.M.)
Blocos	2	-	-	---
Tratamento(T)	53	Q1	Q1/Q2	$\frac{2}{\sigma^2} + r\sigma^2$
Híbridos(H)	48	Q11	Q11/Q2	$\frac{2}{\sigma^2} + r\sigma^2$
Testemunhas(TE)	4	Q12	Q12/Q2	$\frac{2}{\sigma^2} + r\sigma^2$
H vs TE	1	Q13	Q13/Q2	$\frac{2}{\sigma^2} + r\sigma^2$
Erro	106	Q2		$\frac{2}{\sigma^2}$

segundo o delineamento de blocos casualizados arranjados em parcelas subdivididas, baseando-se no seguinte modelo matemático:

$$Y_{jkr} = m + t_j + b_r + tb_{jr} + t'_k + tt'_{jk} + e_{jkr}$$

Onde tem-se:

Y_{jkr} : é k ésimo observação do tratamento T' (tratamento em subparcelas: Fator B = híbridos + testemunhas), dentro de j ésimo tratamento T (tratamentos em parcelas: Fator A = conjuntos);

m : é a média geral;

t_j : é o efeito de j ésimo tratamento T , sendo $j = 1, 2, \dots, J$;

b_r : é o efeito r ésimo bloco; sendo $r = 1, 2, \dots, R$.

tb_{jr} : é o efeito da interação do j ésimo tratamento T com o r ésimo bloco;

t'_k : é o efeito de k ésimo tratamento T' , sendo $k = 1, 2, \dots, K$;

tt'_{jk} : é o efeito da interação de j ésimo tratamento T com k ésimo tratamento T' ; e

e_{jkr} : é o erro experimental, associado a Y_{jkr} observação normalmente distribuído com média zero e variância σ^2 .

Considerando tb_{jr} e e_{jkr} de efeitos aleatórios e os demais de efeitos fixos, resulta o quadro de análise de variância

(Tabela 8).

Tabela 8. Esquema de análise de variância individual em parcelas subdivididas.

F.V.	G.L.	Q.M.	F	E(Q.M.)
Blocos	(R-1)	2	QMR	QMR/QMRa
Tratamentos T (conjuntos)	J-1 = 3	QMT	QMT/QMRa	$\frac{\sigma^2 + J\sigma^2 + JK\sigma^2}{b \quad a \quad C}$
Erro (a)	(J-1)(R-1) = 6	QMRa		$\frac{\sigma^2 + J\sigma^2}{b \quad a}$
Parcelas	(JR-1) = 11			
Tratamentos T' (híbridos + testemunhas)	$\frac{a}{K-1} = 53$	QMT	QMT'/QMRb	$\frac{\sigma^2 + RJ\sigma^2}{b \quad T'}$
T x T'	(J-1)(K-1) = 159	QMTT'	QMTT'/QMRb	$\frac{\sigma^2 + R\sigma^2}{b \quad TT'}$
Resíduo(b)	J(k-1)(R-1) = 424	QMRb		$\frac{\sigma^2}{b}$
Subparcelas	JKR-1 = 647			

Blocos: R r=1,2,3, GL = Graus de liberdade

T = Conjuntos: J j=1,2,3,4 QM = Quadrados médios

T' = híbridos +
testemunhas: K k=1,2,3,...,54 E(QM) = Esperança de qua-
drados médios.

a/ Os efeitos de tratamentos (T') foram desdobrados em Hí-
bridos (H), Testemunhas (TE) e H vs TE; do mesmo modo, foram
desdobrados os efeitos correspondentes da interação
Conjuntos x Tratamentos (T x T').

3.2.4.3. Análise conjunta

Para se obter a análise conjunta da variância, foi testada a homogeneidade dos erros entre os experimentos individuais. Como a relação entre o maior quadrado médio residual e o menor deles foi inferior a 5, os experimentos foram reunidos, conforme recomendado por PIMENTEL GOMES (1987).

A análise conjunta envolvendo os diversos locais foi feita segundo o delineamento em blocos casualizados arranjados em parcelas subdivididas, sendo o modelo matemático o seguinte:

$$Y_{ijk r} = \mu + l_i + t_j + t'_k + b_{ir} + (tb)_{ijr} + (lt)_{ij} + (lt')_{ik} + (tt')_{jk} + (l t t')_{ijk} + e_{ijk r}$$

Onde:

$Y_{ijk r}$: é o efeito de K-ésima observação do tratamento

T'_k dentro de j-ésimo tratamento T_j , na r-ésima repetição do i-ésimo local;

μ : é a média geral;

l_i : é o efeito de i-ésimo local;

t_j : é o efeito do j-ésimo tratamento T_j ;

t'_k : é o efeito de k-ésimo tratamento T' ;

b_{ir} : é o efeito do r-ésimo bloco dentro de i-ésimo local;

$(tb)_{ijr}$: é o efeito da interação do j-ésimo tratamento T com r-ésimo bloco, dentro do i-ésimo local;

$(lt)_{ij}$: é o efeito da interação do i-ésimo local com j-ésimo tratamento T ;

$(lt')_{ik}$: é o efeito da interação do i-ésimo local com k-ésimo tratamento T' ;

$(tt')_{jk}$: é o efeito da interação do j-ésimo tratamento T com o k-ésimo tratamento T' ;

$(ltt')_{ijk}$: é o efeito da interação do i-ésimo local com o j-ésimo tratamento T e com k-ésimo tratamento T' ; e

e_{ijk} : é o erro experimental associado a Y_{ijk}

observação, normalmente distribuído com média

zero e variância σ^2 .

Sendo: $i = 1, 2, \dots, I$

$j = 1, 2, \dots, J$

$k = 1, 2, \dots, K$

$r = 1, 2, \dots, R$

Os efeitos l , t , t' , b e tt' foram considerados fixos, e os demais, aleatórios. O quadro da análise de variância conjunta é mostrado a seguir (Tabela 9).

Tabela 9. Esquema da análise de variância conjunta em parcelas subdivididas.

F.V.	G.L.		
Blocos/locais	$I(R-1)$	=	$\frac{a}{9}$
Locais (L)	$I-1$	=	4
Tratamentos (T) (Conjuntos)	$J-1$	=	3
$L \times T$	$(I-1)(J-1)$	=	12
Res. médio (a)	$I(J-1)(R-1)$	=	27
Parcelas	$IJR-1$	=	55
Tratamentos (T') (Híbridos + Testemunhas)	$K-1$	=	53
$L \times T'$	$(I-1)(K-1)$	=	212
$T(L) \times T'$	$(J-1)(K-1)$	=	159
$L \times T \times T'$	$(I-1)(J-1)(K-1)$	=	636
Res. médio (b)	$IJ(K-1)(R-1)$	=	1908
TOTAL	$IJKR-1$	=	3023

a/ Constam apenas 9 GL devido à perda da primeira repetição no ensaio 1 INIAP/Equador (descrita no item 3.2.3.).

3.2.5. Análise de capacidade combinatória

Utilizando-se as médias dos híbridos foi feito a análise de capacidade combinatória das características em cada localidade, segundo o modelo de cruzamento dialélico parcial (GERALDI e MIRANDA FILHO, 1988) cujo esquema de análise de variância será como segue para cada nível de endogamia (Tabela 10).

Tabela 10. Esquema da análise de variância para determinar capacidade combinatória.

F.V.	G.L.	Q.M.	F
Híbridos	48	Q 1	Q / Q 1 2
Cap. geral de combinação(1)	6	Q 11	Q / Q 11 2
Cap. geral de combinação(2)	6	Q 12	Q / Q 12 2
Cap. específica de combinação	36	Q 13	Q / Q 13 2
Erro	144	Q 2	

(1), (2) representam os dois grupos de linhagens: POZA RICA 8024 e PICHILINGUE 7928, respectivamente.

3.2.6. Estimativas de parâmetros genéticos

A partir dos componentes de variância, das esperanças de quadrado médio $[E(QM)]$ obtidos da análise de

variância dos experimentos de avaliação dos híbridos, foram obtidas estimativas de variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$) e herdabilidade no sentido amplo em percentagem (h^2 %) para cada conjunto de endogamia. Isto foi feito para as cinco localidades.

Cálculo das estimativas:

- a) variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$) entre os híbridos, fornecido

pela expressão:

$$\hat{\sigma}_G^2 = \frac{Q_{11} - Q^2}{r}$$

(Vide Tabela 7)

em que Q_{11} , Q e r são, respectivamente, quadrado médio dos híbridos, quadrado médio do resíduo e número de repetições.

- b) variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$) entre médias de híbridos, dada pela expressão:

$$\hat{\sigma}_F^2 = \frac{Q_{11}}{r}$$

em que Q_{11} e r são o quadrado médio dos híbridos e número de repetições, respectivamente.

- c) coeficiente de herdabilidade no sentido amplo em percentagem (h^2 %) entre médias de híbridos, pela expressão:

$$h^2 \% = \frac{Q_{11} - Q^2}{Q_{11}}$$

em que Q_{11} e Q_{22} são os quadrados médios dos híbridos e do resíduo, respectivamente.

3.2.7. Correlações fenotípicas entre os caracteres estudados

Os coeficientes de correlação simples (r) foram obtidos entre os caracteres estudados, a partir das médias dos 196 híbridos, total de híbridos avaliados nos quatro conjuntos de endogamia em cada uma das localidades de estudo. Os coeficientes de correlação, para todos os pares de caracteres possíveis, foram calculados como se segue:

$$r_{x,y} = \frac{Cov(x,y)}{\sqrt{\sigma_x^2 \cdot \sigma_y^2}}$$

Sendo:

$r_{x,y}$: coeficiente de correlação entre dois caracteres x e y ; quaisquer;

σ_x^2 : estimativa de variância fenotípica entre médias dos 196 híbridos para o caráter x ;

σ_y^2 : estimativa da variância fenotípica entre médias dos 196 híbridos, para o caráter y ;

$Cov(x,y)$: estimativa da covariância fenotípica entre médias dos dois caracteres, para os 196 híbridos.

4. RESULTADOS

4.1. Avaliação dos híbridos simples na localidade 1: INIAP/Equador.

Os resultados das análises de variância individual para os caracteres floração feminina (FF), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), peso total de espiga (PT) e peso de grãos (PG), feitos por conjuntos dialélicos (blocos casualizados) e, envolvendo todos os conjuntos (parcelas subdivididas), estão representados nas Tabelas 11 e 12, respectivamente. Nestas são mostrados os graus de liberdade das fontes de variação, os valores e significância dos quadrados médios, assim como as médias (tratamentos, híbridos e testemunhas) e coeficientes de variação para cada caráter deste experimento.

Na Tabela 11 constata-se razoável homogeneidade da variância do erro entre conjuntos, para todos os caracteres (FF, AP, AE, PT e PG). A relação entre o maior e o menor valor variou de 1,40 para PT a 3,09 para AE. Também foram bastante homogêneas as médias gerais e os

coeficientes de variação (CV's) entre experimentos (conjuntos). De um modo geral, os CV's foram relativamente baixos quando comparados com resultados da literatura.

De especial interesse na Tabela 11 são os testes de significância (teste F) para a variação entre híbridos. Nos conjuntos C₁ e C₂ não foi detectada significância para a variável entre híbridos, em todos os caracteres, exceto AP no conjunto C₂ que foi significativo ao nível de 5% de probabilidade. Para os efeitos híbridos vs testemunhas (H vs TE) foi detectada significância ao nível de 1% de probabilidade, em todos os conjuntos, somente para o caráter FF. Por estes resultados pode-se observar uma maior significância das fontes de variação nos conjuntos C₃ e C₄, onde detecta-se para PT e PG, as maiores médias de produção.

Para os caracteres avaliados, as amplitudes de variação das médias entre experimentos foram de 52,78 (C₂) e 54,01 dias (C₁), para FF; 2,43 (C₁) e 2,52 m (C₂), para AP; 1,17 (C₁) e 1,24 m (C₂), para AE; 8.828 (C₁) e 8.946 kg/ha (C₃), para PT; e 7.334 (C₁) e 7.395 kg/ha (C₃), para PG.

A Tabela 12 mostra a análise da variância dos quatro experimentos (C₁, C₂, C₃ e C₄) agrupados em conjuntos dentro de repetições. A não significância para conjuntos reflete a homogeneidade das médias mostradas na Tabela 11, para todos os caracteres. Por outro lado, os efeitos de híbridos, na média de todos os conjuntos,

mostraram alta significância (1%) para todos os caracteres. Porém, a interação híbridos x conjuntos (H x C) somente não apresentou significância para AE. Na média dos conjuntos, a produção dos híbridos (PT e PG) mostrou superioridade significativa sobre as testemunhas de 8,2% e 8,7% para PT e PG, respectivamente.

Os coeficientes de variação da parcela (CV A%) para os caracteres FF, AP, AE, PT e PG foram 1,08%; 2,33%; 4,07%; 5,17% e 4,75%, em sua ordem, enquanto que os coeficientes de variação de subparcela (CV B%), para os mesmos caracteres, tiveram valores de 2,15%; 4,57%; 6,23%; 8,37% e 8,57%, respectivamente, indicando uma boa precisão deste experimento a nível de campo.

4.2. Avaliação dos híbridos simples na localidade 2: CIAT/Colombia.

Nas Tabelas 13 e 14 estão contidas as análises da variância individual dos caracteres FF, AP, AE, PT e PG, feitos para cada conjunto dialélico (experimento) mediante o delineamento de blocos casualizados, e envolvendo todos os conjuntos dentro de repetições com parcelas subdivididas, respectivamente. Nesses resultados observa-se as fontes de variação com os graus de liberdade, quadrados médios e significâncias, médias de tratamentos, híbridos e testemunhas, mais os coeficientes de variação de cada um dos caracteres estudados.

Analisando-se a Tabela 13, encontra-se

bastante homogeneidade da variância do erro entre conjuntos, para todos os caracteres. A relação entre o maior e o menor valor variou de 1,53 para PT a 2,05 para AE. Da mesma forma, foram muito homogêneas as médias gerais e os coeficientes de variação entre experimentos (Conjuntos C₁, C₂, C₃ e C₄). De maneira geral, os CV's foram relativamente baixos, estando dentro dos limites observados para experimentação em milho.

De mais relevância na Tabela 13, é a significância para efeitos de híbridos aos níveis de 1% e/ou 5% de probabilidade, para todos os caracteres e experimentos (conjuntos), exceto AP no conjunto C₄ e AE no conjunto C₁, nos quais não se detectou diferença significativa. A variação entre híbridos vs testemunhas (H vs TE) tanto em PT como PG, foi altamente significativa para todos os conjuntos.

Nos caracteres estudados, as médias entre conjuntos dialélicos tiveram pequenas variações, oscilando de 59,09 (C₄) a 59,72 m (C₃), para FF; 2,33 (C₁) a 2,39 m (C₄), para AP; 1,19 (C₃) a 1,24 m (C₂), para AE; 9.351 (C₃) a 9.764 kg/ha (C₄), para PT; e 7.481 (C₃) a 7.812 kg/ha (C₄), para PG. Nota-se pelas médias uma maior produtividade para PT e PG nos conjuntos C₂ e C₄.

Na Tabela 14 observa-se a análise da variância dos quatro experimentos (C₁, C₂, C₃ e C₄) agrupados em conjuntos dentro de repetições. Pelo teste F, todos os caracteres (FF, AP, AE, PT e PG) foram não significativos para conjuntos, o que confirma a grande

homogeneidade das médias apresentadas na Tabela 13, para estes caracteres. Por outro lado, os efeitos dos híbridos, na média de todos os conjuntos, revelou significância ao nível de 1% para todos os caracteres, igualmente à interação híbridos por conjuntos (H x C). Na média dos conjuntos, a comparação entre híbridos e testemunhas ressalta a superioridade significativa de produção dos híbridos sobre as testemunhas de 10,8% e 11,9% para PT e PG, em sua ordem.

Os coeficientes de variação para parcela (CV A%) e subparcela (CV B%) obtidos neste experimento podem ser considerados baixos e de precisão aceitável, para todos os caracteres. Para os caracteres FF, AP, AE, PT e PG, detectou-se, respectivamente, CV A% de 0,73%; 1,89%; 2,65%; 2,00% e 2,00%; enquanto que os CV B%, para os mesmos caracteres e ordem, tiveram valores de 1,84%; 3,57%; 9,38%; 9,65% e 9,65%.

4.3. Avaliação de híbridos simples na localidade 3: ESALQ/Brasil.

Da mesma forma que nos outros locais foram feitas análises da variância individual, para cada conjunto dialélico (C_1 , C_2 , C_3 e C_4) em blocos casualizados (Tabela 15), e agrupando os quatro conjuntos dialélicos em parcelas subdivididas (Tabela 16), para os caracteres FF, AP, AE, PT e PG. Além disso, para este experimento apresenta-se também a análise da variância (nas parcelas subdivididas)

do número de ramificações do pendão (NRP) e peso específico de grão (PE), envolvendo tratamentos (híbridos + testemunhas) em cada conjunto, com decomposição de variação entre tratamentos (Tabela 17).

Analisando-se os resultados encontrados na Tabela 15, nota-se, para todos os caracteres, apreciável homogeneidade de variância do erro entre conjuntos, variando de 1,29 para PT a 1,86 para AE a relação entre o maior valor e o menor valor. Assim mesmo, foram bastante homogêneas as médias gerais e coeficientes de variação entre experimentos (conjuntos). De um modo geral, os CV's foram relativamente baixos e dentro daqueles normalmente reportados na literatura.

Convém destacar na Tabela 15, a alta significância ($P = 1\%$, teste F) obtida nos efeitos de híbridos para todos os caracteres e conjuntos, com exceção de PT no conjunto C₁ que foi significativo ao nível de 5% de probabilidade. Quanto ao contraste híbridos vs testemunhas (H vs TE) somente o caráter FF mostrou alta significância (1%), em todos os conjuntos.

As médias obtidas entre conjuntos, em relação aos cinco caracteres estudados, situaram-se entre 60,07 (C₂) a 60,65 dias (C₁), para FF; 1,97 (C₁ e C₂) a 1,99 m (C₃), para AP; 1,00 (C₄) a 1,03 m (C₂), para AE; 7.176 (C₄) a 7.560 kg/ha (C₁), para PT; e 5.570 (C₄) a 5.995 kg/ha (C₁). Os dados revelam produtividades maiores para PT e PG nos conjuntos C₁ e C₂ e uma menor

produtividade no conjunto C₄. A diferença percentual entre o maior e o menor valor é 5,4% para PT e 7,6% para PG.

Na Tabela 16 é apresentada a análise da variância dos quatro experimentos (C₁, C₂, C₃ e C₄) agrupados em conjuntos dentro de repetições. De fato, a não significância para efeitos de conjuntos (C), reforça a homogeneidade das médias, observadas na Tabela 15, para todos os caracteres. Por outro lado, os efeitos de híbridos, na média de todos os conjuntos, assim como a interação híbridos x conjuntos (H x C) foram significativos ao nível de 1% de probabilidade para todos os caracteres (FF, AP, AE, PT e PG). Para estes caracteres, não mostrou significância conjuntos x testemunhas (C x TE) nem conjuntos x híbridos vs testemunhas [C x (H vs TE)]. A produção dos híbridos, na média dos conjuntos, apresentou superioridade significativa sobre as testemunhas de 5,0% e 6,9%, em sua ordem, para PT e PG.

Os coeficientes de variação de parcela e subparcela, para os cinco caracteres, indicam a existência de variação genética entre os híbridos, com valores de maior magnitude para os caracteres PT (5,00 a 14,02%) e PG (5,30 a 14,25%), seguidas por AE (3,28 a 5,90%), AP (2,04 a 4,96%) e FF (1,17 a 2,39%), para parcela e subparcela, respectivamente.

A Tabela 17 mostra a análise de variância dos caracteres NRP e PE para cada conjunto (C₁, C₂, C₃ e C₄), mais o desdobramento dos tratamentos. Pelo teste F

verifica-se para conjuntos (C) valores de quadrados médios não significativos para NRP e significância ao nível de 5% para PE. Por outro lado, os efeitos de híbridos em cada conjunto revelam alta significância (1%) para os dois caracteres. Porém, a variação híbridos vs testemunhas (H vs TE) só não mostrou significância para NRP no conjunto C₂. Na média dos tratamentos (híbridos + testemunhas) dentro de cada conjunto, o NRP foi estatisticamente igual (mesma letra) para todos os conjuntos pelo teste Tukey, não sendo assim para PE (diferente letra) que mostrou os maiores pesos específicos nos conjuntos C₂ e C₃. Os coeficientes de variação por parcela (CV A%) e subparcela (CV B%), para ambos os caracteres, foram relativamente baixos, sendo para NRP 2,33% e 9,42% e para PE 0,68% e 3,04%, respectivamente.

4.4. Avaliação de híbridos simples na localidade 4: CIMMYT/México.

As Tabelas 18 e 19 apresentam as análises individuais para os caracteres FF, AP, AE, PT e PG, efetuadas para cada experimento (Conjuntos C₁, C₂, C₃ e C₄) segundo o delineamento de blocos casualizados, e dos quatro experimentos agrupados em conjuntos dentro de repetições com parcelas subdivididas.

Pela Tabela 18 verifica-se bastante homogeneidade da variância do erro entre conjuntos, para todos os caracteres. A relação entre o maior erro e o

menor variou de 1,6% para PT a 2,0% para AE. Assim, também foram muito semelhantes e consistentes as médias e os coeficientes de variação entre experimentos (conjuntos). Em geral, os CV's foram relativamente baixos comparados com os da literatura.

É interessante considerar na Tabela 18 o fato da significância para efeito de híbridos, ao nível de 1% de probabilidade, para todos os caracteres e conjuntos, exceto PT e PG no conjunto C₄ que foi significativo ao nível de 5% de probabilidade.

As médias entre conjuntos para os diversos caracteres variaram muito pouco, detectando-se valores de 81,73 (C₂) a 82,22 dias (C₁), para FF; 1,57 (C₁, C₂ e C₃) a 1,58 m (C₄) para AP; 0,74 (C₃) a 0,78 m (C₁ e C₂), para AE; 6.637 (C₃) a 6.746 kg/ha (C₄), para PT; e 5.309 (C₃) a 5.396 kg/ha (C₄). Pelos dados nota-se para PT e PG leve tendência a uma maior produção nos conjuntos (C₂ e C₄).

Na Tabela 19 voltou a predominar, para todos os caracteres (FF, AP, AE, PT e PG), a não significância para efeito de conjuntos (C), corroborando com o encontrado nas três primeiras localidades. Por outro lado, cabe destacar que a variação entre híbridos, na média dos quatro conjuntos, foi altamente significativa para todos os caracteres. Do mesmo modo, a interação híbridos x conjuntos (H x C) mostrou alta significância (1%) para os mesmos caracteres, sendo não significativo para conjunto x híbridos vs testemunhas [C x (H vs TE)]. Assim também, na

média dos conjuntos para os caracteres da produção (PT e PG), houve nos híbridos superioridade significativa sobre as testemunhas de 8,6% e 8,6 para PT e PG, respectivamente.

Os coeficientes de variação de parcela (CV A%) e subparcela (CV B%) para os caracteres FF, AP, AE, PT e PG foram relativamente baixos registrando-se, respectivamente, valores de 0,46%; 1,99%; 3,20%; 4,53%; e 4,53% para parcela, e de 1,14%; 4,20%; 6,54%; 11,02% e 11,02% para subparcela.

4.5. Avaliação dos híbridos simples na localidade 5:

EMBRAPA/Brasil.

Os resultados das análises individuais, para os caracteres FF, AP, AE, PT e PG, realizados para cada conjunto dialélico (C_1 , C_2 , C_3 e C_4) em blocos casualizados e agrupando os conjuntos em parcelas subdivididas, são apresentadas nas Tabelas 20 e 21.

De acordo com a Tabela 20, os caracteres foram altamente significativos em, quase todos os conjuntos dialélicos e para a maioria dos componentes da variância. Ressalta-se a significância para efeito de híbridos (H) ao nível de 1% e/ou 5% de probabilidade para os caracteres FF, AP, PT e PG em todos os experimentos (Conjuntos). Porém, somente não mostraram significância os conjuntos C_1 e C_2 de AE. As testemunhas (TE) também mostraram significâncias algo similares aos híbridos. Para todos os conjuntos não foi detectada significância para a variação H vs TE em

todos os caracteres, exceto FF no C₄ e AE no C₄ que foi significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidades, respectivamente.

As variâncias do erro entre conjuntos para todos os caracteres mostram boa homogeneidade, pois a relação entre o maior quadrado residual e o menor deles variou de 1,17 para PT a 1,56 para AP. Dentre as médias gerais e os CV's entre experimentos (conjuntos) observa-se também bastante uniformidade, embora PT e PG possuam diferenças entre médias. De modo geral, os coeficientes de variação dos caracteres foram praticamente baixos e pouco variáveis entre conjuntos.

Considerando a amplitude de variação das médias entre conjuntos para cada um dos caracteres avaliados, observam-se valores de 70,23 (C₄) a 71,42 dias (C₁), para FF; 2,12 (C₂) a 2,20 m (C₃), para AP; 1,13 (C₄) a 1,18 m (C₃), para AE; 10.300 (C₁) a 10.913 kg/ha (C₄), para PT; e 8.243 (C₁) a 8.730 kg/ha (C₄), para PG. Em termos percentuais, a diferença entre o maior (C₄) e o menor (C₁) valor representa uma superioridade de 6,0% para PT e 5,9% para PG, sendo que as maiores produtividades foram apresentadas nos conjuntos C₃ e C₄.

Conforme a Tabela 21 os conjuntos (C) foram não significativos para os caracteres AP e AE, sendo significativo ao nível de 5% de probabilidades para FF, PT e PG. Isto reflete os resultados encontrados sobre as médias na Tabela 20. Por outro lado, os efeitos dos híbridos

e das testemunhas, na média de todos os conjuntos, mostram alta significância (1%) para todos os caracteres; a interação híbridos x conjuntos ($H \times C$) também foi altamente significativa, enquanto testemunhas por conjuntos ($TE \times C$) só mostrou significância ao nível de 5% de probabilidades para AP, não existindo diferença significativa para conjuntos x híbridos vs testemunhas [$C \times (H \text{ vs } TE)$]. Na média dos conjuntos, os híbridos foram superiores às testemunhas em todos os caracteres, detectando-se valores de 2,2% para PT e 2,1% para PG, a favor dos híbridos. Em geral, os CV's de parcela (CV A%) e de subparcela (CV B%), foram baixos para todos os caracteres.

4.6. Análise conjunta dos dados

Os resultados da análise da variância conjunta, envolvendo cinco caracteres (FF, AP, AE, PT e PG), quatro experimentos (conjuntos C₁, C₂, C₃ e C₄) e cinco localidades latinoamericanas, são apresentados na Tabela 22. Pelo teste F, os valores dos QMs para efeito de locais (L) mostraram-se altamente significativos para todos os caracteres; a variação entre conjuntos (C) só mostrou significância ao nível de 1% de probabilidade para FF, sendo a interação locais x conjuntos ($L \times C$) não significativa para todos os caracteres.

Por outro lado, híbridos (H) e testemunhas (TE) revelaram alta significância (1%) para todos os

caracteres. Porém, H vs TE somente não mostrou significância para AP. Do mesmo modo, as interações conjuntos x tratamentos (C x T), locais x tratamentos (L x T) e locais x conjuntos x tratamentos (L x C x T) apresentaram diferenças significativas ao nível de 1% de probabilidade para todos os caracteres, exceto AP e AE em L x C x T que foi significativo ao nível de 5% de probabilidade.

Na média das localidades para os caracteres avaliados, detecta-se superioridade dos híbridos sobre as testemunhas, especialmente na produção que mostrou superioridade significativa de 6,8% e 7,4% para PT e PG, respectivamente.

Com relação aos coeficientes de variação, estes foram relativamente baixos para parcela (CV A%) e subparcela (CV B%), manifestando uma boa precisão na condução dos ensaios experimentais.

4.7. Média dos conjuntos dialélicos

Nas Tabelas 23 e 24 estão relacionadas as médias dos conjuntos C_1 , C_2 , C_3 e C_4 referentes aos híbridos entre as linhagens das populações Poza Rica 8024 e Pichilingue 7928, e das testemunhas, para os diversos caracteres avaliados, em cinco localidades latinoamericanas. Constan também as médias de cada conjunto envolvendo híbridos + testemunhas.

Para os caracteres FF, AP, AE, PT e PG (Tabela 23) as médias dos híbridos mostraram superioridade

sobre as das testemunhas, para todos os conjuntos e localidades. Analisando-se cada caráter nos quatro conjuntos tem-se uma maior precocidade na localidade 1 (INIAP/Equador), menores alturas de planta e de espiga na localidade 4 (CIMMYT/México), e maiores produtividades de PT e PG na localidade 5 (EMBRAPA/Brasil).

Um resumo dos dados (Tabela 24), com valores médios dos caracteres FF, AP, AE, PT, PG e EP e respectivos conjuntos para cada local, e a média de cada conjunto envolvendo todos os locais, permite maiores informações sobre o comportamento dos híbridos de linhagens entre as populações Poza Rica 8024 e Pichilingue 7928. De um modo geral, as médias dos tratamentos expressos nos conjuntos para os respectivos caracteres e localidades, foram bastante homogêneas, sendo portanto, estatisticamente iguais (mesma letra) pelo teste de TuKey, ao nível de 5% de probabilidade, exceto PT e PG no local 5 (EMBRAPA/Brasil) onde detectou-se diferença significativa (diferente letra). A percentagem de espigas podres (EP) mostrou-se menor no local 4 (CIMMYT/México) e maior na localidade 1 (INIAP/Equador).

4.8. Acamamento de raiz (AR), acamamento de colmo (AC) e espigas podres (EP)

A Tabela 25 apresenta na média dos híbridos e testemunhas as percentagens obtidas para estes caracteres em cada experimento (Conjuntos C₁, C₂, C₃ e C₄) em

todos os locais. De um modo geral, os resultados revelam para os híbridos valores inferiores à média das testemunhas. Analisando-se cada caráter em seus respectivos conjuntos e locais, tanto para híbridos como para testemunhas, verifica-se para AC as menores percentagens no local 4 (CIMMYT/México), chegando a 0% na média das testemunhas, e os maiores valores no local 2 (CIAT/Colombia). Do mesmo modo, para AC detectou-se no local 2 (CIAT/Colombia) as percentagens mais baixas, e no local 5 (EMBRAPA/Brasil) os valores mais altos. Para EP houve menores valores no local 2 (CIAT/Colombia) e maiores percentagens no local 1 (INIAP/Equador). Não há dados sobre AR e AC nos locais 1 e 3 por causa de condições climáticas atípicas.

4.9. Médias dos híbridos e das testemunhas para o caráter produção de grãos (PG)

Para melhor visualização dos resultados, a Tabela 26 apresenta, com relação aos 10 melhores híbridos, para peso de grão (PG) em kg/ha, uma descrição completa do comportamento dos híbridos em cada conjunto dialélico (C_1 , C_2 , C_3 e C_4), referentes às cinco localidades do estudo. Além da percentagem em relação à média das testemunhas, são apresentadas a média geral e a amplitude de variação dos híbridos avaliados, e a média geral das testemunhas. Verificou-se, com relação a PG, que os 10 híbridos foram superiores às testemunhas. Na local 1 (INIAP/Equador) de

16 a 24%, para C₁ ; 10 a 26%, para C₂ ; 28 a 38%, para C₃ ; e e 17 a 30% para C₄ . Do mesmo modo, no local 2 (CIAT/Colombia) de 22 a 30%, para C₁ ; 14 a 28%, para C₂ ; 19 a 37%, para C₃ ; e 27 a 45%, para C₄ . No local 3 (ESALQ/Brasil) de 25 a 41%, para C₁ ; 20 a 36% para, C₂ ; 14 a 25%, para C₃ ; e 20 a 49% para C₄ . No local 4 (CIMMYT/México) de 12 a 22%, para C₁ ; 15 a 38%, para C₂ ; 18 a 30% para C₃ ; e 21 a 41% para C₄ . Finalmente, o local 5 (EM - BRAPA/Brasil) de 7 a 16%, para C₁ ; 10 a 20%, para C₂ ; 12 a 24% para C₃ ; e 10 a 28%, para C₄ .

Quanto à produção de grãos (PG) das testemunhas Poza Rica 8024, Pichilingue 7928, Poza Rica 8024 x Pichilingue 7928, INIAP H 550 e Cargill 511, a Tabela 27 apresenta as médias (kg/ha) de cada um deles e respectivas percentagens em relação à média do híbrido Cargill 511, para cada conjunto e cada local.

De um modo geral, nota-se no comportamento de todos os conjuntos, superioridade do híbrido intervarietal Poza Rica 8024 x Pichilingue 7928 sobre os demais materiais, especialmente nas localidades 1 (INIAP/Equador) e 2 (CIAT/Colombia), assim como também nos locais 3 (ESALQ/Brasil) e 4 (CIMMYT/México) no conjunto C₄, sendo relevante a superioridade do híbrido Cargill 511 sobre os outros materiais no local 5 (EMBRAPA/Brasil).

4.10. Análise da capacidade de combinação das linhagens

4.10.1. Análise da variância para capacidade de combinação

As análises individuais da variância das Tabelas dialélicas com o desdobramento dos quadrados médios para híbridos em capacidade geral (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) estão representadas na Tabela 28, para cinco caracteres (FF, AP, AE, PT e PG), em quatro conjuntos e cinco localidades.

O desdobramento de CGC em capacidade geral de combinação das linhagens da população Poza Rica 8024 (CGC-I) e capacidade geral de combinação das linhagens da população Pichilingue 7928 (CGC-II) revelou significância dos quadrados médios aos níveis de 5% e/ou 1% de probabilidade para os cinco caracteres nos conjuntos C₃ e C₄ da localidade 1 (INIAP/Equador), exceto para AP e AE em CGC-I (Poza Rica 8024) e PT em CGC-II (Pichilingue 7928).

No local 2 (CIAT/Colombia) detectou-se significância para efeitos de CGC-I e CGC-II aos níveis de 5% e/ou 1% da seguinte forma: CGC-I para os caracteres FF, AP, PT e PG, em todos os conjuntos, com exceção de AP no conjunto C₂ que foi não significativo; CGC-II para AP, AE, PT e PG, em todos os conjuntos exceto AP no conjunto C₄ para o qual não se detectou diferença significativa.

De um modo geral, entre os efeitos de capacidade geral de combinação das linhagens da população Poza Rica 8024 (CGC-I) e das linhagens da população Pichilingue 7928 (CGC-II), houve significância aos níveis de 5%

e/ou 1% de probabilidade para todos os caracteres (FF, AP, AE, PT e PG), na maioria dos conjuntos dos locais 3 (ESALQ/Brasil), 4 (CIMMYT/México) e 5 (EMBRAPA/Brasil).

Para capacidade específica (CEC) não foi detectada significância para nenhum dos caracteres e respectivos conjuntos nas localidades 2 (CIAT/Colombia) e 5 (EMBRAPA/Brasil). No local 1 (INIAP/Equador) somente PT e PG, nos conjuntos C_3 e C_4 , apresentaram significância aos níveis 5% e/ou 1% de probabilidade. Os QMs dos efeitos de CEC das linhagens no local 3 (ESALQ/Brasil) foram significativos para FF no conjunto C_1 ao nível de 5% de probabilidades, e para AE nos conjuntos C_1 e C_2 aos níveis de 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, e não significativos para os demais caracteres e conjuntos. Do mesmo modo, no local 4 (CIMMYT/México) para PT e PG não foi detectada significância para a variação de CEC em todos os conjuntos, com exceção de FF nos conjuntos C_2 , C_3 e C_4 , AP nos conjuntos C_1 e C_3 e AE no conjunto C_1 , que foi significativo ao nível de 5% de probabilidade.

4.10.2. Efeitos de capacidade geral de combinação

Efeito de capacidade de combinação ($\hat{g}$) de uma linhagem pode ser conceituado como sendo o seu comportamento médio numa série de combinações híbridas. Valores absolutos altos (positivos ou negativos para $\hat{g}_i$ ou $\hat{g}_j$)

indicam genótipos melhores ou piores em relação ao comportamento médio das demais linhagens envolvidas nos cruzamentos do esquema dialélico parcial. Estas estimativas são relativas e devem ser consideradas para cada conjunto particular de parentais.

Os valores estimados de g_i e g_j em kg/ha, referentes às linhagens das populações Poza Rica 8024 (PR) e Pichilingue 7928 (PI), respectivamente, estão apresentados nas Tabelas 29 e 30 para os caracteres PT e PG avaliados em quatro conjuntos e cinco localidades. Nestas Tabelas também estão contidas a média de cada conjunto dialélico (ver item 3.2.4.1.).

Com relação às estimativas da C.G.C. para o caráter PT (Tabela 29) na localidade 1 (INIAP/Equador), maiores contribuições foram detectadas nas linhagens PR3 e PR7 ($\hat{g}_3 = 398,18$ e $\hat{g}_7 = 293,38$), nas linhagens PI6' e PI3' ($\hat{g}_{6'} = 673,72$ e $\hat{g}_{3'} = 115,11$), para o conjunto 1. Do mesmo modo, $\hat{g}_i$ e $\hat{g}_j$ no conjunto C tiveram maiores valores para PR6 e PR3 ($\hat{g}_6 = 287,26$ e $\hat{g}_3 = 114,22$), para PI6' e PI3' ($\hat{g}_{6'} = 290,60$ e $\hat{g}_{3'} = 292,62$), respectivamente. Para o conjunto C, maiores efeitos positivos foram verificados para PR3 e PR1 ($\hat{g}_3 = 1.073,56$ e $\hat{g}_1 = 233,37$), para PI1' e PI2' ($\hat{g}_{1'} = 752,28$ e $\hat{g}_{2'} = 528,59$). Detectou-se valores de maior magnitude nas linhagens de PR1 e PR3 ($\hat{g}_1 = 713,28$ e $\hat{g}_3 = 609,38$), nas linhagens PI2' e PI1' ($\hat{g}_{2'} = 389,74$ e $\hat{g}_{1'} = 329,76$), para o conjunto C.

Na localidade 2 (CIAT/Colombia), os interva-

los de variação dos valores de $\hat{g}_i$'s e $\hat{g}_j$'s foram respectivamente, de -743,43 a 370,92 e de -570,73 a 512,32, para o conjunto C ; -573,28 a 720,92 e de -467,20 a 467,08 para o conjunto C₁ ; -617,08 a 522,34 e de -471,65 a 1.044,61, para o conjunto C₂ ; -456,97 a 809,09 e de -747,53 a 1179,20, para o conjunto C₃ .
4

Na localidade 3 (ESALQ/Brasil) maiores valores positivos e negativos foram observados para PT com amplitudes de variação entre $\hat{g}_i$ de -610,32 a 464,96, de -1.344,85 a 1.202,98, de -841,46 a 494,26 e de -779,97 a 1045,68, para os conjuntos C₁, C₂, C₃ e C₄, respectivamente. As amplitudes de variação entre os valores de $\hat{g}_j$ foram de -726,94 a 746,92, de -384,86 a 409,96, de -1.217,65 a 903,87 e de -622,52 a 607,11, para cada um dos conjuntos.

As estimativas de C.G.C. $\hat{g}_i$ e $\hat{g}_j$ que mais se destacaram na localidade 4 (CIMMYT/México) corresponderam às linhagens PR3 e PR7 ($\hat{g}_3 = 463,56$ e $\hat{g}_7 = 407,66$), PI2' e PI3' ($\hat{g}_{2'} = 520,33$ e $\hat{g}_{3'} = 337,68$), para o conjunto C₁; PR6 e PR7 ($\hat{g}_6 = 547,39$ e $\hat{g}_7 = 484,01$), PI2' e PI3' ($\hat{g}_{2'} = 360,07$ e $\hat{g}_{3'} = 172,43$), para o conjunto C₂; PR3 e PR6 ($\hat{g}_3 = 622,75$ e $\hat{g}_6 = 456,84$), PI2' e PI6' ($\hat{g}_{2'} = 605,71$ e $\hat{g}_{6'} = 307,88$), para o conjunto C₃, PR3 e PR7 ($\hat{g}_3 = 652,90$ e $\hat{g}_7 = 268,89$), PI6' e PI5' ($\hat{g}_{6'} = 328,59$ e $\hat{g}_{5'} = 130,82$), para o conjunto C₄.

Para o caráter PT, os intervalos de variação dos valores $\hat{g}_i$'s e $\hat{g}_j$'s da localidade 5 (EMBRAPA/Brasil)

foram da ordem de -268,94 a 650,75 e de -585,75 a 507,34, para o conjunto C ; -940,70 a 858,75 e de -837,42 a 385,79, para o conjunto C_1 ; -1.057,89 a 921,42 e de -1.345,44 a 715,86, para o conjunto C_2 ; -627,96 a 1.096,10 e de -898,31 a 456,13, para o conjunto C_3 .

Quanto às estimativas da C.G.C. para o caráter PG (Tabela 30) no conjunto C_1 , as linhagens PR3 e PR7 foram as que apresentaram os maiores valores (kg/ha) nos locais 1, 3, 4 e 5 ($\hat{g}_3 = 353,38$ e $\hat{g}_7 = 85,93$; $\hat{g}_3 = 486,50$ e $\hat{g}_7 = 274,89$; $\hat{g}_3 = 370,96$ e $\hat{g}_7 = 326,09$; $\hat{g}_3 = 357,87$ e $\hat{g}_7 = 581,69$, respectivamente), destacando-se as linhagens PI6' e PI5' ($\hat{g}_{6'} = 689,85$ e $\hat{g}_{5'} = 87,25$), para o local 1; PI7' e PI1' ($\hat{g}_{7'} = 409,86$ e $\hat{g}_{1'} = 186,86$) para o local 2; PI6' e PI3' ($\hat{g}_{6'} = 735,60$ e $\hat{g}_{3'} = 171,60$), para o local 3; PI2' e PI3' ($\hat{g}_{2'} = 416,15$ e $\hat{g}_{3'} = 270,14$), para o local 4; PI7' e PI5' ($\hat{g}_{7'} = 406,22$ e $\hat{g}_{5'} = 309,10$), para o local 5.

De mesmo modo, no conjunto C_2 as maiores contribuições quanto a C.G.C. foram verificadas na linhagem PR6 em todos os locais ($\hat{g}_6 = 202,08$; $\hat{g}_6 = 576,78$; $\hat{g}_6 = 808,21$; $\hat{g}_6 = 437,94$; e $\hat{g}_6 = 438,46$, respectivamente para os locais 1 a 5); pela linhagem PI6' para os locais 1 e 3 ($\hat{g}_{6'} = 443,61$ e $\hat{g}_{6'} = 515,22$); e PI3' para os locais 2 e 5 ($\hat{g}_{3'} = 373,66$ e $\hat{g}_{3'} = 309,11$).

No conjunto C_3 a linhagem que mais se destacou nos valores de $\hat{g}_i$ nos cinco locais foi PR3

($\hat{g}_3 = 946,54$; $\hat{g}_3 = 307,42$; $\hat{g}_3 = 489,89$; $\hat{g}_3 = 498,30$; e $\hat{g}_{3'} = 741,46$, respectivamente). Observou-se maiores valores de $\hat{g}_j$ nas linhagens PI2' no local 1 e 4 ($\hat{g}_{2'} = 573,56$ e $\hat{g}_{2'} = 484,52$); PI1' no local 2 e 5 ($\hat{g}_{1'} = 835,64$ e $\hat{g}_{1'} = 580,13$); e PI6' no local 3 ($\hat{g}_{6'} = 887,62$).

Maiores efeitos positivos para PG referentes às linhagens das populações FOZA RICA 8024 e PICHILINGUE 7928, foram também registrados no conjunto C nos cinco locais, destacando-se as linhagens PR1 e PR3 ($\hat{g}_1 = 598,41$ e $\hat{g}_3 = 440,09$), para o local 1; PR3 para os locais 2, 4 e 5 ($\hat{g}_3 = 647,32$, $\hat{g}_3 = 522,36$ e $\hat{g}_3 = 881,70$); e PR6 ($\hat{g}_6 = 876,39$) para o local 3. Por outro lado, mostraram maiores valores as linhagens PI2' para os locais 1 e 5 ($\hat{g}_{2'} = 474,59$ e $\hat{g}_{2'} = 365,78$); PI1' ($\hat{g}_{1'} = 943,38$) para o local 2; e PI6' para os locais 3 e 4 ($\hat{g}_{6'} = 545,13$ e $\hat{g}_{6'} = 262,88$).

De um modo geral, as estimativas de CGC para o caráter PG revelam mais estabilidade e maiores valores positivos nas linhagens PR3 e PR7 em todos os conjuntos e locais. Assim mesmo considerando-se todos os conjuntos, maiores contribuições foram dadas pelas linhagens PI6' para os locais 1 e 3, PI1' para o local 2 e PI2' para os locais 4 e 5.

4.10.3. Amplitudes de variação das estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação

A Tabela 31 relaciona as amplitudes de variação das estimativas dos efeitos das capacidades específicas de combinação ($\hat{s}_{ij}$), em kg/ha, referente aos quatro conjuntos de híbridos obtidos em cruzamento dialélico parcial entre as linhagens das populações POZA RICA 8024 e PICHILINGUE 7928 para os caracteres PT e PG avaliados nas cinco localidades.

Para o conjunto C constatou-se maiores valores positivos e negativos para PT e PG com amplitudes de variação entre $\hat{s}_{ij}$, respectivamente de - 997,37 (1 x 3') a 888,48 (3 x 5') e - 787,32 (2 x 1') a 841,37 (3 x 1'), para o local 1; de - 1.556,88 (7 x 3') a 862,65 (3 x 7') e - 1.245,50 (7 x 3') a 612,92 (5 x 6'), para o local 2; de - 1.073,22 (4 x 3') a 966,56 (7 x 4') e - 894,77 (4 x 3') a 849,90 (2 x 6'), para o local 3; de - 775,48 (4 x 6') a 712,20 (5 x 2') e - 604,67 (4 x 6') a 569,87 (5 x 2'), para o local 4; e - 988,61 (5 x 6') a 799,20 (6 x 6'), para o local 5.

Combinações específicas de maiores efeitos positivos para PT e PG, respectivamente, no conjunto C foram verificadas nos cruzamentos 2 x 4' ($\hat{s}_{ij} = 1467,10$ kg/ha) e 2 x 4' ($\hat{s}_{ij} = 1.176,54$ kg/ha), no local 5, seguidos pelos cruzamentos 6 x 2' ($\hat{s}_{ij} = 1.189,20$ kg/ha) e 6 x 2' ($\hat{s}_{ij} = 1.138,08$ kg/ha), no local 1. Do mesmo modo, para o conjunto C, os efeitos da capacidade específica de combinação (em kg/ha) que mais se destacaram foram para os híbridos 7 x 7' (PT) e 7 x 7' (PG) no local 2, 1 x 5' (PT) e 1 x 5' (PG) no local 1, com efeitos $\hat{s}_{ij}$ de 1.592,61 e

1.274,13, 1.320,69 e 1.047,68, respectivamente. No conjunto C₄, os híbridos 2 x 2' em PT ($\hat{s}_{ij}^2 = 1.656,60$) e 2 x 2' em PG ($\hat{s}_{ij}^2 = 1.325,42$) para o local 2, assim como os híbridos 1 x 2' de PT ($\hat{s}_{ij}^2 = 1.450,23$) e 1 x 2' de PG ($\hat{s}_{ij}^2 = 1.156,76$) no local 3, mostraram as maiores contribuições de efeitos de CEC.

Efeitos negativos de magnitudes semelhantes foram registrados para combinações específicas nos quatro conjuntos e cinco locais, destacando-se para PT os cruzamentos 7 x 3' (C₃ no local 2), 4 x 4' (C₂ no local 3), 1 x 3' (C₃ no local 1) e 6 x 4' (C₄ no local 1), com valores de $\hat{s}_{ij}^2$ de -1.556,88; -1.137,19; -1.369,59 e -1.631,74 kg/ha, respectivamente, e para PG os cruzamentos 7 x 3' (C₁ no local 2), 4 x 1' (C₂ no local 1), 1 x 3' (C₃ no local 1) e 5 x 7' (C₂ no local 5), com efeitos de $\hat{s}_{ij}^2$ de -1.245,50; -1.062,36; -1.202,27 e -1.377,83 kg/ha, em sua ordem.

4.11. Estimativas de parâmetros genéticos

Encontram-se relacionadas nas Tabelas 32 a 36, respectivamente para os caracteres FF, AP, AE, PT e PG, as estimativas obtidas para variância genética entre híbridos ($\hat{\sigma}_G^2$), variância fenotípica entre médias de híbridos ($\hat{\sigma}_F^2$) e herdabilidade no sentido amplo ao nível de médias de híbridos em percentagem ($h^2\%$) para os conjuntos C₁, C₂, C₃ e C₄ e também para a análise agrupada dos dados referente às cinco localidades do estudo.

As estimativas das variâncias genéticas e

fenotípicas mostraram diferenças expressivas entre conjuntos dialélicos, para todos os caracteres e localidades. Por outro lado, a herdabilidade no sentido amplo expressa em percentagem foi, em geral, relativamente estável entre os conjuntos dialélicos. Nota-se, também, nestes três parâmetros estimados, ligeira tendência de serem maiores nos conjuntos C₃ e C₄.

Considerando-se a análise agrupada dos dados, as estimativas de variância genética entre híbridos para os diversos caracteres (nas respectivas unidades) e cinco locais, respectivamente, foram as seguintes: FF (Tabela 32): 0,1378; 0,3091; 0,7926; 0,9619 e 1,8462; AP (Tabela 33): 31,1634; 23,2749; 46,0726; 25,8062 e 29,8752; AE (Tabela 34): 10,0374; 17,5624; 13,4372; 12,8691 e 16,9207; PT (Tabela 35): $41,4832 \times 10^{-4}$; $16,3428 \times 10^{-4}$; $43,8993 \times 10^{-4}$; $46,0614 \times 10^{-4}$ e $27,1870 \times 10^{-4}$; e PG (Tabela 36): $31,1266 \times 10^{-4}$; $10,4560 \times 10^{-4}$; $30,8551 \times 10^{-4}$; $29,4812 \times 10^{-4}$ e $17,5841 \times 10^{-4}$.

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo ao nível de médias de híbridos apresentaram valores de magnitude elevada para todos os caracteres e localidades, em sua ordem a saber: FF (Tabela 32): 45,44%; 65,96%; 82,00%; 93,00% e 84,95%; AP (Tabela 33): 65,96%; 79,76%; 85,21%; 87,63% e 69,09%; AE (Tabela 34): 58,60%; 61,74%; 81,75%; 86,12% e 49,74%; PT (Tabela 35): 80,10%; 69,96%; 83,05%; 81,48% e 76,48%; e PG (Tabela 36): 80,62%; 69,95%; 84,42%; 81,48% e 76,72%.

4.12. Correlações fenotípicas ao nível de médias entre os caracteres estudados

Na Tabela 37 são apresentados os coeficientes de correlação fenotípica, entre oito caracteres especialmente relacionados com a produção, obtidos a nível de médias (de três repetições), referente aos 196 híbridos avaliados em quatro conjuntos dialélicos e cinco localidades.

Os caracteres considerados foram: peso total de espiga (PT), peso de grão (PG), floração feminina (FF), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), espigas podres (EP), prolificidade (PRO) e índice altura da espiga/altura da planta (AE/AP).

Dentre os coeficientes de correlação positivos e significativos aos níveis de 5% e/ou 1% de probabilidade, alguns se destacaram pela alta associação entre caracteres, tais como: AP x AE (maiores valores) para todos os conjuntos e locais, oscilando de 0,316 (C no local 2) a 0,886 (C no local 4); PT x PRO e PG x PRO também para todos os conjuntos e locais, exceto os conjuntos C₂ e C₄ do local 4 (CIMMYT/México), para os quais não se detectou diferença significativa. Seus valores variaram de 0,256 (C no local 4) a 0,593 (C no local 1) e de 0,256 (C no local 4) a 0,589 (C no local 2). Nota-se que os caracteres de produção: PT e PG, mostraram-se fortemente associados aos caracteres de altura da planta (AP e AE),

especialmente para o conjunto C nos locais 2, 3, 4 e 5 e conjuntos C₁ e C₂ nos locais 1 e 2, observando-se no local 5 (EMBRAPA/Brasil) valores de r muito similares para todos os conjuntos entre PT x AE e PG x AE.

Doutros pares de caracteres também apresentaram valores de r significativos aos níveis de 5% e/ou 1% de probabilidade, a saber: 0,244 e 0,270 (C₁ e C₃ no local 2), 0,343 e 0,349 (C₂ e C₃ no local 5), para PT x AE/AP; 0,244 e 0,270 (C₁ e C₃ no local 2), 0,343 e 0,353 (C₂ e C₃ no local 5), para PG x AE/AP, sendo estes resultados praticamente homogêneos; registrando-se valores de 0,261 e 0,252 (C₂ e C₃ no local 1); 0,260 (C₃ no local 2); 0,311 (C₄ no local 3); e 0,320, 0,312 e 0,252 (C₁, C₂ e C₄ no local 5), para AP x PRO.

Por outro lado, coeficientes de correlação negativos e significativos aos níveis de 5% e/ou 1% de probabilidades foram obtidos entre alguns pares de caracteres tais como: PT x FF, PG x FF, PT x EP, PG x EP e AP x AE/AP, para vários conjuntos e locais, com valores marcantes de -0,397 (C₃ no local 3), -0,448 (C₄ no local 1), -0,518 (C₃ no local 3), -0,353 (C₂ no local 2), e -0,364 (C₂ no local 3).

Com relação ao número de ramificações do pendão (NRP), avaliação restrita à local 3, a Tabela 38 apresenta estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica entre os caracteres PT e NRP e PG x NRP, detectando-se valores negativos e não significativos para os quatro conjuntos dialélicos.

5. DISCUSSÃO

5.1. Análise geral e precisão experimental

Considerando-se cinco localidades latinoamericanas responsáveis pelo melhoramento genético da cultura de milho, a saber: 1. INIAP/Equador, 2. CIAT/Colombia, 3. ESALQ/Brasil, 4. CIMMYT/México e 5. EMBRAPA/Brasil, foi realizado o presente estudo, tendo-se como objetivos o estudo do comportamento de híbridos de linhagens entre as populações POZA RICA 8024 e PICHILINGUE 7928, e a verificação do efeito do grau de endogamia das linhagens no comportamento dos híbridos. Procurou-se avaliar, além da produção de grãos representada pelo peso total de espiga (PT) e peso de grãos (PG), a variação de outros caracteres menos influenciados pelo ambiente como dias para floração feminina (FF), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), número de ramificações do pendão (NRP) e peso específico de grão (PE), sendo os dois últimos registrados somente no local 3. A análise de tais caracteres serviu para complementar as inferências sobre o potencial da variabilidade do

material em estudo.

O ano agrícola 1988/89 foi considerado normal para os locais 2, 4, 5 e atípico para os locais 1 e 3 sob o aspecto de ocorrência de ventos fortes e/ou chuvas excessivas. Apesar das condições experimentais relativamente desfavoráveis nestes dois locais, de modo geral a avaliação dos híbridos simples em quatro conjuntos dialélicos (C_1 , C_2 , C_3 e C_4), nos cinco locais, apresentou resultados plenamente satisfatórios do ponto de vista de precisão das estimativas.

Os resultados das variáveis como FF, AP, AE, PT e PG referentes às análises da variância individual para cada experimento (conjunto dialélico) por local; agrupando conjuntos por local, e a análise conjunta envolvendo conjuntos e locais, verifica-se uma boa consistência da média dos híbridos e testemunhas entre experimentos, o que reflete a homogeneidade da área experimental. As variâncias associadas ao erro experimental também foram homogêneas entre conjuntos, não comprometendo, desta forma, as interpretações das análises agrupadas. Constatou-se também, em certo grau, a consistência da relação entre a média dos híbridos e a média das testemunhas entre experimentos (conjuntos), com superioridade dos híbridos, em relação às suas características agronômicas.

De uma maneira geral, a percentagem média de acamamento de raiz (AR), acamamento de colmo (AC) e de

espigas podres (EP) mais baixos nos híbridos que nas testemunhas expressaram diferente comportamento com relação às localidades do estudo. Os menores valores de AR encontrados no local 4 (CIMMYT/México) podem ser explicados por sua menor altura da planta; do mesmo modo, condições climáticas favoráveis apresentadas no local 2 (CIAT/Colombia) possibilitaram obter as mais baixas percentagens de AC e EP. Por outro lado a alta precipitação e umidade relativa obtida no local 1 (INIAP/Equador) pode ter contribuído para uma maior percentagem de EP.

O comportamento observado para o número de ramificações do pendão (NRP) (avaliado somente no local 3) foi semelhante na média dos quatro conjuntos individuais de híbridos mais testemunhas, notando-se pequenas diferenças quanto às médias do caráter peso específico de grão (PE) entre conjuntos.

Os coeficientes de variação para os diversos caracteres foram relativamente baixos ou da mesma ordem de magnitude observada por outros autores, com valores menores para o caráter FF e PE seguidos por AP, AE, NRP, PT e PG, sendo que nem mesmo para os caracteres PT e PG (os mais sensíveis à variações ambientais entre os avaliados) ultrapassou o limite de 16%, indicando uma precisão aceitável dos experimentos.

5.2. Avaliação dos híbridos simples

O propósito desta pesquisa foi de avaliar o potencial das populações base POZA RICA 8024 e PICHILINGUE 7928 como fonte de híbridos comerciais. Neste aspecto, os híbridos simples estudados são um reflexo do potencial de outras combinações híbridas. HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) apresentaram resultados obtidos por diversos autores sobre o comportamento de híbridos simples, duplos e triplos. De um modo geral, a média dos três tipos de híbridos não difere significativamente, porém a variação genética é mais expressiva entre híbridos simples em comparação com os demais. Conforme JUGENHEIMER (1981), os híbridos simples são ligeiramente mais produtivos e uniformes nas características da planta e da espiga que outros tipos de híbridos, e devido a isto, o híbrido simples é utilizado extensivamente nos Estados Unidos, onde uniformidade, alta produção e resistência ao acamamento são de grande importância.

E preciso ressaltar que as linhagens com níveis variáveis de endogamia(S_1 , S_2 , S_3 e S_4), avaliadas em combinações híbridas, respectivamente, em quatro conjuntos dialélicos (experimentos), constituem amostras aleatórias das duas populações consideradas (POZA RICA 8024 e PICHILINGUE 7928), sendo as discrepâncias observadas para as estimativas devidas, provavelmente, à amostragem restrita. De fato, embora 49 híbridos simples tenham sido estudados em cada experimento, o material original está representado por apenas 7 linhagens endogâmicas.

Nos cinco locais de estudo, a não signifi-

cância para efeito de conjuntos para todos os caracteres (FF, AP, AE, PT e PG), com exceção de FF que foi altamente significativo (Tabela 22), reflete a homogeneidade das médias apresentadas nas análises individuais para cada conjunto. Assim mesmo, a interação locais x conjuntos ($L \times C$), mostra que os conjuntos não sofreram grande influência do efeito de locais. Por outro lado, o teste F indicou diferenças significativas, ao nível de 1% de probabilidades, entre tratamentos (T), para todos os caracteres estudados, e evidenciou que as variações são devidas a diferenças predominantemente genotípicas. O desdobramento da soma de quadrados de tratamentos revelou também alta significância (1%) para efeitos de híbridos (H), testemunhas (TE) e híbridos vs testemunhas (H vs TE) para todos os caracteres (exceto AP em H vs TE), indicando a existência de variabilidade genética nestes materiais. A diferença estatística encontrada ao nível de 1% de probabilidade entre as interações tratamentos por conjuntos ($T \times C$) e tratamentos por locais ($T \times L$), para todos os caracteres, indica que o comportamento dos híbridos e testemunhas dependeram tanto dos conjuntos como dos locais. Finalmente, a interação tratamentos por conjuntos e locais ($T \times C \times L$), significativa aos níveis de 5% e/ou 1% de probabilidade, indica inconsistência das interações simples.

A alta significância (1%) dos quadrados médios de locais para todas as características, é perfeita-

mente admissível pelo fato de haver diferenças do solo, clima e época de semeadura.

5.2.1. Produção de grãos: Peso total de espigas (PT) e peso de grão (PG)

Pelos resultados das análises de variância por local para cada conjunto e agrupando conjuntos (Tabelas 11 a 21), mais a análise conjunta envolvendo os quatro conjuntos e locais (Tabela 22) tem-se a primeira evidência de que a significância ao nível de 1% de probabilidades, entre tratamentos para as características PT e PG expressos em kg/ha ocorreu devido às diferenças entre híbridos e entre testemunhas. O contraste híbridos vs testemunhas (H vs TE) também foi significativo. Após o desdobramento de tratamentos por conjuntos (T x C) a fonte de variação híbridos por conjuntos (H x C) foi significativa; isso pode ser explicado pelo fato do comportamento diferencial entre os híbridos nos quatro conjuntos, devido provavelmente à amostragem e grau de endogamia das linhagens S₁ a S₄ das populações POZA RICA 8024 e PICHILINGUE 7928; a não significância nas interações testemunhas por conjuntos (TE x C) nem conjuntos por híbridos vs testemunhas [C x (H vs TE)], mostrou que os respectivos contrastes foram consistentes nos diversos conjuntos.

As análises de variância de peso total de espiga (PT) apresentaram resultados semelhantes aos de peso de grão (PG). Isso era esperado, uma vez que esses

caracteres estão intimamente relacionados, sendo ambos, medidas de produtividade.

As médias dos híbridos e das testemunhas por conjunto e local para os caracteres PT e PG em kg/ha (Tabela 23), evidenciaram superioridade dos híbridos sobre as testemunhas, com tendência de uma maior produtividade nos híbridos para o conjunto C₄, devido possivelmente ao maior grau de endogamia ($F = 93,75\%$) das linhagens geradoras dos cruzamentos POZA RICA 8024 x PICHILINGUE 7928. Os mais altos rendimentos obtidos nos conjuntos C₁ a C₄ para o local 5 (EMBRAPA/Brasil), são justificáveis pelo fato de haverem recebido umidade uniforme e bem repartida através da irrigação por aspersão, além de serem plantados mais tarde prolongando-se o ciclo vegetativo devido à época de frio.

Comparando-se as médias de PT e PG nos híbridos para os 4 conjuntos (experimentos) nota-se variabilidade nos 5 locais, evidenciando a existência de tendências interessantes entre as médias dos conjuntos de um mesmo local. Na EMBRAPA/Brasil (local 5) a tendência foi de incrementar a produtividade gradualmente a medida que avança o nível de endogamia das linhagens dos híbridos entre POZA RICA 8024 x PICHILINGUE 7928, as médias nos conjuntos C₁ (S₁ x S₁), C₂ (S₂ x S₂), C₃ (S₃ x S₃) e C₄ (S₄ x S₄) foram respectivamente de 10.298, 10.642, 10.890 e 10.947 kg/ha para PT e 8.241, 8.515, 8.708 e 8.757 kg/ha para PG. O contrário ocorreu na ESALQ/Brasil (local 3)

que mostra reduções na produtividade conforme o nível de endogamia avança, o que pode ser evidenciado nas médias dos conjuntos C_1 , C_2 , C_3 e C_4 que tiveram em sua ordem valores de 7.613, 7.591, 7.382 e 7.214 kg/ha para PT e 6.059, 5.984, 5.820 e 5.607 kg/ha para PG. Outra tendência, embora iguais para INIAP/Equador (local 1) e CIAT/Colombia (local 2) revelou maiores produtividades para os conjuntos C_1 e C_3 e valores menores para C_2 e C_4 tanto em PT como PG. Tendência contrária à apresentada nos locais 1 e 2 foi detectado em CIMMYT/México (local 4) para PT e PG, que teve incrementos para os conjuntos C_2 e C_4 e valores menores para C_1 e C_3 .

Entre os 196 híbridos simples avaliados em quatro experimentos (conjuntos) de 49 híbridos + 5 testemunhas comuns, de acordo com o nível de endogamia dos cruzamentos ($S_1 \times S_1$, $S_1 \times S_2$, $S_2 \times S_3$ e $S_3 \times S_4$), constatou-se no caráter PG uma grande número de híbridos superiores em relação à média das testemunhas, a qual variou de 37 (C_4) a 44 (C_1), para o local 1 (INIAP/Equador); de 41 (C_3) a 48 (C_4), para o local 2 (CIAT/Colombia); de 27 (C_3) a 42 (C_1), para o local 3 (ESALQ/Brasil); de 32 (C_3) a 46 (C_1), para o local 4 (CIMMYT/México); e de 25 (C_1) a 33 (C_4), para o local 5 (EMBRAPA/Brasil).

Com relação à identificação dos dez híbridos superiores em cada conjunto e em cada local, para peso de grão (PG) expresso em kg/ha em relação à média das testemunhas (Tabela 26), alguns híbridos simples superiores

foram cerca de 40 a 50% mais produtivos. Entre estes os mais expressivos e bastante promissores foram $6 \times 2'$ (149,4%) e $3 \times 1'$ (137,6%) para o conjunto C no local 3; $1 \times 1'$ (144,6%), $2 \times 2'$ (142,5%) e $3 \times 2'$ (139,7%) para o conjunto C no local 2; $3 \times 6'$ (141,2%), $3 \times 5'$ (140,9%) e $7 \times 7'$ (136,0%) para o conjunto C no local 4; $3 \times 3'$ (137,7%) e $3 \times 2'$ (137,3%) para o conjunto C no local 1; $6 \times 2'$ (138,3%) para o conjunto C no local 4; $2 \times 6'$ (141,1%) e $5 \times 6'$ (139,6%) para o conjunto C no local 3. De um modo geral, os resultados de produção são indicativos do potencial genético das populações POZA RICA 8024 e PICHILINGUE 7928. Cabe resaltar que estas percentagens obtidas no presente estudo são de magnitudes algo superiores às observadas por MARTINS (1986), MOTA (1984) e MIRANDA FILHO (1979) nas populações Piranão VD-2B e Piranão VF-1B, a nível de médias de híbridos em relação à testemunha.

Além disso, se pode visualizar outras combinações híbridas desejáveis, embora exista variação entre conjuntos e locais. A seleção dos melhores híbridos invariavelmente seria entre os mais produtivos, sem deixar de lado outros caracteres como altura da planta, altura da espiga, acamamento, entre outros. No local 5 (EMBRAPA/Brasil) a melhor combinação foi $3 \times 2'$ para todos os conjuntos.

Por outro lado, considerando-se todos os locais em cada conjunto dialélico, apresentaram maior estabilidade as combinações híbridas superiores para

produtividade, em relação à média das testemunhas, a saber:

C : $3 \times 7'$ (123,4% locais 2, 3, 4 e 5), $5 \times 6'$ (128,9%
1
locais 1, 2 e 3), $7 \times 7'$ (119,0% locais 1, 2 e 5); C : $6 \times$
2
1' (118,7% todos os locais), $7 \times 3'$ (120,1% locais 1, 2, 3
e 4), $3 \times 1'$ (116,4% locais 1, 3, 4 e 5), $6 \times 3'$ (124,0%
locais 2, 3 e 5), $6 \times 6'$ (121,8% locais 1, 2 e 3); C : $6 \times$
3
2' (124,1% todos os locais), $3 \times 2'$ (125,6% todos os
locais), $3 \times 1'$ (122,5% locais 1, 2, 3 e 5), $3 \times 3'$ (124,4%
locais 1, 2, 3 e 4), $6 \times 1'$ (123,2% locais 2, 3 e 5); e C :
4
 $3 \times 1'$ (126,9% locais 2, 3, 4 e 5), $3 \times 5'$ (127,2% locais
2, 3, 4 e 5), $3 \times 6'$ (125,6% locais 1, 3, 4 e 5), $1 \times 1'$
(127,3% locais 1, 2 e 5), $3 \times 2'$ (130,9% locais 1, 2 e 5).

De uma maneira geral, analisando-se todos os conjuntos e locais, verificou-se também, que dos 10 (100%) híbridos superiores do conjunto C apenas 1 (10%) foi detectado no conjunto C₁. Do mesmo modo, dos 10 híbridos do conjunto C₄ somente 4 (40%) foram observados no conjunto C₂; finalmente, dos 10 híbridos do conjunto C₃ igualmente 4 (40%) foram detectados no conjunto C₄. Este fato, é um indicativo de que as linhagens das populações POZA RICA 8024 e PICHILINGUE 7928 devem ser avaliadas em S₂, S₃ e S₄, e com maior segurança, nas duas últimas gerações de autofecundação, mediante o teste precoce a intermediário para capacidade de combinação. Isto está de acordo com o manifestado por JUGENHEIMER (1981).

5.2.2. Altura da planta (AP) e altura da espiga (AE)

Altura da planta e altura da espiga tiveram comportamento semelhante, quando se considerou a significância ao nível de 1% de probabilidade dos tratamentos e dos efeitos, no seu desdobramento (Tabelas 11 a 21). A análise de variância conjunta mostrou diferenças significativas para os efeitos da interação tratamentos x locais (T x L) nos dois caracteres (AP e AE), indicando, que houve um comportamento diferencial entre os tratamentos nos cinco locais (Tabela 22).

Comparando a altura média da planta e da espiga nos híbridos simples com relação à média das testemunhas por conjunto e local (Tabela 23), verifica-se ligeira tendência de menores valores para os híbridos. Isto demonstra que, de uma maneira geral, os resultados apresentaram-se satisfatórios, tendo em vista que, a altura média das plantas e das espigas nos híbridos, respectivamente variou de um máximo de 2,52 m (C₂ no local 1) a um mínimo de 1,57 m (C₂ e C₃ no local 4), e de 1,23 m (C₂ no local 1) a 0,74 m (C₃ no local 4); enquanto que, as testemunhas variaram de 2,52 m (C₂ no local 1) a 1,52 m (C₄ no local 4), e de 1,24 m (C₂ no local 1) a 0,74 m (C₃ no local 4), em sua ordem.

A redução do porte da planta, vem, atualmente, chamando a atenção dos melhoristas de milho, devido principalmente, aos problemas de acamamento e quebramento que prejudicam a colheita mecânica. Assim, as mais baixas alturas da planta e da espiga registradas nos

híbridos dos conjuntos C₁, C₂, C₃ e C₄ para o local 4 (CIMMYT/México), colaborou com a menor percentagem de acamamento de raiz (AR).

Os resultados obtidos para altura da planta e altura da espiga são semelhantes como era esperado, em vista da alta correlação positiva existente entre esses dois caracteres.

5.2.3. Florescimento feminino (FF)

As análises da variância feitas para cada conjunto e agrupando conjuntos por local (Tabelas 11 a 21), assim como de forma conjunta envolvendo todos os conjuntos e locais (Tabela 22), apresentaram diferenças estatísticas altamente significativas entre tratamentos e entre seus desdobramentos, indicando que de uma maneira geral houve um comportamento diferencial dos híbridos e testemunhas.

O caráter florescimento feminino (FF), junto a outros caracteres como floração masculina (FM), maturação fisiológica dos grãos e a unidade dos grãos na colheita, todos correlacionados entre si, podem ser utilizados como critério na avaliação do ciclo em milho. Outros caracteres podem fornecer uma indicação indireta de ciclo, tais como número de folhas por planta ou altura da planta.

Quanto ao tempo para florescimento feminino (FF), o enfoque adquire maior ou menor importância, dependendo do interesse pela seleção de híbridos mais

precoces ou mais tardios. No presente estudo obtiveram-se híbridos tão precoces como o $7 \times 2'$ e $1 \times 5'$ (51,00 dias) para o conjunto C_1 , no local 1 (INIAP/Equador); $4 \times 5'$ (52,00 dias), $1 \times 5'$ (52,00 dias) e $6 \times 3'$ (52,00 dias), respectivamente para os conjuntos C_1 , C_3 e C_4 também no local 1, e tão tardios como o $6 \times 1'$ (85,33 dias), $6 \times 1'$ (84,00 dias), $5 \times 1'$ (84,33 dias) e $1 \times 1'$ (84,00 dias), para os conjuntos C_1 , C_2 , C_3 e C_4 , no local 4 (CIMMYT/México) em sua ordem, repetindo-se para alguns conjuntos o mesmo híbrido.

De modo geral, na média o número de dias para florescimento feminino dos híbridos (Tabela 23) entre conjuntos em suas respectivas localidades foi uniforme e algo menor nas médias de híbridos em comparação com as das testemunhas, registrando-se valores mais baixos (híbridos precoces) nos conjuntos do local 1 (INIAP/Equador) e valores mais altos (híbridos tardios) nos conjuntos do local 4 (CIMMYT/México). O comportamento dos híbridos para o caráter FF, em média variou de 52,62 dias no conjunto C_2 ($S_2 \times S_2$) para o local 1 a 82,13 dias no C_1 ($S_1 \times S_1$) para o local 4, enquanto que as testemunhas nos mesmos locais variaram de 55,10 dias (C_1 e C_3) a 83,20 dias ($C_4 : S_4 \times S_4$). Assim, comparando-se o comportamento dos tratamentos nos experimentos (conjuntos) e os cinco locais, verifica-se que para os híbridos houve uma diferença de 29,51 dias, enquanto que para as testemunhas essa diferença foi de 28,00 dias. Isso mostra como os híbridos e testemunhas interagiram nos diferentes locais, onde obviamente as

divergências das condições climáticas e edáficas foram fatores determinantes na manifestação destes resultados.

5.2.4. Número de ramificações do pendão (NRP) e peso específico de grão (PE)

Os caracteres NRP e PE foram avaliados unicamente no local 3 (ESALQ/Brasil). A alta significância de tratamentos para NRP e PE para todos os conjuntos (Tabela 17), ocorreu devido às diferenças entre híbridos pelo fato de existir suficiente variabilidade genética para ambos caracteres.

O NRP tem influência negativa na produtividade (HUNTER *et alii*, 1969; PATERNIANI, 1982; GERALDI, 1986; ANDRADE, 1988), mas em uma combinação híbrida superior o tamanho do pendão não chega a ser um caráter limitante. Para os híbridos o NRP teve em média uma amplitude de variação de 13,00 (4 x 4') a 27,33 (1 x 2'), para o conjunto C ; de 16,00 (6 x 4') a 26,66 (7 x 1'), para o Conjunto C₁ ; de 14,66 (3 x 1') a 27,66 (1 x 7'), para o conjunto C₂ ; e de 15,00 (5 x 3') a 26,66 (1 x 7'), para o conjunto C₃ , na média de três repetições. Essa grande expressão de variabilidade gerada nos híbridos para o NRP é explicada por MOCK & SCHUETZ (1974) e SMITH *et alii* (1982) como sendo um caráter herdável quantitativamente.

Com relação ao PE também existiu variabilidade genética nos híbridos, registrando-se para os

conjuntos C_1 , C_2 , C_3 e C_4 respectivamente, valores médios que variaram de 0,250 g ($3 \times 1'$) a 0,298 g ($3 \times 5'$); 0,259 g ($6 \times 1'$) a 0,299 g ($3 \times 3'$); 0,257 g ($1 \times 7'$) a 0,306 g ($3 \times 1'$); e 0,247 g ($7 \times 2'$) a 0,294 g ($2 \times 1'$).

5.3. Efeitos de capacidade geral e capacidade específica de combinação

O desdobramento da análise da variância segundo o modelo de cruzamento dialélico parcial, permitiram uma visualização sobre a variabilidade das linhagens com diferente grau de endogamia (S_1 , S_2 , S_3 e S_4), quanto aos seus efeitos de capacidade geral (CGC) e capacidade específica (CEC) de combinação.

A significância ao nível de 5% de probabilidade encontrada para capacidade geral de combinação (Tabela 28) das linhagens da população POZA RICA 8024 (CGC-I) e capacidade geral de combinação das linhagens da população PICHILINGUE 7928 (CGC-II) para os caracteres FF, AP, AE, PT e PG na maioria dos conjuntos das cinco localidades, indica o papel predominante dos componentes da variância genética aditiva que participaram ativamente na determinação desses caracteres. O fato da variância da capacidade específica de combinação (CEC) não ter sido significativa para os mesmos caracteres na maioria dos conjuntos de híbridos obtidos em cruzamento dialélico parcial entre as linhagens das populações POZA RICA 8024 $\times$ PICHILINGUE 7928, demonstra que os componentes da variância

genética não aditiva (dominância e epistasia) foram sem importância. Esses resultados concordam com os obtidos por SPRAGUE & TATUM (1942), ROJAS & SPRAGUE (1952), CASTRO *et alii* (1968), entre outros.

Entre os caracteres avaliados, verifica-se uma variação consistentemente maior nas linhagens de POZA RICA 8024 e PICHILINGUE 7928 para os caracteres PT e PG dos conjuntos e localidades.

Os quadrados médios para capacidade específica de combinação (CEC) mesmo não mostrando significância para os caracteres em estudo, com exceção de poucos conjuntos nos locais 1 (INIAP/Equador) para PT e PG, 3 (ESALQ/Brasil) e 4 (CIMMYT/México) para FF, AP, e AE, apresentaram valores de considerável expressão; porém a magnitude do quadrado médio para CEC em relação a CBC foi menor.

Vários autores (MANN *et alii*, 1981; MOLL & HANSON, 1984; ZAMBEZI *et alii*, 1985; MARTINS, 1986; GONÇALVES, 1987; DANTAS, 1988; entre outros) em estudos com diversos materiais genéticos e diferentes delineamentos, também verificaram a menor expressão da capacidade específica de combinação. A importância relativa da variância para capacidade específica sobre a variância da capacidade geral de combinação têm sido discutida por diversos pesquisadores e resultados contrários têm sido observados. Assim MATZINGER *et alii* (1950), ROJAS & SPRAGUE (1952) e LIMA (1977), verificaram que a variância devida a efeitos não aditivos foi superior aos efeitos

aditivos para produção de grãos de milho. Esses resultados discrepantes podem ser explicados com base na afirmação de SPRAGUE & TATUM (1942), que no material heterogêneo, sem seleção prévia, a variação é principalmente de natureza aditiva, resultando em superioridade da variância da capacidade geral de combinação. Esta torna-se relativamente inferior quando se trabalha com populações previamente selecionadas em que se descartam linhagens pelo mau desempenho com base na capacidade geral de combinação.

Quanto aos efeitos de capacidade geral de combinação (Tabela 29) para o caráter peso total de espigas (PT), obtiveram-se as maiores estimativas (expressas em kg/ha) para as linhagens PR3 ($\hat{g}_3 = 1.073,56$) para o conjunto C no local 1 (INIAP/Equador) e PI1' ($\hat{g}_1 = 752,28$) para o mesmo conjunto e local, dos grupos de POZA RICA 8024 (PR) e PICHILINGUE 7928 (PI), respectivamente; PR3 ($\hat{g}_3 = 809,09$) para o conjunto C no local 2 (CIAT/Colombia) e PI1' ($\hat{g}_{1'} = 1.044,61$) para o conjunto C no mesmo local; PR3 ($\hat{g}_{3'} = 825,26$) para o conjunto C no local 3 (ESALQ/Brasil) e PI6' ($\hat{g}_{6'} = 903,87$) para o conjunto C no mesmo local; PR3 ($\hat{g}_3 = 652,90$) para o conjunto C no local 4 (CIMMYT/México) e PI2' ($\hat{g}_{2'} = 605,71$) para o conjunto C no mesmo local; PR3 ($\hat{g}_3 = 1.096,10$) para o conjunto C no local 5 (EMBRAPA/Brasil) e PI2' ($\hat{g}_{2'} = 604,94$) para o conjunto C no mesmo local.

Com relação ao peso de grão (PG) quanto às

estimativas de C.G.C (Tabela 30), registraram-se os maiores efeitos positivos para as linhagens PR3 ($\hat{g}^3 = 946,54$) para o conjunto C no local 1 e PI2' ($\hat{g}^3 = 573,56$) para o conjunto 3 no mesmo local; PR3 = ($\hat{g}^{2'} = 643,32$) para o conjunto C no local 2 e PI1' = ($\hat{g}^3 = 943,38$) para o mesmo conjunto e local; PR3 ($\hat{g}^{1'} = 579,12$) para o conjunto C no local 3 e PI6' = ($\hat{g}^3 = 887,62$) para o conjunto C no mesmo local; PR3 ($\hat{g}^{6'} = 522,36$) para o conjunto C no local 4 e PI2' ($\hat{g}^3 = 484,52$) para o conjunto C no mesmo local; PR3 ($\hat{g}^{2'} = 881,70$) para o conjunto C no local 5 e PI2' ($\hat{g}^3 = 489,70$) no conjunto C no mesmo local.

3

Nota-se entre PT e PG resultados semelhantes como era esperado, devido a serem dois caracteres muito relacionados, pois existe uma correspondência deste caráter para os caracteres PT e PG para os dois grupos de linhagens (POZA RICA 8024 = PR e PICHILINGUE 7928 = PI) com relação à magnitude das estimativas de capacidade de combinação. Isto pode ser explicado pela boa consistência apresentada pelas linhagens nos conjuntos e localidades de estudo, onde a linhagem PR3 foi a que mais se destacou quanto a C.G.C. mantendo estável em todos os conjuntos e localidades, enquanto que as linhagens de PICHILINGUE 7928 tiveram resultados variáveis com destaque para as linhagens PI1', PI2' e PI6'.

Tais resultados indicam que estas linhagens apresentaram comportamento superior quando em combinações

híbridas, pelo menos em relação ao conjunto de linhagens estudadas. De fato, embora a capacidade geral de combinação seja um atributo inerente da própria constituição genética da linhagem, o seu valor relativo depende do conjunto de linhagens a que ela pertence (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988), bem como da dimensão do conjunto dialélico estudado (VENCOVSKY, 1970).

Com referencia as estimativas dos efeitos de capacidade específica de combinação (s_{ij}) para peso total de espigas (PT) e peso de grão (PG), altos valores de $\hat{s}_{ij}$ (positivo ou negativo) indicam combinações específicas que são melhores ou piores que o esperado, baseando-se na CGC dos progenitores. Desse modo, a CEC depende de genes que mostram efeitos não aditivos (SPRAGUE & TATUM, 1942). Em outras palavras, a análise dessas estimativas permite avaliar a importância da CEC em relação à CGC. Com SPRAGUE & TATUM (1942) o termo é usado para identificar cruzamentos que se comportam relativamente pior ou melhor do que seria esperado com base na CGC. Assim, baixos valores absolutos de $\hat{s}_{ij}$ indicam que o comportamento dos híbridos seria esperado conforme o critério anterior e, ao contrário, altos valores (positivos ou negativos) sugerem um desempenho melhor ou pior do que se esperaria com base na CGC das linhagens envolvidas no cruzamento.

Combinações específicas (Tabela 31) de maiores efeitos positivos para peso total de espiga (PT) e peso de grão (PG) entre linhagens das populações POZA RICA

8024 e PICHILINGUE 7928 observadas em kg/ha, foram PT: 1 x 5' ($\hat{s}_{ij} = 1.320,69, C$) e 6 x 3' ($\hat{s}_{ij} = 1.261,36, C$), PG: 4 x 7' ($\hat{s}_{ij} = 1.190,70, C$) e 6 x 2' ($\hat{s}_{ij} = 1.138,08, C$), para o local 1; PT: 2 x 2' ($\hat{s}_{ij} = 1.656,60, C$) e 7 x 7' ($\hat{s}_{ij} = 1.592,61, C$), PG: 2 x 2' ($\hat{s}_{ij} = 1.325,42, C$) e 7 x 7' ($\hat{s}_{ij} = 1.274,13, C$), para o local 2; PT: 1 x 2' ($\hat{s}_{ij} = 1.450,23, C$) e 7 x 3' ($\hat{s}_{ij} = 1.066,60, C$), PG: 1 x 2' ($\hat{s}_{ij} = 1.156,76, C$) e 2 x 6' ($\hat{s}_{ij} = 849,90, C$) para o local 3; PT: 7 x 7' ($\hat{s}_{ij} = 1.105,27, C$) e 6 x 2' ($\hat{s}_{ij} = 919,45, C$), PG: 7 x 7' ($\hat{s}_{ij} = 883,91, C$) e 6 x 2' ($\hat{s}_{ij} = 735,34, C$), para o local 4; PT: 2 x 4' ($\hat{s}_{ij} = 1.467,10, C$) e 1 x 1' ($\hat{s}_{ij} = 1.308,84, C$), PG: 2 x 4' ($\hat{s}_{ij} = 1.176,54, C$) e 1 x 1' ($\hat{s}_{ij} = 1.056,92, C$), para o local 5.

Efeitos negativos de magnitudes semelhantes foram registrados para combinações específicas nos quatro conjuntos (experimentos) e cinco locais, destacando-se em PT os cruzamentos 6 x 4' (C), 7 x 3' (C), 5 x 2' (C), 7 x 1' (C) e 5 x 7' (C) com valores de $\hat{s}_{ij}$ de -1.631,74; -1.556,88; -1.339,62; -1.019,95 e -1.715,47 kg/ha, respectivamente, em cada local. Em PG os cruzamentos 6 x 4' (C), 7 x 3' (C), 5 x 2' (C), 7 x 1' (C) e 5 x 7' (C) com valores de $\hat{s}_{ij}$ de -1.289,60; -1.245,50; -1.099,79; -815,90 e -1.377,83 kg/ha, em sua ordem, para cada local.

Os resultados mostram que os efeitos de CEC tiveram apreciável expressão em relação aos efeitos da CGC apesar de não revelar significância para estes caracteres, evidenciando uma grande variabilidade para estas capacidades neste grupo de populações em estudo. De acordo com MATZINGER et alii (1959), o conhecimento das variâncias das CGC e CEC e suas interações com diferentes ambientes é útil na formulação dos procedimentos de um programa de melhoramento. Para o caso particular destas populações que de maneira geral não têm sido muito trabalhadas em relação a uma seleção drástica espera-se obter variância bastante grande em relação à CGC, em comparação com a variância para CEC.

5.4. Estimativas dos parâmetros genéticos

As estimativas de variância genética entre híbridos (σ^2_{H}), variância fenotípica entre média de híbridos (σ^2_{G}) e herdabilidade no sentido amplo a nível de médias de híbridos em percentagem (h^2) para os caracteres FF, AP, AE, PT e PG avaliados em quatro conjuntos (experimentos) e cinco locais (Tabelas 32, 33, 34, 35, 36), mostraram variabilidade para todos os caracteres e localidades.

As análises da variância apresentaram alta significância para a variação entre híbridos simples em todos os experimentos e localidades para os cinco caracteres, demonstrando a presença de variabilidade genética entre híbridos. De fato, a herdabilidade no

2

sentido amplo entre média de híbridos (h) confirmam esta hipótese; para PT e PG os valores de herdabilidade foram da ordem de: PT (Tabela 35): 80,10; 69,96; 83,05, 81,48 e 76,48% e PG (Tabela 36): 80,62; 69,95; 84,42, 81,48 e 76,72%, respectivamente para as cinco localidades considerando a análise agrupada, ocorrendo valores muito semelhantes para os dois caracteres. Cabe resaltar que as estimativas obtidas no presente estudo são semelhantes às observadas por MARTINS (1986), GONÇALVES (1987) e DANTAS (1988) ao nível de média de híbridos, sendo pouco superiores às apresentadas por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) ao nível de médias de progênies, no sentido restrito. A superioridade das estimativas podem também ser observada em relação às obtidas para médias de famílias de meios irmãos por LORDELO (1982) e SOARES FILHO & MIRANDA FILHO (1988) e, em relação à observada para híbridos de famílias de meios irmãos por MOTA (1984). Essas relações eram esperadas, visto que a variação entre híbridos envolve toda a variância aditiva e dominante; enquanto que a variância entre famílias de meios irmãos expressa somente 1/4 de variância aditiva.

Estimativas mais altas de variância genética registradas para cada caráter em suas respectivas unidades foram: PT: 80,06 (C), para o local 5; PG: 61,01 (C), para o local 1; AP: 128,35 (C) para o local 3; AE: 64,35 (C), para o local 5; e FF: 4,22 (C), para o local 5, indicando assim, uma maior variação entre os híbridos dos conjuntos

C_3 e C_4 devido possivelmente ao maior grau de endogamia das linhagens parentais.

Por outro lado, as variâncias genéticas e fenotípicas negativas apresentadas no conjunto C_1 para AE e conjunto C_2 para PT e FF no local 1, possivelmente seja devido a que neste local ocorreram condições climáticas atípicas prejudicando a expressão destes parâmetros.

As estimativas obtidas são indicadoras da existência de variabilidade entre os híbridos, possibilitando a seleção dos mesmos com alta eficiência.

5.5. Correlações fenotípicas ao nível de médias entre os caracteres estudados

Quanto aos coeficientes de correlação fenotípica obtidos ao nível de médias de híbridos para os diversos caracteres estudados (Tabela 37), os valores positivos e significativos aos níveis de 5 e/ou 1% de probabilidades de maiores magnitudes foram obtidos entre altura da planta e altura da espiga ($AP \times AE = 0,886$), para o conjunto C_3 no local 4 (CIMMYT/México); peso total de espiga e prolificidade ($PT \times PRO = 0,593$), para o conjunto C_3 no local 1 (INIAP/Equador); peso de grão e prolificidade ($PG \times PRO = 0,589$), para o conjunto C_3 no local 2 (CIAT/Colômbia); peso total de espiga e altura da planta ($PT \times AP = 0,643$), para o conjunto C_1 no local 3 (ESALQ/Brasil); Peso total de espiga e altura da espiga ($PT \times AE = 0,469$), para

o conjunto C₁ no local 3; peso de grão e altura da planta (PG x AP = 0,653), para o conjunto C₁ no local 3; peso de grão e altura da espiga (PG x AE = 0,497), para o conjunto C₁ no local 3; peso total de espiga e índice altura da espiga por altura da planta (PT x AE/AP = 0,349), para o conjunto C₃ no local 5 (EMBRAPA/Brasil); peso de grão e índice altura da espiga por altura da planta (PG x AE/AP = 0,353) para o conjunto C₃ no local 5.

De uma maneira geral, os resultados obtidos foram concordantes com a literatura, sendo semelhantes às estimativas apresentadas por diversos autores, tais como, SOUZA JUNIOR *et alii* (1980), LORDELO (1982), MORAN (1984), MARTINS (1986), HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988).

Cabe ressaltar uma alta associação para os caracteres altura da planta e altura da espiga, peso total da espiga e prolificidade, peso de grão e prolificidade, peso de grão e altura de espiga, entre outros. As correlações fenotípicas apresentam tendência de maiores valores nos híbridos dos conjuntos C₃ e C₃, sendo mais alta no conjunto C₃ como confirmado pela consistência de seus resultados através das cinco localidades de estudo.

Por outro lado, constatou-se correlações negativas e significativas ao níveis de 5% e/ou 1% de probabilidades para Pt x FF, PG x FF, PT x EP, PG x EP e AP x AE/AP, para vários conjuntos (experimentos) e locais.

5. CONCLUSÕES

As interpretações dos resultados obtidos nas condições do presente trabalho permitem apontar as seguintes conclusões:

a) As análises individuais e conjunta da variância para os cinco caracteres (FF, AP, AE, PT e PG) avaliados nas condições dos experimentos de cinco localidades latinoamericanas, revelam a existência de variabilidade genética entre os híbridos de linhagens em quatro conjuntos (níveis de endogamia) das populações POZA RICA 8024 e PICHILINGUE 7928, evidenciando, seu potencial genético.

b) A obtenção de híbridos simples mais produtivos que as testemunhas, refletem o bom potencial genético das linhagens com diferente grau de endogamia (S_1 , S_2 , S_3 e S_4) das duas populações.

c) O comportamento dos híbridos simples através de

linhagens com diferentes graus de endogamia entre as populações FOZA RICA 8024 e PICHILINGUE 7928, foi estatisticamente igual a nível de médias para os quatro conjuntos e cinco localidades.

d) Na média, os quatro conjuntos dialélicos de híbridos simples ($S_1 \times S_1$; $S_2 \times S_2$; $S_3 \times S_3$ e $S_4 \times S_4$) não mostraram diferença estatística para os cinco caracteres nas quatro primeiras localidades (1. INIAP/Equador, 2. CIAT/Colombia; 3. ESALQ/Brasil e 4. CIMMYT/México), sendo somente significativo para a quinta localidade (5. EMBRAPA/Brasil) em PT e PG.

e) Os conjuntos dialélicos (C_1 , C_2 , C_3 e C_4) na média dos híbridos apresentaram as maiores produtividades para PT e PG na localidade 5 (EMBRAPA/Brasil), seguida da localidade 2 (CIAT/Colombia) e 1 (INIAP/Equador).

f) Os híbridos na média dos conjuntos C_1 , C_2 , C_3 e C_4 mostraram menor número de dias para FF na localidade 1 (INIAP/Equador). Do mesmo modo, os valores mais baixos de AP e AE foram detectados na localidade 4 (CIMMYT/México).

g) As altas significâncias ($p < 1\%$) verificadas entre as diferenças do NRP e PE, refletem uma alta variabilidade dos híbridos para os quatro conjuntos dialélicos avaliados na localidade 3 (ESALQ/Brasil).

h) O NRP (caráter restrito à localidade 3. ESALQ/Brasil) das plantas dos híbridos simples teve na

média de suas repetições uma amplitude de variação de 13,00 (4 x 4') a 27,33 (1 x 2'), para o conjunto C₁; de 16,00 (6 x 4') a 26,66 (7 x 1'), para o conjunto C₂; de 14,66 (3 x 1') a 27,66 (1 x 7'), para o conjunto C₃; e de 15,00 (5 x 3') a 26,66 (1 x 7'), para o conjunto C₄.

i) As análises da variância das tabelas dialélicas revelaram significância para quadrados médios referentes a capacidade geral de combinação indicando a maior importância dos efeitos de CGC na expressão dos caracteres. Os efeitos de capacidade específica de combinação, embora não ter sido significativos tiveram considerável manifestação.

j) De acordo com os efeitos de CGC, as linhagens PR3 e PR7 (POZA RICA 8024), PI2' e PI6' (PICHILINGUE 7928) tiveram o melhor desempenho com efeito de g_i e g_j positivo, respectivamente.

k) Com relação ao caráter peso de grão (PG), vários híbridos simples superiores foram cerca de 40 a 50% mais produtivos que a média das testemunhas, sendo mais expressivos: 6 x 2' e 3 x 1' para o conjunto C₄ no local 3; 1 x 1', 2 x 2' e 3 x 2' para o conjunto C₄ no local 2; 3 x 6', 3 x 5' e 7 x 7' para o conjunto C₄ no local 4; 3 x 3' e 3 x 2' para o conjunto C₄ no local 1; 6 x 1' para o conjunto C₃ no local 2; 6 x 2' para o conjunto C₂ no local 4; 2 x 6' e 5 x 6' para o conjunto C₁ no local 3.

l) Os cruzamentos $3 \times 7'$, $5 \times 6'$ e $7 \times 7'$ (conjunto C_1); $6 \times 1'$, $7 \times 3'$, $3 \times 1'$, $6 \times 3'$ e $6 \times 6'$ (conjunto C_2); $6 \times 2'$, $3 \times 2'$, $3 \times 1'$, $3 \times 3'$ e $6 \times 1'$ (conjunto C_3); e $3 \times 1'$, $3 \times 5'$, $3 \times 6'$, $1 \times 1'$ e $3 \times 2'$ (conjunto C_4) tiveram melhor comportamento produtivo em todas as localidades em alguns casos e/ou na maioria deles em outros, e foram os mais estáveis e promissores para a utilização direta como híbridos simples.

m) A tendência geral dos dez híbridos simples mais produtivos dos conjuntos C_1 , C_2 e C_3 em manterem-se até o conjunto C_4 , na média das cinco localidades, com valores de 10% ($S_1 \times S_1$ a $S_4 \times S_4$), 40% ($S_2 \times S_2$ a $S_4 \times S_4$), 40% ($S_3 \times S_3$ a $S_4 \times S_4$), evidenciam o estágio adequado de endogamia para a avaliação de linhagens das populações POZA RICA 8024 e PICHILINGUE 7928, sugerindo que estas sejam avaliadas em S_2 , S_3 e S_4 e com maior segurança nas duas últimas gerações de autofecundação.

n) Herdabilidades estimadas no sentido amplo ao nível de médias de híbridos indicaram a possibilidade de seleção entre híbridos, com alta eficiência.

o) Correlações fenotípicas entre caracteres avaliados nos híbridos simples por cada conjunto e locais foram positivas e significativas para AP x AE, PT x PRO, PG x PRO, PT x AP, PT x AE, PG x AP, PG x AE, PT x AE/AP e PG x AE/AP.

p) A obtenção de híbridos simples mais produtivos que as testemunhas (mais de 50%) reflete o potencial genético das linhagens das duas populações para a produção de híbridos triplos e duplos promissores.

q) A metodologia (esquema de cruzamento dialélico parcial) utilizada neste trabalho mostrou ser altamente eficiente do ponto de vista prático para a avaliação do potencial genético de linhagens obtidas de duas populações diferentes e identificação de combinações híbridas superiores, pois permite a estimação da capacidade de combinação das linhagens em cruzamento a partir de um determinado número de híbridos simples, ao mesmo tempo que possibilita detectar combinações específicas promissoras com previsão para a obtenção de híbridos duplos. Portanto, esta metodologia permite obter-se mais informação que o procedimento normal denominado de "topcross".

TABELAS

Tabela II. Análise de variância por conjunto dialélico (níveis de endogeneia) referente a cinco caracteres de híbridos de linhagens e testemunhas, segundo o delineamento de blocos casualizados. Estação Experimental Tropical Pichilingue do INIAP (Quevedo, Equador). 1988/89.

CARACTERES	F.V.	G.L.	QUADRADOS MÉDIOS			
			C 1	C 2	C 3	C 4
FF	Repetições(R)	1	1,12 ns	0,59 ns	25,03 **	29,03 **
	Tratamentos(T)	53	1,95 *	1,99 ns	3,18 **	2,51 *
	Híbridos(H)	48	1,56 ns	1,57 ns	2,62 *	1,96 ns
	Testemunhas(TE)	4	3,85 *	1,15 ns	4,85 *	5,35 **
	H vs TE	1	13,13 **	25,52 **	23,22 **	17,79 **
	Erro	53	1,02	1,67	1,34	1,26
	Média		54,01	52,78	53,65	53,63
AP(x10) ⁻⁴	Repetições(R)	1	13200,00 **	206,00 ns	2036,50 **	2027,50 **
	Tratamentos(T)	53	141,37 ns	165,85 *	291,62 ns	298,95 **
	Híbridos(H)	48	134,34 ns	164,91 *	293,38 ns	319,94 **
	Testemunhas(TE)	4	191,41 ns	218,34 ns	324,59 ns	76,91 ns
	H vs TE	1	279,38 ns	1,12 ns	3,12 ns	179,88 ns
	Erro	53	124,26	90,54	183,70	116,88
	Média		2,43	2,52	2,50	2,49
AE(x10) ⁻⁴	Repetições(R)	1	5278,00 **	118,12 ns	2465,38 **	412,12 **
	Tratamentos(T)	53	42,11 ns	69,16 ns	112,96 ns	101,86 **
	Híbridos(H)	48	43,53 ns	71,47 ns	111,04 ns	106,38 *
	Testemunhas(TE)	4	35,10 ns	56,35 ns	163,60 ns	71,60 ns
	H vs TE	1	2,22 ns	9,47 ns	2,34 ns	6,09 ns
	Erro	53	50,46	48,44	96,71	31,27
	Média		1,17	1,24	1,23	1,20
PT(x10) ⁴	Repetições(R)	1	4,25 ns	876,60 **	1763,33 **	1455,26 **
	Tratamentos(T)	53	85,95 ns	65,52 ns	229,20 **	164,84 **
	Híbridos(H)	48	77,77 ns	62,20 ns	203,75 **	168,67 **
	Testemunhas(TE)	4	107,55 ns	71,03 ns	412,53 **	49,66 ns
	H vs TE	1	392,37 *	202,49 ns	717,43 **	442,14 **
	Erro	53	58,99	62,46	44,52	54,80
	Média		8.839	8.828	8.946	8.882
PG(x10) ⁴	Repetições(R)	1	5,38 ns	426,65 **	808,81 **	1122,20 **
	Tratamentos(T)	53	62,91 ns	52,13 ns	171,83 **	115,24 **
	Híbridos(H)	48	56,32 ns	52,92 ns	151,07 **	117,76 **
	Testemunhas(TE)	4	70,48 ns	22,59 ns	303,57 **	48,80 ns
	H vs TE	1	349,17 **	132,55 ns	641,14 **	260,06 *
	Erro	53	38,71	50,58	29,05	40,71
	Média		7.334	7.342	7.395	7.366
	C.V.%		8,48	9,72	7,28	8,66

C₁, C₂, C₃ e C₄: Conjuntos representativos dos cruzamentos S₁ x S₁, S₁ x S₂, S₂ x S₂ e S₂ x S₃, respectivamente.

ns, *, **: Teste de F não significativo, * significativo aos níveis de 5% e 1% de probabilidade, em sua ordem.

Tabela 12. Análise da variância de cinco caracteres de híbridos de linhagens em quatro níveis de endogamia, envolvendo todos os conjuntos dialélicos e testemunhas, segundo o delineamento de blocos casualizados com parcelas subdivididas. Estação Experimental Tropical Pichilingue do INIAP (Quevedo, Equador). 1988/89.

F.V.	G.L.	QUADRADOS MÉDIOS				
		FF	AP(x10)	AE(x10)	PT(x10)	PG(x10)
			-4	-4	4	4
Repetições(R)	1	1,22 ns	12033,33 ns	4338,34 ns	690,82 ns	379,66 ns
Conjuntos(C)	3	2,47 ns	1740,68 ns	884,50 ns	31,14 ns	8,16 ns
Erro A	3	18,19	1812,41	1311,82	1136,37	661,13
Tratamentos(T)	53	4,48 **	384,86 **	141,11 **	297,48 **	217,72 **
Híbridos(H)	48	2,43 **	377,99 **	137,06 **	258,40 **	190,71 **
Testemunhas(TE)	4	10,65 **	562,48 **	224,98 **	422,53 **	275,31 **
H vs TE	1	78,42 **	4,14 ns	0,11 ns	1673,20 **	1283,77 **
C x T	159	1,72 *	170,98 *	61,66 ns	82,67 **	61,47 **
C x H	144	1,76 *	178,19 *	65,12 ns	84,66 **	62,46 **
C x TE	12	1,52 ns	88,92 ns	33,89 ns	72,78 ns	5,72 ns
C x (H vs TE)	3	0,41 ns	153,04 ns	6,63 ns	26,60 ns	3,23 ns
Erro B	212	1,32	128,84	56,72	55,21	39,85
Média geral	53,52		2,48	1,21	8,874	7,359
Média híbridos	53,38		2,48	1,21	8,937	7,414
Média testemunhas	54,85		2,49	1,21	8,257	6,820
C.V. parcela %	1,08		2,33	4,08	5,17	4,75
C.V. subparcela %	2,15		4,57	6,23	8,37	8,58

ns, *, **: Teste de F não significativo, e significativo aos níveis de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 13. Análise de variância por conjunto dialélico (níveis de endogeneia) referente a cinco caracteres de híbridos de linhagens e testemunhas, segundo o delineamento de blocos casualizados. Programa Sul-americano de Milho do CIMMYT c/o CIAT (Cali, Colombia). 1988/89.

CARACTERES	F.V.	G.L.	QUADRADOS MEDIDOS			
			C 1	C 2	C 3	C 4
FF	Repetições(R)	2	19,56 **	7,22 **	56,06 **	0,04 ns
	Tratamentos(T)	53	3,34 **	2,87 **	3,57 **	2,93 **
	Híbridos(H)	48	2,45 **	2,75 **	3,42 **	1,66 *
	Testemunhas(TE)	4	5,33 **	3,90 *	3,07 ns	14,56 **
	H vs TE	1	38,10 **	4,40 ns	12,73 **	16,98 **
	Erro	106	1,21	1,13	1,37	1,05
	Média		59,48	59,09	59,72	59,25
-4 AP(x10)	C.V.%		1,85	1,80	1,96	1,73
	Repetições(R)	2	2463,50 **	644,50 **	7059,00 **	1612,00 *
	Tratamentos(T)	53	163,57 **	145,83 **	169,40 **	601,06 ns
	Híbridos(H)	48	163,67 **	142,29 **	176,30 **	628,85 ns
	Testemunhas(TE)	4	202,50 *	222,34 *	120,84 ns	412,50 ns
	H vs TE	1	3,00 ns	5,62 ns	32,12 ns	21,00 ns
	Erro	106	80,26	67,28	84,12	430,63
-4 AE(x10)	Média		2,33	2,38	2,34	2,39
	C.V.%		3,84	3,44	3,93	8,69
	Repetições(R)	2	915,38 *	72,25 ns	3773,25 **	815,38 *
	Tratamentos(T)	53	234,44 ns	214,92 **	238,10 **	346,74 *
	Híbridos(H)	48	239,24 ns	197,22 **	234,27 **	369,77 *
	Testemunhas(TE)	4	158,34 ns	479,17 **	256,67 ns	85,00 ns
	H vs TE	1	308,66 ns	7,08 ns	347,58 ns	288,00 ns
-4 PT(x10)	Erro	106	165,75	106,33	123,62	217,79
	Média		1,21	1,24	1,19	1,22
	C.V.%		10,67	8,29	9,31	12,08
	Repetições(R)	2	1205,50 **	1342,21 **	2234,16 **	1145,09 **
	Tratamentos(T)	53	181,94 **	153,55 **	253,41 **	383,24 **
	Híbridos(H)	48	146,94 **	127,85 *	233,17 **	334,19 **
	Testemunhas(TE)	4	284,56 **	310,33 **	274,89 ns	467,69 **
-4 PG(x10)	H vs TE	1	1451,18 **	760,08 **	1138,99 **	2399,64 **
	Erro	106	78,13	76,94	117,26	117,74
	Média		9.386	9.532	9.351	9.764
	C.V.%		9,41	9,20	11,57	11,11
	Repetições(R)	2	771,58 **	858,78 **	1429,86 **	733,18 **
	Tratamentos(T)	53	116,45 **	98,27 **	162,19 **	245,29 **
	Híbridos(H)	48	94,05 **	81,82 *	149,23 **	299,35 **
-4 PG(x10)	Testemunhas(TE)	4	182,10 **	198,62 **	176,00 ns	213,91 **
	H vs TE	1	929,09 **	486,43 **	728,99 **	1535,46 **
	Erro	106	50,00	49,25	75,05	75,35
	Média		7.509	7.626	7.481	7.812
	C.V.%		9,41	9,20	11,58	11,11

C₁, C₂, C₃ e C₄ : Conjuntos representativos dos cruzamentos S₁ x S₁, S₁ x S₂, S₂ x S₂ e S₂ x S₃, respectivamente.

ns, *, **: Teste de F não significativo, * significativo aos níveis de 5% e 1% de probabilidade, em sua ordem.

Tabela 14. Análise da variância de cinco caracteres de híbridos de linhagens em quatro níveis de endogamia, envolvendo todos os conjuntos dialélicos e testemunhas, segundo o delineamento de blocos casualizados com parcelas subdivididas. Programa Sul-americano de Milho do CIMMYT c/o CIAT (Cali, Colombia). 1988/89.

F.V.	G.L.	QUADRADOS MÉDIOS				
		FF	AP($\times 10$)	AE($\times 10$)	PT($\times 10$)	PG($\times 10$)
			-4	-4	4	4
<hr/>						
Repetições(R)	2	52,25 ns	7415,39 *	3440,08 *	4873,00 **	3117,94 **
Conjuntos(C)	3	12,15 ns	1904,58 ns	792,23 ns	758,59 ns	484,20 ns
Erro A	6	10,23	1082,01	566,42	195,78	125,43
<hr/>						
Tratamentos(T)	53	7,24 **	366,64 **	358,14 **	449,79 **	287,74 **
Híbridos(H)	48	4,91 **	350,02 **	341,39 **	280,38 **	179,39 **
Testemunhas(TE)	4	21,23 **	625,50 **	474,38 **	1170,94 **	748,62 **
H vs TE	1	63,02 **	21,09 ns	697,09 *	5697,00 **	3644,86 **
C x T	159	1,82 **	142,58 **	197,32 **	155,20 **	99,40 **
C x H	144	1,80 **	148,74 **	202,73 **	164,59 **	105,41 **
C x TE	12	1,88 ns	102,22 ns	168,26 ns	55,54 ns	35,63 ns
C x (H vs TE)	3	2,86 ns	8,02 ns	53,65 ns	103,36 ns	66,06 ns
Erro B	424	1,19	71,17	130,55	84,26	53,95
<hr/>						
Média geral		59,39	2,36	1,22	9,513	7,610
Média híbridos		59,29	2,36	1,22	9,524	7,695
Média testemunhas		60,36	2,37	1,25	8,595	6,877
C.V. parcela %		0,73	1,89	2,66	2,00	2,00
C.V. subparcela %		1,84	3,57	9,38	9,65	9,65

ns, *, **: Teste de F não significativo, e significativo aos níveis de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 15. Análise da variância por conjunto dialélico (níveis de endogamia) referente a cinco caracteres de híbridos de linhagens e testemunhas, segundo o delineamento de blocos casualizados. Estação Experimental do Instituto de Genética da ESALD/USP (Piracicaba, SP, Brasil). 1988/89.

CARACTERES	F.V.	G.L.	QUADRADOS MÉDIOS			
			C 1	C 2	C 3	C 4
FF	Repetições(R)	2	198,20 **	75,78 **	4,78 *	117,38 **
	Tratamentos(T)	53	8,01 **	5,09 **	7,79 **	8,25 **
	Híbridos(H)	48	7,61 **	4,06 **	7,28 **	7,78 **
	Testemunhas(TE)	4	9,43 *	9,07 **	7,43 **	9,07 **
	H vs TE	1	21,70 **	38,54 **	34,02 **	27,48 **
	Erro	106	2,73	2,02	1,34	2,26
	Média		60,65	60,07	60,10	60,78
AP(x10) ⁻⁴	C.V.%		2,72	2,36	1,92	2,48
	Repetições(R)	2	4910,25 **	2274,50 **	126,75 ns	2005,25 **
	Tratamentos(T)	53	220,04 **	210,32 **	258,29 **	448,79 **
	Híbridos(H)	48	201,64 **	204,58 **	255,94 **	477,66 **
	Testemunhas(TE)	4	471,08 **	210,44 *	328,67 *	191,78 ns
	H vs TE	1	99,18 ns	485,25 *	89,81 ns	91,38 ns
	Erro	106	101,92	77,77	112,38	92,59
AE(x10) ⁻⁴	Média		1,97	1,97	1,99	1,97
	C.V.%		5,12	4,47	5,34	4,89
	Repetições(R)	2	4571,81 **	1911,44 **	156,44 **	1856,19 **
	Tratamentos(T)	53	101,43 **	90,00 **	94,49 **	121,19 **
	Híbridos(H)	48	98,58 **	96,46 **	99,12 **	124,88 **
	Testemunhas(TE)	4	149,77 *	32,50 ns	56,57 ns	96,57 *
	H vs TE	1	44,80 ns	10,38 ns	23,84 ns	42,72 ns
PT(x10) ⁴	Erro	106	50,35	27,13	33,18	33,25
	Média		1,02	1,03	1,02	1,00
	C.V.%		6,95	5,05	5,66	5,79
	Repetições(R)	2	630,84 **	155,34 ns	784,74 **	2134,58 **
	Tratamentos(T)	53	206,68 **	269,65 **	244,48 **	292,43 **
	Híbridos(H)	48	189,69 *	248,03 **	251,03 **	301,27 **
	Testemunhas(TE)	4	349,88 *	546,12 **	226,95 ns	198,22 ns
PG(x10) ⁴	H vs TE	1	449,04 **	201,73 ns	0,63 ns	244,79
	Erro	106	103,16	121,53	94,49	112,42
	Média		7.560	7.556	7.380	7.176
	C.V.%		13,43	14,59	13,17	14,77
	Repetições(R)	2	526,95 **	45,70 ns	580,79 **	1234,64 **
	Tratamentos(T)	53	148,99 **	156,76 **	169,30 **	192,71 **
	Híbridos(H)	48	137,12 **	145,40 **	178,75 **	196,58 **
	Testemunhas(TE)	4	167,30 ns	262,15 **	93,36 ns	139,18 ns
	H vs TE	1	645,66 **	280,51 ns	19,30 ns	221,32 ns
	Erro	106	69,29	72,44	62,21	71,17
	Média		5.995	5.943	5.809	5.570
	C.V.%		13,88	14,32	13,57	15,14

C₁, C₂, C₃ e C₄: Conjuntos representativos dos cruzamentos S₁ x S₁, S₁ x S₂, S₂ x S₃ e S₃ x S₄, respectivamente.

ns, *, **: Teste de F não significativo, e significativo aos níveis de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 16. Análise da variância de cinco caracteres de híbridos de linhagens em quatro níveis de endogamia, envolvendo todos os conjuntos dialélicos e testemunhas. Estação Experimental do Instituto de Genética da ESALQ/USP (Piracicaba, SP, Brasil). 1988/89.

QUADRADOS MÉDIOS						
F.V.	G.L.	FF	$\bar{-4}$ AP(x10)	$\bar{-4}$ AE(x10)	$\bar{4}$ PT(x10)	$\bar{4}$ PG(x10)
<hr/>						
Repetições(R)	2	315,38 **	7196,13 *	6696,05 **	1484,72 ns	795,61 ns
Conjuntos(C)	3	21,84 ns	105,14 ns	358,88 ns	537,08 ns	580,60 ns
Erro A	6	26,95	873,67	599,95	739,94	514,09
<hr/>						
Tratamentos(T)	53	15,24 **	664,61 **	196,07 **	512,79 **	356,97 **
Híbridos(H)	48✓	11,61 **	648,84 **	197,27 **	485,37 **	346,82 **
Testemunhas(TE)	4	32,54 **	1009,52 **	202,29 **	800,42 **	332,35 **
H vs TE	1	120,29 **	42,02 ns	113,77 ns	678,81 **	942,87 **
C x T	159	4,64 **	157,63 **	70,35 **	166,72 **	103,65 **
C x H	144	5,04 **	163,66 **	73,92 **	168,00 **	103,76 **
C x TE	12	0,82 ns	64,14 ns	44,37 ns	173,96 ns	109,16 ns
C x (H vs TE)	3	0,46 ns	242,45 ns	2,65 ns	73,21 ns	75,89 ns
Erro B	424	2,09	35,98	35,98	107,90	68,80
<hr/>						
Média geral		60,40	1,97	1,02	7,409	5,820
Média híbridos		60,26	1,97	1,02	7,450	5,829
Média testemunhas		61,75	1,98	1,03	7,098	5,451
C.V. parcela %		1,17	2,04	3,28	5,00	5,30
C.V. subparcela %		2,39	4,96	5,90	14,02	14,25

ns, *, **: Teste de F não significativo, e significativo aos níveis de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 17. Análise da variância por conjunto dialélico (níveis de endogamia) do número de ramificações do pendão (NRP) e peso específico de grão (PE) de 100 gramas ao 15,5% de umidade de híbridos de linhagens e testemunhas. Estação Experimental do Instituto de Genética da ESALQ/USP. (Piracicaba, Brasil). 1988/89.

F.V.	G.L.	QUADRADOS MEDIOS	
		NR	PE (x10 ⁴)
Repetições(R)	2		
Conjuntos(C)	3	16,72 ns	20,46 *
Erro A	6	11,99	1,91
Trat/C1	53	24,24 **	20,46 **
Híbridos(H)	48	24,74 **	2,93 **
Testemunhas(TE)	4	10,93 *	2,90 **
H vs TE	1	53,56 **	9,49 **
Trat/C2	53	19,39 **	3,25 **
Híbridos(H)	48	20,82 **	3,10 **
Testemunhas(TE)	4	3,77 ns	1,57 ns
H vs TE	1	13,32 ns	16,51 **
Trat/C3	53	24,86 **	3,10 **
Híbridos(H)	48	26,70 **	2,94 **
Testemunhas(TE)	4	1,50 ns	1,76 *
H vs TE	1	30,21 **	16,92 **
Trat/C4	53	26,50 **	3,71 **
Híbridos(H)	48	28,70 **	3,68 **
Testemunhas(TE)	4	1,40 ns	2,43 *
H vs TE	1	21,05 *	8,75 **
Trat/C	212	23,75 **	3,28 **
Erro B	424	3,63	0,71
Média geral		20,22	0,276
Média Trat/C1		20,00 a	0,275 b
Média Trat/C2		20,64 a	0,277 ab
Média Trat/C3		20,31 a	0,281 a
Média Trat/C4		19,94 a	0,272 b
C.V. (A) %		2,33	0,680
C.V. (B) %		9,42	3,043

ns, *, **: Teste de F não significativo, e significativo aos níveis de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

a, b: Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente, entre si ao 5% de probabilidade pelo teste de Tukey.

Tabela 18. Análise da variância por conjunto dialélico (níveis de endogamia) referente a cinco caracteres de híbridos de linhagens e testemunhas segundo o delineamento de blocos casualizados. Estação Experimental Poza Rica do CIMMYT (Poza Rica, México). 1988/89.

CARACTERES	F.V.	G.L.	QUADRADOS MÉDIOS			
			C ₁	C ₂	C ₃	C ₄
FF	Repetições(R)	2	6,62 **	8,06 **	9,38 **	3,12 *
	Tratamentos(T)	53	5,32 **	4,27 **	4,79 **	6,78 **
	Híbridos(H)	48	5,29 **	4,17 **	4,66 **	6,62 **
	Testemunhas(TE)	4	4,07 **	4,73 **	5,73 **	4,27 **
	H x TE	1	12,05 **	7,44 **	7,57 **	24,30 **
	Erro	106	0,96	0,92	0,85	0,74
	Média		82,22	81,73	82,06	81,99
	C.V.%		1,19	1,17	1,12	1,05
AP(x10) ⁻⁴	Repetições(R)	2	239,75 **	1012,25 **	1319,00 **	1311,75 **
	Tratamentos(T)	53	97,82 **	118,08 **	260,99 **	232,32 **
	Híbridos(H)	48	98,57 **	105,04 **	250,84 **	228,55 **
	Testemunhas(TE)	4	102,57 *	303,60 **	404,10 **	211,57 **
	H vs TE	1	42,97 ns	21,09 ns	175,34 *	496,47 **
	Erro	106	38,46	43,78	42,70	49,75
	Média		1,57	1,57	1,57	1,58
	C.V.%		3,94	4,22	4,17	4,47
AE(x10) ⁻⁴	Repetições(R)	2	384,41 **	196,78 **	954,44 **	536,66 **
	Tratamentos(T)	53	46,00 **	74,13 **	139,18 **	102,19 **
	Híbridos(H)	48	47,66 **	69,82 **	144,50 **	107,26 **
	Testemunhas(TE)	4	27,50 ns	139,77 **	108,10 **	66,07 *
	H vs TE	1	40,25 ns	18,37 ns	8,23 ns	3,60 ns
	Erro	106	18,03	35,68	21,94	23,94
	Média		0,78	0,78	0,74	0,75
	C.V.%		5,47	7,68	6,29	6,51
PT(x10) ⁴	Repetições(R)	2	374,27 **	1976,29 **	1798,35 **	3223,79 **
	Tratamentos(T)	53	104,01 **	142,34 **	129,26 **	132,30 **
	Híbridos(H)	48	108,62 **	126,22 **	141,20 **	108,31 *
	Testemunhas(T)	4	53,28 ns	262,32 **	273,48 **	199,24 *
	H vs TE	1	85,45 ns	436,35 *	275,58 *	1016,09 **
	Erro	106	43,74	68,37	46,39	59,75
	Média		6.664	6.731	6.637	6.746
	C.V.%		9,92	12,28	10,26	11,45
PB(x10) ⁴	Repetições(R)	2	239,56 **	1264,90 **	1150,90 **	2069,56 **
	Tratamentos(T)	53	66,57 **	91,10 **	82,73 **	84,67 **
	Híbridos(H)	48	69,52 **	80,78 **	73,08 **	69,32 *
	Testemunhas(TE)	4	34,10 ns	167,88 **	175,03 **	127,52 *
	H vs TE	1	54,76 ns	279,15 *	176,43 *	650,36 **
	Erro	106	27,99	43,76	29,60	38,24
	Média		5.331	5.384	5.309	5.396
	C.V.%		9,92	12,28	10,26	11,45

C₁, C₂, C₃ e C₄ : Conjuntos representativos dos cruzamentos S₁ x S₁, S₁ x S₂, S₂ x S₂ e S₂ x S₃, respectivamente.

ns, *, **: Teste de F não significativo, * significativo aos níveis de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 19. Análise da variância de cinco caracteres de híbridos de linhagens em quatro níveis de endogamia, envolvendo todos os conjuntos dialélicos e testemunhas, segundo o delineamento de blocos casualizados com parcelas subdivididas. Estação Experimental Poza Rica do CIMMYT (Poza Rica, México). 1988/89.

F.V.	G.L.	QUADRADOS MÉDIOS				
		FF	AP($\times 10^{-4}$)	AE($\times 10^{-4}$)	PT($\times 10^{-4}$)	PG($\times 10^{-4}$)
<hr/>						
Repetições(R)	2	4,24 ns	2291,56 ns	1105,50 ns	5887,07 **	3765,14 **
Conjuntos(C)	3	6,50 ns	35,48 ns	443,87 ns	44,59 ns	28,35 ns
Erro A	6	7,66	530,48	322,27	497,97	319,17
<hr/>						
Tratamentos(T)	53	13,37 **	386,04 **	177,50 **	281,50 **	179,95 **
Híbridos(H)	48	12,43 **	353,40 **	179,35 **	237,98 **	152,06 **
Testemunhas(TE)	4	16,02 **	770,88 **	199,11 **	487,02 **	312,29 **
H vs TE	1	47,77 **	413,26 **	2,29 ns	1548,82 **	989,34 **
C x T	159	2,60 **	107,72 **	61,33 **	75,54 **	48,32 **
C x H	144	2,77 **	109,87 **	63,29 **	73,20 **	46,83 **
C x TE	12	0,93 ns	83,65 *	47,44 *	100,15 *	63,99 *
C x (H vs TE)	3	1,09 ns	101,18 ns	22,75 ns	89,49 ns	57,19 ns
Erro B	424	0,87	43,67	24,90	54,54	34,92
<hr/>						
Média geral	82,00	1,57	0,76	0,76	6,700	5,362
Média híbridos	81,91	1,57	0,76	0,76	6,743	5,395
Média testemunhas	82,85	1,95	0,76	0,76	6,210	4,968
C.V. parcela %	0,46	1,99	3,20	4,53	4,53	4,53
C.V. subparcela %	1,14	4,20	6,54	11,02	11,02	11,02

ns, *, **: Teste de F não significativo, e significativo aos níveis de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 20. Análise de variância por conjunto dialélico (níveis de endogamia) referente a cinco caracteres de híbridos de linhagens e testemunhas, segundo o delineamento de blocos casualizados. Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo da EMBRAPA (Sete Lagoas) MG, Brasil). 1988/89.

CARAC- TERES	F.V.	G.L.	QUADRADOS MÉDIOS			
			C 1	C 2	C 3	C 4
FF	Repetições(R)	2	37,50 **	55,25 **	61,66 **	40,09 **
	Tratamentos(T)	53	13,74 **	9,56 **	11,98 **	16,63 **
	Híbridos(H)	48	3,04 **	8,15 *	11,90 **	16,03 **
	Testemunhas(TE)	4	25,50 **	24,57 **	14,57 **	15,90 **
	H vs TE	1	0,18 ns	16,85 ns	5,73 ns	48,08 **
	Erro	106	4,30	4,58	3,44	3,37
	Média		71,42	70,39	70,81	70,23
AP(x10) -4	C.V.%		2,90	3,04	2,62	2,61
	Repetições(R)	2	2800,75 **	299,50 **	14399,25 **	46,50 ns
	Tratamentos(T)	53	243,01 **	392,16 **	252,49 ns	441,19 **
	Híbridos(H)	48	210,41 *	297,78 *	224,16 *	476,75 **
	Testemunhas(TE)	4	676,67 **	1616,67 **	505,82 *	90,00 ns
	H vs TE	1	73,31 ns	24,31 ns	599,18 ns	139,00 ns
	Erro	106	122,48	191,54	165,13	163,30
AE(x10) -4	Média		2,13	2,12	2,20	2,16
	C.V.%		5,18	6,52	5,83	5,91
	Repetições(R)	2	3898,38 **	533,88 ns	13194,63 **	127,00 ns
	Tratamentos(T)	53	214,59 ns	373,08 *	369,24 **	444,22 *
	Híbridos(H)	48	198,25 ns	319,45 ns	333,76 **	443,49 *
	Testemunhas(TE)	4	398,33 ns	1064,17 **	758,33 **	310,83 ns
	H vs TE	1	263,80 ns	183,08 ns	515,92 ns	1012,80 *
PT(x10) 4	Erro	106	179,59	210,48	180,13	250,43
	Média		1,15	1,15	1,18	1,13
	C.V.%		11,62	12,58	11,40	14,02
	Repetições(R)	2	271,56 ns	257,84 ns	325,73 *	392,60 *
	Tratamentos(T)	53	234,50 **	291,90 **	382,08 **	304,54 **
	Híbridos(H)	48	201,29 **	244,04 **	349,04 **	289,15 **
	Testemunhas(TE)	4	691,37 **	918,40 **	838,97 **	521,43 **
PB(x10) 4	H vs TE	1	1,18 ns	83,26 ns	140,06 ns	175,87 ns
	Erro	106	100,63	106,28	90,85	103,50
	Média		10.300	10.618	10.860	10.913
	C.V.%		9,74	9,71	8,78	9,32
	Repetições(R)	2	172,70 ns	161,13 ns	189,90 *	258,97 *
	Tratamentos(T)	53	150,25 **	187,34 **	245,87 **	196,25 **
	Híbridos(H)	48	128,94 **	156,70 **	224,93 **	186,53 **
PB(x10) 4	Testemunhas(TE)	4	443,35 **	588,32 **	537,08 **	334,14 **
	H vs TE	1	0,37 ns	54,55 ns	86,06 ns	111,15 ns
	Erro	106	64,35	68,14	57,08	66,55
	Média		8.243	8.497	8.685	8.730
	C.V.%		9,70	9,71	8,70	9,34

C₁, C₂, C₃ e C₄ : Conjuntos representativos dos cruzamentos S₁ x S₁, S₁ x S₂, S₂ x S₂ e S₂ x S₃,
respectivamente.

ns, *, **: Teste de F não significativo, * significativo aos níveis de 5% e 1% de probabilidade.
em sua ordem.

Tabela 21. Análise da variância de cinco caracteres de híbridos de linhagens em quatro níveis de endogamia, envolvendo todos os conjuntos dialélicos e testemunhas, segundo o delineamento de blocos casualizados com parcelas subdivididas. Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo da EMBRAPA (Sete Lagoas, MG, Brasil). 1988/89.

F.V.	G.L.	QUADRADOS MÉDIOS				
		FF	AP(x10) -4	AE(x10) -4	PT(x10) 4	PG(x10) 4
<hr/>						
Repetições(R)	2	165,31 **	7998,03 ns	9832,21 ns	550,09 ns	347,37 ns
Conjuntos(C)	3	46,29 *	2116,91 ns	650,35 ns	1269,04 *	795,07 *
Erro A	6	9,73	3182,50	2641,16	232,40	145,11
<hr/>						
Tratamentos(T)	53	29,58 **	618,93 **	541,50 **	593,23 **	381,58 **
Híbridos(H)	48	26,09 **	518,87 **	408,26 **	426,58 **	275,06 **
Testemunhas(TE)	4	68,22 **	1907,29 **	1831,67 **	2647,82 **	1712,72 **
H vs TE	1	42,71 **	268,18 ns	1776,72 **	274,21 ns	174,99 **
C x T	159	7,44 **	236,70 **	286,54 **	206,59 **	132,67 **
C x H	144	9,39 **	230,10 **	295,56 **	218,98 **	140,67 **
C x TE	12	7,68 ns	327,29 *	233,33 ns	99,11 ns	63,39 ns
C x (H vs TE)	3	4,10 ns	190,83 ns	66,19 ns	41,89 ns	25,87 ns
Erro B	424	3,92	160,60	205,16	100,32	64,03
<hr/>						
Média geral		70,71	2,15	1,15	10,673	8,538
Média híbridos		70,63	2,15	1,15	10,694	8,555
Média testemunhas		71,51	2,18	1,20	10,469	8,376
C.V. parcela %		0,60	3,56	6,06	1,94	1,92
C.V. subparcela %		2,80	5,88	12,42	9,38	9,37

ns, *, **: Teste de F não significativo, e significativo aos níveis de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 22. Análise da variância conjunta de cinco caracteres de híbridos de linhagens em quatro conjuntos dialélicos (níveis de endogamia) e testemunhas, segundo o delineamento de blocos casualizados com parcelas subdivididas, avaliados em cinco localidades latinoamericanas. 1988/89.

F.V.	G.L.	QUADRADOS MÉDIOS				
		FF	⁻⁴ AP(x10)	⁻⁴ AE(x10)	⁴ PT(x10)	⁴ PG(x10)
Locais(L)	4	74055,75 **	752724,04 **	225157,92 **	165371,28 **	111163,32 **
Repetições(R)	9	119,51 **	6870,62 **	5165,12 **	2920,06 **	1825,76 **
Conjuntos(C)	3	64,83 **	1315,30 ns	968,51 ns	368,13 ns	160,27 ns
L x C	12	12,86 ns	1146,87 ns	540,83 ns	568,08 ns	434,03 ns
Erro A	27	14,15	1461,08	1063,50	496,50	318,75
Tratamentos(T)	53	49,06 **	1807,35 **	780,68 **	1195,08 **	379,55 **
Híbridos(H)	48	37,25 **	1636,35 **	688,22 **	1006,86 **	673,78 **
Testemunhas(TE)	4	119,13 **	4307,04 **	1759,66 **	1801,36 **	1049,90 **
H vs TE	1	335,76 **	16,53 ns	1302,89 **	7804,70 **	5835,06 **
C x T	159	8,91 **	379,27 **	271,23 **	244,58 **	154,42 **
L x T	212	5,22 **	153,43 **	158,41 **	234,93 **	156,13 **
L x C x T	636	2,33 **	109,08 *	101,49 *	110,53 **	72,78 **
Resíduo B	1908	1,94	96,89	94,43	83,25	53,69
Média geral		66,04	2,08	1,06	8,616	6,908
Média híbridos		65,93	2,08	1,06	8,668	6,952
Média testemunhas		67,08	2,09	1,08	8,113	5,473
C.V. (A) %		0,78	2,50	4,18	3,52	3,52
C.V. (B) %		2,11	4,72	9,15	10,59	10,61

ns, *, **, Teste de F não significativo, e significativo aos níveis de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 23. Médias de híbridos (valores superiores) e das testemunhas (valores inferiores) por localidade e conjunto referente a cinco caracteres.
1988/89.

LOCALIDADE	F F				A P				A E				P T				P G			
	C1	C2	C3	C4	C1	C2	C3	C4	C1	C2	C3	C4	C1	C2	C3	C4	C1	C2	C3	C4
1	53,90	52,62	53,50	53,50	2,42	2,52	2,50	2,49	1,17	1,23	1,23	1,20	8,900	8,872	9,029	8,947	7,391	7,378	7,473	7,416
	55,10	54,30	55,10	54,90	2,48	2,52	2,50	2,45	1,17	1,24	1,23	1,19	8,243	8,400	8,140	8,249	6,771	6,996	6,632	6,891
2	59,33	59,03	59,63	59,15	2,33	2,38	2,33	2,40	1,20	1,24	1,19	1,22	9,482	9,601	9,436	9,956	7,586	7,682	7,550	7,965
	61,00	59,60	60,60	60,27	2,34	2,39	2,35	2,40	1,25	1,25	1,24	1,26	8,449	8,854	8,522	8,559	6,760	7,084	6,818	6,849
3	60,54	59,92	59,95	60,65	1,97	1,96	1,99	1,97	1,02	1,03	1,02	0,99	7,613	7,591	7,382	7,214	6,059	5,984	5,820	5,607
	61,80	61,60	61,53	62,07	2,00	2,02	1,96	1,94	1,04	1,04	1,03	1,01	7,038	7,208	7,356	6,791	5,370	5,531	5,702	5,204
4	82,13	81,67	81,99	81,86	1,58	1,57	1,57	1,58	0,78	0,78	0,74	0,75	6,687	6,783	6,679	6,826	5,350	5,427	5,343	5,461
	83,07	82,40	82,73	83,20	1,56	1,57	1,54	1,52	0,76	0,79	0,74	0,76	6,436	6,217	6,229	5,962	5,149	4,974	4,983	4,770
5	71,44	70,28	70,75	70,05	2,14	2,12	2,20	2,16	1,15	1,15	1,17	1,12	10,298	10,642	10,890	10,947	8,241	8,515	8,708	8,757
	71,33	71,40	71,40	71,93	2,11	2,13	2,26	2,19	1,19	1,19	1,23	1,21	10,327	10,395	10,570	10,588	8,262	8,314	8,456	8,471
CONJUNTA	65,47	64,69	65,16	65,04	2,09	2,11	2,12	2,12	1,06	1,09	1,07	1,06	8,596	8,698	8,683	8,778	6,925	6,997	6,979	7,041
	66,45	65,86	66,27	66,47	2,10	2,13	2,12	2,10	1,08	1,10	1,09	1,09	8,099	8,215	8,163	8,030	6,462	6,590	6,518	6,435

C1, C2, C3 e C4: Conjuntos representativos dos cruzamentos S1 x S1, S2 x S2, S3 x S3 e S4 x S4, respectivamente.

Localidades: 1. INIAP/Ecuador; 2. CIAT/Colômbia; 3. ESALQ/Brasil; 4. CIMMYT/México e 5. EMBRAPA/Brasil.

Tabela 24. Médias por conjunto dialélico (níveis de endogamia), agrupando conjuntos em cada local e de cada conjunto envolvendo todos os locais referente a seis caracteres de híbridos de linhagens e testemunhas. 1988/89.

LOCAL	N	C	FF	C	AP	C	AE	C	PT	C	PG	C	EP
1. INIAP/Equador	108	1	54,01 a	1	2,43 a	1	1,17 a	1	8.840 a	1	7.334 a	1	9,71 a
	108	2	52,78 a	2	2,52 a	2	1,23 a	2	8.829 a	2	7.343 a	2	10,46 a
	108	3	53,64 a	3	2,50 a	3	1,23 a	3	8.947 a	3	7.395 a	3	12,47 a
	108	4	53,63 a	4	2,49 a	4	1,20 a	4	8.882 a	4	7.367 a	4	11,51 a
	Média	432	53,52		2,48		1,21		8.874		7.360		11,04
2. CIAT/Colômbia	162	1	59,48 a	1	2,33 a	1	1,21 a	1	9.375 a	1	7.500 a	1	7,31 a
	162	2	59,08 a	2	2,38 a	2	1,24 a	2	9.520 a	2	7.616 a	2	7,22 a
	162	3	59,72 a	3	2,33 a	3	1,19 a	3	9.340 a	3	7.473 a	3	9,26 a
	162	4	59,27 a	4	2,40 a	4	1,23 a	4	9.815 a	4	7.852 a	4	7,92 a
	Média	648	59,39		2,35		1,22		9.513		7.610		7,93
3. ESALQ/Brasil	162	1	60,55 a	1	1,97 a	1	1,02 a	1	7.550 a	1	5.987 a	1	7,23 a
	162	2	60,07 a	2	1,97 a	2	1,03 a	2	7.547 a	2	5.933 a	2	6,96 a
	162	3	60,10 a	3	1,98 a	3	1,02 a	3	7.371 a	3	5.800 a	3	8,72 a
	162	4	60,78 a	4	1,97 a	4	1,00 a	4	7.166 a	4	5.562 a	4	9,71 a
	Média	648	60,40		1,97		1,02		7.408		5.820		7,88
4. CIMMYT/México	162	1	82,22 a	1	1,57 a	1	0,78 a	1	6.669 a	1	5.337 a	1	0,03 a
	162	2	81,73 a	2	1,57 a	2	0,78 a	2	6.737 a	2	5.391 a	2	0,17 a
	162	3	82,06 a	3	1,57 a	3	0,74 a	3	6.644 a	3	5.316 a	3	0,29 a
	162	4	81,99 a	4	1,58 a	4	0,75 a	4	6.752 a	4	5.403 a	4	0,14 a
	Média	648	82,00		1,57		0,76		6.700		5.362		0,16
5. EMBRAPA/Brasil	162	1	71,43 a	1	2,13 a	1	1,15 a	1	10.300 a	1	8.243 a	1	0,89 a
	162	2	70,39 a	2	2,12 a	2	1,15 a	2	10.619 a	2	8.497 a	2	1,24 a
	162	3	70,81 a	3	2,20 a	3	1,18 a	3	10.860 ab	3	8.685 ab	3	1,43 a
	162	4	70,23 a	4	2,16 a	4	1,13 a	4	10.914 b	4	8.730 b	4	1,44 a
	Média	648	70,71		2,15		1,15		10.673		8.539		1,25
Médias													
Conjunto 1	756		66,38		2,06		1,05		8.526		6.848		4,70
Conjunto 2	756		65,67		2,08		1,08		8.637		6.928		4,83
Conjunto 3	756		66,10		2,09		1,06		8.610		6.901		5,99
Conjunto 4	756		66,00		2,09		1,05		8.694		6.955		5,55

N: Número de dados; C: Conjuntos representativo dos cruzamentos, $1 = S \times S$, $2 = S \times S$, $3 = S \times S$ e $4 = S \times S$, respectivamente.

FF, AP, AE, PT, PG e EP: Caracteres do estudo (Vide item 2.2.).

a,b: Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente entre si ao 5% de probabilidade pelo o teste de Tukey.

Tabela 25. Percentagem de acamamento de raiz (AR), acamamento de colmo (AC) e de espigas podres (EP) de híbridos (valores superiores) e das testemunhas (valores inferiores) em quatro conjuntos e cinco localidades. 1988/89.

LOCALIDADE	AR				AC				EP			
	C		C		C		C		C		C	
	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
1									9,42 12,13	10,15 10,21	12,39 13,56	10,91 17,14
2	7,02 10,48	7,20 7,35	9,10 10,69	8,10 7,67	0,28 0,91	0,06 0,92	0,16 0,31	0,56 0,00	1,89 3,05	2,11 3,06	1,80 1,54	2,02 1,84
3									6,40 11,33	6,36 7,52	7,36 11,54	8,05 9,76
4	0,03 0,00	0,18 0,00	0,31 0,00	0,14 0,00	4,38 5,40	4,83 4,44	4,77 7,00	4,05 5,79	4,28 2,87	4,35 6,07	3,08 4,76	3,67 4,82
5	0,80 1,60	1,18 1,84	1,40 1,55	1,33 2,38	6,11 3,60	6,33 7,81	5,96 8,38	6,65 6,48	4,69 5,78	4,99 5,85	2,55 3,35	4,17 4,79

C, C, C e C: Conjuntos representativos dos cruzamentos S x S, S x S, S x S e S x S, respectivamente.

Localidades: 1. INIAP/Equador; 2. CIAT/Colômbia; 3. ESALQ/Brasil; 4. CIMMYT/México; 5. EMBRAPA/Brasil.

Tabela 26. Identificação dos dez híbridos superiores (MS^{1/}) em cada conjunto e em cada local em função da produção de grãos (PG) em kg/ha e respectivas percentagens em relação à média das testemunhas (ZT). 1968/69.

CONJUNTO	LOCAL 1			LOCAL 2			LOCAL 3			LOCAL 4			LOCAL 5		
	MS	PG	ZT ^{2/}	MS	PG	ZT	MS	PG	ZT	MS	PG	ZT	MS	PG	ZT
C ₁	3 x 5 ¹	8.429	124,5	3 x 7 ¹	8.755	129,7	2 x 6 ¹	7.564	141,1	3 x 3 ¹	6.289	122,0	7 x 7 ¹	9.606	116,3
	7 x 6 ¹	8.356	122,8	5 x 6 ¹	8.509	126,0	5 x 6 ¹	7.465	139,6	5 x 2 ¹	6.284	121,9	3 x 2 ¹	9.352	113,2
	1 x 6 ¹	8.347	123,3	7 x 7 ¹	8.222	123,3	3 x 6 ¹	7.163	132,6	7 x 2 ¹	6.252	121,3	1 x 5 ¹	9.336	113,0
	3 x 1 ¹	8.265	122,4	6 x 6 ¹	8.316	123,2	7 x 3 ¹	7.057	132,2	3 x 7 ¹	6.163	119,6	7 x 6 ¹	9.208	111,4
	4 x 6 ¹	8.253	121,9	1 x 1 ¹	8.270	122,5	7 x 4 ¹	7.010	130,8	7 x 3 ¹	6.082	118,0	6 x 6 ¹	9.018	109,2
	5 x 6 ¹	8.201	121,1	6 x 5 ¹	8.268	122,5	7 x 4 ¹	6.946	129,6	7 x 5 ¹	6.052	117,4	3 x 7 ¹	8.896	107,7
	6 x 3 ¹	8.043	115,8	5 x 7 ¹	8.261	122,4	5 x 5 ¹	6.728	125,5	3 x 6 ¹	5.930	115,0	6 x 3 ¹	8.880	107,5
	7 x 7 ¹	7.948	117,4	7 x 1 ¹	8.235	122,0	3 x 1 ¹	6.727	121,5	3 x 5 ¹	5.852	113,5	6 x 7 ¹	8.839	107,0
	2 x 7 ¹	7.893	116,6	3 x 3 ¹	8.227	121,9	2 x 3 ¹	6.648	124,7	5 x 7 ¹	5.824	113,0	7 x 5 ¹	8.835	106,9
	2 x 6 ¹	7.882	116,4	5 x 3 ¹	8.220	121,8	3 x 3 ¹	6.683	124,7	2 x 5 ¹	5.763	111,8	5 x 5 ¹	8.813	106,7
	3/														
	Média	7.391	109,2		7.586	112,4		6.059	113,1		5.350	103,8		8.241	99,7
	Amplitude	8.429	124,5		8.755	129,7		7.564	141,1		6.289	122,0		9.606	116,3
	de variação	6.158	90,9		6.578	94,4		4.568	85,2		4.365	84,7		6.460	78,2
	Testemunhas	6.771	100,0		6.750	100,0		5.359	100,0		5.155	100,0		8.262	100,0
C ₂	6 x 2 ¹	8.788	125,6	6 x 3 ¹	9.047	127,9	2 x 6 ¹	7.485	135,5	6 x 2 ¹	6.888	138,3	3 x 3 ¹	9.948	119,6
	1 x 6 ¹	8.748	125,0	6 x 6 ¹	8.924	126,2	6 x 3 ¹	7.354	133,1	6 x 7 ¹	6.644	133,4	6 x 4 ¹	9.924	119,4
	3 x 6 ¹	8.269	118,2	6 x 1 ¹	8.445	119,4	7 x 3 ¹	7.174	129,8	7 x 5 ¹	6.347	127,4	3 x 1 ¹	9.606	115,5
	4 x 3 ¹	8.029	114,8	7 x 1 ¹	8.381	118,5	6 x 6 ¹	6.957	125,9	6 x 1 ¹	6.170	123,9	3 x 2 ¹	9.580	115,2
	6 x 1 ¹	7.984	114,1	5 x 3 ¹	8.349	118,0	6 x 1 ¹	6.956	125,9	7 x 3 ¹	6.080	122,1	1 x 2 ¹	9.407	113,1
	3 x 1 ¹	7.931	113,4	6 x 5 ¹	8.245	116,6	6 x 5 ¹	6.956	125,9	6 x 5 ¹	6.054	121,6	3 x 4 ¹	9.344	112,4
	6 x 6 ¹	7.928	113,3	7 x 3 ¹	8.169	115,5	6 x 7 ¹	6.812	123,3	3 x 2 ¹	5.938	119,2	6 x 3 ¹	9.238	111,1
	7 x 3 ¹	7.910	113,1	3 x 2 ¹	8.129	114,9	7 x 6 ¹	6.753	122,2	3 x 7 ¹	5.753	115,5	3 x 5 ¹	9.161	110,2
	2 x 6 ¹	7.903	113,0	2 x 5 ¹	8.091	114,4	3 x 1 ¹	6.657	120,5	4 x 2 ¹	5.737	115,2	6 x 1 ¹	9.149	110,0
	7 x 4 ¹	7.734	110,5	1 x 5 ¹	8.086	114,3	3 x 6 ¹	6.612	119,7	3 x 1 ¹	5.726	115,0	5 x 3 ¹	9.112	109,6
	3/														
	Média	7.378	105,5		7.682	108,6		5.984	108,6		5.427	109,0		8.515	102,4
	Amplitude	8.788	125,6		9.047	127,9		7.485	135,5		6.888	138,3		9.948	119,6
	de variação	6.031	86,5		6.546	92,5		4.654	84,2		4.553	91,4		7.017	84,4
	Testemunhas	6.996	100,0		7.074	100,0		5.525	100,0		4.980	100,0		8.315	100,0
C ₃	3 x 3 ¹	9.134	137,7	6 x 1 ¹	9.299	136,6	3 x 6 ¹	7.123	125,1	6 x 2 ¹	6.511	120,5	3 x 2 ¹	10.467	123,8
	3 x 2 ¹	9.110	137,3	1 x 1 ¹	9.063	133,1	7 x 6 ¹	7.098	124,7	3 x 2 ¹	6.302	126,3	7 x 2 ¹	10.062	119,0
	3 x 6 ¹	8.850	133,4	3 x 1 ¹	9.028	132,6	2 x 6 ¹	7.012	125,1	3 x 7 ¹	6.130	122,9	7 x 4 ¹	9.977	118,0
	6 x 2 ¹	8.776	132,3	6 x 2 ¹	8.663	127,2	3 x 2 ¹	6.932	121,7	6 x 6 ¹	6.024	120,7	3 x 4 ¹	9.916	117,3
	1 x 5 ¹	8.725	131,5	7 x 7 ¹	8.604	126,4	3 x 3 ¹	6.826	119,9	6 x 5 ¹	6.003	120,3	3 x 1 ¹	9.745	115,2
	7 x 6 ¹	8.716	131,4	1 x 6 ¹	8.351	122,6	6 x 1 ¹	6.809	119,6	7 x 7 ¹	5.949	119,2	1 x 2 ¹	9.674	114,4
	1 x 1 ¹	8.590	129,5	7 x 1 ¹	8.293	121,8	1 x 6 ¹	6.775	119,0	3 x 3 ¹	5.919	118,6	6 x 1 ¹	9.583	113,3
	3 x 1 ¹	8.516	128,4	3 x 3 ¹	8.278	121,6	6 x 2 ¹	6.752	118,6	7 x 2 ¹	5.918	118,5	2 x 5 ¹	9.559	113,0
	2 x 2 ¹	8.493	128,0	3 x 2 ¹	8.096	118,9	6 x 6 ¹	6.744	118,4	3 x 4 ¹	5.913	118,5	7 x 1 ¹	9.518	112,6
	3 x 7 ¹	8.474	127,8	4 x 2 ¹	8.090	118,8	3 x 1 ¹	6.473	113,7	7 x 6 ¹	5.850	118,1	6 x 2 ¹	9.463	111,9
	3/														
	Média	7.473	112,7		7.550	110,9		5.820	102,2		5.343	107,3		8.708	103,0
	Amplitude	9.134	137,7		9.299	136,6		7.123	125,1		6.511	120,5		10.467	123,8
	de variação	5.708	86,0		6.082	89,3		4.233	74,3		4.240	85,0		6.635	78,5
	Testemunhas	6.633	100,0		6.809	100,0		5.694	100,0		4.989	100,0		8.456	100,0
C ₄	3 x 2 ¹	8.983	130,5	1 x 1 ¹	9.887	144,6	6 x 2 ¹	7.762	149,4	3 x 6 ¹	6.743	141,2	3 x 4 ¹	10.805	127,6
	4 x 7 ¹	8.549	124,2	2 x 2 ¹	9.746	142,5	3 x 1 ¹	7.147	137,6	3 x 5 ¹	6.730	140,5	3 x 2 ¹	10.378	122,5
	1 x 1 ¹	8.390	121,9	3 x 2 ¹	9.552	139,7	6 x 1 ¹	6.914	133,1	7 x 7 ¹	6.456	136,0	2 x 6 ¹	9.858	116,1
	1 x 5 ¹	8.352	121,4	3 x 1 ¹	9.072	132,7	7 x 6 ¹	6.859	132,1	7 x 3 ¹	6.125	128,2	5 x 2 ¹	9.827	116,0
	1 x 2 ¹	8.222	119,5	3 x 5 ¹	8.973	131,2	1 x 2 ¹	6.850	131,9	6 x 6 ¹	6.081	127,3	2 x 1 ¹	9.811	115,8
	2 x 2 ¹	8.162	118,6	5 x 1 ¹	8.652	129,4	3 x 5 ¹	6.698	129,0	6 x 7 ¹	5.915	125,8	3 x 1 ¹	9.807	115,8
	3 x 6 ¹	8.161	118,6	7 x 3 ¹	8.643	129,3	6 x 5 ¹	6.669	128,4	7 x 6 ¹	5.811	121,7	1 x 1 ¹	9.770	115,3
	6 x 3 ¹	8.103	117,8	6 x 1 ¹	8.807	128,8	6 x 6 ¹	6.534	125,8	3 x 1 ¹	5.804	121,5	3 x 6 ¹	9.608	113,4
	2 x 5 ¹	8.096	117,7	2 x 1 ¹	8.765	128,2	3 x 5 ¹	6.474	124,6	7 x 2 ¹	5.795	121,3	3 x 5 ¹	9.516	112,3
	2 x 7 ¹	8.078	117,4	4 x 5 ¹	8.703	127,3	3 x 4 ¹	6.234	120,0	6 x 5 ¹	5.790	121,2	5 x 6 ¹	9.355	110,4
	2/														
	Média	7.416	107,8		7.965	116,5		5.607	108,0		5.461	114,3		8.757	103,4
	Amplitude	8.983	130,5		9.887	144,6		7.762	149,4		6.743	141,2		10.805	127,6
	de variação	5.365	78,0		6.235	91,2		4.023	77,4		4.572	95,7		7.002	82,6
	Testemunhas	6.881	100,0		6.838	100,0		5.194	100,0		4.776	100,0		8.471	100,0

1/ Híbridos simples entre linhagens das populações Poza Rica 8024 e Pichilangué 7928.

2/ Percentagem em relação à média geral das testemunhas.

3/ Referência ao total de 49 híbridos em cada conjunto dialélico.

C₁, C₂, C₃ e C₄: Conjuntos representativos dos cruzamentos S x S, S x S, S x S, S x S e S x S, respectivamente.

1 2 3 4 1 1 1 2 2 3 3 4 4
Localidades: 1. INIAP/Equador; 2. CIAT/Colômbia; 3. ESALD/Brasil; 4. CIMMYT/México e 5. EMERAPA/Brasil.

Tabela 27. Comportamento de cinco testemunhas em função da produção de grãos (PG) em kg/ha e respectivos percentagens em relação à média do híbrido Cargill 511, para cada conjunto e cada local. 1988/89.

CONJUNTOS	TESTEMUNHAS	LOCAL 1		LOCAL 2		LOCAL 3		LOCAL 4		LOCAL 5	
		PG	$\frac{1}{\%T}$	PG	$\frac{1}{\%T}$	PG	$\frac{1}{\%T}$	PG	$\frac{1}{\%T}$	PG	$\frac{1}{\%T}$
C 1	Poza Rica 8024	5.887	87,1	7.039	122,9	5.417	87,3	5.564	103,9	6.799	68,5
	Pichilingue 7928	6.590	97,5	6.348	110,9	4.161	67,1	4.681	87,4	7.393	74,5
	P.R. 8024 x Pich. 7928	7.400	109,5	7.810	136,4	5.608	90,4	5.170	96,6	8.719	87,9
	INIAP H 550	7.219	106,8	6.826	119,2	5.405	87,1	5.006	93,5	8.473	85,4
	Cargill 511	6.758	100,0	5.726	100,0	6.203	100,0	5.354	100,0	9.924	100,0
	Média	6.771		6.750		5.359		5.155		8.262	
C 2	Poza Rica 8024	6.728	90,8	7.406	130,2	4.955	77,6	4.948	82,1	6.937	66,4
	Pichilingue 7928	6.636	89,5	7.072	124,4	4.450	69,7	4.479	74,3	7.227	69,1
	P.R. 8024 x Pich. 7928	6.936	93,6	7.775	136,7	5.225	81,8	5.341	88,6	8.738	83,6
	INIAP H 550	7.268	98,1	7.429	130,6	6.609	103,5	4.106	68,1	8.218	78,6
	Cargill 511	7.412	100,0	5.687	100,0	6.385	100,0	6.025	100,0	10.453	100,0
	Média	6.996		7.074		5.525		4.980		8.315	
C 3	Poza Rica 8024	5.068	84,3	7.612	133,8	5.334	91,0	4.862	81,8	7.586	71,8
	Pichilingue 7928	6.329	105,2	6.821	119,9	5.148	87,8	3.853	64,8	7.062	66,9
	P.R. 8024 x Pich. 7928	8.046	133,8	7.406	130,2	5.549	94,6	5.332	89,7	8.600	81,4
	INIAP H 550	7.706	128,1	6.516	114,5	6.576	112,1	4.957	83,4	8.470	80,2
	Cargill 511	6.014	100,0	5.690	100,0	5.864	100,0	5.942	100,0	10.563	100,0
	Média	6.633		6.809		5.694		4.989		8.456	
C 4	Poza Rica 8024	6.038	83,9	7.081	138,8	5.090	112,6	4.168	84,5	8.090	80,4
	Pichilingue 7928	7.019	97,6	7.011	137,4	4.811	106,4	4.091	83,0	7.935	78,8
	P.R. 8024 x Pich. 7928	7.265	101,0	7.408	149,2	6.305	139,4	5.655	114,7	8.919	88,6
	INIAP H 550	6.889	95,8	7.589	148,7	5.242	115,9	5.034	102,1	7.344	72,9
	Cargill 511	7.193	100,0	5.102	100,0	4.522	100,0	4.931	100,0	10.068	100,0
	Média	6.881		6.838		5.194		4.776		8.471	

1/ Percentagem em relação à média da testemunha Cargill 511.

C, C, C e C: Conjuntos representativos dos cruzamentos S x S, S x S, S x S e S x S, respectivamente.
1 2 3 4
Localidades: 1. INIAP/Equador; 2. CIAT/Colômbia; 3. ESALQ/Brasil; 4. CIMMYT/México e 5. EMBRAPA/Brasil.

Tabela 28. Quadrados médios de capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação para cinco caracteres em quatro conjuntos e cinco localidades, 1969/70.

LOCALIDADE	POS	FF			AP			AE			PT (x 10 ³)			PG (x 10 ³)		
		CGC-I	CGC-II	CEC	CGC-I	CGC-II	CEC	CGC-I	CGC-II	CEC	CGC-I	CGC-II	CEC	CGC-I	CGC-II	CEC
1	C1	2,45*	3,07*	1,16	154,8	137,8	130,4	95,5	43,4	35,6	85,6	168,5*	31,3	41,2	180,5**	31,1
	C2	2,49	1,33	1,46	319,3**	431,6**	94,6	100,2	260,2**	35,2	61,6	71,6	50,7	23,1	37,8	51,3
	C3	8,38**	5,38**	1,11	1255,3**	134,1	134,5	134,5	373,4**	63,4	522,9**	89,2*	394,8**	48,3**	48,3**	48,3**
	C4	4,81**	4,07**	1,13*	698,6**	642,8**	169,7	228,6**	350,7**	45,5	485,6**	103,7*	117,3*	117,3*	117,3*	75,6*
	$\bar{C}$	4,53	3,61	1,22	322,6	659,4	132,2	135,7	256,9	45,6	293,0	265,4	73,7	144,2	225,6	45,5
2	C1	11,18**	1,01	1,24	543,2**	241,6*	87,4	422,6*	591,7**	149,9	303,0**	253,5**	103,2	194,0**	182,3**	65,0
	C2	7,90**	8,77**	0,89	113,7	443,5**	25,9	255,2	676,6**	116,0	322,5**	254,6**	74,3	205,5**	152,0**	47,5
	C3	6,53**	10,73**	1,56	211,1*	552,6**	106,2	251,5	799,2**	137,2	434,4**	543,9**	142,8	294,3**	230,3**	91,3
	C4	4,46**	4,73	0,79	1143,2*	803,7	94,1	523,5*	1016,6**	95,3	419,2**	656,1**	162,1	255,3**	435,5**	187,7
	$\bar{C}$	7,54	6,32	1,14	504,3	514,1	95,9	352,0	771,0	124,5	744,6	443,0	123,6	239,3	243,0	77,2
3	C1	17,77**	15,59**	4,92*	203,4	421,3**	133,9	45,4	231,6	85,3**	375,1**	473,7**	117,9	258,5	348,8	81,5
	C2	5,35*	15,50**	1,72	204,8*	882,3**	91,6	55,2	414,3**	50,2*	1341,4**	239,1	63,8	575,3**	722,8*	42,0
	C3	23,59**	26,55**	1,33	830,8**	824,2**	65,4	353,0**	264,4**	29,3	549,7**	1042,7**	70,8	350,1**	732,5**	47,3
	C4	14,92**	32,14**	2,53	1560,1**	1719,8**	90,2	315,2**	522,7**	26,9	984,6**	436,2**	154,5	633,1**	352,5**	76,2
	$\bar{C}$	15,41	22,00	2,68	701,0	951,9	126,8	122,4	358,2	47,9	810,7	556,9	139,0	480,7	431,9	57,4
4	C1	24,15**	12,26**	1,32	295,6**	130,2**	32,1*	155,3**	41,9*	30,6*	222,2**	350,2**	47,7	142,2**	230,5**	30,5
	C2	15,53**	8,49*	1,53*	141,0**	420,6**	46,4	81,5*	299,4**	29,6	337,1**	133,5*	79,8	215,7**	123,3*	51,1
	C3	15,16**	13,07**	1,51*	773,4**	765,0**	78,1*	405,3**	478,0**	30,8	405,0**	225,5**	47,2	253,5**	144,3**	30,2
	C4	22,51**	22,04**	1,41*	774,4**	503,6**	75,1*	222,6**	432,7**	33,5	350,2**	76,8	72,2*	223,3**	43,2	52,2
	$\bar{C}$	19,35	13,46	1,44	493,5	490,0	65,4	232,8	312,5	31,1	330,1	214,0	61,7	211,3	137,0	39,5
5	C1	71,31**	4,29	4,73	755,3**	113,8	135,5	559,6**	177,7	141,6	532,1**	346,1	127,0	321,8**	221,6**	81,3
	C2	32,25**	3,92	4,34	338,8	428,5*	295,2	425,4	720,5*	234,9	731,2**	513,0**	137,2	507,0**	217,2**	93,2
	C3	48,44**	19,71**	4,50	431,6*	435,3*	144,3	1101,4**	559,1	158,4	843,3**	1122,5**	137,3	542,9**	749,2**	94,5
	C4	55,74**	51,20**	3,55	140,5	1227,5**	197,8	823,4**	1102,3*	270,4	806,3**	526,8**	146,7	522,5**	393,4**	95,2
	$\bar{C}$	51,94	19,88	4,10	415,8	505,3	186,7	727,2	639,7	203,8	736,5	603,4	137,0	473,5	395,6	97,3

CGC-I = Capacidade geral de combinação do Grupo 1 (Pozna Nica 8024).

CGC-II = Capacidade geral de combinação do Grupo 2 (Pianilhaque 7928).

CEC = Capacidade específica de combinação.

* Significativo ($r = 0,05$).** Significativo ($r = 0,01$).

C1, C2, C3 e C4: Conjuntos representativos dos cruzamentos S1 x S1, S2 x S2, S3 x S3 e S4 x S4, respectivamente.

x S4, respectivamente.

Localidades: 1. INIAP/Ecuador; 2. CIAT/Colômbia; 3. ESALQ/Brasil; 4. CIMMYT/México; 5. EMMAPA/Brasil.

Tabela 29. Estimativas de capacidade geral de combinação $\hat{\sigma}^2$ e $\hat{\sigma}^2$ (efeitos principais) das linhagens das populações PIZA NICA 8024 (PR) e PICHILINGUE 7920 (PI) segundo o modelo fatorial, para o caráter peso total de espiga (PI) em kg/ha referente a quatro conjuntos de híbridos simples avaliados em cinco localidades latinoamericanas. 1988/89.

LOCA- LIDADE	C 1				C 2				C 3				C 4				
	Linhagens PR		Linhagens PI		Linhagens PR		Linhagens PI		Linhagens PR		Linhagens PI		Linhagens PR		Linhagens PI		
	$\hat{\sigma}^2$		$\hat{\sigma}^2$		$\hat{\sigma}^2$		$\hat{\sigma}^2$		$\hat{\sigma}^2$		$\hat{\sigma}^2$		$\hat{\sigma}^2$		$\hat{\sigma}^2$		
	i	j	i	j	i	j	i	j	i	j	i	j	i	j	i	j	
1	1	-39,77	1	-247,49	1	-106,47	1	-174,94	1	233,37	1	752,28	1	713,28	1	329,76	
	2	-118,42	2	-136,92	2	98,15	2	50,65	2	-133,06	2	528,59	2	37,66	2	389,74	
	3	398,18	3	115,11	3	114,22	3	292,62	3	1073,56	3	-121,77	3	609,38	3	-237,10	
	4	-244,85	4	-411,66	4	-153,76	4	-232,16	4	-517,08	4	-1001,70	4	-258,34	4	-773,59	
	5	-194,86	5	56,88	5	-337,69	5	-3,51	5	-848,58	5	-70,44	5	-1050,77	5	260,06	
	6	-94,27	6	673,72	6	287,26	6	290,60	6	168,16	6	494,48	6	-144,65	6	-144,58	
	7	293,38	7	-49,64	7	98,28	7	-223,26	7	23,64	7	-581,44	7	93,45	7	175,70	
Media		8.840		8.829		8.947		8.882									
2	1	-14,85	1	233,59	1	-182,71	1	-181,22	1	522,34	1	1044,61	1	-289,23	1	1179,20	
	2	-743,43	2	-144,89	2	56,64	2	-412,54	2	-144,20	2	238,61	2	364,39	2	204,44	
	3	86,86	3	148,81	3	-113,98	3	467,08	3	384,25	3	-302,62	3	809,09	3	-168,67	
	4	-183,06	4	-570,73	4	-573,28	4	-132,12	4	-617,08	4	26,92	4	-177,86	4	-747,53	
	5	370,92	5	-195,40	5	-51,98	5	134,00	5	-590,02	5	-297,94	5	-456,97	5	36,56	
	6	334,87	6	16,30	6	720,92	6	229,56	6	241,29	6	-231,94	6	-120,73	6	81,02	
	7	148,68	7	512,32	7	144,40	7	-467,20	7	203,41	7	-477,65	7	-128,68	7	-585,04	
Media		9.375		9.520		9.340		9.815									
3	1	-610,32	1	-28,41	1	-494,88	1	238,19	1	-423,68	1	642,09	1	-351,32	1	350,29	
	2	17,71	2	-726,94	2	296,26	2	-72,74	2	228,99	2	230,82	2	-533,65	2	317,02	
	3	464,96	3	214,18	3	350,13	3	334,06	3	494,26	3	-153,76	3	825,26	3	-567,81	
	4	-414,35	4	-225,29	4	-1344,85	4	-384,86	4	-234,66	4	-435,22	4	-125,61	4	-285,18	
	5	295,75	5	-156,36	5	-251,26	5	-146,06	5	-841,46	5	29,85	5	-779,97	5	201,10	
	6	-191,39	6	746,92	6	1202,98	6	409,96	6	432,82	6	903,87	6	1045,68	6	607,11	
	7	437,64	7	175,90	7	241,61	7	-378,56	7	343,72	7	-1217,65	7	-80,38	7	-622,52	
Media		7.550		7.547		7.371		7.166									
4	1	-72,14	1	-540,16	1	-139,89	1	40,73	1	-337,69	1	-150,90	1	-518,28	1	11,84	
	2	-192,62	2	520,23	2	-364,68	2	360,07	2	-542,02	2	605,71	2	-369,88	2	20,87	
	3	463,56	3	337,68	3	169,44	3	172,43	3	622,75	3	-239,25	3	652,90	3	-170,70	
	4	-444,86	4	-560,22	4	-294,97	4	-550,75	4	-304,28	4	-240,68	4	-198,48	4	-241,55	
	5	-65,31	5	116,42	5	-401,29	5	164,04	5	-112,78	5	-93,36	5	-91,64	5	130,82	
	6	-96,20	6	-30,37	6	547,39	6	-242,27	6	456,84	6	307,88	6	256,49	6	328,59	
	7	407,66	7	156,40	7	484,01	7	55,76	7	217,39	7	-189,39	7	268,89	7	-79,88	
Media		6.669		6.737		6.644		6.752									
5	1	143,53	1	-457,84	1	-31,08	1	-76,60	1	-91,26	1	715,86	1	-378,44	1	339,17	
	2	-842,38	2	168,84	2	-940,70	2	263,87	2	-17,61	2	604,94	2	461,65	2	456,13	
	3	445,18	3	-23,25	3	858,75	3	385,79	3	921,42	3	-166,15	3	1096,10	3	-898,31	
	4	-268,94	4	-585,75	4	-573,10	4	136,08	4	-1057,89	4	628,65	4	-627,96	4	433,58	
	5	-97,13	5	386,97	5	95,81	5	-17,66	5	-388,74	5	-216,92	5	-187,75	5	-459,82	
	6	-31,02	6	3,69	6	543,54	6	146,14	6	106,04	6	-220,95	6	-535,52	6	420,44	
	7	650,75	7	507,34	7	44,78	7	-837,42	7	528,05	7	-1345,44	7	171,95	7	-290,99	
Media		10.300		10.619		10.860		10.914									

C, C, C e C: Conjuntos representativos dos cruzamentos S₁ x S₂, S₁ x S₃, S₁ x S₄ e S₂ x S₃, respectivamente.

Localidades: 1. INIAP/Equador; 2. CIAT/Colômbia; 3. ESALQ/Brasil; 4. CIMMYT/México e 5. EMBRAPA/Brasil.

1/ Média obtida da análise das tabelas dialélicas definido em o item 3.2.4.1.

Tabela 30. Estimativas da capacidade geral de combinação $\hat{\sigma}^2$ e $\hat{\sigma}^2$ (efeitos principais) das linhagens das populações PUGB (C1C) 8024 (PR) e PICHILINQUE 792B (PI) segundo modelo fatorial, para o caráter peso de grão (PG) em kg/ha referente a quatro conjuntos de híbridos simples avaliados em cinco localidades latinoamericanas, 1988/89.

LOCALIDADE	C 1		C 2		C 3		C 4									
	Linhagens PR	Linhagens PI	Linhagens PR	Linhagens PI	Linhagens PR	Linhagens PI	Linhagens PR	Linhagens PI								
	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{\sigma}^2$								
1	0	-67,88	0	-301,00	0	67,37	0	-189,34	0	231,50	0	447,84	0	598,41	0	152,01
	1	-145,35	0	-106,22	0	-8,41	0	70,08	0	-154,74	0	573,56	0	-70,72	0	474,59
	2	353,38	0	76,35	0	20,30	0	159,64	0	946,54	0	-61,04	0	440,09	0	-724,41
	3	-93,42	0	-427,07	0	375,78	0	-200,21	0	-365,47	0	-928,85	0	-123,44	0	-655,54
	4	-87,14	0	87,25	0	-217,18	0	49,42	0	-760,68	0	-27,11	0	-684,39	0	225,02
	5	-45,50	0	689,85	0	202,08	0	443,61	0	-75,25	0	504,61	0	-106,15	0	-36,81
	6	85,93	0	-19,16	0	11,61	0	-313,21	0	127,58	0	-509,01	0	146,20	0	65,15
	7															
	Media	7.334				7.343				7.395				7.367		
2	0	-11,87	0	186,86	0	-146,19	0	144,98	0	417,91	0	835,64	0	-231,42	0	943,38
	1	-594,81	0	-115,94	0	45,33	0	-330,00	0	-115,37	0	190,94	0	291,46	0	163,56
	2	69,49	0	119,06	0	-91,24	0	373,66	0	307,42	0	-242,07	0	647,32	0	-134,94
	3	-146,51	0	-456,57	0	-458,64	0	-105,67	0	-493,66	0	21,58	0	-142,29	0	-598,08
	4	296,77	0	-156,31	0	-41,55	0	107,22	0	-472,09	0	-238,44	0	-365,52	0	29,29
	5	267,94	0	13,03	0	576,78	0	133,63	0	193,09	0	-185,55	0	-96,59	0	64,78
	6	118,99	0	409,86	0	115,52	0	-373,80	0	162,70	0	-382,09	0	-102,95	0	-467,99
	7															
	Media	7.500				7.616				7.473				7.852		
3	0	-503,71	0	-95,61	0	-362,75	0	66,46	0	-321,14	0	398,20	0	-227,28	0	254,73
	1	-80,44	0	-613,28	0	208,19	0	14,71	0	78,04	0	214,85	0	-530,91	0	311,67
	2	486,50	0	171,60	0	335,38	0	260,14	0	489,89	0	-58,05	0	579,12	0	-412,77
	3	-255,47	0	-188,67	0	-968,96	0	-325,17	0	-170,40	0	-507,66	0	-70,46	0	-365,56
	4	260,44	0	-67,44	0	-172,01	0	-104,65	0	-667,23	0	68,18	0	-605,34	0	162,72
	5	-182,10	0	735,60	0	808,21	0	515,22	0	329,48	0	887,62	0	876,39	0	545,13
	6	274,89	0	57,79	0	151,95	0	-426,71	0	261,35	0	-1003,14	0	-21,54	0	-495,94
	7															
	Media	5.987				5.933				5.800				5.562		
4	0	-57,66	0	-432,14	0	-111,84	0	32,47	0	-270,27	0	-120,90	0	-414,66	0	9,45
	1	-154,30	0	416,15	0	-291,90	0	288,32	0	-433,67	0	484,52	0	-295,88	0	16,64
	2	370,96	0	270,14	0	135,62	0	137,74	0	498,30	0	-191,23	0	522,36	0	-136,47
	3	-355,95	0	-448,09	0	-236,10	0	-440,51	0	-243,48	0	-192,50	0	-158,87	0	-193,17
	4	-52,21	0	93,12	0	-320,82	0	131,11	0	-90,26	0	-74,64	0	-73,25	0	104,60
	5	-76,93	0	-24,24	0	437,94	0	193,79	0	365,47	0	246,29	0	205,19	0	262,88
	6	326,09	0	125,08	0	387,10	0	44,65	0	173,92	0	-151,53	0	215,12	0	-63,93
	7															
	Media	5.337				5.391				5.316				5.403		
5	0	115,42	0	-364,52	0	-25,84	0	-61,66	0	-68,06	0	580,13	0	-300,21	0	256,72
	1	-675,40	0	137,00	0	-752,32	0	212,14	0	-45,75	0	489,70	0	369,78	0	365,78
	2	357,87	0	-20,13	0	685,83	0	309,11	0	741,46	0	-127,60	0	881,70	0	-716,89
	3	-216,05	0	-469,69	0	-460,49	0	108,05	0	-841,57	0	507,87	0	-516,30	0	348,58
	4	-76,45	0	309,10	0	77,51	0	-15,29	0	-306,46	0	-168,18	0	-147,68	0	-366,55
	5	-24,07	0	2,03	0	438,46	0	118,79	0	91,43	0	-171,82	0	-425,91	0	341,13
	6	518,69	0	406,22	0	36,85	0	-670,96	0	428,95	0	-1110,11	0	138,63	0	-228,97
	7															
	Media	8.243				8.497				8.685				8.730		

C, C, C e C: Conjuntos representativos dos cruzamentos S x S, S x S, S x S e S x S, respectivamente.

Localidades: 1. INIAP/Ecuador; 2. CIAT/Colômbia; 3. ESALQ/Brasil; 4. CIMMYT/México e 5. EMBRAPA/Brasil.

1/ Média obtida da análise das tabelas dialeéticas definido em o item 3.2.4.1.

Tabela 31. Amplitudes de variação das estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação ($\hat{s}_{ij}$), resultante dos híbridos obtidos do cruzamento entre linhagens das populações POZA RICA 8024 e PICHILINGUE 7928, para os caracteres peso total de espiga (PT) e peso de grão (PG) em kg/ha, referentes a quatro conjuntos e cinco localidades latinoamericanas 1988/89.

LOCALIDADE	C ₁				C ₂				C ₃				C ₄			
	Híbrido		$\hat{s}_{ij}$		Híbrido		$\hat{s}_{ij}$		Híbrido		$\hat{s}_{ij}$		Híbrido		$\hat{s}_{ij}$	
1. INIAP/Equador	PT	3 x 5'	888,48	6 x 2'	1189,48	1 x 5'	1320,69	6 x 3'	1261,36				6 x 4'	1631,74		
		1 x 3'	-997,37	4 x 1'	-1092,16	1 x 3'	-1369,59	6 x 4'	-1631,74							
PG	3 x 1'	841,37	6 x 2'	1138,08	1 x 5'	1047,68	4 x 7'	1190,70					4 x 7'	1190,70		
	2 x 1'	-787,32	4 x 1'	-1062,36	1 x 3'	-1202,27	6 x 4'	-1289,60					6 x 4'	-1289,60		
2. CIAT/Colômbia	PT	3 x 7'	862,65	3 x 2'	1085,22	7 x 7'	1592,61	2 x 2'	1656,60				2 x 2'	1656,60		
		7 x 3'	-1556,88	1 x 2'	-661,14	5 x 2'	-1482,94	1 x 4'	-1125,43				1 x 4'	-1125,43		
PG	5 x 6'	612,92	3 x 2'	868,14	7 x 7'	1274,13	2 x 2'	1325,42					2 x 2'	1325,42		
	7 x 3'	-1245,50	2 x 6'	-648,88	5 x 2'	-1186,14	1 x 4'	-900,72					1 x 4'	-900,72		
3. ESALQ/Brasil	PT	7 x 4'	966,56	7 x 3'	1066,60	5 x 1'	951,85	1 x 2'	1450,23				1 x 2'	1450,23		
		4 x 3'	-1073,22	2 x 3'	-973,00	5 x 2'	-1339,62	3 x 2'	-950,54				3 x 2'	-950,54		
PG	2 x 6'	849,90	2 x 6'	776,77	5 x 1'	802,30	1 x 2'	1156,76					1 x 2'	1156,76		
	4 x 3'	-894,77	2 x 3'	-741,12	5 x 2'	-1099,79	1 x 4'	-695,59					1 x 4'	-695,59		
4. CIMMYT/México	PT	5 x 2'	712,20	6 x 2'	919,45	7 x 7'	729,40	7 x 7'	1105,27				7 x 7'	1105,27		
		4 x 6'	-755,48	6 x 3'	-823,50	1 x 3'	-746,70	7 x 1'	-1019,95				7 x 1'	-1019,95		
PG	5 x 2'	569,87	6 x 2'	735,34	7 x 7'	583,64	7 x 7'	883,91					7 x 7'	883,91		
	4 x 6'	-604,67	6 x 3'	-658,92	1 x 3'	-597,16	7 x 1'	-815,90					7 x 1'	-815,90		
5. EMBRAPA/Brasil	PT	6 x 6'	1002,45	2 x 4'	1467,10	5 x 6'	1256,48	1 x 1'	1308,84				1 x 1'	1308,84		
		5 x 6'	-1238,78	4 x 4'	-1137,19	7 x 7'	-1277,80	5 x 7'	-1715,47				5 x 7'	-1715,47		
PG	6 x 6'	799,20	2 x 4'	1176,54	5 x 6'	998,64	1 x 1'	1056,92					1 x 1'	1056,92		
		5 x 6'	-988,61	4 x 4'	-910,39	7 x 7'	-990,68	5 x 7'	-1377,83				5 x 7'	-1377,83		

C₁, C₂, C₃ e C₄: Conjuntos representativos dos cruzamentos 8 x 8, 8 x 5, 5 x 5 e 5 x 5, respectivamente.

Tabela 32. Estimativas por localidade de variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), e herdabilidade no sentido amplo em percentagem ($\hat{h}^2\%$) para o caráter dias para florescimento feminino (FF) de híbridos de linhagens em quatro conjuntos (níveis de endogamia). 1988/89.

LOCALIDADE	ESTIMATIVAS	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	AGRUPADA
1	$\hat{\sigma}_G^2$	0,2680	-0,0472	0,6430	0,3474	0,1378
	$\hat{\sigma}_F^2$	0,7809	0,7868	1,3125	0,9792	0,3034
	$\hat{h}^2\%$	34,31	-6,00	48,99	35,48	45,44
2	$\hat{\sigma}_G^2$	0,4142	0,5400	0,6836	0,2060	0,3091
	$\hat{\sigma}_F^2$	0,8173	0,9180	1,1402	0,5558	0,4086
	$\hat{h}^2\%$	50,68	58,83	59,66	37,06	65,96
3	$\hat{\sigma}_G^2$	1,6263	0,6820	1,9805	1,8403	0,7926
	$\hat{\sigma}_F^2$	2,5364	1,3542	2,4262	2,5946	0,9661
	$\hat{h}^2\%$	64,12	50,36	81,63	70,92	82,00
4	$\hat{\sigma}_G^2$	1,4427	1,0835	1,2684	1,9619	0,9619
	$\hat{\sigma}_F^2$	1,7634	1,3889	1,5530	2,2083	1,0343
	$\hat{h}^2\%$	81,81	78,01	81,67	88,84	92,99
5	$\hat{\sigma}_G^2$	2,9131	1,1912	2,8189	4,2211	1,8462
	$\hat{\sigma}_F^2$	4,3481	2,7179	3,9657	5,3442	2,1732
	$\hat{h}^2\%$	66,99	43,33	71,08	78,99	84,95

C₁, C₂, C₃ e C₄: Conjuntos representativos dos cruzamentos S₁ x S₁, S₂ x S₂, S₃ x S₃ e S₄ x S₄, respectivamente.

Localidades: 1. INIAP/Ecuador; 2. CIAT/Colômbia; 3. ESALQ/Brasil; 4. CIMMYT/México e 5. EMBRAPA/Brasil.

Estimativas das variâncias multiplicadas por 10⁴.

Tabela 33. Estimativas por localidade de variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), e herdabilidade no sentido amplo em percentagem ($\hat{h}^2\%$) para o caráter altura de planta (AP) em m/planta de híbridos de linhagens em quatro conjuntos (níveis de endogamia). 1988/89.

LOCALIDADE	ESTIMATIVAS	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	AGRUPADA
1	$\hat{\sigma}_G^2$	5,0398	37,1843	54,8436	101,5300	31,1634
	$\hat{\sigma}_F^2$	67,1719	82,4531	46,6927	159,9688	47,2448
	$\hat{h}^2\%$	7,50	45,10	37,39	63,67	65,96
2	$\hat{\sigma}_G^2$	27,8008	25,0029	30,7265	66,0740	23,2749
	$\hat{\sigma}_F^2$	54,5556	47,4306	58,7674	209,6182	29,1805
	$\hat{h}^2\%$	50,96	52,71	52,28	31,52	79,76
3	$\hat{\sigma}_G^2$	33,2401	42,2699	47,8518	128,3555	46,0725
	$\hat{\sigma}_F^2$	67,2118	68,1944	85,3125	159,2188	54,0694
	$\hat{h}^2\%$	49,46	61,98	56,09	80,62	85,21
4	$\hat{\sigma}_G^2$	20,0384	20,4186	69,3803	59,5999	25,8062
	$\hat{\sigma}_F^2$	32,8576	35,0122	83,6146	76,1840	29,4496
	$\hat{h}^2\%$	60,98	58,32	82,88	78,23	87,63
5	$\hat{\sigma}_G^2$	29,3068	35,4129	19,6747	104,4827	29,8752
	$\hat{\sigma}_F^2$	70,1354	99,2604	74,7188	158,9167	43,2396
	$\hat{h}^2\%$	41,79	35,68	26,33	65,75	69,09

C₁, C₂, C₃ e C₄: Conjuntos representativos dos cruzamentos S₁ x S₁, S₂ x S₂, S₃ x S₃ e S₄ x S₄, respectivamente.

Localidades: 1. INIAP/Equador. 2. CIAT/Colômbia; 3. ESALQ/Brasil; 4. CIMMYT/México e 5. EMBRAPA/Brasil.

Estimativas das variâncias multiplicadas por 10⁴.

Tabela 34. Estimativas por localidade de variância genética (σ^2_G), variância fenotípica (σ^2_P), e herdabilidade no sentido amplo em porcentagem ($h^2\%$) para o caráter altura de espiga (AE) em m/planta de híbridos de linhagens em quatro conjuntos (níveis de endogamia). 1988/89.

LOCALIDADE	ESTIMATIVAS	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	AGRUPADA
1	σ^2_G	-3,4681	11,5138	7,1659	37,5558	10,0374
	σ^2_P	21,7630	35,7344	55,5208	53,1914	17,1276
	$h^2\%$	-15,94	32,22	12,91	70,60	58,60
2	σ^2_G	24,4956	30,2948	36,8843	50,6620	17,5624
	σ^2_P	79,7448	65,7413	78,0903	123,2587	28,4444
	$h^2\%$	30,72	46,08	47,23	41,10	61,74
3	σ^2_G	16,0761	23,1087	21,9807	30,5414	13,4372
	σ^2_P	32,8611	32,1519	33,0408	41,6259	16,4366
	$h^2\%$	48,92	71,87	66,52	73,37	81,75
4	σ^2_G	9,8758	11,3781	40,8541	27,7693	12,8691
	σ^2_P	15,8858	23,2726	48,1658	35,7526	14,9440
	$h^2\%$	62,17	48,89	84,82	77,67	86,82
5	σ^2_G	6,2110	36,3207	51,2077	64,3536	16,9207
	σ^2_P	66,0842	106,4826	111,2517	147,8316	34,0199
	$h^2\%$	9,41	34,11	46,03	43,53	49,74

C₁, C₂, C₃ e C₄: Conjuntos representativos dos cruzamentos S₁ x S₁, S₂ x S₂, S₃ x S₃ e S₄ x S₄, respectivamente.

Localidades: 1. INIAP/Ecuador; 2. CIAT/Colombia; 3. ESALQ/Brasil; 4. CIMMYT/México e 5. EMBRAPA/Brasil.

Estimativas das variâncias multiplicadas por 10⁴.

Tabela 35. Estimativas por localidade de variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), e herdabilidade no sentido amplo em percentagem ($\hat{h}^2\%$) para o caráter peso total de espiga (PT) em kg/ha de híbridos de linhagens em quatro conjuntos (níveis de endogamia). 1988/89.

LOCALIDADE	ESTIMATIVAS	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	AGRUPADA
1	$\hat{\sigma}_G^2$	9,3878	-0,1262	79,6173	56,9360	41,4832
	$\hat{\sigma}_F^2$	38,8848	31,1024	101,8758	84,3333	51,398
	$\hat{h}^2\%$	24,14	-0,41	78,15	67,51	80,10
2	$\hat{\sigma}_G^2$	22,9338	16,9704	38,6359	72,1517	16,3427
	$\hat{\sigma}_F^2$	48,9785	42,6155	77,7237	111,3970	23,3607
	$\hat{h}^2\%$	46,82	39,82	49,71	64,77	69,96
3	$\hat{\sigma}_G^2$	28,8439	42,1667	52,1774	62,9522	43,8993
	$\hat{\sigma}_F^2$	62,2316	82,6759	83,6754	100,4242	52,8608
	$\hat{h}^2\%$	45,62	51,00	62,36	62,69	83,05
4	$\hat{\sigma}_G^2$	21,6290	19,2842	22,6022	16,1875	46,0614
	$\hat{\sigma}_F^2$	36,2080	42,0740	38,0654	36,1035	56,5298
	$\hat{h}^2\%$	59,74	45,83	59,38	44,84	81,48
5	$\hat{\sigma}_G^2$	33,5521	45,9195	80,0631	61,8829	27,1870
	$\hat{\sigma}_F^2$	67,0962	81,3454	116,3477	96,3840	35,5463
	$\hat{h}^2\%$	50,01	56,45	73,97	64,20	76,48

C₁, C₂, C₃ e C₄: Conjuntos representativos dos cruzamentos S₁ x S₁, S₂ x S₂, S₃ x S₃ e S₄ x S₄, respectivamente.

Localidades: 1. INIAP/Ecuador; 2. CIAT/Colômbia; 3. ESALQ/Brasil; 4. CIMMYT/México e 5. EMBRAPA/Brasil.

Estimativas das variâncias multiplicadas por 10⁻⁴.

Tabela 36. Estimativas por localidade de variância genética (σ_G^2), variância fenotípica (σ_F^2), e herdabilidade no sentido amplo em percentagem ($h^2\%$) para o caráter peso de grão (PG) em kg/ha de híbridos de linhagens em quatro conjuntos (Míveis de endogamia). 1988/89.

LOCALIDADE	ESTIMATIVAS	C1	C2	C3	C4	AGRUPADA
1	σ_G^2	8,8053	0,9718	61,0127	38,5247	31,1266
	σ_F^2	28,1584	26,4597	75,5370	58,8806	38,6091
	$h^2\%$	31,27	3,67	80,77	65,43	80,62
2	σ_G^2	14,6817	10,8581	24,7282	46,1861	10,4530
	σ_F^2	31,3504	27,2732	49,7444	71,3024	14,9483
	$h^2\%$	46,83	39,81	49,71	64,77	69,95
3	σ_G^2	22,6086	22,3211	38,8471	41,8022	30,8551
	σ_F^2	45,7056	48,4676	59,5847	65,5257	36,5504
	$h^2\%$	49,46	50,18	65,20	63,80	84,42
4	σ_G^2	13,8441	12,3431	14,4647	10,3582	29,4812
	σ_F^2	23,1732	26,9284	24,3616	23,1054	36,1817
	$h^2\%$	59,74	45,84	59,38	44,83	81,48
5	σ_G^2	21,5305	29,5203	55,9494	39,9935	17,5841
	σ_F^2	42,9817	52,2325	74,9774	62,1760	22,9205
	$h^2\%$	50,09	56,52	74,62	64,32	76,72

C1, C2, C3 e C4: Conjuntos representativos dos cruzamentos S1 x S1, S2 x S2, S3 x S3 e S4 x S4, respectivamente.

Localidades: 1. INIAP/Equador; 2. CIAT/Colômbia; 3. ESALQ/Brasil; 4. CIMMYT/México e 5. EMBRAPA/Brasil.

Estimativas das variâncias multiplicadas por 10⁻⁴.

Tabela 37. Estimativas de coeficientes de correlação fenotípica entre oito caracteres de híbridos simples em quatro conjuntos dialélicos (níveis de endogamia) avaliados em cinco localidades latinoamericanas, 1988/89.

CARACTERES	CON- JUNTOS	LOCALIDADES				
		1	2	3	4	5
		INIAP/EQUADOR	CIAT/COLOMBIA	ESALD/BRASIL	CIMMYT/MEXICO	EMRAPA/BRASIL
PT x FF	C1	-0,315 *	0,100	-0,164	0,082	-0,156
	C2	-0,228	0,250	0,131	0,164	-0,132
	C3	-0,105	-0,265 *	-0,397 **	0,010	-0,085
	C4	-0,432	-0,243 *	-0,230 *	0,031	-0,049
PT x AP	C1	0,159	0,316 **	0,643 **	0,368 **	0,267 *
	C2	0,071	-0,041	0,084	0,001	0,100
	C3	0,273 *	0,488 **	0,123	0,218	0,047
	C4	0,323 **	0,231 *	0,136	0,188	0,304 *
PT x AE	C1	0,177	0,356 **	0,469 *	0,301 *	0,315 **
	C2	0,214	0,197	0,070	0,112	0,299 *
	C3	0,320 *	0,458 **	0,121	0,231 *	0,299 *
	C4	0,189	0,046	-0,164	0,175	0,232 *
PT x EP	C1	-0,182	-0,184	-0,385 **	-0,140	-0,116
	C2	-0,232	-0,353 **	-0,287 *	-0,267 *	-0,048
	C3	-0,211	-0,256 *	-0,518 **	0,126	0,084
	C4	-0,092	0,138	-0,022	-0,010	-0,041
PT x PRO	C1	0,418 **	0,448 **	0,370 **	0,433 **	0,449 **
	C2	0,493 **	0,376 **	0,348 **	-0,132	0,335 **
	C3	0,593 **	0,588 **	0,556 **	0,256 *	0,550 **
	C4	0,353 **	0,511 **	0,260 *	0,118	0,329 **
PT x AE/AP	C1	0,042	0,244 *	-0,011	0,053	0,203
	C2	0,196	0,221	0,016	0,131	0,343 **
	C3	0,467	0,270 *	0,232	0,188	0,349 **
	C4	-0,114	-0,105	-0,068	0,070	0,100
PG x FF	C1	-0,310 *	0,101	-0,238 *	0,083	-0,156
	C2	-0,226	0,231	0,009	0,164	-0,131
	C3	-0,167	-0,265 *	-0,406 **	0,010	-0,081
	C4	-0,448 **	-0,242 *	-0,270 *	0,031	-0,049
PG x AP	C1	0,199	0,316 **	0,653 **	0,368 **	0,268 *
	C2	0,205	-0,041	0,054	0,001	0,101
	C3	0,206	0,488 **	0,123	0,218	0,041
	C4	0,262 *	0,231 *	-0,172	0,188	0,298 *
PG x AE	C1	0,218	0,356 **	0,497 **	0,301 *	0,316 **
	C2	0,298 *	0,197	0,055	0,111	0,299 *
	C3	0,272 *	0,458 **	0,108	0,231 *	0,300 *
	C4	0,113	0,047	-0,201	0,175	0,226 *
PG x EP	C1	-0,161	-0,184	-0,460 **	-0,140	-0,114
	C2	-0,122	-0,353 **	-0,319 *	-0,267 *	-0,048
	C3	-0,213	-0,256 *	-0,540 **	0,126	0,084
	C4	-0,102	0,137	-0,029	-0,010	-0,039
PG x PRO	C1	0,442 **	0,448 **	0,386 **	0,433 **	0,450 **
	C2	0,520 **	0,376 **	0,337 **	-0,133	0,335 **
	C3	0,549 **	0,589 **	0,574 **	0,256 *	0,556 **
	C4	0,353 **	0,511 **	0,272 *	0,118	0,327 **
PG x AE/AP	C1	0,054	0,244 *	0,016	0,052	0,203
	C2	0,177	0,221	0,023	0,131	0,343 **
	C3	0,159	0,270 *	0,007	0,188	0,353 **
	C4	-0,149	0,105	-0,072	0,071	0,095
AP x FF	C1	-0,186	0,006	-0,240 *	-0,306 *	0,060
	C2	-0,119	0,058	0,159	0,119	-0,027
	C3	0,252 *	0,053	0,168	0,156	0,030
	C4	0,052	0,282	0,204	0,058	-0,043
AP x AE	C1	0,574 **	0,416 *	0,654 **	0,606 **	0,560 **
	C2	0,582 **	0,316 *	0,399 **	0,553 **	0,725 **
	C3	0,725 **	0,464 *	0,658 **	0,886 **	0,605 **
	C4	0,700 **	0,618 **	0,835 **	0,776 **	0,797 **
AP x PRO	C1	0,028	0,176	0,112	0,136	0,320 **
	C2	0,261 *	0,150	0,176	-0,082	0,312 **
	C3	0,252 *	0,260 *	0,114	0,223	-0,016
	C4	0,135	0,177	0,311 *	0,037	0,252 *
AP x AE/AP	C1	-0,315 *	-0,016	-0,119	-0,123	0,012
	C2	-0,196	-0,135	-0,364 **	-0,072	0,277 *
	C3	-0,106	0,021	-0,226	0,483 **	0,206
	C4	-0,182	0,103	-0,268 *	0,132	0,400 **

C₁, C₂, C₃ e C₄: Conjuntos representativos dos cruzamentos S₁ x S₂, S₁ x S₃, S₁ x S₄ e S₂ x S₃, respectivamente.

*, **: Significativo ao nível de 5% (P < 0,05) e 1% (P < 0,01) de probabilidade, de acordo com o teste t.

Tabela 38. Estimativas de coeficientes de correlação fenotípica entre três caracteres de híbridos simples em quatro conjuntos dialélicos (níveis de endogamia) avaliados na Estação Experimental do Instituto de Genética da ESALQ/USP (Piracicaba, SP, Brasil). 1988/89.

CARACTERES	CONJUNTOS	LOCALIDADE
		3. ESALQ/Brasil
PT x NRP	C	- 0,146 ns
	1	
	C	- 0,048 ns
	2	
	C	- 0,194 ns
PG x NRP	3	
	C	- 0,063 ns
	4	
	C	- 0,167 ns
	1	
	C	- 0,095 ns
	2	
	C	- 0,192 ns
	3	
	C	0,080 ns
	4	

ns: não significativo de acordo com o teste t.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALDRICH, S.R. & LENG, E.R. Producción moderna del maíz. Trad. de O. Martínez Tenreiro y P. Leguisamón. Buenos Aires, Hemisferio Sur, 1974. 308p.
- ALLISON, J.C.S. & CURNOW, R.N. On the choice of tester parent for the breeding of synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.). *Crop Science*, 6:541-4, 1966.
- ANAND, I.J. & RANA, B.S. Fractionall diallel crosses in linseed. *Indian Journal of Genetic and Plant Breeding*, New Delhi, 30: 126-33, 1970.
- ANDRADE, J.A.C. Seleção divergente para tamanho do pendão e posição da espiga na população ESALQ PB-1 de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1988. 136 p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luis de Queiroz"/USP).

ANDRADE, J.A.C. & MIRANDA FILHO, J.B. de. Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres do pendão na população ESALQ PB-1 de milho. Relatório Científico do Instituto de Genética. ESALQ/USP., Piracicaba, 13: 15-21, 1979.

ANDRADE, J.A.C. & MIRANDA FILHO, J.B. de. Correlações genéticas e fenotípicas envolvendo caracteres da planta e do pendão do milho. Relatório Científico do Instituto de Genética. ESALQ/USP., Piracicaba, 14: 5-10, 1980.

ARBOLEDA, F.; MUNOZ, S.; SARRIA, V. El gene braquítico 2 em maíces comerciales del trópico colombiano. In: REUNION LATINOAMERICANA DE FITOTECNIA, 9., Panamá, 1974. Resúmenes. Panamá, ALCA, 1974. v.1, p.15.

BAKTASH, F.Y.; YOUNIS, M.A.; AL-YOUNIS, A.H.; AL-ITHAWI, B.A. Correlation coefficients between top-crosses and diallel crosses in corn (Zea mays L.). Mesopotamia Journal of Agriculture, Pakistão, 16: 51-8, 1981.

BANDEL, B. Genética. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., ed. Melhoramento e produção de milho. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1, p.111-33.

- BARRIGA, P. & VENCOVSKY, R. Heterose da produção de grãos e de outros caracteres agronômicos em cruzamentos intervarietais de milho. *Ciência e Cultura*, São Paulo, 25: 880-5, 1973.
- BRAUER, O. *Fitogenética aplicada*. México, Limusa Wiley, 1983. 518p.
- BRAY, R.A. Quantitative evaluation of the circular partial diallel cross. *Heredity*, Essex, 27: 189-202, 1971.
- BUREN, L.L.; MOCK, J.M.; ANDERSON, I.C. Morphological and physiological traits in maize associated with tolerance to high plant density. *Crop Science*, Madison, 14: 395-404, 1974.
- CASTRO, M.; GARDNER, C.O.; LONNQUIST, J.H. Cumulative gene effects and the nature of heterosis in maize crosses involving genetically diverse races. *Crop Science*, Madison, 8: 97-101, 1968.
- CENTRO INTERNACIONAL DE MEJORAMIENTO DE MAIZ Y TRIGO. Informe 1970-71. México, 1972. 114p.
- CHASE, S.S. Relation of yield and number of days from planting to flowering in early maturity maize hybrids of equivalent grain moisture at harvest. *Crop Science*, Madison, 4: 111-2. 1964.

- COMSTOCK, R.E. Selection procedures in corn improvement. In: ANNUAL HYBRID CORN AND INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 19., Washington, 1964. *Proceedings*. p.87-94.
- COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics*, Raleigh, 4: 254-66, 1948.
- CORDOVA, H.S. Formación de híbridos de maíz en base a familias de hermanos completos y sus implicaciones en la producción de semilla comercial. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15., Maceió, 1984. *Anais*. Brasília, EMBRAPA/DDT/CNPMS, 1986. p.377-404. (EMBRAPA/CNPMS. Documento, 5).
- CORDOVA, H.S.; PRERA, J.; VELASQUEZ, R. Estabilidad del rendimiento y heterosis de cruza simples y triples de maíz (*Zea mays* L.) y sus implicaciones en la producción de semilla comercial. In: REUNION ANUAL DEL PCCMCA, 26., Guatemala, 1980a. 24p.
- CORDOVA, H.S.; VELASQUEZ, R.; POEY, F.; SOTO, G. Heterosis de rendimiento y aptitud combinatoria de líneas y familias de hermanos completos de maíz. In: REUNION ANUAL DEL PCCMCA, 26., Guatemala, 1980b. 24p.

- CRISOSTOMO, J.R. Estimaco de parmetros genticos visando seleo em dois compostos de milho (Zea mays L.). Piracicaba, 1978. 71p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP.
- CROSS, H.Z. ND259 and ND2 60 - new parental lines of corn. **North Dakota Farm Researk**, Fargo, 44(3): 3-7, 1986.
- CURNOW, R.N. Sampling the diallel cross. **Biometrics**, Alexandria, 19: 287-306, 1963.
- DANIEL, L. Biometrisch-genetische analyxe der Blutezeit bei Maiz. (Biometrical and genetical analysis of flowering time in maize). **Zoldsegtermesztzi kutat intzet Bulletinje**, 8: 114-5, 1973a. Apud Plant Breeding Abstracts Wallingford, 45(3): 156, 1975. (Resumo).
- DANIEL, L. Erbgang und genetische variation der Blutezeit bei Zea mays L. (Inheritance and genetic variation of flowering time in Zea mays L.). **Acta Universitatis Agriculturae. Brno.A** 21(2): 285-96, 1973b. Apud Plant Breeding Abstracts Wallingford, 45(3): 157, 1975. (Resumo).

- DANIEL, L.; BATTY, I.; DEAK, F. A virágzási idő öröklődésmenetének tanulmányozása beltenyésztett csemegekukorica (Zea mays L. conv. saccharata Koern.) vonalak diallél keresztezésében. [Investigation of the inheritance of flowering time in a diall cross of imbred lines of sweet corn (Zes mays L.)]. Zoldségtermesztési kutató Intézet Bulletinje 9: 87-98, 1974. Apud Plant Breeding Abstracts, Wallingford, 47 (6): 451, jun. 1977. (Resumo).
- DANTAS, A.C.V. Cruzamento dialélico parcial circulante para avaliação de linhagens de milho (Zea mays L.) e predição de híbridos. Piracicaba, 1988. 153p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- DAVIS, R.L. Report of the plant breeder. Report of the Puerto Rico Agricultural Experimentation Station, Rio Piedras, 1927, p.14-5.
- DAVIS, R.L. Maize crossing values in second generation lines. Journal of Agricultural Research, Islama Bad, 48: 339-59, 1934.
- DHILLON, B.S. The application of partial-diallel crosses in plant breeding - A. review. Crop Improvement, Ludhiana, Vol. 2, Nos. 1 e 2, 1975.
- DHILLON, B.S. Partial diallel cross in multienviroment. Biometrical Journal, Berlin, 20: 279-83, 1978.

- DHILLON, B.S. & SINGH, J. Evaluation of circulant partiall diallel crosses in maize. *Theoretical and Applied Genetics*, New York, 52: 29-37, 1978a.
- DHILLON, B.S. & SINGH, J. Evaluation of extended triangular partial diallel crosses. *Zeitschrift fuer Pflanzenzuechtung*, Berlin, 80: 311-9, 1978b.
- DHILLON, B.S. & SINGH, J. Evaluation of factorial partiall diallel crosses. *Crop Science*, Madison, 19: 192-5, 1979.
- DHILLON, B.S. & SINGH, J. Evaluation of circulant partiall diallel crosses. *Crop Improvement*, Ludhiana, 8: 7-15, 1981.
- DHILLON, B.S.; SINGH, J.; SINH, D. Genetic analysis of grain yield and maturity of maize populations. *Maydica*, Bergamo 21: 129-43, 1976.
- DONALD, C.M. The breeding of crop ideotypes. *Euphytica*, Dordrecht, 17: 385-403, 1968.
- DUNCAN, G.H.; WILLIAMS, W.A.; LOOMIS, R.S. Tassels and the productivity of maize. *Crop Science*, Madison, 7: 37-9, 1967.
- EAST, E.M. The distinction between development and heredity in inbreeding. *American Naturalist*, Chicago, 43: 173-81, 1909.

- FALCONER, D.S. *Introduction to quantitative genetics*. 2. ed. New York, Ronald Press, 1964. 365p.
- FANCELLI, A.L. & LIMA, U.A. *Milho; produção, pre-processamento e transformação agroindustrial*. São Paulo, Secretaria da Indústria, Comércio, Ciência e Tecnologia; Piracicaba, FEALQ, 1983. 112p. (Extensão agroindustrial, 5).
- FEDERER, W.J. Diallel cross designs and their relation to fractional replication. *Der Zuchter*, New York, 37: 174-8, 1967.
- FERRÃO, R.G.; SILVA, J.C.; CRUZ, C.F. Avaliação da capacidade combinatoria de oito linhagens de milho em sistema dialélico desbalanceado. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15., Maceió, 1984. *Anais*. Brasília, EMBRAPA/DDT/CNPMS, 1986. p.171-6. (EMBRAPA/CNPMS. Documento, 5).
- FYFE, J.L. & GILBERT, N. Partial diallel crosses. *Biometrics*, Alexandria, 19: 278-86, 1963.
- GAMA, E.E.G. & HALLAUER, A.R. Relation between inbred and hybrid traits in maize. *Crop Science*, Madison, 17: 703-6, 1977.

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

GARDNER, C.O. Simplified methods for estimating constants and computing sums of squares for a diallel cross analysis. *Fitotecnia Latinoamericana*, Caracas, 4: 1-12, 1967.

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

GARDNER, C.O. & PATERNIANI, E. A genetic model used to evaluate the breeding potential of open-pollinated varieties of corn. *Ciência e Cultura*, São Paulo, 19: 95-101, 1967.

GARDNER, C.O.; HARVEY, P.H.; COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F. Dominance of genes controlling quantitative characters in maize. *Agronomy Journal*, Madison, 45: 186-91, 1953.

GARRETSEN, F. & KEULS, M.A. A general method for the analysis of genetic variation in complete and incomplete diallel and North Carolina II (NCII) designs. Part II. Procedures and general formulas for the fixed model. *Euphytica*, Dordrecht, 27: 49-68, 1978.

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

GERALDI, I.O. & MIRANDA FILHO, J.B. de. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. *Brazilian Journal of Genetics*, Ribeirão Preto, 11(2): 419-30, 1988.

GERALDI, I.O.; MIRANDA FILHO, J.B. de.; VENCOVSKY, R. Estimates of genetic parameters for tassel characters in maize (Zea mays L.) and breeding perspectives. *Maydica*, Bergamo, 30: 1-14, 1985.

GIESBRECHT, J. The inheritance of ear height in Zea mays L. *Canadian Journal of Genetic and Cytology*, Quebec, 3: 26-33, 1961.

GONÇALVES, P. S. Esquema circulante de cruzamentos para avaliaço de linhagens de milho (Zea mays L.) ao nvel interpopulacional. Piracicaba, 1987. 140p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

GOODMAN, M.M. Estimatives of genetic variance in adapted and exotic populations of maize. *Crop Science*, Madison, 5: 87-90, 1965.

- GRIFFING, B.A. Concep of general and specific combinining ability in relation to diallel crossing systems. Australian Journal of Biology Science, Melbourne, 9: 463-93, 1956a.
- GRIFFING, B.A. A generalised treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. *Heredity*, Edinburgh, 10: 31-50, 1956b.
- HALLAUER, A.R. Third phase in the yield evaluation of synthetic of maize. *Crop Science*, Madison, 12: 16-8, 1972.
- HALLAUER, A.R. Relation of gene action and type of tester in maize breeding procedures. In: CORN AND SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 30., Washington, 1975. *Proceedings*. p.150-65.
- HALLAUER, A.R. & EBERHART, S.A. Evaluation of synthetic varieties of maize for yield. *Crop Science*, Madison, 6: 423-7, 1966.
- HALLAUER, A.R. & LOPEZ-PEREZ, E. Comparisons among testers for evaluating lines of corn. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 34., Washington, 1979. *Proceedings*. p.57-75.
- HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. de. *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames, Iowa State University Press, 1988. 468p.

- HALLAUER, A.R. & SEARS, J.H. Second phase in the evaluation of synthetic varieties of maize for yield. *Crop Science*, Madison, 8: 448-51, 1968.
- HAYES, H.K.; IMMER, F.R.; SMITH, D.C. *Plant breeding methods*. 2.ed. New York, McGraw-Hill Book Company, 1955. 551p.
- HAYMAN, B.I. The analysis of variance of diallel tables. *Biometrics*, Alexandria, 10: 235-44, 1954a.
- HAYMAN, B.I. The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, Chapel Hill, 39: 789-809, 1954b.
- HAYMAN, B.I. The theory and analysis of diallel crosses II. *Genetics*, Chapel Hill, 43: 63-85, 1958.
- HAYMAN, B.I. The theory and analysis of diallel crosses III. *Genetics*, Chapel Hill, 45: 155-72, 1960.
- HILLSON, M.T. & PENNY, L.H. Dry matter accumulation and moisture loss during maturation of corn grain. *Agronomy Journal*, Madison, 57: 150-3, 1965.
- HULL, F.H. Recurrent selection for spgcific combining ability in corn. *Journal of American Society of Agronomy*, Madison, 37: 134-45, 1945.

HUNTER, R.B.; DAYANARD, I.B.; HUME, D.J.; TANNER, J.W.;
CURTIS, J.D.; KANENBERG, L.W. Effect of tassel removal
on grain yield of corn (Zea mays L.). Crop Science,
Madison, 9: 450-6, 1969.

IDE, F. Avaliação da capacidade de combinação da
progênie S a S de milho (Zea mays L.) obtidas do
composto ESALQ VD-2. Piracicaba, 1983. 66p. (Mestra-
do - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/
USP).

JENKIS, M.T. Correlation studies with inbred and
crossbred strains of maize. Journal of Agricultural
Research, Washington, 39: 677-721, 1929.

JENKIS, M.T. Methods of estimating the performance of
double cross in corn. Journal of American Society of
Agronomy, Madison, 26: 199-204, 1934.

JENKIS, M.T. The effect of inbreeding and selection
within inbred lines of corn upon the hybrids made after
successive generations of selfing. Iowa State Journal
Science, Ames, 9: 429-50, 1935.

JENKIS, M.T. & BRUNSON, A.M. Methods of testing inbred
lines of maize in crossbred combinations. Journal of
American Society of Agronomy, Madison, 24: 523-30,
1932.

JOHNSON, I.J. & HAYES, H.K. The combining ability of inbred lines of Golden Bantam sweet corn. *Journal of American Society of Agronomy*, Madison, 26: 246-52, 1936.

JOHNSON, I.J. & LAMBERT, R.J. Tassel trivia: Little-known facts about corn. *Illinois Research*, Urbana, 17(4): 5, 1975.

JONES, D.F. The effects of inbreedings and crossbreeding upon developmet. New Harven, Connecticut Agricultural Experimentation Station, 1918. 100p. (Bulletin, 207).

JOSEPHSON, L.M. & KINGER, H.C. Selection for lower ear placement in two synthetic population of maize. *Crop Science*, Madison, 17: 499-502, 1977.

JUGENHEIMER, R.W. Maíz; variedades mejoradas, métodos de cultivo y producción de semillas. México, Limusa, 1981. 841p.

KEMPTHORNE, O. The theory of the diallel cross. *Genetics*, Chapel Hill, 41: 451-9, 1956.

KEMPTHORNE, O. An introduction to genetic statistics. 2.ed. Ames, Iowa State University Press, 1973. 545p.

KEMPTHORNE, O. & CURNOW, R.N. The partial ^{AL}diallel cross. *Biometrics*, Alexandria, 17: 229-50, 1961.

KEULS, M. & GARRETSEN, F. A general method for the analysis of genetic variation in complete and incomplete diallel and North Carolina II designs. Part. I Procedures and General formulas for the random model. *Euphytica*, Dordrecht, 26: 537-51, 1977.

LANDI, F.; CAMUSS, A.; VERDEIRO, A.; LORENZONI, C. Combining ability of early maize (Zea mays L.) inbred lines as evaluated under conditions of double cropping. *Maydica*, Bergamo, 31(4): 369-77, 1986.

LAVENDOWSKY, I.M.F. Alocação diferencial de recursos em populações de milho (Zea mays L.). Piracicaba, 1987. 87p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

LEITE, P.J.S. Respostas correlacionadas à seleção divergente para florescimento em um composto de milho (Zea mays L.). Piracicaba, 1985. 55p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

LIMA, M. Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho (Zea mays L.) ESALQ VD-2. Piracicaba, 1977. 71p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

LIMA, M. Análise de cruzamento intervarietais de milho (Zea mays L.) no esquema dialélico parcial. Piracicaba, 1982. 95p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

LIMA, M. & PATERNIANI, E. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em progênes de meios irmãos de milho (Zes mays L.) ESALQ VD-2 e suas implicações com o melhoramento. Relatório Científico do Instituto de Genética. ESALQ/USP, (13): 84-9, 1977.

LIMA, M.; MIRANDA FILHO, J.B. de.; GALLO, P.S. Inbreeding depression in Brazilian populations of maize (Zea mays L.). Maydica, Bergamo, 29(23): 203-15, 1984.

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

LINDSTROM, E.W. Prepotency of inbreed lines on commercial varieties of maize. Journal of American Society of Agronomy, Madison, 23: 652-61, 1931.

LONNQUIST, J.H. The development and performance of synthetic varieties of corn. Agronomy Journal, Madison, 41: 153-6, 1949.

LONNQUIST, J.H. The effect of selection for combining ability within segregating lines of corn. Agronomy Journal, Madison, 42: 503-8, 1950.

- LONNQUIST, J.H. & GARDNER, C.O. Heterosis in intervarietal crosses in maize and its implications in breeding procedures. *Crop Science*, Madison, 1: 179-83, 1961.
- LONNQUIST, J.H. & RUMBAUGH, M.D. Relative importance of test sequence for general and specific combining ability in corn breeding. *Agronomy Journal*, Madison, 50: 541-4, 1958.
- LORDELO, J.A.C. Parâmetros genéticos das populações de milho Piranão VD-2 e Piranão VF-1. Piracicaba, 1982. 63p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MACHADO, A.T. Avaliação de cruzamentos intervarietais de milho (*Zea mays* L.) utilizando o esquema dialélico parcial incompleto. Piracicaba, 1986. 121p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MANN, Ch.E.; POLLMER, W.G.; KEIN, D. Magnitude and stability over environments of reciprocal-cross differences on maize hybrids and their implications on maize breeding. *Maydica*, Bergamo, 26: 239-52, 1981.
- MARTIN, J.M. & HALLAUER, A.R. Seven cycles of reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. *Crop Science*, Madison, 20: 599-603, 1980.

- MARTINS, C.S. Potencial genético de linhagens e híbridos de duas populações de milho (Zea mays L.) braquítico. Piracicaba, 1986. 135p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MATZINGER, D.F. Comparison of three types of testers for evaluation of inbred lines corn. *Agronomy Journal*, Madison, 45: 493-5, 1953.
- MATZINGER, D.F.; SPRAGUE, G.F.; COCKERHAM, C.C. Diall crosses of maize in experiments repeated over locations and years. *Agronomy Journal*, Madison, 51: 346-50, 1959.
- MIRANDA FILHO, J.B. de. Cruzamentos dialélicos e síntese de compostos de milho (Zea mays L.) com ênfase na produtividade e no porte da planta. Piracicaba, 1974. 115p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MIRANDA FILHO, J.B. de. Avaliação de híbridos "cripticos" $S \times S$ entre duas populações de milho braquítico. Re-
0 0
latório Científico do Instituto de Genética. ESALQ/USP, Piracicaba, 13: 149-58, 1979.
- MIRANDA FILHO, J.B. de. Avaliação de híbridos intervarietais de milho no esquema de cruzamento dialélico parcial. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15., Maceió, 1984. *Anais*. Brasília, EMBRAPA/DDT/CNPMS, 1986. p.195-201. EMBRAPA/CNPMS. Documento, 5).

- MIRANDA FILHO, J.B. de & GERALDI, I.O. Um modelo para análise de cruzamentos dialélicos parciais. Relatório Científico do Instituto de Genética. ESALQ/USP, Piracicaba, (15): 50-60, 1980.
- MIRANDA FILHO, J.B. de & GERALDI, I.O. An adapted models for the analysis of partial diallel crosses. *Brazilian Journal of Genetics*, Ribeirão Preto, 7(4): 677-88, 1984.
- MIRANDA FILHO, J.B. de & MEIRELLES, W.F. Depressão por endogamia em progênies ¹S de duas populações de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., Belo Horizonte, 1986. *Anais*. Sete Lagoas, EMBRAPA/CNPMS, 1988. p.320-7. (EMBRAPA/CNPMS. Documento 6).
- MIRANDA FILHO, J.B. de. & VIEGAS, G.P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P. ed. *Melhoramento e produção de milho*. 2.ed. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1, cap.5, p.277-340.
- MIRANDA FILHO, J.B. de; PATERNIANI, E.; VENCovsky, R. Variância genética da altura da planta e da espiga em dois compostos de milho e suas implicações no melhoramento. Relatório Científico do Instituto de Genética. ESALQ/USP, Piracicaba, (8): 104-8, 1974.

- MIRANDA FILHO, J.B. de; VENCovsky, R.; PATERNIANI, E.
Variância genética aditiva da produção de grãos em dois
compostos de milho e sua implicação no melhoramento.
Relatório Científico do Instituto de Genética. ESALQ/
USP, Piracicaba, (6): 67-73, 1972.
- MOCK, J.J. & SCHUETZ, S.H. Inheritance of tassel branch
number in maize. *Crop Science*, Madison, 14: 885-8,
1974.
- MOLL, R.H. & HANSON, W.D. Comparisons of effects of
intrapopulation vs interpopulation selection in maize.
Crop Science, Madison, 24: 1047-52, 1984.
- MORAN, J.F.A. Avaliação do potencial genético de linhagens
e respectivos testadores obtidos de duas populações de
milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1984. 118p. (Mes-
trado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de
Queiroz"/USP).
- MORO, J.R.; V. NASPOLI FILHO, R. Introdução de novos
germoplasmas de milho no Brasil. *Pesquisa Agropecuária
Brasileira*, Brasília, 16: 867-82, 1961.
- MOSHI, A.J. Effects of selection for reduced plant height
in a tropical maize population. Minneapolis, 1982.
80p. (PH.D University of Minnesota). Apud *Dissertation
Abstracts International*. Ser.B., Ann Arbor, 43(8): 2412-
B, Feb. 1983. (Resumo).

NOTA, M.G.C. Potencialidade de um novo sistema de cruzamento a nível interpopulacional com progênies de meios-irmãos de milho (Zea mays L.). Piracicaba, 1984. 156p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

MULAMBA, N.N.; HALLAUER, A.R.; SMITH, O.S. Recurrent selection for grain yield in a maize population. *Crop Science*, Madison, 23: 536-40, 1983.

MURTHY, A.R.; KAJJARI, N.B.; GOUD, J.V. Diall analysis of yield and maturity components in maize. *Indian Journal of Genetic and Plant Breeding*, New Delhi, 41: 30-3, 1981.

OBILANA, A.T. & HALLAUER, A.R. Estimating of variability of quantitative traits in BSSS by using unselected inbred lines. *Crop Science*, Madison, 14: 99-103, 1974.

OSUNA, J.A.; ARAUJO, S.M.C. de; BANZATTO, D.A. Avaliação do tamanho do pendão em relação a alguns caracteres agronômicos em duas populações de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15., Maceió, 1984. *Anais*. Brasília, EMBRAPA/CNPMS, 1986. p.147-51. (EMBRAPA/CNPMS. Documento, 5).

PATERNIANI, E. Origem e comportamento do milho Piranão. Relatório Científico do Instituto de Genética. ESALQ/USP, Piracicaba, 12: 162-7, 1973.

- PATERNIANI, E. Estudos recentes sobre heterose. Campinas, Fundação Cargill, 1974. 36p. (Boletim, 1).
- PATERNIANI, E. Heterosis in intervarietal crosses of maize (Zea mays L.) and their advanced generations. Revista Brasileira de Genética, Riberão Preto, 3: 235-49, 1980.
- PATERNIANI, E. Influence of tassel size on ear placement in maize (Zea mays L.). Maydica, Bergamo, 26: 85-91, 1981.
- PATERNIANI, E. O tamanho do pendão e suas relações com a altura relativa e com a produtividade no ensaio nacional de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 14., Florianópolis, 1982. Resumos. p.36.
- PATERNIANI, E. & RISSI, R. Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos nas populações de Firanão A e Piranão B. Relatório Científico do Instituto de Genética. ESALQ/USP, Piracicaba, (10): 167-73, 1976.
- PATIL, S.J. Genetic analysis of resistance to Helminthosporium turcicum Pass. in relation to maturity yield and yield components in Zea mays L. Mysore Journal of Agricultural Science, Bangalore, 11: 425-6, 1977.
- PIMENTEL GOMES, F. Curso de estatística experimental. 12. ed. São Paulo, Nobel, 1987. 467p.

POEHLMAN, J.M. Mejoramiento genético de las cosechas.

Trad. de Nicolás Sánchez Durán. México, Limusa Wiley, 1971. 453p.

QUEIROZ, M.A. Correlações genéticas e fenotípicas em progênies de meios-irmãos de milho e suas implicações no melhoramento. Piracicaba, 1969. 71p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

RAWLINGS, J.C. & THOMPSON, D.L. Performance level as criterion for the choice of maize testers. *Crop Science*, Madison, 2: 217-20, 1962.

REGAZZI, A.J.; SILVA, J.C.; THIEBAUT, J.T.L.; OLIVEIRA, L.M. de; GALVÃO, J.D. Variâncias, covariâncias e correlações fenotípicas, genotípicas e genéticas aditivas num composto de milho (*Zea mays* L.). *Revista Ceres*, Viçosa, 27: 32-46, 1980.

RICHEY, F.D. Isolating better foundation inbreds for use in corn hybrids. *Genetics*, Chapel Hill, 30: 455-71, 1945.

RICHEY, F.D. Corn breeding gamete selection, the Aenothera method and isolated miscellany. *Journal of American Society of Agronomy*, Madison, 39: 403-12, 1947.

- RISSI, R. Estimação de parâmetros genéticos em duas subpopulações da variedade de milho (Zea mays L.) Piranão. Piracicaba, 1980. 87p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- RISSI, R. & PATERNIANI, E. Estimates of genetics parameter in two sub-populations of the variety of maize (Zea mays L.) Piranão. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 4: 579-92, 1981.
- ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Genotypic and phenotypic correlations in corn and their implications in selections. *Agronomy Journal*, Madison, 43: 282-7, 1951.
- ROJAS, B.A. & SPRAGUE, G.F. A comparison of variance components in corn yield trials; III. General and specific combining ability and their interaction With locations and years. *Agronomy Journal*, Madison, 44: 462-6, 1952.
- RUAS, P.M. Influencia dos cromossomos B sobre o tempo para o florescimento em milho (Zea mays L.). Piracicaba, 1983. 118p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- RUSSELL, W.A. Development and evaluation of maize inbred lines. In: CORN AND SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 23., Washigton, 1968. *Proceedings*. p.37-44.

RUSSELL, W.A. Hybrid performance of maize inbred lines selected by testcross performance in low and high plant densities. Crop Science, Madison, 9: 185-8, 1969.

RUSSELL, W.A. Obtenção e avaliação de linhagens de milho. Campinas, Fundação Cargill, 1975. 53p.

SAMPAIO, N.F. Propriedades genéticas e potencial para o melhoramento dos compostos de milho (Zea mays L.) ESALQ PB-4 e ESALQ PB-5. Piracicaba, 1986. 105p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

SANFORD, J.O.; GROGAN, C.O.; JORDAN, H.V.; SARVELLA, P.A. Influence of male-sterility on nitrogen utilization in corn, Zea mays L. Agronomy Journal, New York, 57: 580-3, 1965.

SCHMIDT, J. La valeur de l'individu à titre de générateur apprécié suivant la méthode du croisement dialléle. Comptes Renduns Lab., Carlsberg. 14(633): 1919.

SCHUETZ, S.H. & MOCK, J.J. Genetics of tassel branch number in maize and its implications for a selection program for small tassel size. Theoretical and Applied Genetics, Berlin, 53: 265-71, 1978.

SETTY, N.A. Genic architecture of yield and its components in Zea mays L. Mysore Journal of Agricultural Science, Bangalore, 2: 356-7, 1975.

SHEHATA, A.H.; SALAMA, S.I.; KHALIFA, M.A. Estimates of maturity and their implications to yield improvement in maize. *Egyptian Journal of Genetics and Citology*. Giza, 5: 248-56, 1976.

SHULL, G.H. A prove line method of corn breeding. *American Breeders Association Report*, Washington, 5: 51-9, 1909.

SINGH, J.; DHILLON, B.S.; JOSHI, G.S.S. A comparative study of three sampling schemes of partial diallel crosses. *Crop Improvement*, Ludhiana, 11(1): 10-4, 1984.

SINGLETON, W.R. & NELSON, O.E. The improvement of naturally cross-pollinated plants by selection in self-fertilized lines. IV. Combining ability of successive generation of inbred sweet corn. New Haven, Connecticut Experiment Station, 1945. p.458-98. (Bulletin, 490).

SMITH, C.S.; MOCK, J.J.; CROSBIE, T.M. Variability for morphological traits associated with barrenness and grain yield in the maize population, Iowa Upright Leaf Synthetic 1. *Crop Science*, Madison, 22: 328-32, 1982.

SOAREZ FILHO, W. dos S. & MIRANDA FILHO, J.B. de. Milhos braquíticos; perspectivas de melhoramento relativas às populações Piranão VD-2B e Piranão VF-1B. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., Belo Horizonte, 1986. *Anais*, Sete Lagoas, EMBRAPA/CNPMS, 1988. p.342-50.

- SOUZA, JR. C.L. Análise de cruzamentos dialélicos e predição de compostos de milho (Zea mays L.) braquítico. Piracicaba, 1981. 102p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SOUZA, JR. C.L. & MIRANDA FILHO, J.B. de. Alterações na heterose via seleção intra e interpopulacional. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, 20(10): 1197-201, out. 1985.
- SOUZA, JR. C.L.; GERALDI, I.O.; ZINSKY, J.R. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de alguns caracteres na população de milho (Zea mays L.) Suwan. Relatório Científico do Instituto de Genética. ESALQ/USP, Piracicaba, 14: 139-45. 1980.
- SPRAGUE, G.F. An estimation of the number of top-crossed plants required for adequate representation of a corn variety. Journal of American Society of Agronomy, Madison, 31: 11-6, 1939.
- SPRAGUE, G.F. Early testing of inbred lines of corn. Journal of American Society of Agronomy, Madison, 38: 108-17, 1946.
- SPRAGUE, G.F. & EBERHART, S.A. Corn breeding. In: SPRAGUE, G.F., coord. Corn and corn improvement. Madison, American Society Agronomy, 1977. p.305-54.

SPRAGUE, G.F. & TATUM, L.A. General and specific combining ability in single crosses of corn. *Journal of American Society of Agronomy*, Madison, 34: 923-32, 1942.

STEEL, R.G.D. & TORRIE, J.H. *Principles and procedures of statistics*. New York, McGraw-Hill, 1960. 481p.

SZUNDY, T. & KOVACS, I. Correlation between certain characters for earliness in hybrids produced on systematic heterozygous series. *Maize Genetics Cooperation Newsletter*, Columbia, 55: 73-5, 1981.

TAVARES, F.C.A. & ZINSLY, J.R. Correlações fenotípicas em variedades de milho e respectivos híbridos. Relatório Científico do Instituto de Genética. ESALQ/USP, Piracicaba, (5): 159-67, 1971.

TOSELLO, G.A. & GERALDI, I.O. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para caracteres da planta e da qualidade, do grão na população de milho ESALQ VD opaco. Relatório Científico do Instituto de Genética. ESALQ/USP, Piracicaba, (14): 183-9, 1980.

TROYER, A.F. & BROWN, W.L. Selection for early flowering in corn. *Crop Science*, Madison, 12(3): 301-4, 1972.

TROYER, A.F. & HALLAUER, A.R. Analysis of a diallel set of early flint varieties of maize. *Crop Science*, Madison, 8: 581-4, 1968.

VALOIS, A.C.C. & VENCOVSKY, R. Efeito da seleção massal entratificada em duas populações de milho e na heterose dos seus cruzamentos. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, 18(10): 1099-107, out. 1983.

VASCO, A. Comportamiento agronómico de nuevas variedades de maíz (Zea mays L.) en diferentes localidades del Litoral ecuatoriano. Portoviejo, 1981. 92p. (Graduación - Universidad Técnica de Manabí).

VASCO, A. & PANDEY, S. Identificación de diferentes germoplasmas de maíz en base a su adaptación a la Zona Central del Litoral y heterosis entre ellos para la formación de híbridos. In: REUNION DE MAICEROS DE LA ZONA ANDINA, 12. 1986. Memórias. Quito, INIAP, 1986. p.165-79.

VELASQUEZ, R.; POEY, F.; CORDOVA, R. Eficiencia relativa de la formación de híbridos de maíz en familias de hermanos completos de diferente origen genético. In: REUNION ANUAL DEL PCCMCA, 25., Tegucigalpa, 1979. 9p.

VENCOVSKY, R. Análise de cruzamentos dialélicos entre variedades pelo método de GARDNER e EBERHART. Relatório Científico do Instituto de Genética. ESALQ/USP, Piracicaba, (3): 99-111, 1969.

- VENCOVSKY, R. Alguns aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos de variedades. Piracicaba, 1970. 59p. (Livre Docência - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E., Coord. Melhoramento e produção de milho no Brasil. Campinas, Fundação Cargill, 1978. p.122-201.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., ed. Melhoramento e produção de milho. 2.ed. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1, cap. 5, p.137-214.
- VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J.B.de; SOUZA JR, C.L. Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., Raleigh, 1987. **Proceedings**, edited by WEIR B.S.; EISEN E.J.; GOODMAN M.M. Sunderland, Sinauer Associates, 1988. p.465-77.
- VIANNA, R.T.; GAMA, E.E.G.; NASPOLI FILHO, V.; MORO, J.R.; VENCOVSKY, R. Inbreeding depression of several introduced populations of maize (Zea mays L.). Maydica, Bergamo, 27: 151-7, 1982.
- WELLHAUSEN, E.J. Modern corn breeding and production in México. **Phytopathology**, Saint Paul, 44: 391-5, 1954.

WELLHAUSSEN, E.J. & WORTMAN, L.S. Combining ability of S¹ and derived S lines of corn. *Agronomy Journal*, Madison, 46: 86-9, 1954.

YANG, Y.K. A study on the nature of genes controlling hybrid vigor, as it affects silking time and height in maize. *Agronomy Journal*, Madison, 41: 309-12, 1949.

ZAMBEZI, B.T.; HORNER, E.S.; MARTIN, F.G. Inbred lines as testers for general combining ability in maize. *Crop Science*, Madison, 26(5): 908-10, 1986.

APENDICES

Tabela A-1. Médias de dias para florescimento feminino (FF) de híbridos de linhagens em quatro conjuntos (níveis de endogamia) e testemunhas em cinco localidades. 1988/89.

HÍBRIDOS E TESTEMUNHAS	LOCAL 1				LOCAL 2				LOCAL 3				LOCAL 4				LOCAL 5			
	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄
1 x 1'	52,5	52,5	53,5	53,0	58,0	60,0	59,7	59,0	60,3	60,0	60,3	60,3	62,3	63,2	63,3	64,0	71,3	71,0	72,3	71,7
2 x 1'	55,0	52,0	53,5	55,0	60,7	59,3	60,0	59,3	60,7	59,7	60,0	61,3	62,7	61,3	62,3	61,7	72,0	69,3	69,7	69,0
3 x 1'	52,5	52,5	54,5	53,0	58,7	59,7	59,0	60,0	61,3	61,7	59,7	61,0	62,0	62,7	62,7	63,0	69,0	65,3	68,0	70,0
4 x 1'	54,5	52,5	53,5	52,5	58,7	59,3	61,0	59,0	62,3	60,3	61,3	60,7	62,7	61,7	62,7	61,7	69,7	71,0	71,0	69,7
5 x 1'	54,5	54,0	56,0	54,5	60,0	60,7	61,0	59,7	62,0	61,7	62,7	64,0	63,3	63,7	64,3	64,0	74,0	72,0	73,7	73,3
6 x 1'	53,5	53,0	55,0	53,0	60,0	60,3	60,0	59,0	61,3	62,3	62,0	61,3	65,3	64,0	64,0	62,7	73,0	73,7	74,7	72,0
7 x 1'	54,5	54,5	54,5	53,5	59,7	60,3	60,3	59,0	63,3	61,3	61,0	62,3	62,7	62,0	63,7	62,3	71,0	71,3	71,0	70,3
1 x 2'	54,0	53,0	53,5	52,5	59,3	58,0	59,3	59,7	57,7	58,0	59,0	58,7	61,3	60,3	62,7	62,3	71,3	71,3	70,7	72,0
2 x 2'	55,0	52,5	53,0	53,0	59,7	56,7	59,3	58,7	62,3	58,0	58,0	60,3	61,0	79,3	61,0	78,7	71,3	67,0	71,7	68,0
3 x 2'	54,5	53,5	53,0	53,5	58,0	59,0	59,0	59,0	60,3	60,0	59,3	60,3	61,3	62,0	62,3	61,3	70,7	67,3	69,0	70,0
4 x 2'	53,0	52,5	52,0	52,5	58,3	57,3	57,3	58,0	62,3	58,3	57,7	60,3	61,0	61,0	60,7	60,7	74,3	70,3	71,0	68,0
5 x 2'	55,0	52,0	55,5	55,5	60,3	58,0	62,3	59,3	61,3	58,0	63,0	62,7	62,7	61,3	64,3	63,7	74,3	70,0	75,0	71,3
6 x 2'	56,0	51,5	55,0	52,0	59,7	59,3	58,7	58,0	63,3	59,0	59,0	58,7	64,0	61,7	61,7	61,0	75,0	70,3	71,7	72,0
7 x 2'	55,0	51,0	53,0	52,5	58,3	58,0	58,7	59,0	60,3	59,0	59,3	59,0	61,7	79,7	61,7	78,7	72,3	70,7	73,3	66,7
1 x 3'	53,5	53,5	54,0	53,0	58,3	58,0	59,3	58,7	60,0	59,0	59,7	58,7	61,3	61,7	62,0	60,3	72,3	68,7	73,0	68,3
2 x 3'	53,5	51,0	55,0	52,0	59,0	58,0	59,7	57,7	59,0	60,3	61,3	57,3	61,7	79,7	79,7	78,3	72,0	70,7	70,0	67,3
3 x 3'	54,5	54,5	53,0	52,0	59,3	59,0	59,7	58,3	59,3	61,3	60,0	57,3	62,7	62,7	62,3	79,0	75,3	71,3	70,7	67,0
4 x 3'	54,5	51,5	53,0	53,0	57,7	58,3	58,7	59,3	59,3	60,3	60,0	57,7	62,0	61,0	62,0	78,7	71,0	70,3	68,0	65,3
5 x 3'	55,0	52,5	55,0	53,5	60,7	59,0	60,3	59,7	61,7	60,7	62,0	60,3	63,3	61,0	62,0	83,0	75,3	70,7	72,7	69,3
6 x 3'	54,0	52,0	58,0	52,0	59,7	59,0	60,0	58,3	62,7	60,7	61,3	57,3	63,7	63,7	62,0	80,7	70,0	71,0	72,7	66,7
7 x 3'	54,0	52,0	52,5	53,5	59,7	59,3	59,7	57,0	59,0	60,7	59,0	59,0	61,7	60,7	61,0	80,7	70,7	71,3	70,7	66,3
1 x 4'	52,5	51,5	52,5	55,5	57,3	59,0	59,0	60,0	59,3	59,3	58,7	61,0	61,0	61,7	62,0	83,3	69,3	71,0	72,0	73,7
2 x 4'	53,0	61,5	52,5	53,5	59,3	59,3	59,7	59,7	62,0	59,0	59,0	63,3	79,7	61,3	61,7	81,7	70,7	70,7	70,0	71,7
3 x 4'	53,5	52,5	52,5	53,5	58,7	59,3	58,7	60,3	58,0	59,7	59,7	60,7	60,7	61,3	62,3	83,0	68,3	70,0	69,0	70,3
4 x 4'	53,5	52,0	52,0	54,0	58,0	58,3	59,0	59,0	57,0	58,7	58,3	61,3	79,3	60,7	61,3	81,7	69,3	71,0	68,7	70,3
5 x 4'	54,5	53,0	54,5	55,0	60,0	59,7	60,7	60,0	61,3	59,7	62,0	62,7	62,3	62,3	64,0	83,3	73,3	70,7	73,7	74,3
6 x 4'	54,5	52,0	54,5	54,5	61,0	60,0	60,3	59,7	61,0	60,3	60,3	63,0	63,7	62,7	62,3	84,0	75,3	72,0	71,0	72,3
7 x 4'	53,0	52,5	52,0	53,0	59,0	58,7	59,3	59,0	58,0	59,7	58,3	61,3	61,7	61,3	61,0	82,7	72,7	69,3	70,3	69,7
1 x 5'	53,5	51,0	52,0	53,5	58,3	59,0	57,3	59,0	58,7	59,3	57,0	60,3	61,0	60,7	60,0	83,0	69,3	72,3	67,3	72,3
2 x 5'	54,0	52,5	52,0	54,0	59,3	57,7	58,3	60,0	61,7	60,3	57,7	60,7	79,7	61,3	61,3	82,3	70,0	69,7	69,0	70,7
3 x 5'	53,0	53,5	52,5	54,0	60,0	59,0	59,0	59,3	59,7	60,3	58,0	61,0	60,7	61,3	61,0	83,0	69,7	69,0	69,8	70,3
4 x 5'	52,0	52,0	53,5	52,5	58,7	57,7	58,7	58,7	58,0	60,0	57,3	60,7	60,7	61,7	79,3	82,3	69,7	70,0	68,3	72,0
5 x 5'	53,0	53,5	54,0	55,0	60,7	59,7	59,3	60,0	59,7	61,3	60,0	61,3	64,0	62,3	63,3	83,7	72,0	73,3	71,0	72,7
6 x 5'	53,5	53,0	52,5	52,5	58,7	60,7	58,3	58,0	61,0	60,7	59,7	60,0	62,3	62,3	61,0	82,3	73,0	71,7	70,3	72,7
7 x 5'	54,0	54,0	52,5	53,0	60,3	59,3	57,3	58,7	60,3	59,0	58,3	60,7	63,0	61,7	60,7	81,0	72,3	69,7	68,0	70,0
1 x 6'	52,5	52,0	53,0	53,5	58,7	58,7	59,7	59,0	60,3	59,7	59,0	61,0	61,3	61,3	61,3	82,3	70,7	70,0	70,7	71,3
2 x 6'	54,0	52,0	53,5	54,5	60,0	57,3	60,0	59,0	60,7	57,3	59,7	61,3	61,0	79,3	61,0	80,0	72,3	69,3	71,0	66,0
3 x 6'	54,0	53,0	53,0	55,0	60,0	58,7	60,7	59,3	61,7	58,0	60,0	61,7	61,7	61,7	62,7	81,7	68,3	69,3	69,7	70,0
4 x 6'	52,5	52,0	53,0	55,0	58,0	58,0	59,3	58,3	57,3	61,3	58,7	61,7	60,3	61,0	60,7	81,7	68,7	67,3	70,0	66,3
5 x 6'	54,5	53,0	53,5	55,0	59,3	58,3	59,7	60,0	60,3	59,0	62,0	62,3	63,0	61,0	62,0	83,7	75,0	71,7	74,0	72,0
6 x 6'	54,5	53,5	53,5	52,5	60,3	59,7	60,7	59,0	61,3	60,7	60,7	61,3	64,3	63,7	62,3	82,3	71,7	72,3	72,7	71,7
7 x 6'	61,5	63,0	52,0	54,0	60,3	59,3	60,3	58,3	59,7	58,0	58,3	59,3	61,3	60,7	79,3	81,7	74,7	70,7	68,7	67,7
1 x 7'	51,5	52,0	53,5	53,5	59,0	59,0	61,0	60,7	61,3	60,7	61,0	59,3	62,3	62,7	62,7	83,0	72,0	69,7	71,3	69,7
2 x 7'	51,5	52,0	53,0	53,0	59,3	59,3	59,3	60,0	62,7	60,3	61,3	62,0	62,0	79,7	61,7	80,3	72,7	70,7	69,7	69,0
3 x 7'	54,0	52,5	55,5	53,5	59,3	58,7	60,7	59,3	60,7	61,0	61,3	61,0	63,0	61,3	63,0	82,3	68,3	69,7	67,7	69,0
4 x 7'	53,5	53,0	52,5	52,5	59,0	59,0	59,7	59,0	59,0	59,3	61,3	60,0	62,0	62,3	61,7	81,0	68,3	69,3	69,3	67,0
5 x 7'	55,0	52,5	56,0	54,5	60,7	60,0	62,3	60,3	61,0	61,0	63,3	63,7	63,7	63,3	64,0	83,0	73,3	72,0	72,7	73,7
6 x 7'	53,5	54,5	54,5	54,0	60,3	61,3	60,7	59,7	62,7	61,3	61,3	62,0	64,0	63,7	64,0	83,0	72,3	72,0	70,0	73,0
7 x 7'	54,5	53,0	53,5	52,5	59,7	60,3	60,0	59,3	62,0	60,7	60,7	59,3	64,3	63,0	61,3	81,0	72,0	70,7	73,7	69,0
P. Rica 8024	55,5	53,5	56,0	55,5	66,7	59,3	60,0	60,3	61,0	62,0	62,3	62,3	63,0	62,3	63,0	83,7	73,0	73,3	75,0	73,0
Pichill.7928	54,5	54,0	53,5	52,5	60,7	59,0	61,0	58,3	61,3	60,7	60,0	60,3	62,3	63,0	61,7	83,0	67,3	68,3	69,3	69,3
PR 8024xP1.7928	53,0	54,5	53,5	54,5	60,0	58,3	59,3	59,3	59,7	59,3	60,0	60,3	62,0	60,3	61,7	82,0	70,0	69,7	71,0	71,0
INIAP H 550	56,0	54,0	55,5	55,0	60,3	60,0	60,7	59,3	62,7	62,0	61,7	63,0	63,0	62,7	62,3	82,3	71,3	70,3	70,0	71,0
Cargill 511	56,5	55,5	57,0	57,0	63,3	61,3	62,0	64,0	64,3	64,0	63,7	64,3	65,0	63,7	65,0	85,0	75,0	75,3	71,7	75,3
Média	54,5	53,4	54,3	54,2	60,0	59,3	60,1	59,6	61,2	60,8	60,7	61,3	62,6	62,0	62,4	62,6	71,4	70,8	71,1	71,0

Localidades: 1. INIAP/Equador. 2. CIAT/Colômbia; 3. ESALQ/Brasil; 4. CIMMYT/México e 5. EMBRAPA/Brasil.

C₁, C₂, C₃ e C₄: Conjuntos representativos dos cruzamentos S₁ x S₁, S₂ x S₂, S₃ x S₃ e S₄ x S₄, respectivamente.

Tabela A-2. Médias de dias para altura da planta (AP) em m/planta de híbridos de linhagens em quatro conjuntos (níveis de endogamia) e testemunhas em cinco localidades. 1988/89.

HÍBRIDOS E TESTEMUNHAS	LOCAL 1				LOCAL 2				LOCAL 3				LOCAL 4				LOCAL 5			
	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄
1 x 1'	2,40	2,64	2,78	2,63	2,47	2,45	2,53	2,53	2,03	1,98	2,18	2,06	1,56	1,58	1,73	1,69	2,18	2,10	2,23	2,28
2 x 1'	2,46	2,50	2,74	2,50	2,25	2,37	2,42	2,53	2,11	2,07	2,07	2,10	1,51	1,47	1,60	1,72	2,10	2,10	2,37	2,43
3 x 1'	2,47	2,60	2,54	2,53	2,40	2,38	2,45	2,48	2,02	2,09	2,17	2,16	1,55	1,62	1,73	1,69	2,12	2,13	2,23	2,20
4 x 1'	2,38	2,60	2,68	2,74	2,32	2,40	2,42	2,48	1,98	1,97	2,14	2,12	1,59	1,59	1,86	1,74	2,12	2,00	2,42	2,35
5 x 1'	2,59	2,62	2,71	2,62	2,47	2,42	2,45	2,48	1,98	2,00	2,10	2,04	1,62	1,62	1,62	1,61	2,20	2,10	2,27	2,17
6 x 1'	2,44	2,58	2,72	2,62	2,30	2,35	2,45	2,40	1,99	2,07	2,04	1,93	1,47	1,66	1,61	1,58	2,05	2,20	2,33	2,22
7 x 1'	2,34	2,54	2,58	2,41	2,30	2,47	2,30	2,37	1,89	1,98	2,00	2,02	1,54	1,61	1,56	1,50	2,25	2,18	2,25	2,05
1 x 2'	2,34	2,55	2,36	2,47	2,42	2,52	2,28	2,25	2,00	1,96	1,96	1,78	1,60	1,50	1,49	1,51	2,03	2,07	2,25	2,08
2 x 2'	2,32	2,47	2,52	2,64	2,25	2,33	2,35	2,38	1,88	1,88	1,90	1,87	1,57	1,51	1,51	1,57	2,10	2,15	2,07	2,05
3 x 2'	2,46	2,40	2,51	2,48	2,38	2,35	2,30	2,35	1,95	1,86	1,97	1,92	1,67	1,56	1,57	1,54	2,13	1,92	2,12	1,98
4 x 2'	2,39	2,60	2,41	2,39	2,37	2,40	2,30	2,42	1,93	1,92	1,93	1,84	1,56	1,58	1,59	1,52	2,03	1,97	2,23	2,03
5 x 2'	2,42	2,59	2,50	2,42	2,40	2,43	2,20	2,32	1,99	1,91	2,02	1,76	1,64	1,55	1,52	1,41	2,18	2,05	2,30	2,17
6 x 2'	2,45	2,44	2,37	2,27	2,27	2,23	2,38	2,13	1,90	1,79	1,88	1,70	1,53	1,55	1,48	1,39	2,07	2,10	2,17	1,88
7 x 2'	2,45	2,56	2,36	2,38	2,32	2,25	2,29	2,28	1,90	1,88	1,75	1,84	1,63	1,53	1,51	1,43	2,25	2,22	2,05	2,03
1 x 3'	2,36	2,44	2,38	2,46	2,25	2,38	2,23	2,42	1,76	1,92	1,98	1,85	1,51	1,58	1,39	1,51	1,98	2,10	2,17	2,08
2 x 3'	2,42	2,44	2,44	2,42	2,22	2,33	2,27	2,45	2,05	1,84	2,03	2,02	1,54	1,51	1,51	1,55	2,07	2,10	2,22	2,03
3 x 3'	2,39	2,52	2,36	2,42	2,40	2,37	2,32	2,33	2,05	1,84	2,03	2,01	1,58	1,57	1,45	1,58	2,27	2,37	2,22	2,18
4 x 3'	2,42	2,64	2,46	2,44	2,25	2,33	2,33	2,46	1,86	1,95	1,99	2,05	1,50	1,58	1,40	1,66	2,03	2,05	2,20	2,22
5 x 3'	2,33	2,40	2,47	2,42	2,33	2,33	2,30	2,38	1,95	1,81	1,91	1,92	1,60	1,48	1,53	1,50	2,15	2,05	2,07	2,07
6 x 3'	2,37	2,40	2,52	2,51	2,27	2,40	2,30	2,30	1,96	1,90	1,95	1,80	1,55	1,45	1,48	1,51	2,18	2,17	2,28	1,98
7 x 3'	2,42	2,56	2,30	2,31	2,17	2,42	2,27	2,38	1,98	1,88	1,83	1,84	1,55	1,55	1,39	1,62	2,13	2,05	2,03	2,03
1 x 4'	2,40	2,44	2,44	2,48	2,28	2,33	2,37	2,40	1,81	1,98	1,91	1,87	1,51	1,52	1,52	1,53	1,97	2,12	2,12	2,10
2 x 4'	2,37	2,50	2,46	2,47	2,30	2,30	2,20	2,55	1,81	1,95	2,02	2,05	1,57	1,56	1,48	1,62	2,10	2,07	2,18	2,35
3 x 4'	2,42	2,40	2,38	2,54	2,38	2,40	2,40	2,42	1,89	1,87	2,07	2,04	1,61	1,52	1,66	1,64	2,30	2,05	2,30	2,30
4 x 4'	2,51	2,58	2,38	2,54	2,37	2,43	2,38	2,47	1,98	2,06	2,03	1,99	1,67	1,60	1,68	1,64	2,12	2,07	2,17	2,18
5 x 4'	2,36	2,62	2,44	2,38	2,32	2,35	2,35	2,40	1,99	1,96	2,00	1,89	1,48	1,56	1,66	1,60	2,27	2,13	2,25	2,12
6 x 4'	2,48	2,46	2,39	2,20	2,35	2,30	2,23	2,20	1,98	2,02	1,86	1,73	1,54	1,51	1,55	1,52	1,98	2,12	2,22	2,00
7 x 4'	2,38	2,48	2,36	2,36	2,27	2,37	2,22	2,25	1,98	1,96	1,85	1,82	1,58	1,55	1,55	1,49	2,18	2,13	2,13	2,05
1 x 5'	2,48	2,54	2,68	2,44	2,40	2,35	2,32	2,37	1,98	2,02	2,00	2,02	1,54	1,55	1,55	1,62	2,15	1,95	2,13	2,12
2 x 5'	2,19	2,46	2,45	2,62	2,18	2,30	2,30	2,43	1,83	2,02	2,03	2,12	1,57	1,50	1,55	1,50	2,10	2,30	2,23	2,35
3 x 5'	2,44	2,48	2,46	2,62	2,32	2,33	2,35	2,40	2,06	1,86	1,95	1,99	1,68	1,57	1,61	1,68	2,15	2,25	2,20	2,30
4 x 5'	2,44	2,59	2,53	2,43	2,38	2,27	2,30	2,50	1,91	1,92	2,04	2,00	1,61	1,59	1,61	1,73	2,10	2,08	2,17	2,17
5 x 5'	2,56	2,48	2,45	2,42	2,35	2,42	2,25	2,43	2,04	1,97	1,98	2,00	1,55	1,61	1,50	1,59	2,23	2,25	2,28	2,28
6 x 5'	2,35	2,42	2,58	2,39	2,30	2,40	2,38	2,27	1,93	1,99	2,01	1,86	1,51	1,47	1,53	1,50	2,07	2,07	2,05	2,12
7 x 5'	2,38	2,45	2,40	2,42	2,35	2,25	2,25	2,22	1,91	1,88	1,93	1,86	1,53	1,58	1,47	1,47	2,17	1,93	2,07	2,08
1 x 6'	2,56	2,66	2,51	2,68	2,40	2,50	2,47	2,42	1,99	2,07	2,06	2,09	1,60	1,69	1,60	1,61	2,20	2,22	2,28	2,15
2 x 6'	2,42	2,72	2,35	2,56	2,40	2,43	2,48	2,48	2,00	2,14	2,07	2,04	1,65	1,60	1,62	1,72	2,23	2,15	2,30	2,30
3 x 6'	2,36	2,52	2,68	2,48	2,37	2,48	2,38	2,42	2,00	1,94	2,09	2,06	1,70	1,69	1,62	1,66	2,18	2,18	2,20	2,28
4 x 6'	2,60	2,69	2,51	2,52	2,38	2,52	2,30	2,47	2,12	2,08	2,17	2,19	1,59	1,65	1,71	1,74	2,05	2,20	2,28	2,42
5 x 6'	2,44	2,70	2,70	2,50	2,47	2,52	2,42	2,45	2,13	2,03	2,05	2,04	1,61	1,70	1,69	1,61	2,22	2,27	2,17	2,28
6 x 6'	2,46	2,54	2,56	2,24	2,37	2,43	2,30	2,22	2,10	2,03	1,93	1,77	1,53	1,64	1,59	1,55	2,22	2,32	2,25	2,02
7 x 6'	2,48	2,47	2,52	2,35	2,25	2,42	2,27	2,47	1,95	1,96	1,94	1,97	1,62	1,66	1,56	1,52	2,18	2,15	2,10	2,15
1 x 7'	2,46	2,50	2,44	2,39	2,32	2,32	2,30	2,47	1,94	1,97	1,90	2,01	1,56	1,56	1,53	1,65	2,07	2,17	2,07	2,27
2 x 7'	2,50	2,50	2,41	2,74	2,27	2,40	2,32	2,67	1,96	1,96	2,00	2,21	1,48	1,51	1,44	1,58	2,17	2,20	2,28	2,30
3 x 7'	2,50	2,40	2,48	2,72	2,33	2,37	2,37	2,52	2,07	1,98	2,04	2,19	1,67	1,58	1,69	1,68	2,18	2,08	2,20	2,13
4 x 7'	2,41	2,40	2,62	2,70	2,35	2,38	2,40	2,38	2,12	2,05	2,05	2,10	1,58	1,60	1,56	1,67	2,00	1,95	2,30	2,17
5 x 7'	2,60	2,64	2,56	2,59	2,50	2,45	2,35	2,45	2,09	2,05	2,01	2,03	1,70	1,62	1,54	1,52	2,28	2,22	2,12	2,15
6 x 7'	2,32	2,40	2,62	2,54	2,38	2,42	2,32	2,40	1,91	2,14	1,80	1,99	1,52	1,53	1,47	1,56	2,10	2,07	2,15	2,03
7 x 7'	2,31	2,44	2,38	2,56	2,27	2,40	2,33	2,48	2,00	1,95	1,84	1,93	1,54	1,59	1,51	1,56	2,10	2,02	2,13	2,03
Pusa Nica 8024	2,40	2,66	2,50	2,46	2,30	2,42	2,32	2,27	1,95	1,95	1,95	1,93	1,48	1,54	1,48	1,44	2,00	2,08	2,13	2,18
Pichilin. 7928	2,38	2,38	2,32	2,42	2,22	2,28	2,28	2,42	1,91	1,96	1,82	1,86	1,53	1,45	1,36	1,43	1,92	1,83	2,15	2,15
PR 8024/AP1. 7928	2,46	2,50	2,51	2,40	2,37	2,32	2,32	2,30	1,96	1,99	1,95	1,91	1,35	1,57	1,55	1,58	2,18	2,02	2,27	2,18
INIAP H 550	2,54	2,50	2,50	2,41	2,40	2,45	2,40	2,55	2,14	2,09	1,98	1,95	1,61	1,57	1,63	1,63	2,18	2,38	2,32	2,28
Cargill 511	2,62	2,56	2,69	2,55	2,42	2,48	2,43	2,47	2,12	2,14	2,11	2,07	1,62	1,73	1,64	1,53	2,28	2,35	2,45	2,15
Média	2,43	2,52	2,50	2,49	2,34	2,38	2,34	2,40	1,97	1,97	1,99	1,97	1,57	1,57	1,57	1,58	2,13	2,12	2,20	2,16

Localidades: 1. INIAP/Equador; 2. CIAT/Colômbia; 3. ESALQ/Brasil; 4. CIMMYT/México e 5. EMBRAPA/Brasil.

C₁, C₂, C₃ e C₄: Conjuntos representativos dos cruzamentos S₁ x S₁, S₂ x S₂, S₃ x S₃ e S₄ x S₄, respectivamente.

Tabela A-3. Médias de dias para altura da espiga (AE) em m/planta de híbridos de linhagens em quatro conjuntos (níveis de endogamia) e testemunhas em cinco localidades, 1988/89.

HÍBRIDOS E TESTEMUNHAS	LOCAL 1				LOCAL 2				LOCAL 3				LOCAL 4				LOCAL 5			
	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄
1 x 1'	1,23	1,37	1,34	1,36	1,23	1,25	1,32	1,42	1,07	1,05	1,15	1,09	0,77	0,76	0,81	0,84	1,18	1,17	1,07	1,27
2 x 1'	1,20	1,20	1,31	1,28	1,13	1,30	1,32	1,37	1,12	1,06	1,08	1,12	0,78	0,72	0,76	0,83	1,18	1,20	1,18	1,27
3 x 1'	1,16	1,30	1,26	1,28	1,28	1,37	1,40	1,32	1,02	1,12	1,14	1,13	0,75	0,84	0,88	0,82	1,20	1,28	1,37	0,93
4 x 1'	1,23	1,34	1,32	1,34	1,33	1,27	1,22	1,30	1,05	1,07	1,10	1,11	0,80	0,80	0,92	0,88	1,18	1,02	1,35	1,32
5 x 1'	1,17	1,30	1,39	1,26	1,33	1,30	1,28	1,38	0,98	1,08	1,07	1,08	0,78	0,75	0,76	0,83	1,15	1,00	1,17	1,30
6 x 1'	1,16	1,27	1,40	1,28	1,18	1,32	1,32	1,27	1,02	1,05	1,02	1,03	0,73	0,77	0,79	0,79	1,02	1,23	1,42	1,13
7 x 1'	1,07	1,19	1,36	1,28	1,18	1,37	1,20	1,32	0,96	1,08	1,05	1,04	0,78	0,83	0,79	0,71	1,35	1,20	1,22	1,02
1 x 2'	1,14	1,26	1,20	1,18	1,28	1,23	1,20	1,12	1,10	1,04	1,01	0,91	0,78	0,73	0,68	0,69	1,08	1,05	1,23	1,03
2 x 2'	1,16	1,21	1,20	1,24	1,17	1,07	1,23	1,17	0,98	1,00	0,94	0,94	0,74	0,78	0,67	0,73	1,12	1,10	0,92	0,92
3 x 2'	1,21	1,27	1,33	1,18	1,28	1,28	1,22	1,12	0,99	0,94	1,06	0,93	0,83	0,78	0,76	0,67	1,12	1,00	1,18	0,98
4 x 2'	1,24	1,23	1,30	1,08	1,30	1,20	1,20	1,22	1,03	0,96	0,99	1,01	0,77	0,79	0,78	0,69	1,00	0,97	1,27	0,97
5 x 2'	1,27	1,21	1,25	1,18	1,30	1,25	1,17	1,23	1,00	0,91	0,98	0,92	0,79	0,76	0,72	0,68	1,23	1,10	1,12	1,23
6 x 2'	1,14	1,25	1,19	1,09	1,25	1,10	1,17	1,03	0,97	0,90	0,96	0,85	0,76	0,77	0,67	0,64	1,15	1,03	1,20	0,90
7 x 2'	1,18	1,16	1,18	1,11	1,35	1,23	1,20	1,20	0,96	0,94	0,91	0,91	0,81	0,77	0,74	0,65	1,35	1,35	1,13	0,98
1 x 3'	1,13	1,26	1,20	1,30	1,25	1,23	1,10	1,33	0,96	1,07	0,96	1,00	0,78	0,78	0,64	0,70	1,10	1,15	1,25	1,08
2 x 3'	1,17	1,18	1,22	1,13	1,12	1,25	1,13	1,22	1,13	1,08	0,94	1,00	0,82	0,82	0,68	0,75	1,27	1,22	1,10	0,93
3 x 3'	1,14	1,28	1,18	1,12	1,35	1,27	1,15	1,10	1,02	1,07	1,08	1,00	0,80	0,83	0,82	0,74	1,27	1,38	1,30	1,12
4 x 3'	1,19	1,38	1,24	1,11	1,23	1,38	1,26	1,28	1,06	1,14	1,05	1,06	0,81	0,84	0,81	0,84	1,13	1,18	1,20	1,13
5 x 3'	1,20	1,21	1,24	1,22	1,15	1,25	1,13	1,33	1,02	1,06	0,96	0,98	0,84	0,74	0,71	0,74	1,13	1,20	1,02	1,05
6 x 3'	1,12	1,24	1,28	1,18	1,23	1,27	1,05	1,20	1,08	1,12	0,96	0,92	0,75	0,78	0,69	0,74	1,18	1,30	1,20	1,00
7 x 3'	1,23	1,28	1,17	1,14	1,20	1,35	1,18	1,27	1,08	1,11	0,92	0,97	0,84	0,82	0,64	0,80	1,18	1,25	1,12	1,02
1 x 4'	1,14	1,20	1,29	1,15	1,12	1,22	1,22	1,30	0,88	1,01	0,99	0,98	0,75	0,75	0,73	0,73	0,98	1,08	1,13	1,10
2 x 4'	1,10	1,21	1,18	1,24	1,08	1,12	1,13	1,32	0,93	1,04	1,00	1,03	0,76	0,82	0,72	0,78	1,00	1,10	1,08	1,20
3 x 4'	1,18	1,16	1,20	1,18	1,22	1,25	1,28	1,25	1,00	0,92	1,07	1,05	0,79	0,74	0,83	0,77	1,13	1,12	1,38	1,35
4 x 4'	1,20	1,26	1,16	1,18	1,18	1,32	1,27	1,30	1,02	1,12	1,11	0,86	0,81	0,68	0,87	0,82	1,03	0,97	1,17	1,20
5 x 4'	1,14	1,16	1,16	1,27	0,98	1,18	1,33	1,37	0,90	0,97	0,93	0,96	0,72	0,73	0,80	0,79	1,20	1,17	1,18	1,20
6 x 4'	1,15	1,18	1,14	1,09	1,13	1,28	1,25	1,18	0,98	0,99	1,02	0,90	0,78	0,77	0,81	0,75	1,10	1,15	1,25	1,00
7 x 4'	1,08	1,22	1,20	1,08	1,28	1,27	1,22	1,20	1,02	1,00	1,03	0,89	0,80	0,80	0,79	0,74	1,22	1,20	1,22	1,15
1 x 5'	1,24	1,26	1,30	1,24	1,23	1,32	1,25	1,15	1,05	1,05	1,03	1,02	0,77	0,76	0,69	0,70	1,12	1,10	1,00	1,13
2 x 5'	1,08	1,22	1,18	1,24	0,98	1,23	1,03	1,10	0,95	1,00	0,97	1,03	0,78	0,72	0,66	0,66	1,07	1,25	0,97	1,28
3 x 5'	1,18	1,20	1,14	1,18	1,07	1,18	1,17	1,08	1,11	0,99	1,02	0,98	0,86	0,77	0,76	0,63	1,23	1,20	1,20	1,28
4 x 5'	1,18	1,28	1,22	1,18	1,10	1,20	1,15	1,22	1,04	1,01	1,10	1,00	0,78	0,79	0,74	0,82	1,13	1,18	1,08	1,10
5 x 5'	1,20	1,21	1,24	1,26	1,20	1,18	1,00	1,27	1,09	1,03	0,99	0,98	0,70	0,79	0,68	0,74	1,17	1,20	1,18	1,33
6 x 5'	1,18	1,18	1,20	1,12	1,13	1,32	1,12	1,10	1,01	1,04	0,96	0,91	0,72	0,71	0,71	0,65	1,12	1,17	1,08	1,05
7 x 5'	1,16	1,19	1,15	1,11	1,18	1,23	1,05	1,07	1,04	1,03	0,97	0,94	0,80	0,79	0,67	0,68	1,15	1,03	1,13	1,12
1 x 6'	1,28	1,28	1,28	1,30	1,13	1,28	1,20	1,13	1,01	1,06	1,01	0,96	0,76	0,80	0,72	0,70	1,15	1,12	1,23	1,05
2 x 6'	1,10	1,26	1,06	1,20	1,12	1,17	1,17	1,08	1,02	1,11	0,97	1,01	0,77	0,81	0,71	0,80	1,12	1,07	1,13	1,08
3 x 6'	1,18	1,30	1,27	1,20	1,27	1,37	1,30	1,07	1,00	1,06	1,07	0,99	0,32	0,87	0,76	0,78	1,25	1,25	1,23	1,25
4 x 6'	1,25	1,31	1,24	1,15	1,15	1,37	1,00	1,30	1,13	1,05	1,08	1,07	0,83	0,87	0,85	0,87	1,17	1,23	1,28	1,25
5 x 6'	1,20	1,31	1,28	1,27	1,27	1,35	1,12	1,32	1,10	0,98	0,95	1,04	0,74	0,84	0,80	0,80	1,07	1,30	1,12	1,22
6 x 6'	1,20	1,28	1,19	1,10	1,15	1,15	1,30	1,10	1,10	1,02	0,99	0,88	0,72	0,75	0,78	0,78	1,20	1,30	1,28	1,03
7 x 6'	1,22	1,25	1,23	1,12	1,22	1,33	1,13	1,25	1,00	0,99	1,02	0,98	0,85	0,87	0,78	0,75	1,13	1,12	1,10	1,18
1 x 7'	1,22	1,14	1,26	1,17	1,20	1,22	1,20	1,22	0,97	1,04	1,03	1,03	0,75	0,71	0,67	0,67	1,05	1,10	1,03	1,22
2 x 7'	1,19	1,12	1,10	1,30	1,13	1,17	1,15	1,32	1,00	0,99	1,01	1,06	0,70	0,73	0,63	0,76	1,15	1,15	1,15	1,10
3 x 7'	1,15	1,25	1,18	1,26	1,18	1,13	1,27	1,25	1,05	1,00	1,04	1,06	0,82	0,74	0,83	0,78	1,22	1,02	1,27	1,13
4 x 7'	1,14	1,14	1,28	1,22	1,15	1,13	1,12	1,18	1,03	1,04	1,09	1,01	0,79	0,74	0,74	0,77	1,05	0,92	1,20	1,10
5 x 7'	1,22	1,22	1,14	1,24	1,35	1,08	1,15	1,28	1,01	1,08	1,01	1,00	0,80	0,70	0,72	0,75	1,18	1,23	1,03	1,15
6 x 7'	1,15	1,14	1,31	1,19	1,35	1,17	1,17	1,22	0,94	1,06	1,00	0,98	0,70	0,70	0,65	0,71	1,11	0,98	1,20	1,03
7 x 7'	1,13	1,20	1,11	1,22	1,20	1,15	1,10	1,27	0,99	0,99	0,99	1,03	0,74	0,77	0,70	0,75	1,23	1,10	1,08	0,97
Posa Rica 8024	1,18	1,29	1,24	1,20	1,33	1,27	1,27	1,18	1,10	1,03	1,04	0,96	0,72	0,78	0,71	0,72	1,10	1,17	1,22	1,30
Pichillin. 7928	1,10	1,16	1,14	1,18	1,18	1,25	1,30	1,30	0,96	1,00	0,97	0,96	0,75	0,70	0,65	0,72	1,05	0,95	1,05	1,03
PR 8024xP1.7928	1,16	1,26	1,24	1,21	1,27	1,15	1,10	1,23	0,96	1,03	1,06	1,01	0,78	0,83	0,75	0,74	1,28	1,07	1,17	1,22
INIAP H 550	1,19	1,22	1,18	1,10	1,17	1,13	1,20	1,30	1,10	1,06	1,01	1,04	0,74	0,77	0,79	0,83	1,22	1,07	1,25	1,25
Carpi III 511	1,21	1,28	1,38	1,26	1,30	1,45	1,33	1,30	1,07	1,09	1,06	1,10	0,80	0,88	0,80	0,78	1,32	1,38	1,48	1,23
Média	1,17	1,23	1,23	1,20	1,21	1,24	1,19	1,23	1,02	1,03	1,02	1,00	0,78	0,78	0,74	0,75	1,15	1,15	1,18	1,13

Localidades: 1. INIAP/Equador; 2. CIAT/Colômbia; 3. ESALQ/Brasil; 4. CIMMYT/México e 5. EMBRAPA/Brasil.

C₁, C₂, C₃ e C₄: Conjuntos representativos dos cruzamentos S₁ x S₁, S₂ x S₂, S₃ x S₃ e S₄ x S₄, respectivamente.

Tabela A-4. Médias do peso total de espigas (Pt) em kg/ha de híbridos de linhagens em quatro conjuntos (níveis de endogamia) e testemunhas em cinco localidades. 1988/89.

HÍBRIDOS E	LOCAL 1				LOCAL 2				LOCAL 3				LOCAL 4				LOCAL 5			
	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄
1 x 1'	9.206	8.597	10.762	10.151	10.336	9.522	11.328	12.358	7.543	7.253	7.439	7.097	6.488	6.959	6.708	7.055	10.431	9.784	11.851	12.217
2 x 1'	7.559	8.872	9.146	8.028	8.574	9.716	9.829	10.956	8.373	8.612	8.339	7.905	5.900	6.033	5.822	7.069	8.075	9.657	11.934	12.293
3 x 1'	9.022	9.624	10.470	9.615	9.782	9.384	11.285	11.340	8.308	8.254	8.046	7.505	6.416	6.157	6.072	7.255	10.269	12.077	12.181	12.745
4 x 1'	8.436	7.451	9.246	8.676	8.672	8.966	9.051	10.342	7.976	8.005	7.558	7.122	5.859	6.286	6.220	6.696	10.200	10.425	10.876	9.728
5 x 1'	8.522	8.371	8.828	9.214	9.654	9.860	9.884	11.064	7.121	7.665	8.134	8.932	5.878	6.565	6.382	6.933	10.371	10.305	10.362	10.657
6 x 1'	8.679	9.625	10.102	10.031	9.655	10.555	11.623	11.009	6.980	9.116	8.926	8.672	6.332	7.712	7.071	7.649	8.757	11.429	11.971	12.873
7 x 1'	8.245	8.339	9.513	9.220	10.254	10.476	10.366	10.878	7.481	7.629	7.732	6.760	6.355	7.133	6.618	6.087	10.775	10.339	11.878	11.322
1 x 2'	9.108	8.514	9.538	9.709	8.282	8.345	10.065	8.677	6.960	7.095	7.129	6.830	6.966	7.503	6.832	6.743	10.622	11.755	12.092	11.710
2 x 2'	8.326	8.937	10.126	9.432	8.865	9.804	9.522	12.181	6.730	7.862	8.189	6.830	6.950	6.946	6.907	6.899	10.415	10.118	10.592	11.372
3 x 2'	8.731	8.697	10.765	10.612	8.630	10.160	10.119	11.939	7.654	7.926	8.538	7.406	6.952	7.421	6.977	7.161	11.677	11.975	13.044	12.972
4 x 2'	8.444	8.625	8.872	9.105	8.450	8.182	10.112	8.489	6.421	6.881	7.789	6.753	7.103	7.171	6.786	6.245	9.315	9.464	8.851	9.920
5 x 2'	8.246	8.237	10.396	9.768	8.560	8.755	7.802	8.334	6.986	6.953	6.437	6.952	6.854	8.460	7.053	6.452	10.722	11.086	10.495	12.484
6 x 2'	8.109	8.239	10.396	9.768	8.560	8.755	7.802	8.334	6.986	6.953	6.437	6.952	6.854	8.460	7.053	6.452	10.722	11.086	10.495	12.484
7 x 2'	8.109	8.239	10.396	9.768	8.560	8.755	7.802	8.334	6.986	6.953	6.437	6.952	6.854	8.460	7.053	6.452	10.722	11.086	10.495	12.484
1 x 3'	8.916	8.805	7.721	8.298	8.501	10.010	9.246	9.416	8.884	7.781	6.584	6.893	6.742	8.378	5.355	5.802	10.027	10.710	10.026	9.359
2 x 3'	8.168	8.081	8.392	8.887	8.639	8.648	9.533	9.974	8.150	7.248	7.348	6.378	6.768	6.959	6.249	6.270	9.224	9.074	10.990	12.116
3 x 3'	9.106	9.380	10.650	9.237	10.283	9.710	10.347	9.594	8.268	7.957	8.422	7.503	7.861	6.959	6.394	6.275	10.728	11.640	12.396	13.706
4 x 3'	8.170	8.684	7.985	8.228	8.301	9.244	9.103	9.990	7.648	6.003	7.254	6.875	6.571	6.360	4.193	6.447	9.869	11.118	12.636	9.501
5 x 3'	9.217	9.742	8.114	8.108	10.056	8.956	8.220	8.802	8.339	6.813	6.575	6.851	6.572	6.120	6.682	6.593	10.706	11.299	12.162	9.554
6 x 3'	9.524	8.670	9.253	9.826	10.238	11.308	9.494	9.958	7.569	9.414	7.119	7.497	7.026	6.679	6.933	6.695	11.079	11.548	10.527	8.724
7 x 3'	8.978	9.682	8.653	8.060	8.222	10.211	10.269	11.054	8.892	9.234	7.978	6.118	7.602	7.600	6.268	7.656	10.675	10.826	11.834	10.834
1 x 4'	8.110	7.795	8.006	9.142	8.522	8.672	9.719	7.784	8.809	6.939	6.520	6.618	5.786	5.845	5.957	6.181	9.627	9.612	11.500	10.471
2 x 4'	8.951	8.955	7.955	8.372	8.780	10.041	8.745	9.377	8.674	7.777	7.261	6.638	5.849	6.694	5.461	6.371	9.314	11.324	10.743	11.106
3 x 4'	8.956	8.164	8.643	8.703	8.713	8.734	9.222	10.638	7.444	7.571	7.344	6.452	6.394	6.092	7.391	6.829	10.728	11.640	12.396	13.706
4 x 4'	8.170	8.684	7.985	8.228	8.301	9.244	9.103	9.990	7.648	6.003	7.254	6.875	6.571	6.360	4.193	6.447	9.869	11.118	12.636	9.501
5 x 4'	9.055	8.308	7.175	7.524	8.927	8.891	9.453	9.337	7.416	6.708	5.548	7.169	6.028	6.226	6.745	6.865	9.257	10.574	11.407	11.572
6 x 4'	7.762	7.052	7.905	6.397	9.554	9.765	9.320	9.255	7.730	7.950	7.147	7.491	6.052	6.038	6.502	6.700	9.253	12.397	11.829	12.573
7 x 4'	9.446	9.342	8.523	8.847	9.580	9.938	9.981	10.069	8.792	7.946	7.554	6.262	6.854	7.101	6.736	6.702	10.475	10.710	12.472	11.269
1 x 5'	8.100	8.622	10.513	10.171	8.585	10.107	9.886	10.188	7.050	7.142	7.142	6.850	6.660	6.338	6.458	6.597	11.662	10.310	10.653	9.222
2 x 5'	8.261	8.542	9.245	9.946	8.261	10.113	8.945	11.216	6.411	7.928	6.956	7.000	7.203	5.882	6.522	6.006	8.042	9.297	10.842	11.425
3 x 5'	8.100	8.622	10.513	10.171	8.585	10.107	9.886	10.188	7.050	7.142	7.142	6.850	6.660	6.338	6.458	6.597	11.662	10.310	10.653	9.222
4 x 5'	8.261	8.542	9.245	9.946	8.261	10.113	8.945	11.216	6.411	7.928	6.956	7.000	7.203	5.882	6.522	6.006	8.042	9.297	10.842	11.425
5 x 5'	8.261	8.542	9.245	9.946	8.261	10.113	8.945	11.216	6.411	7.928	6.956	7.000	7.203	5.882	6.522	6.006	8.042	9.297	10.842	11.425
6 x 5'	8.261	8.542	9.245	9.946	8.261	10.113	8.945	11.216	6.411	7.928	6.956	7.000	7.203	5.882	6.522	6.006	8.042	9.297	10.842	11.425
7 x 5'	8.261	8.542	9.245	9.946	8.261	10.113	8.945	11.216	6.411	7.928	6.956	7.000	7.203	5.882	6.522	6.006	8.042	9.297	10.842	11.425
1 x 6'	8.508	8.851	7.840	8.934	9.489	9.454	8.924	8.023	8.457	7.320	7.825	7.180	7.565	7.934	6.458	6.591	11.044	10.727	10.978	10.076
2 x 6'	10.143	10.127	9.670	9.573	10.059	9.408	10.438	10.239	7.563	7.962	8.335	7.246	6.837	6.390	6.662	6.56	10.514	11.290	10.628	12.528
3 x 6'	9.334	9.273	8.490	8.009	8.506	9.032	9.528	10.700	9.330	8.063	8.795	7.305	6.819	6.257	6.695	6.506	9.686	9.449	11.348	12.298
4 x 6'	9.181	9.648	10.257	9.916	8.545	9.393	9.034	10.344	7.897	8.018	8.602	8.580	7.413	7.081	7.295	6.428	10.189	11.101	11.771	11.999
5 x 6'	9.431	9.934	9.418	8.177	8.670	9.860	8.238	9.587	7.984	6.051	7.840	7.373	5.456	6.410	6.558	7.050	9.270	11.001	9.509	12.959
6 x 6'	9.398	9.179	9.984	7.495	10.635	9.925	9.630	9.601	9.216	7.514	7.282	7.215	6.496	6.157	6.804	7.077	8.965	11.157	10.111	10.624
7 x 6'	10.424	8.590	10.349	9.118	9.677	9.844	8.768	8.892	8.607	8.338	8.763	8.763	6.899	7.087	7.362	7.263	11.273	12.461	10.111	10.624
1 x 7'	8.378	8.869	8.577	9.575	9.983	8.666	9.029	8.795	7.529	6.021	5.560	5.795	6.827	6.989	6.413	5.714	10.204	10.813	8.912	10.975
2 x 7'	9.365	8.651	8.917	10.018	9.223	8.994	9.944	9.544	7.179	7.424	6.395	5.518	5.901	6.186	5.300	5.950	10.200	9.998	10.639	11.312
3 x 7'	8.656	8.457	10.341	9.321	10.944	9.236	8.368	10.285	8.822	7.842	6.733	6.742	7.704	7.190	7.862	7.045	11.113	9.842	10.718	10.639
4 x 7'	8.102	8.623	7.069	10.023	9.272	8.727	8.251	9.178	7.848	6.068	5.454	7.851	6.270	6.390	6.058	6.865	10.662	8.773	9.654	10.924
5 x 7'	8.595	8.367	7.358	6.729	10.326	9.869	8.444	8.686	8.013	6.827	6.646	5.186	7.279	5.706	6.284	6.134	10.374	8.304	8.234	8.753
6 x 7'	8.638	8.947	8.360	7.740	10.402	8.903	10.755	9.402	7.454	7.143	6.444	5.532	6.775	7.105	7.436	8.120	12.009	10.652	8.795	11.519
7 x 7'	8.618	8.947	8.360	7.740	10.402	8.903	10.755	9.402	7.454	7.143	6.444	5.532	6.775	7.105	7.436	8.120	12.009	10.652	8.795	11.519
P. Roca 8024	7.230	8.014	6.296	7.371	8.810	9.266	8.527	8.683	7.056	6.382</										

Tabela A-5. Médias do peso de grão (PG) em kg/ha de híbridos de linhagens em quatro conjuntos (níveis de endogamia) e testemunhas em cinco localidades, 1988/89.

HÍBRIDOS E TESTEMUNHAS	LOCAL 1				LOCAL 2				LOCAL 3				LOCAL 4				LOCAL 5			
	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄
1 x 1	7.271	7.315	6.590	8.390	8.270	7.618	6.093	8.987	5.977	5.734	5.784	6.147	5.190	5.568	5.367	5.645	9.351	7.876	9.442	9.770
1 x 1'	6.158	7.288	6.478	7.760	7.020	7.715	7.864	8.975	6.378	6.603	6.264	6.375	4.720	4.802	4.658	5.872	8.460	7.736	9.559	9.811
3 x 1	6.285	7.350	7.136	7.765	7.826	7.907	7.028	8.072	6.726	6.654	6.469	5.144	5.134	5.776	4.988	5.804	8.221	8.008	9.745	9.807
4 x 1	6.097	6.994	7.275	7.194	7.756	7.173	7.207	8.952	5.742	4.735	5.900	5.831	4.888	4.989	4.976	5.356	8.165	8.339	8.775	9.646
5 x 1	6.291	7.984	7.936	8.066	7.728	7.888	7.907	8.952	5.715	5.616	5.903	5.830	4.543	5.253	5.106	5.547	8.308	8.245	8.464	9.576
7 x 1	6.784	6.756	6.076	7.595	8.235	8.361	8.293	8.543	5.707	6.954	6.809	6.916	5.066	6.170	5.658	5.400	7.011	9.149	9.593	9.539
1 x 2	7.625	7.147	6.073	6.222	7.426	6.076	6.052	7.102	5.407	5.859	5.917	5.242	5.084	5.706	5.925	4.870	8.620	8.274	9.519	9.979
1 x 2'	7.444	7.409	6.493	6.162	7.092	6.792	6.818	7.746	5.234	5.621	6.405	6.285	5.552	5.597	5.526	5.398	8.503	9.407	9.874	9.849
3 x 2	7.294	7.032	9.110	8.983	7.704	8.128	8.095	9.552	5.196	5.300	6.932	6.831	5.682	5.938	6.302	5.729	9.352	9.960	10.467	10.378
4 x 2	7.220	7.362	7.603	7.640	7.560	6.546	6.090	7.932	5.165	6.373	6.192	5.360	5.882	5.737	5.430	4.996	7.457	7.872	7.486	9.136
5 x 2	6.904	6.681	6.338	6.597	7.048	7.004	6.082	7.468	5.400	6.464	6.268	4.952	5.284	5.528	5.318	5.785	8.591	8.937	8.275	9.148
7 x 2	7.216	7.428	7.934	7.923	7.792	7.516	7.582	7.739	5.196	6.020	6.089	5.794	4.752	5.528	5.318	5.785	8.119	8.282	10.242	9.138
1 x 3	6.856	7.241	6.441	7.798	7.601	6.008	7.398	7.733	5.884	5.711	5.709	4.674	4.439	5.567	4.999	5.077	8.075	7.845	8.021	7.467
2 x 3	7.297	7.109	6.584	7.175	7.027	7.678	6.827	7.900	6.682	6.300	6.857	7.611	5.559	5.586	4.955	5.158	7.895	8.948	9.922	9.602
3 x 3	7.583	8.059	7.125	6.721	8.048	7.165	6.767	7.842	5.080	5.439	5.357	4.333	4.629	5.703	5.246	5.356	8.543	9.111	8.122	7.930
4 x 3	7.691	7.598	7.515	6.139	8.220	6.349	7.047	7.966	5.621	5.361	5.376	5.863	5.631	5.344	5.346	5.275	8.880	9.239	8.412	7.930
5 x 3	6.043	7.085	7.711	8.102	8.151	6.047	7.732	7.966	7.007	7.272	6.312	4.850	4.629	4.676	4.766	4.946	7.707	7.459	9.275	8.291
6 x 3	7.340	7.310	7.376	6.803	8.578	6.169	7.732	6.933	4.568	5.397	5.022	4.319	4.629	4.676	4.766	4.946	7.707	7.459	9.275	8.291
7 x 3	6.550	6.652	6.655	7.317	6.818	7.736	6.936	6.902	5.392	6.137	5.578	4.905	4.679	4.554	4.359	5.097	7.451	9.048	8.594	8.894
1 x 4	7.465	6.595	7.042	7.217	6.971	6.987	7.938	8.310	5.991	6.093	5.511	6.233	5.116	4.554	5.913	5.543	8.582	9.344	8.916	10.809
2 x 4	6.790	7.300	6.419	6.838	6.641	7.396	7.263	7.192	6.213	4.812	5.553	5.240	4.903	4.895	5.020	4.994	7.455	7.253	8.279	8.846
3 x 4	6.599	7.149	7.008	6.163	7.144	6.743	6.727	7.470	5.848	6.233	4.232	4.975	4.842	4.982	5.397	5.373	7.404	8.539	9.176	9.243
4 x 4	6.504	7.440	6.346	5.353	7.644	7.113	7.457	7.405	6.133	6.144	5.326	5.682	4.842	4.831	5.202	5.360	7.415	9.824	8.443	8.458
5 x 4	7.557	7.734	6.154	6.252	7.664	7.950	7.985	7.256	6.945	5.818	5.762	4.840	5.323	5.681	5.369	5.362	8.385	9.569	9.977	9.093
6 x 4	6.524	7.154	6.737	6.252	6.868	6.086	7.909	8.151	6.837	6.558	6.686	5.341	5.328	5.070	5.167	5.278	7.336	7.428	8.523	9.144
7 x 4	6.499	7.498	7.811	7.930	6.925	6.091	7.136	7.689	5.071	6.022	5.430	5.203	5.763	4.706	5.217	4.805	7.234	7.428	8.523	9.144
1 x 5	7.316	7.431	7.343	7.150	7.267	7.637	7.722	8.073	6.617	6.187	5.948	4.972	5.852	5.714	5.293	5.478	8.691	9.103	9.098	9.516
2 x 5	7.736	7.703	6.780	7.436	7.736	7.410	7.007	8.073	5.480	4.820	5.864	5.236	5.157	5.580	4.808	5.604	8.813	9.017	8.879	9.541
3 x 5	7.110	7.410	6.464	7.496	8.268	8.245	7.838	7.668	5.726	6.666	5.678	5.824	5.802	6.034	6.003	5.700	8.825	8.956	8.744	9.541
4 x 5	8.347	8.748	8.058	8.038	8.048	7.667	8.351	8.191	5.997	6.848	6.299	5.644	4.952	6.347	5.167	5.273	8.825	8.956	8.744	9.541
5 x 5	7.882	7.903	7.217	6.748	8.048	7.667	8.351	8.191	5.997	6.848	6.299	5.644	4.952	6.347	5.167	5.273	8.825	8.956	8.744	9.541
6 x 5	8.253	7.667	7.794	6.918	6.936	7.588	6.582	7.854	5.588	4.989	6.365	5.824	4.365	5.129	5.247	5.869	8.197	8.281	8.061	9.539
7 x 5	8.201	6.990	7.293	6.228	8.316	6.923	7.022	7.534	6.498	6.354	5.091	6.533	5.112	4.670	5.990	5.811	9.018	9.577	9.274	9.345
1 x 6	7.711	7.928	7.912	7.913	6.316	6.923	7.022	7.534	6.498	6.354	5.091	6.533	5.112	4.670	5.990	5.811	9.018	9.577	9.274	9.345
2 x 6	6.386	7.227	6.718	7.651	7.742	7.076	7.029	7.514	7.010	6.453	5.204	5.841	4.721	4.950	5.131	4.572	8.162	8.655	9.270	9.110
3 x 6	6.980	7.409	7.186	7.785	7.907	6.933	7.224	7.037	5.453	5.788	4.867	4.173	4.721	4.950	5.131	4.572	8.162	8.655	9.270	9.110
4 x 6	7.693	7.216	7.341	6.078	7.459	7.195	6.709	6.926	5.105	5.399	5.260	5.150	5.163	5.732	6.130	5.638	8.996	7.889	8.596	9.049
5 x 6	7.487	6.820	6.474	7.333	7.458	6.982	6.709	6.926	5.105	5.399	5.260	5.150	5.163	5.732	6.130	5.638	8.996	7.889	8.596	9.049
6 x 6	7.676	6.416	6.071	6.444	7.458	6.982	6.709	6.926	5.105	5.399	5.260	5.150	5.163	5.732	6.130	5.638	8.996	7.889	8.596	9.049
7 x 6	7.103	6.837	6.794	7.026	8.261	7.896	6.505	7.117	6.294	4.822	4.243	4.023	5.824	5.026	5.498	4.908	8.305	7.444	8.635	7.002
1 x 7	7.948	7.263	6.984	6.046	7.787	7.636	7.123	7.957	5.905	6.811	6.107	5.873	5.720	6.644	5.018	5.915	8.939	8.186	7.822	8.471
2 x 7	5.587	6.728	6.068	6.039	8.322	7.123	6.804	7.922	5.719	5.487	5.107	5.873	5.420	5.685	5.949	4.496	8.606	6.527	7.596	6.002
3 x 7	6.592	6.636	6.328	7.019	6.358	7.083	6.820	7.091	4.368	4.456	5.344	5.104	4.674	4.973	3.847	4.085	7.993	7.227	7.052	7.934
4 x 7	7.400	6.936	6.046	7.265	7.820	7.785	7.413	7.418	5.617	5.233	5.558	6.315	5.164	5.334	5.326	5.648	8.719	8.738	8.470	9.919
5 x 7	7.219	7.268	7.708	6.889	6.836	7.439	6.524	7.598	5.418	6.014	6.580	5.259	5.000	4.100	4.951	5.028	8.473	8.718	8.470	7.244
6 x 7	6.758	7.412	6.014	7.193	5.734	6.697	5.697	5.112	6.216	6.397	5.870	4.527	5.350	6.019	5.336	4.975	9.324	10.453	10.563	10.064
Média	7.334	7.343	7.335	7.367	7.546	7.626	7.482	7.626	5.996	5.943	5.809	5.571	5.331	5.385	5.310	5.397	8.243	8.497	8.644	8.772

Localidades: 1. INIAP/Equador; 2. CIAT/Colômbia; 3. ESALQ/Brasil; 4. CIMMYT/México e 5. EMBRAPA/Brasil.
C₁, C₂, C₃ e C₄: Conjuntos representativos dos cruzamentos S₁ x S₁, S₂ x S₂, S₃ x S₃ e S₄ x S₄, respectivamente.

Tabela A-6. Médias do número de ramificações do pendão (NRP) e peso específico de grão (PE de 100 gramas ao 15.5% de umidade de híbridos de linhagens em quatro conjuntos de endogamia e testemunhas. Estação Experimental do Instituto de Genética da ESALQ/USP (Piracicaba, Brasil). 1984.

HÍBRIDOS E TESTEMUNHAS	N R P				P E			
	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄
1 x 1'	22,67	22,00	24,33	25,67	0,2697	0,2630	0,2710	0,2780
2 x 1'	18,00	19,67	20,67	17,00	0,2790	0,2633	0,3010	0,2940
3 x 1'	20,33	24,00	14,67	21,00	0,2850	0,2107	0,3030	0,2857
4 x 1'	20,00	22,33	17,67	18,33	0,2767	0,2693	0,2917	0,2887
5 x 1'	18,00	23,00	21,67	17,67	0,2787	0,2717	0,2843	0,2873
6 x 1'	21,33	23,67	17,33	17,33	0,2733	0,2593	0,2757	0,2727
7 x 1'	22,00	26,67	21,33	21,00	0,2610	0,2810	0,2737	0,2610
1 x 2'	27,33	26,00	25,33	26,00	0,2597	0,2623	0,2690	0,2633
2 x 2'	19,00	20,00	21,33	15,00	0,2783	0,2700	0,2837	0,2710
3 x 2'	22,33	21,33	21,33	23,00	0,2787	0,2840	0,2837	0,2657
4 x 2'	21,33	20,33	22,00	21,00	0,2727	0,2790	0,2753	0,2663
5 x 2'	21,67	21,00	18,67	19,00	0,2660	0,2733	0,2857	0,2657
6 x 2'	22,67	21,00	20,33	19,00	0,2507	0,2650	0,2700	0,2523
7 x 2'	23,67	22,67	25,33	21,67	0,2653	0,2750	0,2723	0,2473
1 x 3'	23,33	20,67	19,33	17,33	0,2693	0,2763	0,2747	0,2777
2 x 3'	16,33	16,33	17,00	15,33	0,2850	0,2910	0,2823	0,2893
3 x 3'	16,67	18,33	17,67	16,67	0,2877	0,2997	0,2910	0,2900
4 x 3'	17,67	19,00	19,00	15,33	0,2940	0,2947	0,2860	0,2937
5 x 3'	20,33	16,33	17,00	15,00	0,2763	0,2793	0,2827	0,2877
6 x 3'	17,00	17,67	16,67	16,33	0,2737	0,2803	0,2727	0,2650
7 x 3'	21,67	19,00	18,67	18,67	0,2827	0,2850	0,2750	0,2700
1 x 4'	22,67	21,67	21,33	24,67	0,2650	0,2723	0,2577	0,2677
2 x 4'	18,00	18,33	20,67	18,33	0,2837	0,2827	0,2980	0,2787
3 x 4'	17,67	18,67	17,67	21,00	0,2870	0,2907	0,2940	0,2683
4 x 4'	13,00	16,33	18,67	19,00	0,2810	0,2870	0,2853	0,2667
5 x 4'	19,33	18,67	20,00	19,67	0,2907	0,2690	0,2823	0,2743
6 x 4'	14,00	16,00	19,00	16,67	0,2740	0,2737	0,2747	0,2597
7 x 4'	16,67	19,33	20,00	23,00	0,2757	0,2743	0,2743	0,2620
1 x 5'	22,67	22,67	22,33	22,33	0,2623	0,2603	0,2730	0,2583
2 x 5'	17,00	20,00	18,00	15,33	0,2823	0,2690	0,2800	0,2727
3 x 5'	17,33	18,33	15,33	20,33	0,2983	0,2893	0,2970	0,2707
4 x 5'	14,67	17,00	14,67	16,67	0,2870	0,2833	0,2870	0,2693
5 x 5'	19,33	19,00	19,00	16,00	0,2733	0,2747	0,2873	0,2770
6 x 5'	15,00	16,33	14,67	16,67	0,2763	0,2763	0,2897	0,2667
7 x 5'	18,00	22,33	21,33	22,33	0,2733	0,2727	0,2760	0,2613
1 x 6'	23,33	22,67	25,00	23,67	0,2670	0,2757	0,2763	0,2693
2 x 6'	20,33	19,33	21,00	18,33	0,2790	0,2883	0,2903	0,2877
3 x 6'	21,33	21,33	20,00	21,00	0,2797	0,2990	0,2843	0,2672
4 x 6'	19,33	17,33	17,67	19,33	0,2887	0,2847	0,2920	0,2760
5 x 6'	19,00	19,00	19,33	18,67	0,2707	0,2820	0,2807	0,2833
6 x 6'	18,67	18,33	19,67	18,00	0,2593	0,2670	0,2733	0,2617
7 x 6'	21,33	21,00	21,67	24,33	0,2783	0,2793	0,2723	0,2577
1 x 7'	23,33	23,67	27,67	26,67	0,2643	0,2743	0,2573	0,2683
2 x 7'	19,00	22,00	23,00	20,67	0,2717	0,2703	0,2977	0,2803
3 x 7'	22,67	23,33	23,00	22,33	0,2870	0,2953	0,2893	0,2810
4 x 7'	21,00	23,00	23,00	18,33	0,2803	0,2883	0,2743	0,2827
5 x 7'	20,33	23,67	21,33	20,33	0,2827	0,2770	0,2877	0,2877
6 x 7'	20,33	22,67	20,33	22,00	0,2620	0,2603	0,2737	0,2787
7 x 7'	22,33	23,67	26,00	25,33	0,2720	0,2773	0,2767	0,2773
Poza Rica 8024	21,67	21,00	20,67	20,33	0,2713	0,2723	0,2680	0,2657
Pichilingue 7328	22,33	23,33	22,33	21,33	0,2650	0,2710	0,2730	0,2543
P.R. 8024 x Pichil. 8024	24,33	21,33	21,33	21,67	0,2863	0,2710	0,2213	0,2757
INIAP H 550	19,00	21,67	22,33	21,67	0,2673	0,2690	0,2700	0,2693
Cargill 511	21,67	20,33	21,67	20,33	0,2530	0,2547	0,2603	0,2510
Média	20,81	21,04	20,92	20,44	0,2716	0,2730	0,2762	0,2692

C₁, C₂, C₃ e C₄: Conjuntos representativos dos cruzamentos S₁ x S₁, S₂ x S₂, S₃ x S₃ e S₄ x S₄, respectivamente.