SELEÇÃO PARA PROLIFICIDADE EM POPULAÇÕES DE MILHO (*Zea mays* L.)

ANDRÉA PIZAIA

Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. **JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO**

Tese apresentada à Escola Superior de
Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade
de São Paulo, para obtenção do título de
Doutor em Agronomia, Área de
Concentração: Genética e Melhoramento de
Plantas.

PIRACICABA

Estado de São Paulo – Brasil

Fevereiro – 2000

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - Campus "Luiz de Queiroz"/USP

Pizaia, Andréa

Seleção para prolificidade em populações de milho (*Zea mays* L.) / Andréa Pizaia. - -
Piracicaba, 2000.
146 p.

Tese (doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2000.
Bibliografia.

1. Genética de população 2. Milho 3. Parâmetro genético 4. Prolificidade 5. Seleção
genética vegetal I. Título

CDD 633.15

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte - O autor"

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho pela oportunidade da realização deste trabalho e a orientação durante sua execução;

À FAPESP pela concessão da bolsa, a qual possibilitou custear as despesas de pesquisa;

Ao Departamento de Genética da ESALQ/USP e aos seus professores pelo curso de doutorado;

Aos colegas Josué Maldonado Ferreira e Amadeu Regitano Neto pela ajuda nas polinizações;

Ao colega Cláudio Takeda pela correção dos manuscritos da tese;

Aos funcionários do Departamento de Genética, especialmente à Marcos Cella, Pipo, José Monteiro, Seu Sebastião e a todos os funcionários que trabalharam no campo;

À Cacilda, Cassiana, Adriana, Nereu e Juraci pelo constante estímulo.

Esta tese é dedicada à

Nelson Florêncio Pizaia (in memoriam)

Exemplo de pai e cidadão,

e à

Amarildo José

com amor

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE FIGURAS.....	vi
LISTA DE TABELAS.....	vii
RESUMO.....	xi
SUMMARY.....	xiii
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1 Aspectos gerais.....	3
2.2 A prolificidade no milho.....	4
2.2.1 A morfologênese floral.....	4
2.2.2 A ocorrência da dominância apical no milho.....	5
2.3 As condições ambientais e a expressão da prolificidade.....	7
2.3.1 Efeito do nitrogênio.....	7
2.3.2 Efeito da deficiência hídrica.....	9
2.3.3 Efeito da densidade populacional.....	10
2.3.4 Eficiência da utilização do nitrogênio.....	12
2.4 Herança da prolificidade.....	14
2.5 A correlação de prolificidade com a produção de grãos	17
2.6 A seleção recorrente e a prolificidade.....	20
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	25
3.1 Material.....	25
3.2 Metodologias.....	27
3.2.1 Método Seleção IG.....	27
3.2.2 Método Seleção S ₁	29
3.2.3 Obtenção das progênes e cruzamentos.....	31
3.2.4 Instalação dos experimentos.....	35

3.2.5 Análise estatística dos dados dos experimentos.....	39
3.2.5.1 Análise de variância e estimação dos parâmetros genéticos.....	39
3.2.5.2 Progressos e respostas correlacionadas, esperadas com a seleção.....	42
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	48
4.1 Médias das populações nos ciclos de seleção.....	48
4.2 Análise de variância e estimativa dos parâmetros genéticos.....	54
4.2.1 Primeiro ciclo.....	54
4.2.2 Segundo ciclo.....	58
4.3 Ganho genético e resposta correlacionada.....	62
4.4 Depressão por endogamia.....	70
4.5 Análise conjunta dos experimentos de segundo ciclo.....	71
4.6 Dados de espiga das progênies.....	74
4.7 Considerações gerais.....	76
5. CONCLUSÕES.....	83
TABELAS.....	85
FIGURAS.....	129
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	135

LISTA DE FIGURAS

	Página
1 Esquema de seleção recorrente do método Seleção IG.....	28
2 Esquema de seleção recorrente fenotípica do método Seleção S_1	29
3 Médias da herdabilidade da prolificidade das populações de milho nos ciclos de seleção.....	130
4 Número de espigas por planta das populações de milho nos ciclos de seleção para prolificidade do método Seleção IG.....	131
5 Número de espigas por planta das populações de milho nos ciclos de seleção para prolificidade do método Seleção S_1	132
6 Depressão por endogamia da prolificidade e da produção de espigas das populações nos dois ciclos de seleção	133
7 Médias do comprimento, diâmetro e peso de grãos das segundas espigas das populações de milho nos dois ciclos de seleção no método Seleção S_1	134

LISTA DE TABELAS

	Página
1 Número de progênies de milho obtidas nos métodos intrapopulacionais Seleção IG e Seleção S_1 , no primeiro e no segundo ciclo de seleção.....	32
2 Relação dos experimentos instalados em 1997 e 1999 para avaliação das progênies de milho de primeiro e no segundo ciclo dos métodos de Seleção IG e Seleção S_1	36
3 Esquema da análise de variância em blocos ao acaso.....	39
4 Esquema de análise de variância conjunta dos experimentos.....	41
5 Análise de covariância da produção de espigas (médias de parcela) com o número de espigas por planta (médias de parcela).....	44
6 Médias do Ciclo 0 (C_0), Ciclo 1 (C_1) e testemunha das populações de milho submetidas ao método Seleção IG. Anhembi (SP), 1999.....	86
7 Médias do Ciclo 0 (C_0), Ciclo 1 (C_1) e testemunha das populações de milho submetidas ao método Seleção IG. Piracicaba (SP), 1999.....	87
8 Médias do Ciclo 0 (C_0), Ciclo 1 (C_1) e testemunha das populações de milho submetidas ao método Seleção S_1 . Anhembi (SP), 1999.....	88
9 Médias do Ciclo 0 (C_0), Ciclo 1 (C_1) e testemunha das populações de milho submetidas ao método Seleção S_1 . Anhembi (SP), 2000.....	89
10 Componentes de variância, média e a herdabilidade do peso de espigas (PE), peso de grãos (PG) e número de espigas por planta (NEP) em progênies de milho de primeiro ciclo dos métodos Seleção IG e Seleção S_1 . Anhembi (SP), 1997.....	90
11 Componentes de variância, média e a herdabilidade do peso de espigas (PE), peso de grãos (PG) e número de espigas por planta (NEP) em progênies de milho de primeiro ciclo do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba (SP), 1999.....	91

12 Componentes de variância, média e a herdabilidade do peso de espigas (PE), peso de grãos (PG) e número de espigas por planta (NEP) em progênes de milho de segundo ciclo do método Seleção S_1 . Anhembi (SP), 1999 e 2000....	92
13 Ganho genético esperado e realizado em porcentagem nos dois ciclos seletivos das populações de milho submetidas aos métodos Seleção IG e Seleção S_1 (entre parênteses). Piracicaba e Anhembi (SP), 1997 e 1999.....	93
14 Estimativa da correlação genética ($\hat{r}_g$) e correlação fenotípica ($\hat{r}_f$) entre o número de espigas por planta (NEP) e a produção de espigas (PE) nas populações de milho submetidas aos métodos Seleção IG e Seleção S_1 (entre parênteses). Anhembi e Piracicaba (SP), 1999.....	94
15 Resposta correlacionada estimada e realizada em porcentagem da seleção para a prolificidade sobre a produção de espigas ($R_{PE, NEP}$), nas populações de milho submetidas aos métodos Seleção IG e Seleção S_1 (entre parênteses). Anhembi e Piracicaba (SP), 1997 e 1999.....	95
16 Valores mínimos, máximos, a média e do desvio padrão ($s_{\bar{x}}$) dos dados de espiga das progênes de milho obtidas no método Seleção S_1 no primeiro ciclo. Anhembi, 1997.....	96
17 Valores mínimos, máximos, a média e do desvio padrão ($s_{\bar{x}}$) dos dados de espiga das progênes de milho obtidas no método Seleção S_1 e Seleção IG no segundo ciclo. Piracicaba, 1998.....	97
18 Análise de variância da população de milho Piranão VF1B no primeiro ciclo de seleção dos métodos Seleção IG e Seleção S_1 . Anhembi, 1997.....	99
19 Análise de variância da população de milho Piranão VD2B no primeiro ciclo de seleção dos métodos Seleção IG e Seleção S_1 . Anhembi, 1997.....	100
20 Análise de variância da população de milho Pichilingue no primeiro ciclo de seleção dos métodos Seleção IG e Seleção S_1 . Anhembi, 1997.....	101
21 Análise de variância da população de milho ITA-PR no primeiro ciclo de seleção dos métodos Seleção IG e Seleção S_1 . Anhembi, 1997.....	102

22	Análise de variância da população de milho ESALQ-PR1 no primeiro ciclo de seleção dos métodos Seleção IG e Seleção S ₁ . Anhembi, 1997.....	103
23	Análise de variância da população de milho Piranão VD2B-P no primeiro ciclo de seleção dos métodos Seleção IG. Anhembi, 1997.....	104
24	Análise de variância da população de milho Piranão VF1B-P no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.....	105
25	Análise de variância da população de milho Piranão VF1B no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.....	106
26	Análise de variância da população de milho ITA-PR no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.....	107
27	Análise de variância da população de milho Pichilingue no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.....	108
28	Análise de variância da população de milho Piranão VD2B no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.....	109
29	Análise de variância da população de milho HXL no primeiro ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.....	110
30	Análise de variância da população de milho Piranão VF1B no segundo ciclo de seleção do método Seleção S ₁ . Anhembi, 1999 e 2000.....	111
31	Análise de variância população de milho Pichilingue no segundo ciclo de seleção do método Seleção S ₁ . Anhembi, 1999 e 2000.....	112
32	Análise de variância da população de milho ITA-PR no segundo ciclo de seleção do método Seleção S ₁ . Anhembi, 1999 e 2000.....	113
33	Análise de variância da população de milho HXL no primeiro ciclo de seleção do método Seleção S ₁ . Anhembi, 1999 e 2000.....	114
34	Análise de variância da população de milho ESALQ-PR1 no segundo ciclo de seleção do método Seleção S ₁ . Anhembi, 1999 e 2000.....	115
35	Análise de variância da população de milho Piranão VD2B no segundo ciclo de seleção do método Seleção S ₁ . Anhembi, 1999 e 2000.....	116
36	Análise de variância conjunta da população de milho HXL no primeiro ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.....	117

37	Análise de variância conjunta da população de milho ITA-PR no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.....	118
38	Análise de variância conjunta da população de milho Pichilingue no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.....	119
39	Análise de variância conjunta da população de milho Piranão VF1B no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.....	120
40	Análise de variância conjunta da população de milho Piranão VF1B-P no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.....	121
41	Análise de variância conjunta da população de milho Piranão VD2B no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba (SP), 1999.....	122
42	Análise de variância conjunta da população de milho HXL no segundo ciclo de seleção do método Seleção S ₁ . Anhembi, 1999 e 2000.....	123
43	Análise de variância conjunta da população de milho ITA-PR no segundo ciclo de seleção do método Seleção S ₁ . Anhembi, 1999 e 2000.....	124
44	Análise de variância conjunta da população de milho Pichilingue no segundo ciclo de seleção do método Seleção S ₁ . Anhembi, 1999 e 2000.....	125
45	Análise de variância conjunta da população de milho Piranão VF1B no segundo ciclo de seleção do método Seleção S ₁ . Anhembi, 1999 e 2000.....	126
46	Análise de variância conjunta da população de milho Piranão VD2B no segundo ciclo de seleção do método Seleção S ₁ . Anhembi, 1999 e 2000.....	127
47	Análise de variância conjunta da população de milho ESALQ-PR1 no segundo ciclo de seleção do método Seleção S ₁ . Anhembi, 1999 e 2000.....	128

SELEÇÃO PARA PROLIFICIDADE EM POPULAÇÕES DE MILHO (*Zea mays* L.)

Autora: ANDRÉA PIZAIA

Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

RESUMO

A prolificidade ou a presença de duas ou mais espigas por planta, é um dos principais componentes de produção do milho. Confere alta estabilidade de produção e maior eficiência na utilização de nutrientes pelo aumento da força de dreno nas plantas. O objetivo do presente trabalho foi avaliar a eficiência de dois métodos de seleção recorrente intrapopulacional para a prolificidade e suas relações com a produção de grãos, em seis populações de polinização aberta: PIRANÃO VD2B, PIRANÃO VF1B, PIRANÃO VF1B-P, ITA-PR, PICHILINGUE e ESALQ-PR1, e estudar as características genéticas da prolificidade. As populações foram submetidas a dois métodos: a) **Seleção S₁**, baseado no desenvolvimento de progênes S₁ com a autofecundação das segundas espigas de plantas prolíficas e b) **Seleção IG** baseado no desenvolvimento de progênes de irmãos germanos através de cruzamentos biparentais utilizando as segundas espigas de plantas prolíficas. No método Seleção S₁ as progênes derivadas da seleção fenotípica utilizadas na recombinação, foram selecionadas com base em índices de espiga de plantas individuais. No método Seleção IG, após a seleção fenotípica de plantas individuais utilizadas no cruzamento biparental, as progênes utilizadas na recombinação foram selecionadas com base nos experimentos com repetições. Foram realizados dois ciclos de seleção e após cada ciclo, as progênes obtidas foram avaliadas em

experimentos com repetições e o ganho genético e os parâmetros genéticos foram calculados. Apesar da avaliação das características do método Seleção S_1 ter sido mascarado pelos efeitos da endogamia, pode-se inferir que os dois métodos foram eficientes no aumento da prolificidade nas populações avaliadas. Contudo, o método Seleção IG, por envolver tanto a seleção massal, quanto o teste de progênes, parece ser mais efetivo para o aumento da prolificidade em populações de potencial prolífico inicial reduzido. A população PIRANÃO VD2B apresentou ganhos genéticos negativos com o método Seleção S_1 . O ganho genético realizado no primeiro ciclo com a seleção para a prolificidade na média das populações foi de 10,58% no método Seleção IG e de -1,37% no método Seleção S_1 . A herdabilidade e a variância genética da prolificidade foi maior no método Seleção S_1 do que no método Seleção IG. O inverso ocorreu com a produção de espigas. A resposta correlacionada observada média da prolificidade na produção de espigas no primeiro ciclo foi de 6,27% no método Seleção IG. No segundo ciclo o aumento estimado médio da produção de espigas foi de 5,28% no método Seleção IG e de 9,62% no método Seleção S_1 . A prolificidade apresentou menor depressão por endogamia que a produção de espigas, concordando com os resultados da literatura de que os efeitos de dominância na prolificidade são menores do que na produção de espigas.

SELECTION FOR PROLIFICACY IN MAIZE (*Zea mays* L.) POPULATIONS

Author: ANDRÉA PIZAIA

Adviser: Prof. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

SUMMARY

Prolificacy or the presence of two or more ears per plant is one of the main components of yield in maize. It provides high yield stability and higher efficiency in the utilization of nutrients by increasing the sink potential in the plant. The objective of this work was to evaluate the efficiency of two methods of intrapopulation recurrent selection for prolificacy and their relations with grain yield in six open-pollinated populations: PIRANÃO VD2B, PIRANÃO VF1B, PIRANÃO VF1B-P, ITA-PR, PICHILINGUE, and ESALQ-PR1; and add an study on the genetic characteristics of prolificacy. Populations were submitted to the methods designated as: a) **S₁ Selection**, based on the development of S₁ progenies by selfing the second ears of prolific plants; and b) **IG Selection**, based on the development of full-sib progenies through biparental crosses using the second ears of prolific plants. In the S₁ Selection method, the selected progenies used for recombination were derived from phenotypic selection based on ear index of individual plants. In the IG Selection method the selected progenies used for recombination were selected on the basis of progeny means from experiments with replications following phenotypic selection of individual plants used in the biparental crosses. Two cycles of selection were completed and in each cycle progenies were evaluated in experiments with replications and data were used for estimating genetic parameters including the expected genetic gain. In the S₁ Selection method the

inbreeding effect shadowed the true expression of quantitative traits under evaluation but, in spite of that, overall results allowed to conclude that both methods were effective for increasing prolificacy in the populations under study. However, there was evidences that IG Selection is more effective for increasing prolificacy in populations with low initial expression for that trait because use full-sib progenies means and phenotypic selection. Population PIRANÃO VD2B, showed negative gain for prolificacy under S_1 Selection. In the first cycle of selection the observed gains were 10,6% for IG Selection and -1,7% for S_1 Selection, on the average of populations. Estimates of heritability and genetic variance for prolificacy were higher in the experiments of S_1 progenies as compared to full-sib progenies; the reverse was observed for yield. The correlated response on yield after selection for prolificacy under IG Selection was 6,27% on the average. In the second cycle the average gains were 5,28% and 9,62% in IG Selection and S_1 Selection, respectively. Inbreeding depression was lower for prolificacy than for yield in agreement with other reports that dominance effects are lower for prolificacy than for yield.

1. INTRODUÇÃO

O homem tem praticado seleção para o aumento da adaptação e da produtividade do milho por milhares de anos. As formas ancestrais do milho pareciam com plantas daninhas e a transição destas formas para as espécies cultivadas requereu muitos anos de esforço pelos primeiros melhoristas. Apesar de utilizarem métodos primitivos, esta seleção, juntamente com a seleção natural, deu origem a cerca de 250 raças e milhares de variedades descritas.

Dentre as inúmeras modificações que se sucederam dos tipos primitivos até os tipos modernos atuais, está a presença de somente uma ou duas espigas por planta. A seleção para somente uma espiga por planta, levou ao aumento da dominância apical ou pela efetiva fixação dos alelos para a expressão de somente uma espiga ou indiretamente alterando o balanço dos reguladores de crescimento nas inflorescências masculina e feminina (Hallauer, 1974). O resultado desta seleção é que as plantas de milho atuais, apesar de possuírem de sete a oito gemas axilares com potencial de se desenvolverem em espigas, possuem apenas uma ou duas espigas funcionais por planta.

Contudo, a prolificidade ou a capacidade das plantas apresentarem duas ou mais espigas por planta, é um dos principais caracteres relacionados com a produção de grãos, devido ao aumento da “força de dreno”, representado pelo aumento no número de espigas, grãos e tamanho dos grãos nas plantas.

A prolificidade apresenta grande importância no melhoramento do milho devido aos seguintes fatores: 1) em geral, apresenta alta correlação com a produtividade, respondendo tanto à seleção direta quanto à indireta; 2) confere estabilidade de produção

em diversos ambientes; 3) aumenta a eficiência das plantas na utilização dos nutrientes; e 4) apresenta facilidade de seleção.

O potencial da prolificidade para o aumento e a estabilidade da produção de grãos no milho aumentou o interesse no desenvolvimento de populações, híbridos e linhagens com maior tendência prolífica. O trabalho pioneiro com a seleção para a prolificidade foi de Lonnquist (1967), que demonstrou a maior eficiência da seleção indireta para a produção de grãos através da prolificidade. A partir de então muitos outros trabalhos analisaram a influência da prolificidade na produção de grãos e a eficiência da seleção para a característica.

Apesar da importância da prolificidade no melhoramento do milho, existe carência de informações sobre os germoplasmas disponíveis no Brasil em relação ao potencial de utilização da prolificidade no melhoramento do milho para o aumento e a estabilidade da produção de grãos. A maior parte dos trabalhos de pesquisa estudam a prolificidade como uma característica secundária.

O objetivo do presente trabalho é analisar a eficiência de dois métodos intrapopulacionais na seleção para a prolificidade e suas relações com a produção de grãos. Ao mesmo tempo, pretende-se estudar a estrutura genética de populações de polinização aberta com relação à prolificidade e outros caracteres quantitativos.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Aspectos gerais

O milho (*Zea mays* L.) é uma espécie extremamente politípica, caracterizada por uma grande quantidade de variabilidade genética que se expressa em suas cerca de 250 raças descritas. Certamente por seleção natural, o milho desenvolveu tipos adaptados a climas específicos. Existem tipos que florescem com cerca de 30 dias até variedades que demoram um ano para florescer, mesmo em condições de adaptação (Paterniani, 1984). Existem tipos que se adaptam desde o nível do mar até altitudes acima de 3.800 metros, desde 58° de latitude norte até 40° de latitude sul e sobrevive em condições pluviométricas desde 250 mm até 10.000 mm (Hallauer & Miranda Filho, 1988).

A maioria dos cultivares modernos de milho apresentam uma única espiga (inflorescência feminina) em planta de um único colmo, em contraposição aos tipos primitivos que apresentam muitas espigas e, não raro, muitos perfilhos (Brown, 1965). A razão desta situação atual é a forte pressão de seleção que foi praticada, tanto pelo homem primitivo como pelos melhoristas modernos, no sentido de diminuir o número e aumentar o tamanho da espiga (Hallauer & Troyer, 1972). Existem relatos de variedade primitivas que produzem até 18 espigas por planta, as quais logicamente são menores do que nos cultivares comuns. O fato importante é que no germoplasma do milho existe potencial para desenvolver cultivares com mais de uma espiga. A espiga é meramente uma ramificação em função da diferenciação lateral da áxis principal e o milho é

potencialmente uma planta com alta capacidade para ramificações deste tipo (Sass & Loeffel, 1959; Brown, 1965).

2.2 A prolificidade no milho

2.2.1 A morfologênese floral

O desenvolvimento da parte aérea do milho passa por uma fase vegetativa antes dos sinais de iniciação do pendão. Durante a fase vegetativa, folhas já presentes no embrião crescem e novas folhas são formadas. Os nós inferiores do caule (7 a 8) normalmente tem uma gema axilar vegetativa. Estas gemas axilares desenvolvem-se em uma sucessão acrópeta, da base para o caule. Provavelmente, os meristemas laterais têm início na mesma taxa que os primórdios foliares do meristema apical e o estágio crítico para o desenvolvimento da espiga principal é um pouco antes da iniciação do meristema axilar que corresponde à iniciação do pendão (Lejeune & Bernier, 1996). A iniciação das folhas e gemas axilares cessa quando tem início a formação do pendão, o que ocorre 2 a 3 semanas após a emergência. As gemas são transformadas em espigas em uma sequência basípeta, ou seja, do ápice para a base. A iniciação da inflorescência terminal masculina precede o desenvolvimento floral dos ramos axilares em aproximadamente 7 dias (Tollenaar, 1977; Motto & Moll, 1983). As inflorescências axilares, através de uma série de estágios de desenvolvimento, são transformadas em uma ou mais espigas funcionais. O desenvolvimento floral começa na espiga superior e progride basipetalmente para as gemas dos nós inferiores (Motto & Moll, 1983).

Embora alguma diferenciação ocorra nos nós inferiores, o crescimento e desenvolvimento das gemas é controlado. Normalmente, somente as gemas localizadas nos nós superiores das plantas formam espigas funcionais. Portanto, embora ocorra a iniciação de várias espigas nas plantas de milho, somente uma ou duas desenvolvem-se até a maturidade em densidades comerciais. O número máximo de espigas é determinado pelo genótipo e pelo ambiente (Veit *et al.*, 1993).

2.2.2 A ocorrência da dominância apical no milho

A ocorrência da dominância apical no milho, ou seja, a supressão do desenvolvimento das espigas inferiores no caule pela espiga superior, tem sido descrita por muitos autores (Phillips, 1975; Sorrells *et al.*, 1978; Motto & Moll, 1983; Cline, 1997). Segundo Cline (1997), o processo de ocorrência da dominância apical e sua liberação, podem ser divididos em quatro estágios de desenvolvimento: a) formação do meristema lateral; b) inibição do crescimento da gema lateral; c) liberação da dominância apical seguido da decapitação, que pode ser promovido pela citocinina e inibido pela auxina; d) desenvolvimento do ramo lateral, que pode ser promovido pela auxina e giberelina.

Os resultados mostram que genótipos com diferente potencial prolífico tem um mecanismo de controle inerente que permite a produção de grãos somente nas espigas superiores (Harris *et al.*, 1976; Motto & Moll, 1983). O intervalo de tempo entre o florescimento da segunda e da primeira espiga tem grande influência sobre a formação das segundas espigas. Portanto, tem-se considerado que o mecanismo de repressão pelas espigas apicais é uma seqüência dependente do tempo, mediado pela difusão de reguladores de crescimento (Phillips, 1975; Sorrells *et al.*, 1978; Motto & Moll, 1983). Estes autores indicaram que o AIA (ácido indol acético), ácido giberélico e possivelmente outros hormônios interagem num modo de inibição dependente do tempo sobre o desenvolvimento das espigas inferiores.

O componente primário do sinal correlativo inibitório é a síntese de auxinas na região superior dos ramos secundários, provavelmente nas folhas novas em expansão, e o seu transporte para as regiões inferiores do caule. Isto porque as auxinas, impedem a síntese de DNA e a divisão celular nas espigas inferiores. Uma das teorias é que ocorre um mecanismo de transporte de hormônios, os quais tem influência direta sobre o transporte do floema nas espigas inferiores, ou um efeito indireto sobre o transporte pela ativação da atividade local de dreno na espiga superior (Sorrells *et al.*, 1978).

Por outro lado, o período entre a fertilização das espigas sucessivas é aparentemente crítico em determinar a extensão do desenvolvimento basípeto. Este intervalo poderia permitir um rápido aumento nos níveis de auxina das espigas superiores fecundadas que seria translocado para as regiões inferiores no colmo e promover a formação de um inibidor ou um metabólito direto para as espigas superiores. O precoce estabelecimento do transporte do metabólito para o dreno maior, poderia fornecer à espiga uma vantagem distinta sobre as espigas secundárias e possivelmente retardar o seu desenvolvimento. A variação no número de espigas entre plantas de um mesmo genótipo poderia ser explicada pela flutuação nos níveis hormonais endógeno em resposta às diferenças microambientais que cada planta individual está sujeita (Harris *et al.*, 1976).

A descoberta de que as giberelinas são também sintetizadas nas folhas novas e são transportadas para as regiões inferiores do caule, sugere que esta classe de hormônios tem uma função regulatória primária na inibição correlativa das gemas inferiores (Phillips, 1975; Sorrells *et al.*, 1978). O ácido giberélico age com o AIA estimulando a translocação de metabólitos e a dominância apical, inibindo o desenvolvimento das espigas inferiores. A citocinina tem um papel importante na liberação dos ramos laterais da dominância apical, devido ao aumento da sua concentração precedendo a elongação dos ramos laterais em ervilha (Li *et al.*, 1995). O efeito de uma auxina sobre a concentração das citocininas demonstrou o efeito do transporte polar basípeto da auxina na dominância apical. Estes resultados sugeriram a interação mútua entre o sistema de transporte basipolar de auxina e as citocininas produzidas nas raízes e transportadas via xilema pelo caule das plantas de ervilha.

A inibição correlativa envolve a deficiência nas gemas laterais de alguns fatores essenciais para o seu desenvolvimento, podendo ser estes fatores hormonais ou nutricionais. A falta de estímulo hormonal, particularmente citocininas, pode em alguns casos ser o resultado da incapacidade para sua síntese ou utilização, mas aparentemente, as gemas inibidas não apresentam uma quantidade suficiente de citocininas e substâncias nutricionais. Alguns metabólitos e citocininas também são mobilizados pela aplicação

localizada de certos hormônios, principalmente auxinas, que podem induzir o transporte a longa distância dos metabólitos. Este fenômeno é denominado de transporte hormônio dirigido (THD). Portanto, as giberelinas e citocininas atuam sinergisticamente com as auxinas no THD.

Dampney (1982) sugeriu que a auxina e provavelmente o ácido giberélico, sintetizado no pendão, são translocados para as inflorescências axilares inferiores, afetando sua dominância. A deficiência de água resultou numa acumulação de ácido abscísico, afetando a síntese daqueles hormônios ou sua translocação para as inflorescências axilares, estimulando o crescimento das inflorescências laterais. Com relação aos efeitos ambientais sobre a dominância apical, é provável que os efeitos do nível dos elementos minerais sobre a dominância são mediados pelos níveis de hormônios e nutrientes nas plantas. O fotoperíodo afeta a dominância, onde dias curtos podem reduzir e dias longos podem aumentar a inibição correlativa (Motto & Moll, 1983).

2.3 As condições ambientais e a expressão da prolificidade

2.3.1 Efeito do nitrogênio

A frequência de plantas com duas espigas no milho aumenta quando a emergência dos estigmas da espiga apical e subapical são sincronizadas, com uma diferença de até 24 horas uma da outra (Harris *et al.*, 1976; Camberato *et al.*, 1989). O baixo suprimento de nitrogênio (N) não restringe a elongação da espiga apical, mas reduz a taxa de elongação da espiga subapical e a sincronia entre as duas espigas. E a elongação da espiga subapical foi demonstrado ser paralela à elongação da espiga apical sob condições não estressantes. Isto indica que a taxa de crescimento das duas espigas deve ser responsável pelas diferenças na frequência de plantas com sincronia.

Camberato *et al.* (1989) encontraram dominância apical para o suprimento de N, regulando a elongação da espiga subapical, devido ao suprimento insuficiente de N

em híbridos prolíficos. Os autores observaram que a não sincronia de florescimento entre as duas espigas é decorrente da competição entre elas por quantidades insuficientes de nutrientes para o crescimento de ambas as espigas.

O sincronia entre o florescimento masculino e da segunda espiga, também tem influência sobre o nível de prolificidade das plantas, o que é altamente influenciado pelas condições ambientais. Jacobs & Pearson (1991) observaram ausência de sincronia somente no florescimento da segunda espiga com o pendão, mas não na primeira espiga, apesar do estresse imposto pela falta de N e aumento da densidade populacional ter reduzido a iniciação do florescimento e as taxas de alongação das espigas. Os autores concluíram que há uma hierarquia no desenvolvimento das espigas e que o estresse induz mudanças no rendimento por planta o que é devido à mudanças no número de espiguetas formadas e no número destas que se desenvolvem em grãos; e em segundo do número de espigas por planta e do peso dos grãos.

Brotslow *et al.* (1988), não observaram efeito do número de espigas e do rendimento sobre o vigor radicular e sobre o vigor do colmo em populações prolíficas de milho. Observaram que as plantas com duas espigas e com maior produção de grãos, apresentaram estreita sincronia entre a antese e o florescimento feminino e maior altura de espigas que as plantas com uma espiga.

Por outro lado, os genótipos prolíficos são capazes de extrair mais N da solução do solo do que os não prolíficos e são mais eficientes na utilização do N (Casnoff, 1984). Durieux *et al.* (1993) observaram aumento no peso da espiga apical e subapical de híbridos prolíficos em resposta ao aumento da taxa de N. No híbrido com alto potencial prolífico, ocorreu uma grande resposta à aplicação de N através do aumento do peso da primeira e da segunda espiga. Em ordem de importância, os fatores que contribuem para o aumento do rendimento em resposta ao N são: aumento no número espigas subapicais, aumento no peso da espiga apical e um aumento no peso da espiga subapical.

2.3.2 Efeito da deficiência hídrica

O desenvolvimento da espiga subapical é mais sensível ao estresse hídrico do que a espiga apical (Sorrells *et al.*, 1979). A exposição das plantas de milho à seca durante o início do desenvolvimento do embrião e durante o florescimento, resulta na inibição da formação das flores femininas e um retardamento na emergência dos estigmas. Isto acarreta altas reduções na produção de grãos.

O tipo de efeito que o estresse causa na planta é dependente do estágio do desenvolvimento da planta de sua ocorrência (Motto & Moll, 1983). O estresse hídrico ocorrendo entre o florescimento masculino e o feminino reduz o número de grãos por planta. Isto ocorre devido ao atraso no florescimento feminino em relação à antese quando as plantas estão estressadas, redundando numa fraca fertilização. Quando o estresse hídrico ocorre antes do florescimento feminino e a polinização, ocorre a redução do número de espigas por planta.

Tem sido observado que o aumento do estresse hídrico reduz o número de segundas espigas nas plantas prolíficas. Undersander (1987), verificando a resposta de híbridos de milho ao estresse hídrico, observou um aumento no número de espigas por planta com o aumento da evapotranspiração sazonal, e esta resposta não variou significativamente entre os híbridos. O autor verificou uma redução no número de grãos por planta com o estresse hídrico antes e durante o florescimento masculino e feminino. Biasutti & Peiretti (1992) observaram que a tolerância à seca poderia ser melhorada selecionando plantas prolíficas com menor intervalo de florescimento, maior número de grãos/fileira e reduzida senescência foliar. Observaram que a produção de grãos sobre estresse foi influenciado pelo número de folhas, altura da espiga, maturidade da camada preta, senescência da folha da espiga, prolificidade, intervalo entre o florescimento masculino e o feminino, altura da planta e número de grãos/fileira. Guei e Wassom (1992) observaram que a data do florescimento feminino, intervalo entre a antese e o florescimento feminino e o número de espiga por planta correlacionaram-se melhor com a produção de grãos em condições estressantes de deficiência hídrica, do que em

ambientes não estressantes. Estas características poderiam ser utilizadas para a seleção para a resistência à seca.

2.3.3 Efeito da densidade populacional

Numerosos estudos sobre os efeitos de diferentes densidades populacionais revelaram que a diminuição da área de solo, explorada por cada planta pelo aumento na densidade, tem um efeito negativo sobre o número e o tamanho das espigas por planta de híbridos com múltiplas espigas (Motto & Moll, 1983). Seria a redução da luminosidade o responsável pela redução no número de espigas e na produção por planta. O trabalho de Teyker *et al.* (1991) com a desfolha das folhas inferiores do milho, demonstrou que estas folhas são as responsáveis pelo suprimento de carboidratos para as raízes após a antese, mantendo a absorção de nitrogênio após este período. Portanto, é provável que a alta densidade populacional inibe a fotossíntese nas folhas inferiores e, conseqüentemente, o transporte de carboidratos para o sistema radicular, reduzindo o fornecimento de nutrientes para as segundas espigas.

Normalmente o aumento da densidade populacional atrasa o florescimento feminino, fazendo com que não haja coincidência entre o florescimento masculino e feminino (Jacobs & Pearson, 1991). Isto faz com que ocorra a redução do número de grãos por planta e do número de espigas por planta. Contudo, os genótipos prolíficos, apesar de reduzirem o número de plantas com duas espigas, tem uma maior porcentagem de plantas com uma espiga em altas densidades e o intervalo entre o florescimento masculino e da primeira espiga é menor nestes genótipos. Isto resulta em maior número de grãos por planta e em maior produtividade que os genótipos não prolíficos.

Thomison & Jordan (1995), estudando o efeito da densidade populacional sobre o híbridos de milho que diferiam no hábito de crescimento da espiga, observaram que o híbrido prolífico apresentou maior produtividade em ano com deficiência hídrica do que os outros híbridos, contudo apresentou alta suscetibilidade ao acamamento o que limita sua utilização em larga escala. Observaram ausência de interação híbrido x densidade

populacional, sugerindo que as diferenças em prolificidade e hábito de crescimento da espiga tem pouca importância na determinação da população ideal de plantas.

Os híbridos comerciais modernos suportam mais o estresse da alta densidade do que os híbridos antigos, o que está relacionado com o maior número de espigas por planta destes materiais. Cox (1996), comparando o desempenho produtivo e fisiológico de híbridos de milho em diferentes densidades populacionais, observou que os híbridos mais modernos apresentaram máximo rendimento de matéria seca à uma densidade de 9 plantas / m² e máximo rendimento com 6,75 plantas / m². O trabalho mostrou que os híbridos prolificos (ou com número de espigas flexível) e com tolerância à seca apresentaram uma resposta mais linear no aumento da matéria seca e na produção de grãos com o aumento da densidade nos anos de estudo. Ao contrário, os híbridos não tolerantes à seca, tiveram uma redução acentuada no número de grãos por planta e um aumento no número de plantas sem espigas (“barrenness”) em altas densidades em anos secos.

Tollenaar *et al.* (1992) analisaram a resposta de várias gerações de híbridos à diferentes densidades populacionais e observaram que o maior número de grãos nos híbridos recentes foi associado com menor número de plantas sem espigas e no aumento da prolificidade. A média da relação do número de grãos por unidade de crescimento à densidade de 13 plantas / m² foi de 171 ± 27 grãos / grama / dia nos híbridos recentes e de 116 ± 19 grãos / grama / dia nos híbridos antigos. Morello *et al.* (1994) realizaram um ciclo de seleção massal para prolificidade na população ‘CMS-39’ em três densidades populacionais. Observaram que as densidades populacionais afetaram o número de espigas por planta mas não a produtividade das populações melhoradas. Concluíram que a seleção para a prolificidade na densidade máxima de 42.000 plantas/ha proporcionaria os melhores resultados. Buren *et al.* (1974) indicaram que genótipos tolerantes à alta densidade populacional poderiam ser caracterizados através do rápido aparecimento da barba, coincidência entre o florescimento feminino e o masculino, crescimento rápido da primeira espiga, prolificidade, reduzido tamanho do pendão e eficiente produção de grãos por unidade de área.

Contudo, Mariani & Desiderio (1974) observaram a predominância da variância aditiva para os caracteres relacionados com a produção, incluindo a prolificidade, em baixas densidades populacionais e menor variância aditiva em altas densidades populacionais nos mesmos caracteres. Em ambas as densidades, a produção de grãos e ENWI (um índice composto pelo peso de cada espiga) apresentaram baixa e negativa correlação. Portanto, as repostas da prolificidade em distintos ambientes, como diversas densidades populacionais, depende do material estudado e das condições ambientais do local de estudo.

2.3.4 Eficiência da utilização do nitrogênio

A produção de grãos de um dado genótipo de milho é dependente de inúmeros fatores, como do tamanho do “dreno” por planta, do suprimento de fotossintetatos, da partição total da matéria seca para o grão e do eficiente uso do N. O tamanho do dreno pode ser definido como o tamanho do grão, número de grãos por planta e do número de espigas por planta (Anderson *et al.*, 1984). O suprimento de N pode afetar o tamanho do dreno de certos genótipos pelo aumento do número de espigas por planta.

Vários trabalhos demonstraram que a influência do número de espigas sobre a acumulação de matéria seca e a sua partição depende do genótipo estudado. A remobilização do N do caule e folhas possivelmente é uma importante fonte de N no enchimento do grão, e a variação na remobilização é característico de cada genótipo e do ambiente. Anderson *et al.* (1984) observaram a importância da remobilização durante o enchimento dos grãos. O N é deslocado das folhas e colmo imediatamente depois do florescimento feminino, o que é correspondente ao período de maior aumento no conteúdo de N na espiga. Apesar dos resultados indicarem que a quantidade de matéria seca e a acumulação do N não são associados ao tamanho do dreno, a partição da matéria seca e do conteúdo de N foi significativamente afetado pelo tamanho do dreno. Genótipos com maior número de espigas foram mais eficientes em partilhar a matéria seca e o N para o grão e utilizar eficientemente o N (peso grãos/N da planta).

O conteúdo de N do grão é derivado do N remobilizado das folhas, colmo e raízes (N_r) e também da absorção de N após a antese (N_a). Os híbridos de milho com diferente potencial prolífico diferem nesta característica (Pan *et al.*, 1986).

Estudos sugerem que a partição do carbono para o desenvolvimento do grão tem prioridade sobre o carbono necessário para as raízes. Existe uma relação inversa entre o número de espigas por planta e a absorção de N após a antese. Isto é decorrente da redução do carbono para as partes vegetativas e conseqüentemente leva a redução da absorção de N. Híbridos com maior número de espigas por planta exibiram baixa absorção de N após a antese e alta remobilização de N, sendo que este é estimulado pelo desenvolvimento da segunda espiga. É a fotossíntese que ocorre após a antese que sustenta o enchimento da segunda espiga porque o crescimento da primeira espiga é prioritário em caso de limitação de umidade (Pan *et al.*, 1995).

Durieux (1990) observou que os híbridos prolíficos translocaram mais matéria seca e N do colmo e folhas para a espiga durante o crescimento reprodutivo. A eficiência de utilização de N foi maior nestes híbridos (relação peso de grãos/conteúdo total de N), apesar do conteúdo total de N não ter sido maior. As plantas prolíficas apresentaram uma redução na atividade de absorção de nutrientes das raízes depois da antese, ratificando a hipótese da limitação de energia para as raízes das plantas prolíficas. A taxa de absorção de N e potássio foi menor e de cálcio e magnésio foi maior nas plantas prolíficas após a antese.

Kamprath *et al.* (1982), comparando a resposta à aplicação de N em populações melhoradas via seleção intrapopulacional (famílias de meios irmãos) e interpopulacional (recorrente recíproca), observaram que a seleção recorrente recíproca resultou numa população com maior eficiência na utilização do N do que a população desenvolvida pelo método intrapopulacional. Isto foi relacionado ao potencial de desenvolvimento de duas espigas por planta na população oriunda da seleção recíproca.

Chanh Ta *et al.* (1993) demonstraram que ao menos sete proteínas funcionam como formas de armazenamento temporário de N no colmo. Estas proteínas são

degradadas durante as três semanas após a antese para fornecer N orgânico para o desenvolvimento da espiga.

Por outro lado, Teyker *et al.* (1991), estudando os efeitos da retirada das folhas inferiores em híbridos prolíficos, observaram que a retirada das 3 últimas folhas durante e depois da antese, teve um maior efeito redutor sobre a segunda espiga do que sobre a primeira. Genótipos com maior capacidade de acumular N nas folhas inferiores na antese em resposta à aplicação de N, foram mais eficientes em absorver N durante o enchimento do grão e mantiveram maior atividade fotossintética durante o crescimento reprodutivo. Isto sugere que as folhas inferiores suprem de carboidratos o sistema radicular, mantendo a absorção de nutrientes após a antese e que existe variabilidade entre os híbridos prolíficos nesta função.

2.4 A herança da prolificidade

A prolificidade no milho é classificada como uma característica de alta herdabilidade. Hallauer & Miranda Filho (1988) obtiveram, na média de 39 estimativas, um coeficiente de herdabilidade de 39%, e as variâncias aditiva e dominante foram de $45,9 \times 10^{-3}$ e $11,8 \times 10^{-3}$, respectivamente, indicando a predominância da ação gênica aditiva na expressão do caráter.

Soares Filho (1987) estimou coeficientes de herdabilidade para médias de progênes, em dois anos, da ordem de 61,6% e 29,1% para Piranão VD2B e de 25,0% e 45,8% para Piranão VF1B; as estimativas da variância aditiva foram de $37,5 \times 10^{-3}$ e $4,11 \times 10^{-3}$ para Piranão VD2B e de $21,3 \times 10^{-3}$ e $20,9 \times 10^{-3}$ para Piranão VF1B. Para Piranão VD2B a diferença de expressão na variabilidade foi atribuída a diferentes efeitos ambientais nos dois anos. Miranda Filho & Andrade (2000) relataram herdabilidade de 16,3% e 40,9% para indivíduos e médias de progênes, respectivamente, na população ESALQ-PB¹; a estimativa da variância aditiva foi de $17,7 \times 10^{-3}$.

Hallauer (1974) obteve uma estimativa média de 24,2% no cruzamento entre linhagens de milho com diferente número de espigas por planta, testadas em diferentes

densidades populacionais. Guei e Wassom (1992) observaram estimativas de herdabilidade de 12% em condições estressantes de deficiência hídrica e de 3,8 e 7% em condições não estressantes em dois compostos de milho.

Muitos trabalhos mostraram que a expressão da prolificidade tem herança predominantemente aditiva (Sorrells *et al.*, 1979; Laible & Dirks, 1968). Stuber *et al.* (1966) observaram que a variância aditiva é maior que a variância de dominância para prolificidade e a variância epistática não foi detectada. Laible & Dirks (1968) observaram que a magnitude da variância não aditiva foi próxima a zero no estudo de diversas gerações de várias combinações híbridas. Observaram valores de variância aditiva de $16,8 \times 10^{-3}$ a $115,4 \times 10^{-3}$ para número de espigas.

Subandi & Compton (1974) observaram relação entre a estimativa de dominância pela variância genética aditiva do número de espigas por planta de 0,24 em plantios em baixa densidade e 0,29 em plantios de alta densidade, sugerindo que a maioria dos locus que controlam a característica possuem dominância parcial a completa. Para produção de espigas os autores estimaram variância aditiva de 171,3 em altas densidades populacionais. Hallauer & Miranda Filho (1988) observaram variância aditiva de 469,1 gramas por planta² para a produção de grãos na média de 99 estimativas.

Sorrells *et al.* (1979), trabalhando com linhagens, e gerações F₁, F₂ e retrocruzamentos, observaram que os efeitos aditivos foram altamente significantes para o número de espigas e um índice do peso de múltiplas espigas. A análise genética de dois pares de linhagens indicaram que um único loco ou um grupo de locus ligados responderam pela maior parte da variação no número de espigas.

A produção múltipla de espigas ajusta-se à descrição de um caráter umbral, pois os efeitos genéticos e de ambiente a ela associados tem distribuição contínua enquanto que a sua expressão fenotípica tem distribuição discreta (Hallauer, 1974; Harris *et al.*, 1976). Como a expressão da prolificidade é altamente dependente do ambiente, a herdabilidade apresenta-se inconsistente sob condições ambientais diferenciadas, com estimativas que podem variar de 0% (Hallauer, 1974) a 100% (Hallauer & Troyer,

1972). De fato, o número de espigas por planta resulta da combinação de forças genéticas e de ambiente dentro de um período de seis semanas que antecede ao florescimento; se a referida combinação for desfavorável neste período, as plantas terão espigas únicas, mesmo que condições ótimas à produção de grãos ocorra após este período crítico (Hallauer & Miranda Filho, 1988).

Hallauer (1974) observou que a prolificidade é uma característica poligênica, mas com distribuição descontínua, ou seja, a herança é quantitativa mas a expressão é qualitativa. Concluiu que a utilização de procedimentos quantitativos parecia ser apropriado para o aumento do nível de prolificidade.

Contudo, trabalhos recentes indicam que a característica é governada por um ou poucos genes (Harris, *et al.*, 1976; Sorrells *et al.*, 1979; Maita & Coors, 1996). A maior parte dos estudos sobre a herança da prolificidade no milho sugere que poucos genes de caráter recessivo controlam o caráter (Duvick, 1974, Hallauer 1974).

Harris *et al.* (1976) observou que o forte potencial prolífico foi devido à condição genética recessiva e que as diferenças genotípicas entre os híbridos de uma e duas espigas deve envolver 2 locus de grande efeito. Respostas genotípicas à manipulação da polinização não forneceram evidências para se rejeitar o modelo de herança qualitativa, em que o desenvolvimento das segundas espigas não sincronizadas é regulado pela difusão de hormônios que são produzidos pelas espigas superiores antes da antese.

Contudo, Moll *et al.* (1981) encontraram evidências de que a segregação de plantas com espigas sincronizadas e assincronizadas é controlada por mais que um simples locus. Mas, indicaram que a segregação do desenvolvimento das segundas espigas entre plantas com emissão sincronizada da barba deve envolver um único locus de grande efeito. Portanto, a ausência de sincronia, que determina a prolificidade e é regulada pelo nível de estresse a que as plantas estão sujeitas, envolve um grande número de processos que determinam a penetrância do gene de grande efeito.

O aumento da taxa de homozigose (ou diminuição da heterozigose) não tem um efeito perfeitamente previsível sobre a prolificidade. Sing *et al.* (1967) detectaram a diminuição do número de espigas em duas populações sob endogamia. Good e Hallauer (1977) estudaram três sistemas e endogamia e verificaram diminuição do número de espigas em uma população e aumento em outra. Depois de oito gerações de autofecundação, o aumento do número de espigas na população BSSS foi da ordem de 30%. Nass (1992) detectou diminuição do número de espigas da ordem de 33% e 24% nas populações semi-exóticas ESALQ-PB¹ x ENTRALAÇADO e ESALQ-PB¹ x CRAVO, respectivamente. O grande efeito da endogamia sobre o número de espigas pode ter sido consequência de genes deletérios recessivos que afetam fortemente a adaptabilidade das populações.

A prolificidade pode ser melhorada por métodos típicos qualitativos, como o retrocruzamento. Duvick (1974) mostrou ser possível transferir em parte a característica através do retrocruzamento. Contudo, as linhagens obtidas apresentaram menor produtividade e maior acamamento e apresentaram plantas significativamente mais baixas e sem espigas em altas densidades populacionais.

2.5 A correlação da prolificidade com a produção de grãos

A prolificidade é associada com alto rendimento de grãos no milho devido à sua alta correlação com a produção (Lonnquist, 1967; Laibe & Dirks, 1968; Hallauer, 1974; Mareck & Gardner, 1979; Souza Júnior *et al.*, 1985; Singh *et al.*, 1986; Coors & Mardones, 1989; Maita & Coors, 1996).

Robinson *et al.* (1951) observaram que o número de espigas por planta, entre diversas características analisadas, obteve a maior correlação genética positiva com a produção de grãos (0,819), na análise combinada de três populações de milho prolífico. Souza Júnior *et al.* (1985) obtiveram coeficiente de correlação genética de 0,941 entre a prolificidade e a produção de grãos e de -0,648 entre a prolificidade o número de ramificações no pendão em progênies de meios irmãos da população 'Suwan'.

Correlações genéticas parciais indicaram que o efeito do tamanho do pendão sobre a produção de grãos ocorre diretamente através da prolificidade. Os autores obtiveram uma resposta correlacionada estimada para a produção de grãos de 16,6%, selecionando-se para a prolificidade. Hallauer & Miranda Filho (1988) relataram correlação de 0,43, na média de 16 estimativas. Coors & Mardones (1989) observaram correlação de 0,90 na população Golden Glow. Collins *et al.* (1965), avaliando a performance de híbridos com duas espigas, observaram que estes apresentaram uma produção de grãos mais consistente do que os tipos de uma espiga, com as várias densidades populacionais testadas. Esta resposta ocorreu devido à capacidade dos híbridos de duas espigas se ajustarem às flutuações ambientais pela mudança no número de espigas produzidas.

Agrama (1996) realizou uma análise de trilha sequencial de 5 componentes de rendimento e constatou que o número de espigas por planta teve o maior efeito direto sobre a produção de grãos. Concluiu que o número de grãos por planta, a prolificidade e o tamanho dos grãos servem como características potenciais para o melhoramento da produtividade.

Normalmente ocorre o declínio na herdabilidade da produção de grãos sob condições de estresse (Blum, 1988; Bolaños & Edmeades, 1996). Em condições de estresse hídrico, a herdabilidade da produção de grãos normalmente é menor porque a variância genética diminui mais rapidamente do que a variância ambiental entre parcelas. Em contraste a herdabilidade do IAF (intervalo entre a antese e o florescimento feminino) e do número de espigas por planta tende a aumentar ou permanecer constante sob estresse (Bolaños & Edmeades, 1996). Com o aumento do estresse, aumenta a dependência da produção sobre o número de espigas por planta e desta sobre o IAF. Isto porque o estresse hídrico aumenta o intervalo entre o florescimento masculino e feminino, resultando em ausência de sincronia (Laffite & Edmeades, 1995).

Bolaños & Edmeades (1996) observaram que em ambiente sem deficiência hídrica, o número de espigas por planta respondeu por 24 % da variação na produção, enquanto que em ambiente onde ocorreu estresse hídrico durante o florescimento, o número de espigas por planta respondeu por 59% da variação na produção. A seleção em

condições de seca tem sido acompanhada por grandes reduções na IAF nas populações do CIMYT.

Terrazas *et al.* (1995) observaram alta correlação entre produção e IAF e um índice de prolificidade, sugerindo que estas características podem ser usadas como indicadores de tolerância à seca de uma população. Isto ocorre porque, em condições de seca, os ganhos genéticos são mantidos principalmente com a seleção para IAF e número de espigas por planta nos quais a variância genética e a correlação com a produção aumentam, e em menor intensidade com a produção de grãos (Bolaños & Edmeades, 1996).

Guei & Wassom (1992) observaram que a data de florescimento feminino, o intervalo entre o florescimento masculino e feminino e o número de espigas por planta se correlacionaram melhor com a produção de grãos em condições de estresse do que em ambientes não estressantes. Estas características poderiam ser utilizadas para seleção à tolerância à seca nas populações estudadas.

Um dos grandes méritos da prolificidade é a tolerância que confere em ambientes estressantes, como por exemplo o estresse hídrico ou elevadas densidades populacionais, principalmente devido à redução do “barrenness”. Russel (1968) observou que a vantagem dos híbridos de duas espigas estava na resistência destes híbridos ao “barrenness” em altas densidades populacionais. Prior & Russel (1975) observaram que os híbridos prolíficos apresentaram um maior intervalo de densidade ótima do que os híbridos com uma espiga. Eles sugeriram que os híbridos prolíficos tem uma resposta melhor a altas densidades e/ou condições estressantes porque são mais resistentes ao “barrenness”.

Tollenaar *et al.* (1992), investigando a formação da espiga e dos grãos em uma série de densidades e gerações de híbridos, observou que o melhoramento para a produção de grãos dos híbridos foi associado ao aumento no número de grãos por planta, o que é determinado pelo número de espigas por planta. O aumento da prolificidade levou a um menor nível de “barrenness” em altas densidades populacionais. Maita &

Coors (1996) observaram que o aumento da prolificidade com os ciclos de seleção, aumentou o rendimento em altas densidades populacionais.

Maita *et al.* (1995b), estudando a estabilidade fenotípica em 20 ambientes, observaram que a seleção para prolificidade aumentou a estabilidade estática e biológica da produção de grãos na população Golden Glow.

Otegui (1995), estudando a prolificidade nos híbridos argentinos, observou que a aborta das espiguetas da espiga apical diminuiu com o aumento da prolificidade e que os híbridos não prolíficos apresentaram uma maior variabilidade na proporção de espiguetas abortadas. Provavelmente, devido à maior influência ambiental sobre o florescimento feminino.

2.6 A seleção recorrente e a prolificidade

Muitos autores utilizaram a seleção massal para a seleção para a prolificidade com sucesso no aumento da produção de grãos (Lonnquist, 1967; Mareck & Gardner, 1979; Paterniani, 1980a; Paterniani, 1980b; Segovia, 1983; Maita & Coors, 1996). Isto ocorreu devido a elevada herdabilidade da prolificidade e à sua alta correlação com a produção de grãos nas populações estudadas.

A seleção massal é o mais antigo método de melhoramento do milho, na qual a unidade de seleção são os fenótipos de plantas individuais, sem o uso de repetições. O método tem sido efetivo na fixação de algumas características, mas geralmente não é efetivo no melhoramento da produção de grãos devido à problemas experimentais, como ausência de controle ambiental, presença de interação genótipo x ambiente, ausência de controle parental e reduzida precisão experimental (Hallauer & Miranda Filho, 1988).

A obtenção de altas correlações com produção e a alta herdabilidade da característica tem levado os melhoristas a optarem para a seleção indireta para produção de grãos por meio da seleção massal para prolificidade. Lonnquist (1967), foi o primeiro pesquisador a efetuar a seleção indireta para a produção de grãos. Realizando seleção

massal para a prolificidade durante 5 gerações na variedade Hays Golden, observou ganho genético na produtividade de 6,28 % por ciclo. Quatro gerações de seleção para prolificidade na variedade resultou num nível de produtividade correspondente a dez gerações de seleção para produção de grãos. Estes resultados mostraram que seleção indireta poderia ser mais efetiva se a característica secundária tem maior herdabilidade que a primária e a correlação genética entre as duas é alta.

Em uma publicação posterior, Maita & Coors (1996), obtiveram um ganho de 1% por ciclo em 20 ciclos de seleção para prolificidade na mesma população avaliada por Lonnquist. A seleção para prolificidade mudou a produção de grãos em altas densidades populacionais. A resposta da população a altas densidades tornou-se mais linear e os últimos ciclos apresentaram maior produção em altas densidades do que os ciclos iniciais (Maita *et al.*, 1995b). O trabalho evidenciou a efetividade de seleção para produção de grãos pela prolificidade e mostrou que a eficácia do método é influenciada por vários fatores, como a base genética, capacidade de controle da polinização e a heterogeneidade do ambiente.

Torregroza & Harpstead (1967) realizaram seleção divergente para a prolificidade. A seleção para a prolificidade resultou num aumento de 14% na produção de grãos e 28% no número de espigas por planta. A seleção para somente uma espiga resultou num aumento de 5% na produção de grãos e de 7% no número de espigas por planta. Em estudo posterior, Torregroza (1973) observou aumento de 48% na prolificidade e 35% na produção de grãos depois de 11 gerações de seleção para a prolificidade. Laible & Dirks (1968) concluíram que seleção por um índice composto por número de espigas e a produção de grãos (ENWI) foi superior à seleção baseada somente na produção de grãos.

Mareck & Gardner (1979) observaram que 10 ciclos de seleção massal para prolificidade correspondeu a um ganho de 0,8 a 0,9 % por ano, o que foi aproximadamente tão efetivo no aumento da produção de grãos quanto 15 gerações de seleção para produção de grãos *per se*. Ao mesmo tempo, observaram que a seleção para prolificidade causou menor aumento no ciclo e na altura da espiga que a seleção direta

para a produção de grãos. Na média de 14 ambientes, obtiveram médias de 0,94 espigas por planta em C₀ e 1,18 espigas por planta em C₁₀. Concluíram que a seleção deve ter aumentado a frequência dos alelos que permitem que as populações tirem vantagem em condições ideais de cultivo. Contudo, Morello *et al.* (1994) não observaram aumento no peso de espigas com um ciclo de seleção massal para prolificidade na população 'CMS-39'.

A seleção para prolificidade pode ser utilizada quando da seleção massal, visando o aumento da adaptação de germoplasma exótico. Compton *et al.* (1979) mostraram que a seleção massal para o aumento da adaptação e da prolificidade pode resultar no aumento da produção de grãos sem necessariamente mudar outras características que mostram resposta correlacionada com a produção de grãos, como a altura da planta.

A seleção para a prolificidade pode alterar outras características na população, como na altura das plantas e no comprimento das espigas. Singh *et al.* (1986) observaram redução significativa na altura da planta, de -1,81 cm por ciclo, e não significativa para altura da espiga, de -0,66 cm por ciclo, com a seleção para a prolificidade. Maita & Coors (1996) observaram redução de -0,4 e -0,3 cm por ciclo na altura da planta e da espiga, respectivamente, após 20 ciclos de seleção massal para a prolificidade. Compton *et al.* (1979), observaram aumento na altura da espiga, altura da planta e do ciclo com a seleção para prolificidade e para a adaptação.

Singh *et al.* (1986) observaram redução não significativa de -0,04 cm por ciclo no comprimento de espiga após quatro ciclos de seleção para a prolificidade. A redução no comprimento médio das espigas é explicado pela aumento da demanda por assimilados nas plantas com duas espigas e a conseqüente redução da quantidade para cada espiga.

Contudo, outros métodos de seleção recorrente também podem ser utilizados com sucesso no melhoramento da prolificidade e na produção de grãos.

Os métodos de seleção recorrente foram desenvolvidos para o melhoramento de caracteres quantitativos em populações de base genética ampla. Sua condução

envolve três fases: desenvolvimento das progênies, avaliação das progênies em experimentos com repetições, seleção e recombinação das progênies superiores para reconstituição da população para o próximo ciclo de seleção. Então, o objetivo da seleção recorrente é aumentar a médias das características sob seleção (seleção de progênies com genes favoráveis) e manter a variabilidade para futuras seleções (recombinação de progênies superiores) (Lamkey & Hallauer, 1984). A seleção recorrente é normalmente realizada em populações de ampla base genética e minimiza a endogamia enquanto maximiza a recombinação.

Singh *et al.* (1986) realizou 4 ciclos de seleção recorrente com o emprego de progênies de irmãos germanos para a prolificidade na população de polinização aberta 'Partap'. Obtiveram uma resposta linear significativa na produção de grãos de 5,5% por ciclo quando a seleção foi praticada em densidade de 44.444 plantas / hectare e de 3,6% por ciclo quando a seleção foi praticada em densidade de 166.666 plantas / hectare. As médias foram de 1,06 espigas por planta no ciclo 0 e 1,29 espigas por planta após 4 ciclos de seleção. Concluíram que maiores ganhos na produção deveriam ser esperados da seleção para a prolificidade do que com a seleção direta para a produção de grãos.

Paterniani (1978) propôs um método simples e eficaz de seleção recorrente fenotípica para a prolificidade. Baseia-se na seleção massal para a prolificidade em ambos os sexos. Quando o florescimento se inicia, todas as plantas com segundas espigas são cobertas. Depois de 5 a 10 dias, é retirado o pendão das plantas sem segundas espigas e as espigas das plantas com 2 espigas são descobertas. As sementes colhidas são resultado do cruzamento somente de plantas prolíficas.

Tsotsis (1972) apresentou resultados indicando que a autofecundação da segunda espiga e polinização livre da primeira espiga, para fins de seleção para prolificidade, induz o desenvolvimento de um sistema vascular ou mecanismo bioquímico capaz de alimentar ambas as espigas com eficiência equivalente, em contraste com outros tipos prolíficos onde a segunda espiga sempre é prejudicada em favor da primeira espiga. Goulas & Lonnquist (1976) relataram sobre dois ciclos de

seleção combinada de dois tipos de famílias, ou seja, pela média de famílias de meios irmãos e progênes S_1 obtidas da mesma planta.

Singh *et al.* (1986) propuseram uma nova metodologia para a seleção recorrente com progênes de irmãos germanos, na qual quatro ciclos de seleção para prolificidade são completados em dois anos. Consiste no plantio dos lotes de polinização quatro a oito semanas após o plantio dos experimentos de avaliação das progênes de irmãos germanos. Somente as progênes com duas ou mais espigas nos experimentos, são recombinadas nos lotes de polinização, permitindo a realização de dois ciclos em um ano agrícola.

O aumento da prolificidade aumenta a estabilidade de produção dos genótipos de milho em distintos ambientes de cultivo (distintas densidades populacionais, fornecimento hídrico e de nutrientes), aumenta a eficiência na transformação dos nutrientes disponíveis em grãos; além de propiciar maior produtividade em ambientes de cultivo adequados. Contudo, a maior parte dos estudos científicos com a prolificidade utilizaram metodologias simples de seleção, como a seleção massal em ambos os sexos, na qual há reduzido controle ambiental na seleção dos materiais superiores. Aliado a isto, são poucos os trabalhos no país que realizaram estudos genéticos da prolificidade e sua relação com a produção de grãos nos materiais aqui adaptados.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material

Foram utilizadas neste trabalho seis populações de polinização livre:

ITA-PR: Foi derivada da variedade IAC-Taiúba (Instituto Agronômico de Campinas), de porte e ciclo intermediário, com elevado grau de tolerância a alumínio tóxico, após um ciclo de seleção massal para prolificidade (Miranda Filho¹).

Pichilingue: Foi introduzida do Equador, após resultados promissores da avaliação experimental de híbridos simples Pichilingue x Poza Rica no Brasil (Vasco Medina, 1990), tendo se revelado com bom potencial de prolificidade em avaliações visuais.

ESALQ-PR1: É uma população de base genética estreita, originada a partir de uma família de meios irmãos de uma população segregante (ESALQ-PB4 x ESALQ-PB5) e submetida a um ciclo de seleção fenotípica para prolificidade.

Piranão VD2B: Corresponde à versão braquítica da população ESALQ-VD2, tendo sido empregada a variedade 'Piranão' como fonte doadora do gene br_2 ². Após o cruzamento inicial, ESALQ-VD2 x 'Piranão', foi efetuado um retrocruzamento para ESALQ-VD2, seguindo-se de três gerações de cruzamentos ao acaso, em lotes isolados, com seleção branda visando maior uniformização da arquitetura das plantas.

¹ MIRANDA FILHO, J.B. (Departamento de Genética, ESALQ/USP). Comunicação pessoal, 1996.

² O gene br_2 é um dos genes maiores que reduzem o porte das plantas de milho. Promove o encurtamento dos internódios, sem afetar o número de folhas. É um dos genes que menos alteram o tamanho da espiga.

Posteriormente, o Piranão VD2B, em pesquisa dirigida à estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos, foi submetido a um ciclo de seleção entre progênies de meios irmãos, objetivando o melhoramento de sua produção de grãos (Lordelo, 1982; Soares Filho, 1987).

Piranão VF1B: Refere-se à versão braquítica da variedade ESALQ-VF1. À semelhança da população Piranão VD2B, a população foi obtida através das seguintes etapas: cruzamento ESALQ-VF1 x 'Piranão', retrocruzamento para ESALQ VF1, realização de três gerações de recombinação, acompanhadas por uma seleção fraca com a finalidade principal de uniformizar a arquitetura das plantas. Por ocasião destas gerações de cruzamento ao acaso efetuou-se, também, seleção para grãos do tipo duro ou "flint". Posteriormente, foi praticado um ciclo de seleção entre progênies de meios irmãos, sendo nesta fase obtidas estimativas relativas a parâmetros genéticos e fenotípicos (Lordelo, 1982; Soares Filho, 1987).

Piranão VF1B-P: Constitui-se numa sub-população originada a partir da seleção de progênies com maior potencial prolífico da população Piranão VF1B. A seleção foi baseada em avaliações de progênies de irmãos germanos (IG) interpopulacionais oriundas do cruzamento de Piranão FV1B com Piranão VD2B e vice versa. O método de cruzamento utilizado para a obtenção das progênies foi o dialélico parcial circulante interpopulacional (Miranda Filho & Vencovsky, 1999). Baseado nas avaliações das progênies em experimentos com repetições, foram selecionadas 20 progênies das populações que apresentavam maior número de espigas por planta, na média dos 4 cruzamentos. As populações formadas foram denominadas de Piranão VD2B-P e Piranão VF1B-P. Devido ao baixo vigor das sementes de Piranão VD2B-P, não foi possível a obtenção de progênies prolíficas e a população foi descartada deste trabalho.

Como testemunha nos experimentos de avaliação foi utilizado o híbrido triplo modificado comercial XL360 da empresa Braskalb, que apresenta elevada prolificidade e produtividade.

3.2. Metodologias

Foram utilizados dois métodos de seleção recorrente ao nível intrapopulacional, visando o aumento da prolificidade nas populações *per se*.

3.2.1. Método Seleção IG

No presente trabalho, foi utilizado metodologia para seleção recorrente, proposta por Paterniani (1978), com modificações, a qual é descrita a seguir.

A população base foi plantada em época normal de cultivo do milho, utilizando-se espaçamento maior do que o usual para forçar a expressão da prolificidade. Quando da polinização, as plantas com segundas espigas foram polinizadas manualmente por outras plantas com segundas espigas, obtendo-se progênes de irmãos germanos (IG).

O esquema da seleção recorrente para prolificidade com o uso de progênes de irmãos germanos, aqui denominado de Seleção IG, é apresentado na Figura 1.

As progênes foram avaliadas em experimentos com repetições e as superiores quanto ao número de espigas por planta foram selecionadas para compor a população melhorada e o próximo ciclo de seleção teve início.

Os experimentos de avaliação das progênes foram utilizados para estimar parâmetros genéticos em cada ciclo seleção. Nos experimentos do ciclo 1 (avaliação C_{01}) foram estimados os parâmetros genéticos das populações após a seleção massal para a prolificidade (Figura 1). Nos experimentos do ciclo 2 (avaliação C_1) foram estimados os parâmetros genéticos das populações após o primeiro ciclo de seleção (seleção massal e de progênes). Estes experimentos foram utilizados também para a estimação da população melhorada de segundo ciclo (C_2).

Figura 1. Esquema de seleção recorrente do método Seleção IG.

Como houve seleção massal para a prolificidade para ambos os sexos quando da obtenção das progênes, foram obtidas um número reduzido de progênes por população nos dois ciclos. Deve-se ressaltar também que as progênes avaliadas nos experimentos com repetições após cada ciclo de seleção, não se referem às populações originais (C_0) ou às populações de primeiro ciclo (C_1), mas às populações depois da seleção fenotípica para a prolificidade. Portanto, a ocorrência da seleção massal quando da obtenção das progênes, faz com que as estimativas dos parâmetros genéticos não sejam das populações de referência. Apesar disto, os parâmetros genéticos foram calculados depois de cada ciclo para uma análise das propriedades genéticas das populações com respeito à prolificidade como um complemento ao estudo, uma vez que o objetivo primeiro desse trabalho é a avaliação da eficiência dos métodos de seleção para a prolificidade.

3.2.2 Método Seleção S_1

Com base no trabalho de Tsotsis (1972), foi utilizada uma variação da seleção recorrente fenotípica para prolificidade, descrita a seguir.

Foram instalados campos de cruzamento com baixa densidade populacional para facilitar a avaliação fenotípica de plantas individuais. Nas plantas com potencial de prolificidade foram protegidas as segundas espigas as quais foram autofecundadas, obtendo-se progênes de autofecundação (S_1). O esquema da seleção recorrente fenotípica do método Seleção S_1 é apresentado na Figura 2.

Figura 2. Esquema de seleção recorrente fenotípica do método Seleção S_1 .

Neste método, foram colhidas as primeiras e as segundas espigas das plantas polinizadas nos lotes de polinização e foram calculados:

- comprimento da primeira (**CE1**) e da segunda espiga (**CE2**) (cm);
- diâmetro da primeira (**DE1**) e da segunda espiga (**DE2**) (cm);
- peso da primeira (**PE1**) e da segunda espiga (**PE2**) (gramas);
- peso de grãos da primeira (**PG1**) e da segunda espiga (**PG2**) (gramas).

Após a obtenção destes dados, foram calculadas os índices:

- **RDE**: divisão do diâmetro da segunda espiga pelo diâmetro da primeira espiga ($DE2/DE1$);
- **RCE**: divisão do comprimento da segunda espiga pelo comprimento da primeira espiga ($CE2/CE1$);
- **RPE**: divisão do peso da segunda espiga pelo peso da primeira espiga ($PE2/PE1$);
- **RPG**: divisão do peso de grãos da segunda espiga pelo peso de grãos da primeira espiga ($PG2/PG1$).

As trinta progênes superiores quanto aos índices RPE e RPG foram selecionadas e recombinadas para o retorno da população à condição não endógama (S_0). Ao mesmo tempo, as progênes foram avaliadas em experimentos com repetições para a estimação dos parâmetros genéticos das populações (Figura 2). Os experimentos do primeiro ciclo (avaliação C_{01}) foram utilizados para estimação dos parâmetros genéticos das populações após a seleção massal para a prolificidade. Os experimentos do segundo

ciclo (avaliação C_1) foram utilizados para a estimação dos parâmetros genéticos das populações após o primeiro ciclo de seleção recorrente fenotípica e para a estimação da população melhorada de segundo ciclo (C_2).

No método Seleção S_1 não foi utilizada a informação do teste de progênies, mas tão somente a avaliação fenotípica de plantas individuais. As progênies S_1 foram avaliadas em experimentos com repetições somente para a análise genética das populações com respeito a prolificidade.

Assim como no método Seleção IG, foram obtidos um número reduzido de progênies por população depois de cada ciclo devido à seleção massal em ambos os sexos para a prolificidade quando da obtenção das progênies. Isso faz com que as estimativas dos parâmetros genéticos não sejam das populações de referência (C_0 e C_1). Estes foram obtidos após cada ciclo somente para uma análise das propriedades genéticas das populações com respeito a prolificidade e adicionar informações sobre a característica à análise dos métodos de melhoramento utilizados.

3.2.3 Obtenção das progênies e cruzamentos

No primeiro ciclo de seleção, foram semeadas 1.500 sementes para cada um dos dois métodos intrapopulacionais. O espaçamento utilizado nos lotes, foi maior que o usual para favorecer o aparecimento de plantas prolíficas, consistindo de 0,40 cm entre plantas e 1,00 entre linhas (Sorrells *et al.*, 1979; Singh *et al.*, 1986).

A semeadura ocorreu na primavera de 1996, na Fazenda Experimental de Anhembi (SP). Os tratos culturais foram realizados conforme os recomendados para a cultura.

Na época da polinização, todos os lotes tiveram as primeiras e segundas espigas protegidas antes da emissão da barba. Nos lotes onde utilizou-se o método Seleção S_1 , as autopolinizações foram realizadas nas segundas espigas, obtendo-se progênies de

autofecundação (S_1). Nos lotes do método Seleção IG, as plantas com barba na segunda espiga, foram polinizadas por outras plantas prolíficas da mesma população, obtendo-se progênes IG.

Na Tabela 1 são apresentados o número de progênes obtidas nos dois ciclos de seleção dos métodos Seleção S_1 e Seleção IG.

Tabela 1. Número de progênes de milho obtidas nos métodos intrapopulacionais Seleção IG e Seleção S_1 no primeiro e no segundo ciclo de seleção.

Populações	1º ciclo ^a		2º ciclo ^b	
	Seleção IG	Seleção S_1	Seleção IG	Seleção S_1
Piranão VF1B - P	83	---	120	---
Piranão VD2B	48	54	139	85
Piranão VF1B	89	62	85	36
Pichilingue	79	72	109	100
ITA - PR	67	68	125	89
HXL	---	---	109	53
ESALQ-PR1	32	40	---	65

^a Progênes de primeiro ciclo obtidas em Anhembi (1997)

^b Progênes de segundo ciclo obtidas em Piracicaba (1998)

No método Seleção S_1 as 30 progênes S_1 superiores quanto aos índices de prolificidade RPE e RPG, foram recombinadas e deram origem à população de primeiro ciclo utilizada no plantio do lote de polinização de segundo ciclo. A seleção do número de progênes ocorreu fixando-se o tamanho efetivo de 30 ($N_e=30$).

Foi obtido um reduzido número de progênes por população devido à ocorrência da seleção massal para ambos os sexos quando da obtenção das progênes.

Devido a isso, optou-se pela fixação do tamanho efetivo para se minimizar a ocorrência da deriva genética ocasionado pelo reduzido tamanho efetivo da população melhorada. Desta forma, a endogamia esperada no primeiro ciclo de seleção, de uma população de $F_0=0$ e $N_e=30$, é igual a 0,01667 e no segundo ciclo de seleção a endogamia é 0,03305, valores estes que podem ser considerados não comprometedores para progressos a médio prazo. Estes valores foram calculados segundo a seguinte fórmula (Li, 1976):

$$F_t = \frac{1}{2N_e} + \left(1 - \left(\frac{1}{2N_e}\right)\right) F_{t-1} \quad (1)$$

onde

F_t = coeficiente de endogamia na geração t .

A recombinação das progênies selecionadas foi realizada plantando-se 30 linhas, sendo que cada linha conteve uma semente de cada progênie selecionada. As linhas foram plantadas no campo em espaçamento normal e procedeu-se a polinização entre plantas dentro de cada linha, obtendo-se progênies de irmãos germanos. Depois da colheita, de cada espiga polinizada, foi retirada uma amostra isonumérica de sementes, cuja reunião compôs a população de primeiro ciclo.

As populações de primeiro ciclo semeadas para a obtenção de novas progênies S_1 , no método Seleção S_1 , foram as seguintes: Piranão VF1B, Piranão VD2B, Pichilingue, ITA-PR, ESALQ-PR1 e HXL.

No método de Seleção IG foram selecionadas as 20 progênies com maior número de espigas por planta de cada população, baseado nos testes de progênie dos experimentos. Da mesma forma que no método Seleção S_1 , estabeleceu-se um número fixo de 20 progênies por população para a redução da probabilidade de ocorrência da deriva genética. Como o tamanho efetivo das progênies de irmãos germanos é igual a dois, selecionando-se 20 progênies tem-se $N_e=40$. O coeficiente de endogamia, segundo a fórmula (1), no primeiro ciclo é de 0,0125 e no segundo ciclo de seleção de 0,0484,

supondo $F_0=0$. Estes índices foram inferiores ao método Seleção S_1 , e portanto, a probabilidade de deriva genética neste método é maior que no método Seleção IG.

Foi obtido um reduzido número de progênes da população ESALQ-PR1 no primeiro ciclo, como consequência do elevado nível de endogamia da população ($F_0 = 0,125$, relativo a uma família de meios irmãos). Devido a isto, a população foi descartada do método Seleção IG no segundo ciclo. O coeficiente de endogamia da população ESALQ-PR1 após o primeiro ciclo de seleção no método Seleção S_1 ($N_e=30$) é igual a 0,1396 e no método Seleção IG ($N_e=40$) é igual a 0,1359. Portanto, a população ESALQ-PR1 apresenta um alto nível de endogamia que será aumentado progressivamente no processo seletivo. Como a variância genética se reduz devido a endogamia, é esperado que o progresso genético com a seleção para a prolificidade nesta população seja reduzido.

Para a formação das populações de primeiro ciclo, uma amostra isonumérica de sementes foi retirada de cada progênie de irmãos germanos. Como neste método a recombinação ocorre juntamente com a obtenção das novas progênes, as sementes remanescentes das progênes selecionadas foram reunidas e semeadas para obtenção das progênes de segundo ciclo. Neste método, as populações de primeiro ciclo semeadas para a obtenção novas progênes foram: Piranão VF1B, Piranão VD2B, Pichilingue, ITA-PR, Piranão VF1B-P e HXL.

Nos dois métodos intrapopulacionais foi incluído a população HXL, formada a partir da polinização aberta do híbrido triplo XL360, que foi utilizado como testemunha nos experimentos de primeiro ciclo. Optou-se por incluí-lo no trabalho devido à sua grande prolificidade e produtividade. Para a formação da população, foram reunidas amostras isonuméricas de 40 espigas de meios irmãos, obtidas dentro dos experimentos de avaliação das progênes de primeiro ciclo.

Os lotes de polinização de segundo ciclo foram plantados em Piracicaba em 1998, nos moldes dos plantios anteriores. Contudo, foi aumentado o número de plantas utilizadas em cada método para a obtenção de um maior número de progênes. No método Seleção IG foram semeados 2000 sementes e no método Seleção S_1 , foram

semeadas 3000 sementes de cada uma das populações, no mesmo espaçamento do primeiro ciclo. O número de progênies obtidas de cada uma das populações no segundo ciclo de seleção é apresentado da Tabela 1.

Após a colheita das espigas dos lotes de polinização, realizou-se a avaliação das primeiras e das segundas espigas das populações da mesma forma descrita no item 3.2.2 para o método Seleção S_1 . Contudo, no segundo ciclo, procedeu-se a avaliação e a obtenção dos índices nas espigas colhidas nos dois métodos intrapopulacionais.

3.2.4 Instalação dos Experimentos

A relação dos ensaios de avaliação das progênies dos métodos Seleção IG e método Seleção S_1 do primeiro e do segundo ciclo de seleção, com número, tipo de progênie, local e ano de plantio são apresentados na Tabela 2. Todos os ensaios foram instalados segundo delineamento de blocos casualizados com três repetições. A parcela experimental foi de 1 linha de 4 metros, com 30 sementes por linha, espaçadas de 0,90 cm. Vinte dias após a emergência, foi realizado o desbaste para um estande de 20 plantas por linha.

Nos experimentos de primeiro ciclo foi utilizada como testemunha o híbrido XL360. Nos experimentos de segundo ciclo, foram utilizadas 2 testemunhas: o híbrido XL360 e a população original (C_0) de cada uma das populações avaliadas.

Foram instalados onze experimentos com as progênies obtidas nos dois métodos no primeiro ciclo e vinte e quatro experimentos no segundo ciclo. No primeiro ciclo as progênies foram avaliadas em somente um local, em Anhembi (SP) em 1997, e no segundo ciclo as progênies do método Seleção IG foram avaliadas em Anhembi e em Piracicaba e as progênies do método Seleção S_1 foram avaliadas em Anhembi em 1999 e 2000.

Tabela 2. Relação dos experimentos instalados em 1997 e 1999, para avaliação das progênies de milho de primeiro e segundo ciclo dos métodos Seleção IG e Seleção S₁.

Experimento	população	tipo de progênie	nº progênies	local de plantio	Ano colheita
EXP102	Piranão VF1B	S ₁ ¹	44	Anhembi	1997
EXP103	Piranão VF1B	IG ¹	73	Anhembi	1997
EXP104	Piranão VD2B	S ₁ ¹	43	Anhembi	1997
EXP105	Piranão VD2B	IG ¹	42	Anhembi	1997
EXP106	Pichilingue	S ₁ ¹	63	Anhembi	1997
EXP107	Pichilingue	IG ¹	72	Anhembi	1997
EXP108	ITA	S ₁ ¹	55	Anhembi	1997
EXP109	ITA	IG ¹	60	Anhembi	1997
EXP110	ESALQ-PR1	S ₁ ¹	26	Anhembi	1997
EXP111	ESALQ-PR1	IG ¹	27	Anhembi	1997
EXP112	Piranão VF1B-P	IG ¹	83	Anhembi	1997
EXP 56	Piranão VF1B-P	IG ²	110	Anhembi	1999
EXP 57	Piranão VF1B	IG ²	81	Anhembi	1999
EXP 58	ITA-PR	IG ²	122	Anhembi	1999
EXP 59	Pichilingue	IG ²	92	Anhembi	1999
EXP 60	Piranão VD2B	IG ²	135	Anhembi	1999
EXP 61	HXL	IG ²	103	Anhembi	1999
EXP 62	Piranão VD2B	S ₁ ²	85	Anhembi	1999
EXP 63	Pichilingue	S ₁ ²	100	Anhembi	1999
EXP 64	ITA-PR	S ₁ ²	89	Anhembi	1999
EXP 65	HXL	S ₁ ²	53	Anhembi	1999
EXP 66	ESALQ-PR1	S ₁ ²	65	Anhembi	1999
EXP 79	Piranão VF1B	S ₁ ²	32	Anhembi	1999
EXP 67	Piranão VF1B-P	IG ²	110	Piracicaba	1999
EXP 68	Piranão VF1B	IG ²	81	Piracicaba	1999
EXP 69	ITA-PR	IG ²	122	Piracicaba	1999
EXP 70	Pichilingue	IG ²	92	Piracicaba	1999
EXP 71	Piranão VD2B	IG ²	135	Piracicaba	1999
EXP 72	HXL	IG ²	103	Piracicaba	1999
EXP 73	Piranão VF1B	S ₁ ²	32	Anhembi	2000
EXP 74	Piranão VD2B	S ₁ ²	85	Anhembi	2000
EXP 75	Pichilingue	S ₁ ²	100	Anhembi	2000
EXP 76	ITA-PR	S ₁ ²	89	Anhembi	2000
EXP 77	HXL	S ₁ ²	53	Anhembi	2000
EXP 78	ESALQ-PR1	S ₁ ²	65	Anhembi	2000

¹ Progênies de primeiro ciclo avaliadas em 1997.

² Progênies de segundo ciclo avaliadas em 1999 e 2000.

Em todos os experimentos, foram avaliados os parâmetros :

- **Altura da planta (AP):** Comprimento do solo à inserção da última folha do colmo, em cm. Foi realizado em cinco plantas representativas da parcela;
- **Altura da espiga (AE):** Relativo ao comprimento do solo à inserção da primeira espiga no colmo, em cm. Realizado em cinco plantas representativas da parcela;
- **Estande (ST):** Constituiu na contagem do número de plantas de cada parcela, um pouco antes da colheita;
- **Número de espigas (NE):** Número de espigas da parcela;
- **Peso de espigas (Pe):** Peso total de espigas da parcela, em kg;

Nos experimentos de primeiro ciclo e em Piracicaba no segundo ciclo, foram obtidos também os seguintes parâmetros:

- **Comprimento das espigas (CE):** Comprimento de cinco espigas representativas da parcela, em cm;
- **Diâmetro das espigas (DE):** Diâmetro de cinco espigas representativas da parcela, em cm;
- **Peso de grãos (Pg):** Peso total de grãos da parcela, em kg;
- **Prolificidade ou número de espigas por planta (NEP):** Obtido pela divisão do número de espigas da parcela pelo número de plantas da parcela (NE/ST);
- **Peso de espigas corrigido (PE):** O peso de espigas das parcelas foi corrigido pelo estande ideal de plantas da parcela (20 plantas), utilizando a fórmula de regressão (Miranda Filho³; Vencovsky & Barriga, 1992):

³ MIRANDA FILHO, J.B. (Departamento de Genética, ESALQ/USP). Comunicação pessoal.

$$\hat{Y}_{ij} = Y_{ij} - \hat{b}(X_{ij} - N)$$

onde

$\hat{Y}_{ij}$ = produção de espigas ajustada da parcela;

Y_{ij} = produção de espigas observada da parcela;

X_{ij} = estande observado da parcela;

N = estande ideal, igual a 20 de plantas por parcela;

b = coeficiente de regressão linear do estande sobre a produção de espigas.

O coeficiente de correlação linear de cada experimento (b) foi obtido pela análise de variância do estande e da análise de covariância entre peso de espigas e estande, no delineamento de blocos ao acaso. O coeficiente de regressão linear foi obtido pela fórmula abaixo:

$$b = \frac{SP_e}{SQ_e}$$

Onde:

SP_e = soma de produtos residual da análise de covariância;

SQ_e = soma de produtos residual da análise de variância.

- **Peso de grãos corrigido (PG):** realizado da mesma forma que o peso de espigas corrigido.

3.2.5 Análise estatística dos dados dos experimentos

3.2.5.1 Análise de variância e estimação dos parâmetros genéticos

Primeiramente, foi realizada a análise estatística individual para cada experimento, no delineamento blocos ao acaso com modelo aleatório (Tabela 3), utilizando o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ik} = m + g_i + b_k + e_{ik}$$

Onde:

Y_{ik} = é o valor observado do parâmetro;

m = é a média do experimento;

g_i = é o efeito aleatório de progênies i ;

b_k = é o efeito aleatório do bloco k ;

e_{ik} = é o efeito do erro experimental.

Tabela 3. Esquema da análise de variância em blocos ao acaso.

FV	G.L.	QM	E (QM)
Blocos	r-1	-	-
Progênies	g-1	Q1	$\sigma^2 + r\sigma_p^2$
Resíduo	(r-1)(g-1)	Q2	σ^2
Total	rg-1		

Onde: $k=1,2,\dots,r$ blocos; $i=1,2,\dots,g$ progênies.

As estimativas dos componentes de variância foram:

$$\hat{\sigma}^2 = Q2$$

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{Q1 - Q2}{2}$$

Onde:

$\hat{\sigma}_p^2$ = estimativa da variância entre progênes ao nível de médias;

$\hat{\sigma}^2$ = estimativa da variância residual.

e a estimativa da herdabilidade o nível de médias no sentido amplo:

$$\hat{h}_p^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}^2}{r}}$$

$$\text{ou } \hat{h}_p^2 = \frac{Q1 - Q2}{Q1}$$

E o conteúdo genético das progênes:

$$\sigma_p^2 = \frac{1}{2}\sigma_A^2 + \frac{1}{4}\sigma_D^2 \text{ para famílias de irmãos germanos (IG) e}$$

$$\sigma_p^2 = \sigma_A^2 + D_1 + \frac{1}{4}\sigma_D^2 + \frac{1}{8}D_2 \text{ para progênes de autofecundação (S}_1\text{),}$$

quando a população original é não endogâmica.

Onde:

σ_A^2 = variância genética aditiva;

σ_D^2 = variância genética dominante; e

D_1 = covariância genética entre os efeitos médios (aditivos) dos alelos e os efeitos de dominância dos homozigotos;

D_2 = variância dos efeitos de dominância nos homozigotos.

Nos experimentos de segundo ciclo, após a análise individual, foi realizado a análise de variância conjunta, considerando-se o efeito de progênies aleatório e o efeito de locais fixo, utilizando o seguinte modelo estatístico misto:

$$Y_{ijk} = m + g_i + l_j + (gl)_{ij} + b_{k(j)} + e_{ijk}$$

Onde:

Y_{ijk} = é o valor observado do parâmetro;

m = é a média do experimento;

g_i = é o efeito aleatório de progênies i ;

l_j = é o efeito fixo do local j ;

$(gl)_{ij}$ = é o efeito da interação do genótipo i com o local j ;

$b_{k(j)}$ = é o efeito aleatório do bloco k dentro do local j ;

e_{ijk} = é o erro experimental.

A anova da análise conjunta é apresentada na Tabela 4.

Tabela 4. Esquema de análise de variância conjunta dos experimentos.

FV	G.L.	QM	F	E (QM)
Blocos/Local	$l(r-1)$	Q1	Q1/Q5	$\sigma^2 + g\sigma^2_B$
Local	$l-1$	Q2	$(Q2+Q5)/$ $(Q1+Q4)$	$\sigma^2 + r \frac{l}{l-1} \sigma^2_{GL} + g\sigma^2_B + rgV_L$
Progênies	$g-1$	Q3	Q3/Q5	$\sigma^2 + r l \sigma^2_G$
Local x Prog.	$(l-1)(g-1)$	Q4	Q4/Q5	$\sigma^2 + r \frac{l}{l-1} \sigma^2_{GL}$
Erro	$l(r-1)(g-1)$	Q5		σ^2

Onde: $i=1,2,\dots, g$ progênies; $j=1,2,\dots, l$ locais e $k=1,2,\dots, r$ blocos por local.

A análise conjunta foi realizada somente para verificar a ocorrência da interação genótipo x ambiente nas características. No método Seleção IG, os experimentos foram instalados em Anhembi (SP) e Piracicaba (SP) e como estes locais não são considerados representativos de uma região, pois apresentam características totalmente distintas, toda a análise e interpretação dos resultados e estimativas dos parâmetros genéticos foi realizado em separado para cada local.

No método Seleção S_1 os experimentos de segundo ciclo foram instalados em dois anos, em 1999 e em 2000, em Anhembi (SP). Portanto, na análise de variância conjunta, o efeito de local no modelo estatístico foi substituído pelo efeito de ano nos experimentos de avaliação das progênes S_1 .

3.2.5.2. Progressos e respostas correlacionadas, esperadas com a seleção

A expressão do ganho genético para seleção entre progênes de irmãos germanos (método Seleção IG) foi (Vencovsky & Barriga, 1992):

$$G_s = \frac{k(1/2)\sigma_A^2}{\sigma_{y_F}}$$

considerando-se a população melhorada não endógama.

pois

$$\text{cov}_{g_{IG}} = \left(\frac{1}{2}\right)\sigma_A^2$$

Onde

$\text{cov}_{g_{IG}}$ = covariância genética das progênes de irmãos germanos;

σ_{y_F} = desvio padrão fenotípico das médias de progênes.

A expressão do ganho genético com a seleção intrapopulacional entre progênes S_1 (método Seleção S_1), em ambos os sexos é (Souza Júnior, 1989):

$$G_s = \frac{k\sigma_A^2 + \frac{1}{2}D_1}{\sigma_{y\bar{F}}}$$

pois

$\text{cov}_{g_{S1}} = \sigma_A^2 + (\frac{1}{2})D_1$, quando a seleção é realizada entre progênes de autofecundação (S_1).

Onde

$\text{cov}_{g_{S1}}$ = covariância genética de progênes de autofecundação (S_1).

considerando-se a população melhorada (oriunda da recombinação de S_1) não endógama.

Portanto, o ganho genético obtido trabalhando-se com progênes S_1 é maior que o ganho genético com famílias de irmãos germanos quando o componente D_1 não é negativo, pois esta última explora toda a variância genética aditiva dos materiais.

A estimativa do ganho genético foi calculado da seguinte forma:

$$\hat{G}_s = d_s \cdot \hat{h}_p^2$$

ou

$$\hat{G}_s = k\hat{\sigma}_{y\bar{F}} \cdot \hat{h}_p^2$$

Em porcentagem:

$$\% \hat{G}_s = \frac{\hat{G}_s}{\bar{x}} \cdot 100$$

e

$$\hat{\bar{F}} = \sqrt{\frac{QI}{r}}$$

Onde

$Q1$ = quadrado médio de progênes da análise de variância;

$\hat{G}_s$ = estimativa do ganho genético;

d_s = diferencial de seleção ou a média das progênes selecionadas menos a média da população original ($\bar{X}_s - \bar{X}_o$);

$\bar{x}$ = média da população original (antes da seleção).

O k (diferencial de seleção em unidades de desvio padrão) foi calculado considerando-se a seleção das 20 progênes superiores no método Seleção IG e das 30 progênes superiores no método Seleção S1. Então k foi distinto para cada experimento, pois, os experimentos apresentaram números distintos de progênes sendo avaliadas. Foi utilizado tabela específica para tamanhos amostrais > 50 , para os experimentos com número de progênes maior que este número e tabela para tamanhos amostrais ≤ 50 para experimentos com número de progênes menor ou igual a 50.

As análises de covariância entre a produção de espigas e a prolificidade foram efetuadas a partir das análises individuais de cada característica e da soma das características, dois a dois. O esquema de análise de covariância do número de espigas por planta e a produção de espigas, com as esperanças dos produtos médios, é apresentado na Tabela 5.

Tabela 5. Análise de covariância da produção de espigas (médias de parcela) com o número de espigas por planta (médias de parcela).

	Quadrados Médios (QM)			Produtos médios (PM)	E(PM)
	x	y	x+y	x,y	
Progênes (P)	QMP_x	QMP_y	QMP_{x+y}	$PMP_{x,y} = 1/2(QMP_{x+y} - QMP_x - QMP_y)$	$(1/n)Cov_d + Cov_e + rCov_p$
Erro (E)	QME_x	QME_y	QME_{x+y}	$PME_{x,y} = 1/2(QME_{x+y} - QME_x - QME_y)$	$(1/n)Cov_d + Cov_e$

Cov_e : covariância do erro experimental entre parcelas;

Cov_p : covariância genética entre progênes;

r : número de repetições;

n: número de plantas por parcela.

Considerando-se que a produção de espigas e o número de espigas por planta estão ao nível de médias de parcela, a estimativa da covariância entre as características foi obtida da seguinte forma:

$$\hat{Cov}_{p(xy)} = \frac{PMP_{x,y} - PME_{x,y}}{r}$$

Sendo que

$$Cov_{p(xy)} = 1/2 Cov_{A(xy)} \text{ para progênies de irmãos germanos e}$$

$$Cov_{p(xy)} = Cov_{A(xy)} \text{ para progênies de autofecundação (S}_1\text{)}$$

As estimativas das correlações genéticas foram:

$$r_{g(x,y)} = \frac{\hat{Cov}_{p(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{px}^2 \cdot \hat{\sigma}_{py}^2}}$$

Onde:

σ_{px}^2 = variância de progênies da característica x;

σ_{py}^2 = variância de progênies da característica y.

e a correlação fenotípica entre médias de progênies:

$$r_{\bar{F}(x,y)} = \frac{\hat{Cov}_{\bar{F}(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{\bar{F}x}^2 \cdot \hat{\sigma}_{\bar{F}y}^2}}$$

ou

$$r_{\bar{F}x,y} = \frac{C\hat{ov}_{p(x,y)} + \frac{C\hat{ov}_{e(XY)}}{r} + \frac{C\hat{ov}_{d(X)}}{rn}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{px}^2 + \frac{\hat{\sigma}_{ex}^2}{r} + \frac{\hat{\sigma}_{dx}^2}{rn}) \cdot (\hat{\sigma}_{py}^2 + \frac{\hat{\sigma}_{ey}^2}{r} + \frac{\hat{\sigma}_{dy}^2}{rn})}}$$

Cuja estimativa foi:

$$r_{\bar{F}(x,y)} = \frac{PMP_{(x,y)}}{\sqrt{QMP_x \cdot QMP_y}}$$

A resposta correlacionada da seleção do número de espigas por planta sobre a produção de espigas tem a seguinte expressão:

$$R\hat{C}_{x,y} = k \frac{1/2C\hat{ov}_{A(xy)}}{\hat{\sigma}_{\bar{F}(Y)}} \text{ para seleção de progênes de irmãos germanos}$$

$$R\hat{C}_{x,y} = k \frac{C\hat{ov}_{A(xy)}}{\hat{\sigma}_{\bar{F}(Y)}} \text{ para seleção de progênes de autofecundação (S}_1\text{)}$$

Onde

$R\hat{C}_{x,y}$ = resposta correlacionada da prolificidade (y) na produção de espigas (x);

$Cov_{p(XY)} = 1/2Cov_{A(XY)}$ para progênes de irmãos germanos;

$Cov_{p(XY)} = Cov_{A(XY)}$ para progênes de autofecundação (S₁);

$\hat{\sigma}_{\bar{F}(Y)}$ = desvio padrão fenotípico entre médias de progênes.

Portanto, a resposta correlacionada esperada das progênes de autofecundação (S₁) é maior que a resposta esperada das progênes de irmãos germanos.

A depressão endogâmica dos parâmetros produção de espigas e prolificidade em cada ciclo de seleção foi calculada com a expressão:

$$I = m_{IG} - m_{S_I}$$

Onde:

I = depressão por endogamia;

m_{IG} = média das progênes de irmãos germanos;

m_{S_I} = média das progênes de autofecundação (S_I).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Médias das populações nos ciclos de seleção

Nas Tabelas 6 e 7 são apresentadas as médias dos parâmetros avaliados nas populações submetidas aos dois ciclos seletivos, no método Seleção IG, avaliados em Anhembi e em Piracicaba, respectivamente.

A média do número de espigas por planta ou prolificidade (NEP) no ciclo 1 (C_1) foi superior ao ciclo 0 (C_0) em todas as populações submetidas ao método Seleção IG. No ciclo 0 as menores médias foram da população Piranão VD2B, com 0,991 e 0,971 espigas por planta em Anhembi e Piracicaba, respectivamente, e da população Pichilingue, com 0,939 espigas por planta em Piracicaba. No ciclo 1, a população Piranão VF1B apresentou a maior média, de 1,240 espigas por planta e a população Pichilingue a menor média, de 1,006 espigas por planta, ambas em Piracicaba.

O ciclo 01 (C_{01}) refere-se à média populacional depois da seleção massal mas antes da seleção pelo teste de progênie (Figura 1), ou seja, a média de todas as progênies de irmãos germanos do primeiro ciclo de seleção em Anhembi. Como estes dados foram obtidos em época diferente aos resultados do Ciclo 0 e do Ciclo 1, não se deve realizar comparações maiores entre eles. Os dados foram aqui adicionados somente para análise geral da tendência da seleção.

A seleção massal foi eficiente na seleção para a prolificidade em todas as populações em Anhembi. Os valores do ciclo 01 são intermediários entre os do Ciclo 0 e os do Ciclo 1 indicando que o ganho genético obtido no teste de progênies de irmãos

germanos foi adicionado aos ganhos com a seleção fenotípica para a prolificidade quando da obtenção das progênies. O peso de espigas, altura da planta e altura da espiga não apresentaram a mesma tendência do número de espigas por planta. O peso de espigas no ciclo 01 foi maior do que no ciclo 1 e a altura da planta e da espiga foram menores em todas as populações, com exceção da população ITA-PR. Isto indica que a prolificidade apresentou valores mais consistentes, com menor influência ambiental do que a altura da planta e a produção de espigas.

As populações Piranão VF1B-P, Piranão VF1B e ITA-PR nos dois locais, Pichilingue em Anhembi e Piranão VD2B em Piracicaba apresentaram médias no ciclo 1 superior à média do híbrido XL 360. Este híbrido apresenta alta prolificidade e produtividade em condições normais de plantio. Estes dados evidenciam a eficiência do método Seleção IG para a seleção para prolificidade. Os valores de prolificidade obtidos no método intrapopulacional Seleção IG foram similares aos valores encontrados na literatura (Mareck & Gardner, 1979; Singh *et al.*, 1986; Soares Filho, 1987).

Neste trabalho, com apenas um ciclo de seleção, das 12 médias de número de espigas por planta no método Seleção IG, foram obtidos valores superiores a 1,18 espigas por planta em 6 estimativas, e superiores a 1,12 espigas por planta em 8 estimativas.

O peso de espigas (PE) das populações submetidas ao método Seleção IG foi superior no ciclo 1 em relação ao ciclo 0 em todas as populações e locais, com exceção da população ITA-PR nos dois locais. No ciclo 1 população Piranão VF1B, avaliada em Piracicaba, apresentou o maior peso de espigas, com 125,8 g/planta e a população Piranão VD2B, avaliada em Anhembi, apresentou a menor peso de espigas com 96,5 g/planta. Todas as populações submetidas ao método Seleção IG apresentaram peso de espigas inferior à média da testemunha nos dois locais, com exceção da população Piranão VF1B-P em Piracicaba, que apresentou peso de espigas de 101,5 g/planta. Apesar do maior ou equivalente índice de prolificidade das populações do segundo ciclo quando comparadas com a testemunha, a produtividade não acompanhou estes índices, o

que era esperado, pois o híbrido apresenta maior potencial produtivo do que as populações de polinização aberta aqui estudadas.

Ocorreu pequena alteração na altura da planta e da espiga das populações com a seleção para a prolificidade no método Seleção IG do ciclo 0 para o ciclo 1 (Tabelas 6 e 7). A maior alteração ocorreu na população Piranão VF1B em Piracicaba, cuja altura da planta passou de 223 cm em C_0 para 228 cm C_1 , e a altura de espiga de 132 em C_0 para 142 em C_1 . As outras populações reduziram a altura da planta como resposta à seleção para a prolificidade, com diferenças de 0 a 4 cm entre os ciclos. As diferenças na altura da espiga entre os ciclos foi de -4 a 10 cm, mas a seleção reduziu ou manteve a altura da espiga na maior parte das populações, com exceção da população HXL em Anhembi e Piranão VF1B nos dois locais.

Houve tendência de aumento da posição relativa da espiga na planta (PRE) no método Seleção IG nos dois locais com a seleção para a prolificidade. As populações Pichilingue em Anhembi e Piracicaba e Piranão VF1B-P em Piracicaba, reduziram a posição relativa da espiga na planta e todas as outras aumentaram a relação com a seleção. Isto ocorreu devido à tendência de redução da altura da planta (AP) e de manutenção da altura da espiga nas populações com a seleção, com exceção da população Piranão VF1B, em que a seleção aumentou a altura da planta e da espiga nos dois locais.

Estes resultados concordam com alguns resultados da literatura (Singh *et al.*, 1986; Maita & Coors, 1996). Contudo, alguns trabalhos mostram maior altura da planta e da espiga em materiais prolíficos, quando comparado com os não prolíficos (Brotslaw *et al.*, 1988; Subandi, 1990). As diferenças entre os resultados encontrados é explicada pelas diferenças de ciclo entre os genótipos e a metodologia de seleção para a prolificidade. As respostas na altura da espiga e da planta entre os trabalhos com prolificidade ocorrem devido à seleção ou não concomitante para a precocidade, pois esta tem correlação com a altura da planta (Maita & Coors, 1996).

Na seleção para a prolificidade, há necessidade da coincidência do florescimento da segunda espiga e do florescimento masculino. Para que isto ocorra, a

planta receptora de pólen não pode possuir ciclo muito aquém da média da população, sob pena de não ser polinizada a tempo da presença suficiente de pólen. Portanto, as metodologias de seleção para a prolificidade aqui estudadas também selecionam para a redução ou manutenção do ciclo das populações. No método Seleção S_1 há necessidade de coincidência do florescimento masculino e da segunda espiga da mesma planta e, portanto, as plantas polinizadas devem possuir esta sincronia e serem mais precoces. Devido a isto, a redução da altura das plantas no método Seleção S_1 foi maior do que no método Seleção IG.

Ocorreu redução no comprimento de espiga (CE) e diâmetro de espiga (DE) em todas as populações do método Seleção IG avaliadas em Piracicaba (Tabela 7), com a seleção para a prolificidade. Em todas as populações a redução no comprimento de espigas foi inferior a 1 cm. A maior redução ocorreu na população Piranão VF1B-P, cujo comprimento de espiga passou de 17,7 cm em C_0 para 16,8 em C_1 . No diâmetro de espigas (DE) ocorreu alteração inferior a 0,2 cm de C_0 para C_1 .

A redução no comprimento e no diâmetro de espigas é normal com a seleção para a prolificidade, uma vez que o aumento no número de espigas por planta acarreta redução do tamanho individual das espigas, como compensação pela aumento do número de drenos (espigas) competindo por assimilados (Singh *et al.*, 1986).

Nas Tabelas 8 e 9 são apresentadas as médias dos parâmetros avaliados nas populações submetidas aos dois ciclos seletivos, no método Seleção S_1 , avaliados em Anhembi em 1999 e 2000. Como a expressão da prolificidade é muito influenciada pelas condições ambientais, os dados dois anos são apresentados e discutidos separadamente para uma análise mais acurada da característica.

Do ciclo 0 para o ciclo 1, a seleção aumentou a prolificidade nas populações ITA-PR, ESALQ-PR1 e Pichilingue nos dois anos, na população HXL em 1999 e redução na prolificidade nas populações Piranão VD2B e Piranão VF1B nos dois anos e na população HXL em 2000. O maior aumento no número de espigas por planta ocorreu na população ITA-PR nos dois anos, que passou de 1,105 e 1,114 espigas por planta em C_0 para 1,206 e 1,140 espigas por planta em C_1 em 1999 e 2000, respectivamente. A

população HXL apresentou o maior número de espigas por planta no ciclo 1 do método Seleção S_1 , de 1,221 espigas por planta em 1999. Isto provavelmente é resultado da menor carga genética desta população por ter sido originada de um híbrido.

As populações Piranão VF1B e Piranão VD2B apresentaram redução na prolificidade, com a utilização do método Seleção S_1 . Estas populações reduziram a prolificidade de 1,143 e 1,074 espigas por planta em C_0 para 1,081 e 0,941 espigas por planta em C_1 em 1999, respectivamente, e de 1,046 e 1,063 em C_0 para 1,032 e 1,012 em C_1 em 2000, respectivamente. Esse efeito negativo da seleção para a prolificidade pode ser resultado de dois fatores: a) depressão por endogamia, devido a homozigose de genes deletérios ou letais ou b) efeito negativo do gene br_2 .

A depressão por endogamia pode afetar negativamente a prolificidade (Sing *et al.*, 1967; Good & Hallauer, 1977; Nass, 1992). No método Seleção S_1 é grande a necessidade de coincidência do florescimento masculino e o florescimento da segunda espiga. Em populações com reduzido potencial prolífico, como é o caso das populações Piranão, a obtenção de progênies S_1 nas segundas espigas pode levar à seleção intensa, ou seja, a variabilidade é reduzida drasticamente. Isto tem reflexos nos níveis de endogamia da população e, conseqüentemente, na depressão por endogamia.

Por outro lado, as populações braquíticas podem apresentar efeitos adversos quando sob seleção devido a efeitos adversos do gene br_2 . Um desses efeitos pode ser ocasionado pelo reduzido comprimento dos internódios das plantas braquíticas o que faz com que a emergência dos cabelos nas espigas seja mais difícil que o normal. Pode ser devido a isto que as formas braquíticas apresentem uma maior porcentagem de plantas estéreis que as normais (Castro, 1983). Este autor cita que as plantas braquíticas competem mais por luz entre as folhas que as formas normais. Estes efeitos podem ser influenciado negativamente a seleção para a prolificidade nas populações Piranão VD2B e Piranão VF1B quando submetidas ao método Seleção S_1 .

A depressão por endogamia nas progênies oriundas do método Seleção S_1 , pode ser visualizada pela redução dos outros parâmetros avaliados. Ocorreu redução na altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e peso de espigas (PE) em todas as populações

submetidas ao método (Tabela 8 e 9). As maiores reduções no peso de espigas ocorreram nas populações Piranão VF1B e Piranão VD2B, que passaram de 111,1 e 77,6 g/planta em C_0 para 57,9 e 38,9 g/planta em C_1 , respectivamente, em 1999 e 131,2 e 129,7 g/planta em C_0 para 68,1 e 61,9 g/planta em C_1 , respectivamente, em 2000. A menor redução ocorreu na população ESALQ-PR1, que apresentou peso de espigas de 76,4 g/planta em C_0 e 55,6 g/planta em C_1 em 1999. Esta população apresentou menor redução na produção de espigas porque foi oriunda de uma progênie de meios irmãos e, portanto, já apresentava elevada depressão por endogamia antes da seleção.

O método Seleção S_1 necessita uma geração de recombinação, para o retorno da população à condição não endógama para a finalização do ciclo de seleção. Portanto, para a realização de um ciclo são necessárias três fases: 1^a) obtenção das progênes, 2^a) avaliação das progênes e 3^a) recombinação das progênes selecionadas (Figura 2). Como no método Seleção S_1 ocorre a avaliação fenotípica das espigas de plantas individuais, e não das progênes, o ciclo é completado em somente duas gerações.

Na estimação das médias das populações de primeiro ciclo (C_1) foram utilizadas as progênes S_1 e IG oriundas dos experimentos do segundo ciclo nos dois métodos intrapopulacionais, conforme esquema das Figuras 1 e 2. Nestes experimentos foram incluídas as populações originais, e assim foram estimadas também as médias do ciclo 0 (C_0). As médias do ciclo denominado C_{01} , correspondem às estimativas das populações oriundas do teste de progênes do primeiro ciclo e portanto, as populações, representadas pelas progênes, haviam sido submetidas à seleção massal para a prolificidade.

As populações C_{01} apresentam menor variabilidade do que as populações de referência devido a já terem sido submetidas a seleção. As progênes utilizadas para estimação da média do ciclo 1 no método Seleção S_1 ainda não haviam sido recombinadas, e portanto, apresentaram depressão por endogamia, como verificado nas Tabelas 8 e 9. E somente após a recombinação, pode-se analisar perfeitamente as metodologias de seleção, sem a influência da endogamia. Contudo, optou-se pela

comparação das populações da maneira apresentada nesse trabalho, devido à possibilidade de análise da depressão por endogamia e seus efeitos sobre a prolificidade.

Apesar da endogamia das progênes S_1 , as populações Pichilingue, ITA-PR e HXL apresentaram médias do número de espigas por planta no ciclo 0 e ciclo 1 superiores às médias das progênes IG em 1999 (Tabelas 6 e 8). Contudo, as médias do peso de espigas e número de espigas por planta das testemunhas foram maiores nos ensaios das progênes S_1 do que nas progênes IG e as médias do estande e da altura das plantas das progênes S_1 foram menores do que nas progênes IG. Isto indica que houve menor competição entre plantas nos experimentos do método Seleção S_1 .

Com a redução da densidade populacional, aumenta o número de espigas por planta devido ao aumento da disponibilidade de nutrientes e água para as plantas individuais (Jacobs & Pearson, 1991; Thomison & Jordan, 1995). Portanto, o menor estande e vigor das plantas pode ter reduzido a competição entre elas, contribuindo para o aumento da média do número de espigas por planta nas populações ITA-PR, Pichilingue e ESALQ-PR1 nos dois anos e HXL em 1999, submetidas ao método Seleção S_1 . Apesar desta influência, pode-se considerar que o método Seleção S_1 foi eficiente para a seleção para a prolificidade, pois, mesmo com a depressão por endogamia afetando todos os outros caracteres, foi detectado uma prolificidade maior no ciclo 1 em relação ao ciclo 0 em quatro das seis populações avaliadas. Este é um indicativo de que a seleção para a prolificidade pode ser realizada com o método Seleção S_1 .

4.2 Análise de variância e estimativa dos parâmetros genéticos

4.2.1 Primeiro ciclo

Nas Tabelas 18 a 23 são apresentadas as análises de variância dos parâmetros avaliados no primeiro ciclo de seleção, dos métodos Seleção S_1 e Seleção IG. Ocorreram diferenças significativas entre progênes na maior parte das características nos

experimentos. Os coeficientes de variação das progênes endogâmicas (S_1) foram superiores aos dos experimentos com as progênes IG na maioria das características.

Os quadrados médios de progênes nos experimentos com as progênes endogâmicas foram superiores aos dos experimentos com as progênes IG para as características altura da planta, altura da espiga, estande, número de espigas, número de espigas por planta, comprimento e diâmetro de espigas. O inverso ocorreu com as características peso de espigas e peso de grãos. Isso demonstra que a variabilidade entre progênes endogâmicas é maior para a maior parte das características, enquanto que para a produção de grãos e espigas a variabilidade genética é maior entre progênes IG do que entre progênes S_1 . Isto pode ser resultado do componente D_1 , ou a covariância entre os efeitos médios dos genes e os efeitos de dominância, que pode ser negativo. No caso das populações analisadas neste trabalho, é provável que o componente D_1 reduziu a variância entre progênes das progênes endogâmicas S_1 do peso de espigas e peso de grãos.

A variância genética entre progênes da prolificidade foi maior nas progênes S_1 em comparação com as progênes IG. Consequentemente, as estimativas de herdabilidade daquelas progênes foram maiores do que nas progênes IG, nos dois ciclos de seleção. Estes resultados confirmam as suposições teóricas e, portanto, a variância de progênes S_1 é maior do que a variância de progênes IG para a maior parte das características.

Contudo, a variância genética da produção de espigas foi maior nas progênes IG do que nas progênes S_1 em todas as populações e nos dois ciclos de seleção. O aumento da variabilidade entre progênes com a endogamia é consequência da redistribuição da variância genética; uma vez que o componente entre médias das linhagens aumenta (Falconer & Mackay, 1996). A variância entre progênes diminuiu no peso de espigas porque a variância entre progênes S_1 não é função somente dos componentes de variância da população de referência. A variância entre progênes é função também da covariância entre os efeitos médios dos alelos e os efeitos de dominância dos homozigotos (D_1) (Souza Júnior, 1989), que pode ser negativo e,

portanto, reduzir a variabilidade entre progênies de autofecundação (Hallauer & Miranda Filho, 1988), como aconteceu com as populações desse trabalho. Pelo fato de D_1 ser função direta do grau de dominância, pode ter pouca influência nos caracteres com base genética estritamente aditiva, como a prolificidade, mas pode afetar sensivelmente os caracteres que expressam dominância, como é o caso de produção de grãos em milho.

Na Tabela 10 são apresentadas as estimativa dos parâmetros genéticos e a herdabilidade do peso de espigas (PE), o peso de grãos (PG) e o número de espigas por planta (NEP) das populações submetidas aos métodos Seleção IG e Seleção S_1 avaliadas no primeiro ciclo de seleção.

A estimativa da variância de progênies e da variância fenotípica do número de espigas por planta (NEP) foi maior nas progênies S_1 do que nas progênies IG em todas as populações. No método Seleção S_1 , a população Piranão VF1B apresentou a maior estimativa da variância de progênies e variância fenotípica do número de espigas por planta, de 0,05020 e 0,07689, respectivamente, e a população ESALQ-PR1 apresentou as menores variâncias, de 0,00800 e 0,01635, respectivamente.

No método Seleção IG as maiores variâncias genéticas e fenotípicas foram obtidas pela população Piranão VF1B-P, de 0,02570 e 0,03854, respectivamente, e a menores variâncias pela população ESALQ-PR1, de 0,00290 e 0,00831, respectivamente. Os valores da variância de progênies das populações submetidas ao método Seleção IG foram bastante similares, com exceção da população ESALQ-PR1.

Na suposição de ausência de dominância, tem-se $\sigma_{IG}^2 = \frac{1}{2}\sigma_A^2$ e $\sigma_{S_1}^2 = \sigma_A^2$, então é esperado que os valores da variância genética das progênies S_1 sejam duas vezes o valor da variância genética das progênies IG. Isto ocorreu no número de espigas por planta no primeiro ciclo.

Ao contrário da prolificidade, a variabilidade para o peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG) foi maior no método Seleção IG do que no método Seleção S_1 (Tabela 10). As diferenças nas variâncias do peso de espigas entre os dois métodos foram bastante proeminentes em todas as populações, com exceção da população

Pichilingue. A população Piranão VF1B-P apresentou a maior variância genética e fenotípica do peso de espigas no método Seleção IG, de 262,84019 e 381,0707, respectivamente, e a população Pichilingue as menores variâncias, de 90,7739 e 221,19563, respectivamente. O peso de grãos (PG) apresentou a mesma tendência do peso de espigas.

No método Seleção S_1 , a população Piranão VF1B apresentou as maiores variâncias genética e fenotípica da produção de espiga, de 146,525 e 186,748 e a população ESALQ-PR1 apresentou as menores variâncias, de 47,441 e 69,107, respectivamente. Os resultados de literatura são similares aos valores observados (Subandi & Compton, 1974; Hallauer & Miranda Filho, 1988). Nesse trabalho, todas as estimativas de variância de irmãos germanos da produção de grãos foram maiores que os valores citados pelos autores acima e todas as estimativas da variância genética da produção de grãos das progênes S_1 foram inferiores aos relatados na literatura.

As médias do número de espigas por planta, peso de espigas e peso de grãos foram maiores no método Seleção IG do que no método Seleção S_1 , devido a depressão por endogamia das progênes S_1 . Somente após a seleção e o retorno à condição não endógama, é que as populações podem ser comparadas com respeito às médias das características de importância econômica e a eficiência da seleção para a produção de grãos nos dois métodos pode ser analisada.

A herdabilidade do número de espigas por planta, peso de espigas e peso de grãos foi maior no método Seleção S_1 que no método Seleção IG em todas as populações nos experimentos de primeiro ciclo (Tabela 10), com exceção do peso de espigas. Para o número de espigas por planta, no método Seleção S_1 a maior herdabilidade foi obtida pela população Pichilingue, de 74% e a menor pela população ESALQ-PR1, de 49%. No método Seleção IG, os valores de herdabilidade do número de espigas por planta foram elevados, com exceção da população ESALQ-PR1. A maior herdabilidade no número de espigas por planta foi obtida pela população Piranão VF1B-P, de 67% e a menor pela população ESALQ-PR1, de 35%.

A herdabilidade do número de espigas por planta, da produção de espigas e da produção grãos foram similares em todas as populações no primeiro ciclo, com exceção da população ESALQ-PR1 em que a herdabilidade do número de espigas por planta foi inferior à da produção de espigas nos dois métodos intrapopulacionais.

A herdabilidade do peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG) foi próxima ou acima de 60% em todas as populações e nas duas metodologias no primeiro ciclo de seleção, com exceção da população Pichilingue, no método Seleção IG. Estes valores são considerados elevados para as características (Hallauer & Miranda Filho, 1988).

4.2.2 Segundo ciclo

As análises de variância das características avaliadas nas populações de segundo ciclo do método Seleção IG são apresentadas nas Tabelas 24 a 29 e do Seleção S_1 são apresentadas nas Tabelas 30 à 35. Assim como no primeiro ciclo, o quadrado médio de progênies dos experimentos com as progênies endogâmicas (S_1) foi maior do que experimentos com as progênies IG para a maior parte das características nas populações, com exceção do peso de espigas e peso de grãos. O teste F mostrou significância para a variação entre progênies para a maior parte das características nas populações, indicando a existência de variabilidade entre as progênies.

Do mesmo como que nos experimentos do primeiro ciclo, os coeficientes de variação das características foram maiores nos experimentos com as progênies endogâmicas do que nos experimentos com as progênies IG. Isto indica que a endogamia reduziu a precisão experimental dos caracteres. O mesmo foi observado por Kassouf & Miranda Filho (1986).

Nas Tabelas 11 e 12 são apresentados as estimativas da variância genética, variância fenotípica e a herdabilidade das populações de segundo ciclo, submetidas aos métodos Seleção IG e Seleção S_1 , respectivamente.

Igualmente ao primeiro ciclo, a variabilidade do número de espigas por planta (NEP) foi maior nas progênies S_1 do que nas progênies IG em todas as populações e o inverso é verificado para o peso de espigas (PE) e o peso de grãos (PG). Cada população apresentou distinta performance nos locais para a variância genética, fenotípica e herdabilidade. Como os locais são totalmente distintos com relação as características de solo e clima, este tipo de resposta era esperado e ratifica a escolha da análise por local em vez da análise conjunta dos dados.

No método Seleção IG, as populações HXL, Piranão VD2B em Piracicaba e Pichilingue e Piranão VF1B-P em Anhembi apresentaram as maiores estimativas de variância genética e variância fenotípica para o número de espigas por planta, todos eles próximos a 0,015 e 0,026, respectivamente. Estes valores são similares aos observados na literatura (Laible & Dirks, 1968; Soares Filho, 1987; Miranda Filho & Andrade⁴). A população Pichilingue em Piracicaba apresentou a menor estimativa de variância genética e fenotípica, de 0,00221 e 0,01085 espigas por planta, respectivamente.

Os valores da variância genética observados foram similares aos encontrados na literatura. Soares Filho (1987) estimou variância aditiva da prolificidade da população Piranão VD2B de 0,03750 e 0,00410 em dois anos. Neste trabalho obteve-se estimativas de variância genética entre progênies S_1 de 0,0258 no primeiro ciclo e de 0,01910 no segundo ciclo para a mesma população. Para progênies IG, obteve-se estimativas de variância genética de 0,01500 no primeiro ciclo e de 0,00881 e 0,01578 no segundo ciclo. Supondo ausência de dominância, $\sigma_{IG}^2 = \frac{1}{2}\sigma_A^2$, a estimativa da variância aditiva seria: 0,03000 no primeiro ciclo e 0,01762 e 0,03156 no segundo ciclo.

Para a população Piranão VF1B, Soares Filho (1987) estimou variância aditiva de 0,0213 e 0,0209 em dois anos. Neste trabalho, foram obtidas estimativas de variância de progênies S_1 de 0,0502 no primeiro ciclo e de 0,02676 no segundo ciclo. A variância

⁴ MIRANDA FILHO, J.B.; ANDRADE, J.A.C. (Departamento de Genética, ESALQ/USP). Quantitative traits in the maize population ESALQ-PB¹: parameters estimative. (No prelo).

de progênies IG foi de 0,0134 no primeiro ciclo e de 0,00694 e 0,00442 no segundo ciclo. A estimativa da variância aditiva é de 0,0268 no primeiro ciclo e de 0,01388 e 0,00884 no segundo ciclo nos dois locais. Na população Piranão VF1B-P as estimativas da variância aditiva das progênies IG foi de 0,514 no primeiro ciclo e de 0,02736 e 0,01394 no segundo ciclo nos dois locais.

As estimativas de variância aditiva das populações Piranão no primeiro ciclo foram maiores que as estimativas no segundo ciclo. Contudo, apesar de ter ocorrido alguma discrepância entre as estimativas, estas não foram muito distantes das observadas anteriormente na literatura.

As estimativas de herdabilidade do número de espigas por planta das populações do método Seleção IG no segundo ciclo apresentaram valores bastante discrepantes. A amplitude de variação foi de 21% na população Piranão VF1B à 63% na população Piranão VD2B em Piracicaba. O número de espigas por planta apresentou herdabilidade inferior do peso de espigas (PE) em todas as populações e locais no segundo ciclo. No segundo ciclo as herdabilidades foram comparativamente menores que no primeiro ciclo no método Seleção IG.

A população ITA-PR apresentou a maior discrepância nas estimativas da herdabilidade entre os locais no método Seleção IG, com 26% em Anhembi e 61% em Piracicaba. Isto ocorreu devido a grande influência do ambiente na prolificidade. As menores herdabilidades foram obtidas pelas populações Piranão VF1B e ITA-PR em Anhembi, com 29% e 26%, respectivamente, e Piranão VF1B e Pichilingue em Piracicaba, com 21% e 20%, respectivamente. Apesar da baixa herdabilidade do número de espigas por planta destas populações, a herdabilidade do número de espigas (NE) foi elevada em todas as populações e locais. Portanto, o estande das parcelas pode estar influenciando os resultados do número de espigas por planta, isto porque a densidade populacional afeta o intervalo entre o florescimento masculino e feminino, o que tem grande influência sobre o número de espigas das plantas (Jacobs & Pearson, 1991).

Portanto, a grande variação na herdabilidade das populações nos locais e os baixos valores encontrados pode ser resultado de alterações no estande das parcelas, o

que provoca o aumento na variação no número de espigas por planta entre as parcelas e o conseqüente aumento do erro experimental e a redução da herdabilidade da prolificidade.

No segundo ciclo de seleção, no método Seleção S_1 , a maior variância de progênes e fenotípica do número de espigas por planta foi da população ESALQ-PR1 de 0,05105 e 0,06760 em 1999 e de 0,04032 e 0,05935 em 2000, respectivamente, e as menores pela população Pichilingue, de 0,01325 e 0,03138 em 1999 e 0,0096 e 0,03446 em 2000, respectivamente (Tabela 12). A herdabilidade do número de espigas por planta na Seleção S_1 variou de 28% na população Pichilingue em 2000 a 76% na população ESALQ-PR1 em 1999. Para o peso de espigas a herdabilidade variou de 36% na população Piranão VF1B em 2000 a 91% na população ESALQ-PR1 em 1999. Assim como nas progênes IG, no método Seleção S_1 o número de espigas por planta apresentou menor herdabilidade do que o peso de espigas em todas as populações.

A variância de progênes e variância fenotípica da prolificidade foram menores no segundo ciclo em relação ao primeiro ciclo na maior parte das populações, nos dois métodos de seleção, indicando que a seleção reduziu a variabilidade da característica. Contudo, ocorreu o inverso com a variância de progênes e fenotípica da produção de espigas.

Na Figura 3 são apresentadas as médias das estimativas da herdabilidade dos dois ciclos de seleção, nos dois métodos intrapopulacionais. As estimativas de herdabilidade foram maiores no método Seleção S_1 do que no método Seleção IG. Isto ocorreu devido à maior variância de progênes nestas populações. Consequentemente, o ganho genético estimado destas progênes é maior que o ganho genético com progênes IG. No método Seleção IG, a maior estimativa foi da população HXL com herdabilidade de 59% e no método Seleção S_1 a maior estimativa foi da população ITA-PR, de 65%.

Assim como os parâmetros genéticos, as estimativas de herdabilidade da prolificidade são grandemente influenciadas pelas condições ambientais em que a população é avaliada (Hallauer, 1974; Hallauer e Miranda Filho, 1988; Guei e Wassom, 1992), o que explica a grande variação nos coeficientes de herdabilidade encontrados

neste trabalho e na literatura. Hallauer (1974) observou uma variação de 0 a 77,5% nas estimativas da herdabilidade no cruzamento entre linhagens de milho com diferente número de espigas por planta, testadas em diferentes densidades populacionais. Isto ocorre porque o desenvolvimento das espigas depende de uma complexa interação de processos fisiológicos, cuja expressão depende grandemente das condições ambientais. Os principais eventos que determinam a prolificidade são o intervalo de florescimento masculino e o da primeira e segunda espiga. Quaisquer fatores ambientais que alterem estes eventos, incluindo a competição entre plantas ou estresse hídrico, por exemplo, tem grande influência no desenvolvimento da segunda espiga nas plantas.

4.3 Ganho genético e resposta correlacionada

O ganho genético (G_s) esperado e realizado do número de espigas por planta (NEP) das populações submetidas aos métodos Seleção IG e Seleção S_1 nos dois ciclos de seleção é apresentado na Tabela 13.

No primeiro ciclo, o G_s esperado foi maior no método Seleção S_1 do que no método Seleção IG em todas as populações. Nas populações ITA-PR, Pichilingue e Piranão VD2B, as estimativas de G_s com o método Seleção S_1 ficaram próximas do dobro da estimativa do método Seleção IG. Isto é reflexo das maiores estimativas de herdabilidade daquelas progênies. As estimativas de G_s no método Seleção S_1 ficaram entre 13,13 e 16,74% por ciclo. No método Seleção IG as estimativas de G_s ficaram entre 6,54 e 15,09% por ciclo.

No método Seleção IG o G_s realizado na prolificidade no Ciclo 1 refletiu em grande parte o G_s estimado. Na população Piranão VD2B, o G_s foi de 11,81% e 12,42% em Anhembi e Piracicaba, respectivamente, enquanto o G_s estimado ficou em 7,16%. O maior G_s realizado ocorreu na população Piranão VF1B-P em Anhembi com 16,76% e o menor G_s ocorreu na população ITA-PR em Piracicaba, com 5,16%. Portanto, o G_s com o método Seleção IG foi elevado nos dois locais e em todas as populações. A média do G_s realizado no ciclo 1 ficou em 10,58% no método Seleção IG.

No segundo ciclo, o G_s esperado com a Seleção IG também foi elevado para a maior parte das populações e locais, com exceção da população Piranão VF1B em Anhembi e Piracicaba, com estimativas de 1,76 e 3,83%, respectivamente, e população Pichilingue em Piracicaba, que apresentou estimativa de G_s de 2,85%. Estas populações apresentaram estimativas inferiores às demais devido à menor variância genética, uma vez que a variância fenotípica se manteve similar à das outras populações.

A população Piranão VF1B-P mostrou estimativa de G_s na prolificidade de 12,35% e 6,91%; a população ITA-PR de 5,35% e 11,15%; a população Pichilingue de 9,74% e 2,85%; a população Piranão VD2B de 9,98% e 15,51%, e a população HXL de 11,29% e 12,62% em Anhembi e Piracicaba, respectivamente. Igualmente ao primeiro ciclo, estes valores são elevados e expressam a alta eficiência da metodologia para a seleção para a prolificidade.

As vantagens do método Seleção IG aqui proposto em relação ao original de Paterniani (1978) são:

- 1) A não necessidade de isolamento do campo de polinização, o que pode facilitar a operacionalização principalmente quando se trabalha com mais de uma população, como no presente caso,
- 2) Cruzamento controlado permite controle gamético para ambos os sexos, resultado em tamanho efetivo populacional (N_e) teoricamente duas vezes maior, em comparação com amostragem completamente aleatória de gametas (Miranda Filho & Vencovsky, 1978; Hallauer & Miranda Filho, 1988);
- 3) Ao ganho da seleção massal para ambos os sexos é ainda adicionado o ganho genético do teste de progênes de irmãos germanos.

O G_s depois de cada ciclo de seleção, pode ser demonstrado como: $G_{s_0} = G_{SIG} + G_{SM}$, onde: G_{s_0} = ganho genético observado; G_{SIG} = ganho genético com o teste de irmãos germanos; G_{SM} = ganho genético com a seleção massal. Contudo, o G_s com o teste de irmãos germanos é reduzido pela redução da variância de progênes

(Δ_{var}), como resultado da seleção massal $G_{SIG_0} = G_{SIG} - \Delta_{\text{var}}$. A expressão se torna: $G_{S_0} = G_{SIG} - \Delta_{\text{var}} + G_{SM}$. Mas o G_s com a seleção massal é maior do que a perda causada na variabilidade $G_{SM} > \Delta_{\text{var}}$ e o ganho genético total é $G_{S_0} > G_{SIG}$, ou seja, o G_s observado é maior ou equivalente ao o G_s esperado pelo teste de irmãos germanos, porque a redução da variância de progênie é compensada pelo G_s ocorrido com a seleção massal. Isto explica os elevados G_s obtidos no método Seleção IG.

No método Seleção S_1 , o G_s realizado no primeiro ciclo foi inferior ao estimado em todas as populações. Como já comentado, isto ocorreu devido à depressão por endogamia que é característico das progênie endogâmicas S_1 . Apesar disto, a população ITA-PR mostrou um G_s de 9,18% em Anhembi, o que é bastante similar ao G_s realizado no método seleção IG (9,75%). A população HXL mostrou um G_s de 4,10% em Anhembi, bastante similar ao método seleção IG, de 5,57%.

As populações Piranão VD2B e Piranão VF1B mostraram G_s negativos nos dois anos em Anhembi. Em 1999 o G_s foi de -12,38% e -5,42%, respectivamente, e em 2000 o ganhos foram de -4,99% e -1,27%, respectivamente. A população HXL mostrou G_s negativo em 2000 em Anhembi, de -7,50%. Contudo, no ano anterior, a população aumentou a prolificidade em 4,10%.

No segundo ciclo de seleção, o G_s esperado no método Seleção S_1 foi equivalente ao G_s esperado no método Seleção IG na maioria das populações. A exceção foi a população Piranão VF1B que apresentou estimativas no método Seleção S_1 superiores as do método Seleção IG nos dois locais. Esta população obteve a maior estimativa de G_s no método Seleção S_1 de 14,61% em 1999. A menor estimativa foi da população Pichilingue em 2000, com 5,90%.

No primeiro ciclo, a média do G_s realizado no método Seleção IG foi maior que o G_s esperado, de 10,58% e 9,41%, respectivamente. A média do G_s estimado no segundo ciclo foi de 8,61%, valor este semelhante ao G_s obtido no primeiro ciclo. Este método, portanto, foi bastante eficiente na seleção para a prolificidade.

No método Seleção S_1 o G_s foi inferior ao esperado devido à depressão por endogamia ter afetado a expressão da prolificidade nas progênes endogâmicas S_1 . Apesar desta influência, somente duas das seis populações avaliadas reduziram a prolificidade no ciclo 1.

Na Tabela 14 são apresentadas as estimativas da correlação genética e fenotípica entre o número de espigas por planta (NEP) e a produção de espigas (PE) nos experimentos de avaliação das progênes IG e S_1 do segundo ciclo de seleção, avaliados em Anhembi e Piracicaba.

As populações apresentaram valores distintos de correlação e os valores dos locais não foram similares na maioria das populações. A correlação genética no método Seleção IG variou de 0,20 a 0,92 e a correlação fenotípica variou de 0,21 a 0,64. No método Seleção IG, a população ITA-PR apresentou correlação genética de 0,20 e 0,52 em Anhembi e Piracicaba, respectivamente. A maior correlação foi obtida na população Piranão VF1B em Anhembi, de 0,92. Contudo, em Piracicaba, a correlação genética da mesma população foi de 0,34.

No método Seleção S_1 as maiores correlações genéticas e fenotípicas foram obtidas pela população ESALQ-PR1, de 0,86 e 0,79 em 1999 e de 0,82 e 0,74 em 2000, respectivamente, e as menores pela população Pichilingue, de 0,23 e 0,28 em 1999, em Anhembi.

A maior parte das estimativas de correlação observadas neste trabalho são inferiores aos encontrados na literatura (Robinson *et al.*, 1951; Souza Júnior *et al.*, 1985; Coors & Mardones, 1989). Maita e Coors (1996) obtiveram coeficiente de correlação fenotípica de 0,71 entre espigas por planta e produção de grãos por hectare (kg/ha), na população 'Golden Glow', na média de 20 ciclos de seleção massal para prolificidade.. Contudo, outros autores relataram coeficiente de correlação similares aos aqui observados (Hallauer e Miranda Filho, 1988). Guei & Wassom (1992) observaram correlação genética e fenotípica de 0,43 e 0,69 em ambientes sob estresse hídrico, e de 0,36 e 0,47 em ambientes sem estresse hídrico no Pool Sequia e Pool 21, respectivamente. Segovia (1983) observou amplitudes de correlação simples entre peso

de grãos e o número de espigas por planta de 0,0015 a 0,6171 em 8 ambientes, sendo que a média foi de 0,38.

A média da correlação genética no método Seleção IG foi de 0,46 e 0,42, em Anhembi e Piracicaba, respectivamente, e no método Seleção S_1 de 0,52 e 0,56 em 1999 e 2000 em Anhembi, respectivamente, valores estes similares à estimativa dos autores citados. As médias da correlação fenotípica no método Seleção IG foram de 0,34 e 0,49 em Anhembi e Piracicaba, respectivamente, e no método Seleção S_1 de 0,52 e 0,55 em 1999 e 2000 em Anhembi. As médias no método Seleção S_1 foram superiores às do método Seleção IG devido às correlações elevadas observadas na população ESALQ-PR1 na Seleção S_1 . Isto indica que progressos futuros na produção de grãos selecionando-se para a prolificidade serão elevados nessa população.

Apesar de todas as correlações serem positivas e significantes, há uma grande variação entre elas provavelmente devido à ocorrência de desvios nas estimativas dos componentes de variância do número de espigas por planta, o que reduz a correlação entre as características. Aliado a isto, a prolificidade apresentou distinta performance nos ambientes, o que pode ser visualizado nos valores discrepantes de herdabilidade no segundo ciclo de seleção (Tabela 12). Isto alterou a estimativa dos parâmetros genéticos e a correlação entre as características.

Na Tabela 15 é apresentada a resposta correlacionada (R_c) à seleção do número de espigas por planta sobre a produção de espigas das populações avaliadas em Anhembi e Piracicaba. A R_c apresentou grande variação entre as populações e entre os locais nos dois métodos de seleção. No primeiro ciclo, no método Seleção IG, as populações Piranão VF1B-P, Piranão VF1B e Piranão VD2B, apresentaram R_c estimada de 9,38, 9,61 e 5,28%, respectivamente, e as populações ITA-PR e Pichilingue não apresentaram R_c à seleção para a prolificidade.

A amplitude de variação de R_c realizada no primeiro ciclo no método Seleção IG, foi de -3,64 a 20,86%. A R_c realizada foi semelhante à esperada para as populações ITA-PR, Pichilingue e Piranão VD2B. A maior R_c realizada foi da população Piranão

VF1B no primeiro ciclo de seleção no método Seleção IG, em Anhembi e Piracicaba (20%), que foi o dobro da R_c esperada (9,61%).

A população ITA-PR apresentou R_c realizada negativa no Ciclo 1 nos dois locais, o que ratifica a R_c estimada nula. A população Piranão VF1B-P apresentou R_c realizada no primeiro ciclo de 3,84 e 0,82% em Anhembi e Piracicaba, respectivamente, e a esperada de 9,38%. A População HXL apresentou R_c bastante discrepante nos dois locais, de 15,42% em Anhembi e 0,68% em Piracicaba.

A R_c esperada à seleção no segundo ciclo foi semelhante ao primeiro ciclo nas populações Pichilingue e Piranão VD2B. Na População ITA-PR e Piranão VF1B-P a R_c esperada no segundo ciclo foi superior à do primeiro ciclo e nas populações Piranão VF2B e HXL a R_c esperada foi inferior à resposta observada no primeiro ciclo.

No primeiro ciclo de seleção, as R_c estimadas nulas das populações ITA-PR e Pichilingue corresponderam a R_c realizadas negativas na população ITA-PR e baixas na população Pichilingue. Nas populações Piranão VF1B e Piranão VD2B as R_c foram próximas ou superiores às respostas esperadas. As R_c realizadas no ciclo 1 ficaram bem abaixo do esperado somente na população Piranão VF1B-P. Portanto, a predição das R_c esperadas foram condizentes com as R_c observadas no primeiro ciclo de seleção em 4 das 5 populações avaliadas.

Apesar da grande amplitude de variação nas R_c das populações nos locais, as respostas esperadas no segundo ciclo de seleção no método Seleção IG são positivas e superiores a 2% em todas as populações e locais, com exceção da população Pichilingue em Anhembi, o que é similar ou superior ao observado por outros autores. Maita e Coors (1996) obtiveram aumento na produção de grãos de 1% por ciclo com a seleção para prolificidade. Mareck e Gardner (1979) obtiveram ganho na produtividade de 0,8 a 0,9% por ano depois de 15 ciclos de seleção massal para a prolificidade. Singh *et al.* (1986) obtiveram ganhos de 4,5% por ciclo com seleção recorrente de irmãos germanos. Contudo, Segovia (1983) observou R_c da prolificidade na produção de grãos de 15,43% na população Piranão VF1B e 1,56% na População Piranão VD2B depois de quatro ciclos de seleção massal em ambos os sexos para a prolificidade. As R_c realizadas neste

trabalho no primeiro ciclo foram de 9,97 e 4,74 para a população Piranão VD2B e de 20,86 e 20,61 para a população Piranão VF1B nos dois anos, e portanto, valores superiores aos observados pelo autor acima.

Nove das doze estimativas das R_c no segundo ciclo foram próximas ou superiores a 4%. No primeiro ciclo, seis das doze R_c realizadas foram próximas ou superiores a este valor. Estes resultados atestam o êxito da seleção para a produção de grãos selecionando-se para a prolificidade utilizando o método Seleção IG. Os valores negativos da R_c observada na população ITA-PR no primeiro ciclo do método Seleção IG, é resultado da baixa correlação observada entre as características (Tabela 14).

No método Seleção S_1 , não foram apresentadas as R_c realizadas no primeiro ciclo porque estas foram todas negativas, devido a depressão por endogamia nas progênes endogâmicas S_1 . As R_c esperadas no segundo ciclo neste método foram todas superiores o método Seleção IG. Neste método a menor R_c esperada foi da população Pichilingue em 1999, com 3% de aumento na produção de grãos. A maior R_c no segundo ciclo no método Seleção S_1 foi da população ESALQ-PR1, com 21,77% e 16,66%, valores estes bastante elevados, comparando com os resultados de literatura. Isto é resultado das elevadas estimativas de variância entre progênes e da elevada correlação entre a produção de espigas e a prolificidade nesta população. Isto também ocorreu devido a reduzida média da produção de espigas da população ESALQ-PR1, devido ao seu baixo vigor, o que eleva o ganho genético da característica (Tabela 9).

Na Figura 4 é apresentada a evolução do número de espigas por planta com os ciclos de seleção no método Seleção IG nas seis populações avaliadas em Anhembi em 1987 e 1999. Nesse método, houve um progresso constante no número de espigas por planta com os ciclos de seleção em todas as populações. Os valores do ciclo 01 (C_{01}) foram intermediários aos do ciclo 0 e do ciclo 1 indicando que mesmo a seleção massal foi eficiente no aumento da média das populações. O ganho combinado da seleção massal com o teste de progênes de irmãos germanos, é refletido nas médias do ciclo 1, mostrando a eficiência da metodologia Seleção IG na seleção para a prolificidade.

A população Piranão VD2B apresentou as menores médias da prolificidade em todos os ciclos e a população Piranão VF1B-P apresentou as maiores médias nos ciclos 1 e 2. Esta população apresentou o melhor desempenho por já ter sido submetida a prolificidade antes do início deste trabalho.

Na Figura 5 é apresentado a evolução do número de espigas por planta nas populações submetidas ao método Seleção S_1 , avaliadas em Anhembi. Observa-se que a depressão por endogamia no ciclo 01 (C01) ou seja, após a autofecundação das plantas, foi bastante pronunciado nas populações ESALQ-PR1 e Piranão VD2B. As populações ITA-PR e Piranão VF1B apresentaram depressão moderada e a população HXL não apresentou depressão. A população Piranão VD2B também apresentou maior depressão no número de espigas por planta e no peso de espigas no método Seleção S_1 .

Contudo, após o primeiro ciclo, o efeito depressivo da endogamia foi menor em todas as populações. No ciclo 1 (C1) as populações ESALQ-PR1 e ITA-PR apresentaram crescimento do número de espigas (Figura 5), a população Pichilingue manteve e as populações Piranão VD2B, Piranão VF1B e HXL reduziram o número de espigas por planta em relação ao ciclo 0. Contudo, maior alteração no número de espigas por planta ocorreu na população Piranão VD2B, que permaneceu com número de espigas inferior ao C_0 até em C_2 , cuja estimativa não tem influência da endogamia. Ou seja, mesmo depois de dois ciclos de seleção, esta população não recuperou o número de espigas por planta presente no ciclo original.

No segundo ciclo de seleção as populações ITA-PR, ESALQ-PR1 e Piranão VD2B mantiveram os G_s observados no primeiro ciclo (similar inclinação das retas) no método Seleção S_1 , enquanto que a população Pichilingue teve uma G_s esperada maior que no primeiro ciclo (Figura 5). A população ESALQ-PR1 apesar de ter apresentado redução acentuada no ciclo 01, apresentou um G_s considerável no ciclo 1, provavelmente como resultado da maior herdabilidade da característica neste ciclo (Tabela 9). As progênes desta população apresentaram menor depressão por endogamia no ciclo 1 e a população mostrou um G_s considerável no ciclo 2. Esta população recuperou nos ciclos 1 e 2 as perdas provocadas pela endogamia no ciclo 01.

Apesar dos efeitos negativos provocados pela endogamia na expressão da prolificidade, pode-se notar que não houve redução intensa das médias da prolificidade do ciclo 0 para o ciclo 1 na maior parte das populações, com exceção da população Piranão VD2B. Devido a isto, após o retorno da população à condição não endógama, é esperado que as médias da prolificidade no ciclo 1 sejam superiores ao do ciclo 0 em todas as populações.

4.4 Depressão por endogamia

Na Figura 6 é apresentada a depressão por endogamia da prolificidade e da produção de espigas no ciclo 01 e ciclo 1, das populações avaliadas em Anhembi em 1997 e 1999. A prolificidade apresentou reduzida depressão por endogamia, quando comparada com a produção de grãos. A população Piranão VD2B apresentou a maior depressão na prolificidade nos dois ciclos, de 0,163 espigas por planta e 0,167 espigas por planta no primeiro e no segundo ciclo, respectivamente. As populações HXL e ITA-PR não apresentaram depressão no segundo ciclo. A população Piranão VF1B apresentou redução de 0,09 e de 0,12 espigas por planta no primeiro e no segundo ciclo respectivamente. Na população Pichilingue, a depressão por endogamia foi de 0,05 espigas por planta nos dois ciclos de seleção.

Nas populações deste trabalho ocorreram valores de depressão por endogamia na prolificidade de 0 a -16,8%. A depressão por endogamia da prolificidade não é perfeitamente previsível nas populações de milho. Gama *et al.* (1985) não observaram efeito da endogamia na prolificidade em gerações avançadas de híbridos de milho. Ao passo que Packer (1998) observou endogamia de até 15,97% em uma população com alto teor de óleo. Hallauer & Miranda Filho (1988) mostraram depressão por endogamia -0,02 espigas por parcela na população BSSS. Nass & Miranda Filho (1995) obtiveram valores de até 41% de depressão em populações semi-exóticas.

Segundo Falconer & Mackay (1996), o valor médio da população sob endogamia é $M_F = M_0 - 2F \sum \overline{d p q}$, para a soma de todos os locos, sendo que M_F é a

média da população com endogamia, M_0 é a média da população antes da endogamia; d é o efeito de dominância intra loco; p e q são as frequências alélicas. Então, a mudança no valor médio da população sob endogamia é consequência da dominância dos locos que governam a característica e a mudança ocorrerá na direção dos alelos recessivos. Como a prolificidade apresenta reduzido efeito de dominância, segundo dados de literatura (Laible & Dirks, 1968; Sorrells *et al.*, 1979), a característica apresenta reduzida depressão por endogamia na maior parte das populações estudadas neste trabalho.

Para a produção de espigas, a endogamia foi elevada em todas as populações no ciclo 0, com amplitude de variação de 39% a 69%. A população Piranão VD2B apresentou a maior endogamia neste ciclo. No ciclo 1 houve uma redução na endogamia em relação ao ciclo 0, apesar das populações terem apresentado uma depressão próxima a 50 g/planta. Os valores de depressão observados são equivalentes aos citados por Hallauer & Miranda Filho (1988), que estimaram, a partir de dados de literatura, estimativas médias de depressão de 57,58 g/planta com 50% de homozigose.

Houve uma tendência de redução da endogamia com os ciclos de seleção em todas as populações, com exceção da população Piranão VF1B. Isto ocorreu porque o choque endogâmico provoca a expressão dos genes deletérios, que ocorrem em homozigose, e as plantas que os expressam são descartadas. Há pois uma “limpeza” na carga genética das populações e depressão por endogamia tende a se reduzir com os ciclos de seleção.

4.5 Análise conjunta dos experimentos de segundo ciclo

Nas Tabelas 36 a 41 são apresentadas as análises de variância conjunta dos experimentos de avaliação das progênies IG das populações de segundo ciclo de seleção. Como já comentado anteriormente, o objetivo da apresentação da análise conjunta é somente a análise da interação genótipo x ambiente da prolificidade e outras características de interesse.

O teste F mostrou significância para a variação entre progênies para todos os caracteres em todas as populações, indicando que há variabilidade genética nas populações para as características avaliadas.

Ocorreu interação progênies x locais significativa para o número de espigas por planta em todas as populações, com exceção de Piranão VF1B. Para o número de espigas da parcela, ocorreu interação significativa somente para a população Piranão VD2B (Tabela 41). Portanto, a influência distinta dos ambientes sobre as progênies parece ser maior sobre o número de espigas por planta do que sobre o número de espigas da parcela. Esta resposta pode ser resultado da influência do estande na prolificidade nos distintos ambientes.

Ocorreu diferença significativa entre locais em todas as populações para o número de espigas da parcela, com exceção da população Piranão VF1B-P. Para o número de espigas por planta, ocorreu diferença significativa entre os locais somente para as populações Pichilingue e ITA-PR, ou seja, as três populações Piranão não apresentaram diferenças significativas entre os locais. Estas três populações também não apresentaram diferenças significativas entre locais para a altura da planta e altura da espiga. Aliado a isto, populações Piranão VF1B e Piranão VF1B-P não apresentaram interação genótipo x locais para o peso de espigas e apresentaram as maiores médias do número de espigas por planta nos dois locais no ciclo 1 (Tabelas 6 e 7).

Portanto, as populações Piranão VF1B e Piranão VF1B-P apresentaram um performance similar nos dois ambientes para a prolificidade, produção de espigas e altura da planta e um maior potencial prolífico quando comparado com as outras populações. Isto pode indicar que estas populações apresentam um desempenho mais estável em distintos ambientes, o que pode estar associado a um maior número de espigas por planta.

A população Piranão VD2B apresentou reduzida média do número de espigas por planta nos dois locais no ciclo 1. Portanto, apesar desta população ter mostrado um ganho genético considerável no método Seleção IG (Tabela 11), o desempenho prolífico ainda deixa a desejar. Como a população Piranão VD2B apresentou ganho genético

observado negativo no método Seleção S_1 e elevada depressão por endogamia nos dois ciclos, pode-se inferir que esta população não tem potencial de melhoramento para a prolificidade.

Como houve interação progênie x local significativas para a maior parte das características, os ambientes são totalmente distintos e uma análise em separado dos materiais em cada ambiente seria mais vantajoso para a seleção, não só para a prolificidade, mas para as outras características de interesse.

As análises de variância conjunta dos experimentos de avaliação das progênes autofecundadas (S_1) são apresentadas nas Tabelas 42 a 47. O teste F mostrou significância para a variação entre progênes para todas os parâmetros em todas as populações, indicando que há variabilidade entre as progênes endogâmicas das populações para as características.

O coeficiente de variação da análise conjunta dos experimentos de avaliação das progênes S_1 foram superiores aos coeficientes de variação dos experimentos com as progênes IG, indicando que a endogamia afetou negativamente a precisão ambiental. Isto também foi observado em outros trabalhos (Kassouf & Miranda Filho, 1984).

Para o número de espigas por planta a interação progênes x anos foi significativa nas populações HXL, ITA-PR e ESALQ-PR1 e para o número de espigas na parcela foi significativa nas populações HXL, ITA-PR, Piranão VF1B e ESALQ-PR1. Para a altura da planta, ocorreu interação ano x progênes significativa nas populações Piranão VF1B e ITA-PR e para a produção de espigas para todas as populações, menos para a população Pichilingue. Para o estande ocorreu interação significativa para todas as populações, menos a população ITA-PR.

Ocorreu diferença significativa entre anos no número de espigas por planta nas populações HXL, ITA-PR, Pichilingue e Piranão VD2B. Para o número de espigas da parcela ocorreram diferenças significativas entre anos nas populações HXL, Pichilingue, Piranão VF1B e ESALQ-PR1. Para produção de espigas ocorreram diferenças significativas entre anos em todas as populações, com exceção da população HXL.

Portanto, ocorreram diferenças significativas no desempenho dos progênies S_1 das populações entre os anos para as características estudadas. Para a prolificidade, as progênies S_1 das populações Piranão VD2B, Piranão VF1B e Pichilingue não apresentaram interação progênies x anos, ou seja, não apresentaram comportamento diferencial nos dois anos. A população Piranão VF1B, também não apresentou diferença significativa entre anos. Portanto, as progênies desta população apresentaram desempenho similar nos dois anos de estudo.

Portanto, a prolificidade apresentou performance similar nos ambientes estudados nas populações Piranão VD2B e Piranão VF1B, tanto para as progênies de autofecundação quanto para as progênies IG.

4.6 Dados de espiga das progênies

Os resultados das avaliações do comprimento, diâmetro, peso de espiga e peso de grãos da primeira e segunda espiga obtidas no método intrapopulacional Seleção S_1 no primeiro ciclo são apresentados na Tabela 16. São também mostrados o quociente entre os dados da segunda e da primeira espiga, das quatro características (RCE, RDE, RPE e RPG). Com base nestes quocientes foram selecionadas as 30 progênies superiores de cada população para recombinação e formação das populações de primeiro ciclo de seleção.

A principais características levadas em consideração para a seleção das progênies foram os índices de prolificidade, ou seja, o quociente de peso de grãos (RPG) e peso de espiga (RPE).

Ocorreram valores máximos de quocientes entre peso de grãos na segunda e na primeira espiga (RPG) e peso de espigas (RPE) maiores que um em várias plantas das populações. Ou seja, o peso de grãos na segunda espiga foi maior que o peso de grãos da primeira espiga. Os exemplos extremos ocorreram na população ITA-PR que apresentou valor máximo do quociente de peso de grãos igual a 45 e na população Pichilingue com valor máximo igual a 40. Isto não era esperado, pois, o milho apresenta dominância

apical, ou seja, a supressão do desenvolvimento das espigas inferiores pela espiga superior (Phillips, 1975; Sorrells *et al.*, 1978; Motto & Moll, 1983; Pinthus & Belcher, 1994). Ou seja, a primeira espiga se desenvolve primeiro e tem maior potencial de produção.

Contudo, algumas plantas apresentaram produção de grãos maior nas segundas espigas devido à forma de polinização das plantas. Nos esquemas de Seleção S₁ e Seleção IG, tanto as primeiras quanto as segundas espigas foram protegidas antes da emissão da barba. As polinizações foram realizadas na segunda espiga e as primeiras espigas foram desprotegidas um dia após a polinização (Paterniani, 1978), para favorecer o desenvolvimento das segundas espigas. Como normalmente o intervalo entre o começo da emissão do pólen e da emissão da barba da segunda espiga é grande, quando se descobriu a primeira espiga o pólen disponível nas populações era reduzido. Isto não permitiu uma polinização adequada destas espigas, principalmente das plantas com florescimento mais tardio. Por isso, as plantas com maior quociente de peso de grãos podem não ser as mais prolíficas, mas sim as que não receberam pólen suficiente na primeira espiga.

Contudo, o comprimento de espigas é uma característica que não apresenta interferência da polinização, pois, mesmo com reduzida quantidade de grãos, o tamanho do sabugo não se altera, refletindo o potencial do número de grãos. O quociente do comprimento de espiga, portanto, nesta circunstância, seria mais apropriado para medida do grau de prolificidade, ou do potencial da segunda espiga. Este quociente apresentou pouca amplitude de variação nas populações, quando comparado com o peso de grãos e o peso de espigas (Tabela 16), evidenciando sua utilidade na seleção.

A população ITA-PR apresentou a maior amplitude de variação do quociente de peso de grãos, provavelmente devido ao maior ciclo desta população. Esta população é a mais prolífica das populações deste trabalho, apresentando plantas com até 4 espigas quando em plantios em baixa densidade.

Na Tabela 17 são apresentados as médias, o desvio padrão e os valores mínimos e máximos dos dados de espiga das progênies de autofecundação e progênies

IG no segundo ciclo de seleção. As progênies S_1 apresentaram maiores médias de comprimento da primeira espiga (CE1) do que as progênies IG. O mesmo ocorreu com o diâmetro das primeiras espigas (DE1). Isto se refletiu no peso de grãos destas espigas (PG1), que foram maiores nas progênies S_1 do que nas progênies IG. Ocorreu o inverso com o comprimento das segundas espigas (CE2), onde as progênies IG apresentaram maiores médias do que as progênies S_1 . Esta tendência não se manteve para a média do diâmetro e do peso de grãos das segundas espigas (DE2 e PG2).

Todos os índices de prolificidade (RCE, RDE e RPG) foram maiores nas progênies IG do que nas progênies S_1 . Como o tamanho e produção das segundas espigas reflete o potencial prolífico das plantas, o maior tamanho das segundas espigas nas progênies demonstra o maior potencial prolífico das progênies IG em relação às progênies S_1 . Portanto, provavelmente, o método Seleção IG foi mais eficiente na seleção para a prolificidade do que o método Seleção S_1 .

Na Figura 7 são apresentados as médias do comprimento, diâmetro e peso de grãos das segundas espigas das plantas selecionadas no método Seleção S_1 , nos dois ciclos de seleção. Ocorreu o aumento do comprimento, diâmetro e peso de grãos das segundas espigas de todas as populações com a seleção. Devido à dominância apical, é necessário que se reduza a influência da espiga superior sobre as espigas inferiores para assim, aumentar o número de espigas por planta (Sorrells *et al.*, 1978; Pinthus & Belcher, 1994). Isto indica que a metodologia Seleção S_1 aqui avaliada também foi eficiente no aumento do tamanho e potencial produtivo das segundas espigas.

4.7 Considerações Gerais

Os métodos Seleção IG e Seleção S_1 foram eficientes na seleção para a prolificidade nas populações avaliadas nesse trabalho, com exceção do método Seleção S_1 na população Piranão VD2B e Piranão VF1B. No método Seleção IG o aumento da prolificidade das populações foi acompanhado do aumento da produção de nos dois ciclos de seleção e nos dois locais. As respostas correlacionadas realizadas da

prolificidade sobre a produção de grãos foram consistentes com as esperadas em quatro das cinco populações .

No método Seleção S_1 , quatro das seis populações apresentaram aumento na prolificidade com a seleção. Isto ocorreu porque a prolificidade apresentou baixa depressão por endogamia, como resultado provavelmente, do baixo nível de dominância da característica nas populações. A depressão por endogamia foi maior na população Piranão VD2B e, devido a isto, esta população não apresentou resposta à seleção para a prolificidade nos dois ciclos seletivos com o método Seleção S_1 .

A ausência de resposta à seleção pela população Piranão VD2B pode ter duas causas: 1) a ocorrência da endogamia acentuada como reflexo da redução drástica da variabilidade; 2) o efeito adverso provocado pelo gene *br₂*. Não houve redução na variância genética e fenotípica da população Piranão VD2B do primeiro para o segundo ciclo de seleção, e esta não foi discrepante das outras populações, o que indica que a variabilidade não foi comprometida em grande extensão. O nível de dominância da prolificidade parece ser o mesmo que nas outras populações, pois as variâncias genéticas e fenotípicas são similares.

A depressão por endogamia é função direta do grau de dominância do caráter, do coeficiente de endogamia (porcentagem dos locus em homozigose) e das frequências gênicas da população (ou do nível de melhoramento da população). Muitos autores encontraram baixos níveis de dominância no número de espigas por planta. Apesar das progênies S_1 não estimarem diretamente a variância genética aditiva, as observações indicam que esta foi mais expressiva do que a variância genética dominante nas populações aqui estudadas, uma vez que a prolificidade apresentou reduzida depressão por endogamia na maior parte das populações.

Como foram utilizadas as progênies S_1 para a estimação das médias das populações nos ciclos de seleção do método Seleção S_1 , não foi possível avaliar adequadamente o impacto da seleção para a prolificidade sobre a produção de grãos e os outros caracteres das plantas neste método. Mas mesmo com a depressão por endogamia, as médias do número de espigas por planta no ciclo 1 foram superiores ao

ciclo 0. Ou seja, a prolificidade apresentou baixa depressão por endogamia, sendo que esta foi menor no ciclo 2. As populações ITA-PR e HXL não apresentaram depressão no ciclo 1. A população Piranão VD2B apresentou elevada depressão por endogamia nos dois ciclos.

No método Seleção S_1 é realizado seleção fenotípica em duas fases: no momento da obtenção das progênes e na seleção das espigas polinizadas. Após estas fases, as melhores progênes são recombinadas. Portanto, são necessárias duas gerações para a finalização de um ciclo de seleção. No método Seleção S_1 , há necessidade da coincidência do florescimento masculino e da segunda espiga da mesma planta. E como o espaçamento utilizado para a obtenção das progênes deve ser o dobro do usual para favorecer a expressão da prolificidade, será necessário uma grande área experimental para a obtenção das progênes no método Seleção S_1 . Se as populações apresentarem um nível de prolificidade inicial reduzido (abaixo de 0,90 espigas/planta), o tamanho da área experimental deve ser maior que o dobro de uma área de polinização normal, para que seja possível a obtenção de uma quantidade suficiente de progênes S_1 . Isto pode encarecer o processo de melhoramento para a característica.

Este método foi inicialmente realizado por Sprague & Brimhall (1950), que realizaram a seleção para o aumento no conteúdo de óleo nas sementes de milho com a autofecundação das plantas e a recombinação das progênes S_1 selecionadas. Este método, denominado série recorrente, foi eficiente para o aumento do conteúdo de óleo nas sementes e possui a vantagem do controle parental absoluto dos indivíduos selecionados, uma vez que a autofecundação garante a perpetuação dos genes da planta selecionada.

Nesse método, as progênes S_1 são obtidas somente para a perpetuação das plantas selecionadas, uma vez que não envolve o teste de progênes. Portanto, a endogamia não interfere no processo de seleção. Contudo, caso as progênes apresentem acentuada depressão por endogamia, podem ocorrer desequilíbrios no momento da recombinação. Com a presença de acentuada depressão por endogamia nas progênes, estas podem possuir baixo vigor e quaisquer alterações ambientais, mesmo que não

intensas, como deficiências hídricas ou nutricionais, podem afetar a sobrevivência e a produção das progênes menos vigorosas. Consequentemente, pode ocorrer uma recombinação desbalanceada dos genótipos selecionados, sendo aqueles mais vigorosos, os mais representados na população melhorada. Valois & Miranda Filho (1984) observaram que a endogamia pode afetar a recombinação das progênes selecionadas quando as progênes apresentam elevada depressão por endogamia. Devido a este efeito indireto, o ganho genético com a utilização da endogamia pode ser menor do que o esperado.

No método Seleção IG a seleção também é realizada em duas fases: seleção massal em ambos os sexos no momento da obtenção das progênes e seleção pelo teste de progênes. Um ciclo é completado em duas gerações, pois a recombinação das progênes selecionadas ocorre juntamente com a obtenção das progênes do próximo ciclo de seleção. No método Seleção IG, as plantas prolíficas são polinizadas por outras plantas prolíficas da mesma população e, portanto, o número de progênes obtidas em uma população de baixa prolificidade é normalmente maior (aproximadamente o dobro) do que no método Seleção S_1 . Neste método, é necessário o plantio de lotes de polinização com espaçamento maior que o usual para favorecer a expressão das plantas prolíficas, contudo, o número provável de progênes obtidas é suficiente para a realização do teste de progênes. Portanto, neste método, é necessária uma área de polinização o dobro da usual para a obtenção das progênes e áreas experimentais para a instalação dos experimentos de teste de progênes em dois ou mais locais. Portanto, neste método os gastos com o processo de melhoramento podem superar os gastos com a utilização do método Seleção S_1 . Devido a utilização somente de plantas prolíficas no momento da polinização, muitas vezes as plantas doadoras de pólen apresentam plantas com espigas no momento da polinização, mas a segunda pode não se desenvolver. Portanto, as plantas utilizadas na obtenção das progênes de irmãos germanos podem não ser realmente prolíficas, o que reduz os ganhos esperados. Isto provavelmente não ocorreu porque o ganho observado foi equivalente ao esperado na maior parte das populações.

Contudo, não é possível uma comparação estrita entre os dois métodos em termos de ganho genético, porque o método Seleção IG envolve, além da seleção massal em ambos os sexos, o teste de progênes com o emprego de irmãos germanos, o que produz ganhos superiores quando comparado somente com a seleção massal para ambos os sexos utilizado no método Seleção S_1 . Os ganhos com o teste de progênes são maiores porque são baseados na performance média das progênes de plantas selecionadas, que são avaliadas em experimentos com repetições em vários locais. Isto faz com que a influência ambiental sobre a seleção e a interação genótipo x ambiente sejam menores, aumentando a eficiência da seleção. A seleção massal é normalmente realizada para a seleção de caracteres de baixa herdabilidade e para o aumento da adaptação das populações a ambientes específicos.

O objetivo do presente trabalho foi analisar a seleção para a prolificidade. Contudo, é importante a análise da relação desta com a produção de grãos tendo em vista que a produção de grãos normalmente é a característica de maior interesse no melhoramento. Para a seleção para a prolificidade, a maior parte dos trabalhos realizados até então utilizaram variantes da seleção massal. Contudo, muitos trabalhos de pesquisa indicam que a característica apresenta expressão grandemente influenciada pelo ambiente, com valores observados de herdabilidade entre 0 a 100%, sendo que esta influência depende do genótipo estudado. Devido a isto, muitas vezes a seleção massal para a prolificidade pode não produzir os resultados esperados.

Por outro lado, a seleção indireta para uma característica, selecionando-se por uma característica secundária, é mais eficiente que a seleção direta somente se a característica secundária tem maior herdabilidade que a primária e a correlação genética entre as duas é alta. Contudo, muitos trabalhos mostram valores variáveis de correlação desta com a produção de grãos, apesar de normalmente a prolificidade apresentar altas correlações com a produção. Como a resposta correlacionada da prolificidade na produção de grãos é função direta da covariância entre as duas características, o ganho na produção de grãos pode ser comprometido se o ambiente influenciar sobremaneira a covariância entre as características. No caso deste trabalho, a maior parte das estimativas

de correlação entre a produção de grãos e a prolificidade não foram elevadas. Ao mesmo tempo, a prolificidade apresentou estimativas de herdabilidade variáveis nos ambientes de estudo. Portanto, baseando-se nestes parâmetros, a seleção direta para a produção de grãos poderia produzir melhores resultados do que a seleção indireta através da prolificidade.

Contudo, a vantagem da seleção para a prolificidade não está somente no aumento da produção de grãos, mas também no aumento da estabilidade de produção e aumento das respostas em ambientes de cultivo com estresse (hídrico, competição por nutrientes ou de alta densidade populacional). Apesar deste tipo de resposta não ser completamente previsível, uma vez que há dependência da resposta do genótipo nos locais específicos de estudo, um grande volume de trabalhos mostram que esta tendência se mantém no milho. O próprio aumento do número de espigas por planta verificado nos híbridos e linhagens modernos quando comparado com os antigos, atestam que a prolificidade é estritamente relacionada com a produtividade na maior parte dos germoplasmas de milho. Pode-se, portanto, aumentar a eficiência da seleção para a produção de grãos através da consideração da prolificidade, se esta não produzir efeitos adversos nas populações.

A seleção para a prolificidade não provocou efeitos adversos nas populações estudadas. O melhoramento de cultivares no milho envolve a seleção para maior produção de grãos, precocidade, baixa altura da planta e da espiga. Isso porque plantas mais baixas apresentam maior potencial de responder a aplicação de fertilizantes sem ocorrer o acamamento. Neste trabalho, a seleção para a prolificidade reduziu a altura da planta e a posição da espiga na planta, provavelmente devido a redução do ciclo das populações. A seleção para prolificidade foi eficiente no aumento do comprimento, diâmetro e produção de grãos da segunda espiga em todas as populações, indicando a redução da dominância apical com a seleção nas populações. Provavelmente, a seleção provocou alteração no balanço hormonal que regula dominância apical e a prolificidade nas plantas. Apesar de ter ocorrido alteração nos índices de espiga nos dois métodos, estes foram maiores no método Seleção IG.

As populações Piranão VF1B, Piranão VF1B-P e Piranão VD2B apresentaram maior estabilidade na produção de espigas, número de espigas por planta e altura da planta, e as duas primeiras apresentaram as maiores médias do número de espigas por planta nos dois locais.

Das populações avaliadas neste trabalho, a população Piranão VD2B apresentou o menor potencial prolífico e de seleção para a prolificidade.

5. CONCLUSÕES

Nas condições do presente trabalho, a análise dos resultados permitem tirar as seguintes conclusões:

- ✱ Os dois métodos intrapopulacionais testados foram eficientes no aumento da prolificidade das populações;
- ✱ Houve um ganho genético de 10,58% e 8,61% no primeiro e no segundo ciclo respectivamente, no método Seleção IG e de 10,86% no segundo ciclo no método Seleção S_1 ;
- ✱ Ocorreu uma razoável predição da resposta correlacionada da prolificidade no aumento da produção de grãos. A média do aumento da produção de grãos foi de 6,27% no método Seleção IG;
- ✱ A prolificidade apresentou reduzida depressão por endogamia em todas as populações, com exceção da população Piranão VD2B;
- ✱ Houve tendência de redução da altura da planta, da posição relativa da espiga na planta e da média do comprimento e diâmetro das espigas com a seleção para a prolificidade;
- ✱ Ocorreu aumento no comprimento, diâmetro e peso das segundas espigas com a seleção nos dois métodos;
- ✱ A Seleção S_1 , devido à utilização da endogamia, pode não proporcionar ganhos substanciais na produção de grãos com a seleção para a prolificidade;

- ✱ O método Seleção IG devido à combinação da seleção massal em ambos os sexos com a seleção pelo teste de progênies, apresenta-se com grande potencial para o melhoramento da prolificidade e da produção de grãos nas populações de milho.

TABELAS

Tabela 6. Médias do Ciclo 0 (C₀), Ciclo 1 (C₁) e testemunha das populações de milho submetidas ao método Seleção IG. Anhembi (SP), 1999.

Populações		AP	AE	PRE	ST	PE	NE	NEP
Piranão VF1B-P	Test	209	123	0,590	18,55	142,2	21,82	1,181
	C ₀	220	131	0,592	17,58	101,5	18,52	1,056
	C ₀₁ [†]	213	124	0,582	15,57	113,1	17,49	1,123
	C ₁	219	131	0,600	16,24	105,4	19,71	1,233
Piranão VF1B	Test	212	128	0,602	18,38	140,6	21,04	1,152
	C ₀	223	132	0,590	13,74	82,9	15,17	1,096
	C ₀₁	201	116	0,577	15,16	80,5	17,15	1,131
	C ₁	228	142	0,620	16,74	100,2	19,76	1,206
ITA-PR	Test	211	124	0,586	18,61	129,4	20,00	1,095
	C ₀	228	134	0,588	18,61	106,4	19,64	1,062
	C ₀₁	227	131	0,577	17,14	82,7	18,67	1,089
	C ₁	225	134	0,597	17,40	105,6	19,86	1,165
Pichilingue	Test	207	120	0,579	18,83	137,8	21,86	1,170
	C ₀	202	112	0,553	18,97	102,8	19,38	1,027
	C ₀₁	190	96	0,505	15,76	97,6	18,16	1,152
	C ₁	200	108	0,539	16,26	104,9	18,97	1,194
Piranão VD2B	Test	195	113	0,577	17,95	120,6	20,57	1,155
	C ₀	193	108	0,557	18,05	87,7	17,79	0,991
	C ₀₁	172	99	0,576	15,06	82,0	15,78	1,048
	C ₁	190	106	0,558	16,47	96,5	18,06	1,108
HXL	Test	198	114	0,579	19,45	135,1	22,36	1,151
	C ₀	196	111	0,569	17,33	95,1	18,61	1,079
	C ₀₁							
	C ₁	196	113	0,576	17,20	109,8	19,33	1,139

[†] Médias obtidas depois da seleção massal para prolificidade, nos experimentos de avaliação das progênies do primeiro ciclo. Anhembi (SP) 1997.

AP = altura da planta (cm);

AE = altura da espiga (cm);

PRE = posição relativa da espiga na planta (AE/AP);

ST = estande da parcela;

PE = peso de espigas (gramas / planta);

NE = número de espigas da parcela;

NEP = número de espigas / planta (NE/ST).

Tabela 7. Médias do Ciclo 0 (C₀), Ciclo 1 (C₁) e testemunha das populações de milho submetidas ao método Seleção IG. Piracicaba (SP), 1999.

Populações		AP	AE	PRE	ST	PE	PG	CE	DE	NE	NEP
Piranão VF1B - P Test		165	87	0,529	17,1	100,4	83,3	16,9	4,1	18,76	1,102
	C ₀	182	99	0,547	17,2	100,7	81,7	17,7	4,3	18,73	1,097
	C ₁	178	96	0,539	16,1	101,5	83,0	16,8	4,1	19,30	1,208
Piranão VF1B	Test	173	92	0,530	18,4	143,1	120,0	17,4	4,3	20,67	1,130
	C ₀	193	105	0,539	15,7	104,3	85,3	17,9	4,3	16,83	1,080
	C ₁	196	108	0,552	16,9	125,8	104,5	17,1	4,1	20,83	1,240
ITA-PR	Test	186	97	0,520	19,8	140,2	116,3	17,3	4,4	19,47	0,985
	C ₀	207	107	0,517	18,8	116,2	95,9	17,1	4,4	19,11	1,020
	C ₁	203	107	0,528	19,1	111,9	98,0	16,9	4,2	20,46	1,073
Pichilingue	Test	175	90	0,513	19,6	146,8	123,2	17,2	4,4	20,22	1,035
	C ₀	166	79	0,477	19,5	99,0	82,5	15,4	4,2	18,26	0,939
	C ₁	168	79	0,471	15,3	99,5	84,9	15,3	4,1	17,82	1,006
Piranão VD2B	Test	168	83	0,497	19,3	137,4	110,8	17,9	4,2	20,12	1,041
	C ₀	169	83	0,486	18,7	108,9	88,4	17,2	4,3	17,98	0,971
	C ₁	165	83	0,501	17,9	114,1	92,9	16,5	4,2	19,42	1,092
HXL	Test	195	106	0,544	20,3	161,2	134,6	17,0	4,3	25,38	1,251
	C ₀	193	106	0,550	19,8	122,2	100,6	16,4	4,2	22,28	1,139
	C ₁	191	106	0,552	19,27	123,0	101,0	15,7	4,1	23,18	1,220

AP = altura da planta (cm);

AE = altura da espiga (cm);

PRE = posição relativa da espiga na planta (AE/AP);

ST = estande da parcela;

PE = peso de espigas (g/planta);

PG = peso de grãos (g/planta);

CE = comprimento da espiga (cm);

DE = diâmetro da espiga (cm);

NE = número de espigas da parcela;

NEP = número de espigas / planta (NE/ST).

Tabela 8. Médias do Ciclo 0 (C₀), Ciclo 1 (C₁) e testemunha das populações de milho submetidas ao método Seleção S₁. Anhembi (SP), 1999.

População		AP	AE	PRE	ST	PE	NE	NEP
Piranão VF1B	Test	205	120	0,583	17,8	144,6	23,25	1,330
	C ₀	222	137	0,618	18,3	111,1	20,83	1,143
	C ₀₁ [†]	164	88	0,537	12,1	40,1	12,63	1,043
	C ₁	202	118	0,580	15,9	57,9	17,10	1,081
ITA-PR	Test	197	116	0,590	17,67	128,2	20,93	1,190
	C ₀	210	123	0,585	18,33	103,5	20,15	1,105
	C ₀₁ [†]	187	106	0,567	14,88	52,9	14,87	0,999
	C ₁	194	114	0,584	15,83	63,1	18,80	1,206
Pichilingue	Test	188	108	0,572	17,97	124,8	22,50	1,268
	C ₀	188	100	0,534	17,27	86,7	19,47	1,133
	C ₀₁ [†]	160	84	0,525	13,04	53,6	14,28	1,095
	C ₁	172	91	1,532	14,45	53,6	16,18	1,139
Piranão VD2B	Test	186	103	0,554	17,07	114,9	20,81	1,234
	C ₀	180	97	0,541	16,89	77,6	17,93	1,074
	C ₀₁ [†]	137	71	0,518	12,70	25,9	10,35	0,815
	C ₁	162	89	0,553	14,83	38,9	13,90	0,941
HXL	Test	200	115	0,572	18,59	140,7	23,82	1,289
	C ₀	193	112	0,578	17,47	106,6	20,71	1,173
	C ₀₁ [†]							
	C ₁	182	103	0,566	16,17	71,8	19,31	1,221
ESALQ-PR1	Test	199	116	0,581	17,35	142,7	23,05	1,331
	C ₀	193	110	0,568	17,00	76,4	17,05	1,021
	C ₀₁ [†]	170	92	0,541	12,99	52,9	10,52	0,810
	C ₁	188	109	0,576	16,08	55,6	17,59	1,105

[†] Médias obtidas depois da seleção massal para prolificidade, nos experimentos de avaliação das progênies do primeiro ciclo. Anhembi (SP), 1997.

AP = altura da planta (cm);

AE = altura da espiga (cm);

PRE = posição relativa da espiga na planta (AE/AP);

ST = estande da parcela;

PE = peso de espigas (g/planta);

NE = número de espigas da parcela;

NEP = número de espigas / planta (NE/ST).

Tabela 9. Médias do Ciclo 0 (C₀), Ciclo 1 (C₁) e testemunha das populações de milho submetidas ao método Seleção S₁. Anhembi (SP) em 2000.

		AP	AE	PRE	ST	PE	NE	NEP
Piranão VF1B	Test,	179	102	0,570	16,42	152,1	21,92	1,368
	C ₀	199	121	0,608	19,42	131,2	20,25	1,046
	C ₁	164	98	0,600	14,68	68,1	14,55	1,032
Piranão VD2B	Test,	166	92	0,553	20,15	154,9	22,44	1,278
	C ₀	161	94	0,583	18,26	129,7	19,26	1,063
	C ₁	132	74	0,556	14,47	61,9	14,20	1,012
Pichilingue	Test,	167	99	0,594	17,07	154,6	21,97	1,365
	C ₀	163	87	0,534	18,37	107,1	18,23	0,998
	C ₁	140	74	0,526	14,00	61,35	13,94	1,016
ITA-PR	Test,	189	110	0,582	19,37	172,9	25,00	1,302
	C ₀	205	125	0,607	19,37	137,5	21,30	1,114
	C ₁	174	104	0,595	17,02	80,9	19,09	1,140
HXL	Test,	172	99	0,575	19,39	172,9	26,94	1,414
	C ₀	170	96	0,563	18,33	128,4	21,78	1,190
	C ₁	144	79	0,547	14,77	69,5	16,12	1,107
ESALQ-PR1	Test,	190	116	0,611	20,41	206,5	30,27	1,485
	C ₀	186	111	0,597	17,05	93,8	18,10	1,069
	C ₁	164	101	0,614	13,74	65,5	15,53	1,116

AP = altura da planta (cm);

AE = altura da espiga (cm);

PRE = posição relativa da espiga na planta (AE/AP);

ST = estande da parcela;

PE = peso de espigas (g/planta);

NE = número de espigas da parcela;

NEP = número de espigas / planta (NE/ST).

Tabela 10. Componentes de variância, média e a herdabilidade do peso de espigas (PE), peso de grãos (PG) e número de espigas por planta (NEP) em progênies de milho de primeiro ciclo dos métodos Seleção IG e Seleção S₁. Anhembi (SP), 1997.

	Seleção IG				Seleção S ₁			
	Média	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{h}_p^2$	Média	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{h}_p^2$
Piranão VF1B-P								
PE	78,04	262,84019	381,08070	0,68	-	-	-	-
PG	65,91	150,21975	236,20949	0,64	-	-	-	-
NEP	1,123	0,02570	0,03854	0,67	-	-	-	-
Piranão VF1B								
PE	80,60	162,39224	279,94634	0,59	40,32	146,52513	186,74838	0,78
PG	63,70	106,38167	185,78811	0,57	28,28	85,94278	109,62804	0,78
NEP	1,131	0,01340	0,02247	0,59	1,043	0,05020	0,07689	0,65
ITA-PR								
PE	102,57	203,53179	311,15235	0,65	53,01	95,95273	142,46524	0,67
PG	82,33	134,90979	227,56335	0,59	38,32	79,43773	112,43666	0,70
NEP	1,089	0,00890	0,01705	0,52	0,999	0,03560	0,04893	0,73
Pichilingue								
PE	97,06	90,77391	221,19563	0,41	53,73	84,46304	133,03006	0,63
PG	78,23	83,47599	169,05688	0,49	41,16	65,40439	87,09543	0,75
NEP	1,152	0,00980	0,01986	0,49	1,095	0,03570	0,04822	0,74
Piranão VD2B								
PE	82,57	171,85664	283,11107	0,61	25,95	56,99847	80,15713	0,71
PG	62,20	121,49911	208,21727	0,58	18,20	31,69412	44,98816	0,70
NEP	1,048	0,01500	0,02994	0,50	0,815	0,0258	0,04377	0,59
ESALQ-PR1								
PE	76,31	147,39662	182,00677	0,81	31,71	47,44093	69,10742	0,69
PG	58,13	97,33782	128,94135	0,75	22,33	43,39323	56,14883	0,77
NEP	0,970	0,00290	0,00831	0,35	0,810	0,00800	0,01635	0,49

$\hat{\sigma}_F^2$ = Estimativa da variância fenotípica das médias de progênies;

$\hat{\sigma}_p^2$ = Estimativa da variância entre progênies;

$\hat{h}_p^2$ = Estimativa do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias.

Tabela 11. Componentes de variância, média e a herdabilidade do peso de espigas (PE), peso de grãos (PG) e número de espigas por planta (NEP) em progênies de milho de segundo ciclo do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba (SP), 1999.

	Anhembi				Piracicaba			
	Média	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{h}_p^2$	Média	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{h}_p^2$
Piranão VF1B-P								
PE	105,40	253,80833	352,55000	0,72	101,60	185,19167	360,74167	0,51
PG					83,00	158,32500	282,70000	0,56
NEP	1,233	0,01368	0,02608	0,52	1,208	0,00697	0,02165	0,32
Piranão VF1B								
PE	100,17	413,13216	495,80988	0,83	125,74	377,67040	516,96174	0,73
PG					104,55	296,31667	394,22500	0,75
NEP	1,208	0,00694	0,02385	0,29	1,242	0,00442	0,02153	0,21
ITA-PR								
PE	105,55	214,27500	319,20000	0,67	111,95	245,32333	437,90000	0,79
PG					93,00	252,75830	321,24667	0,79
NEP	1,165	0,00484	0,01894	0,26	1,074	0,00876	0,01426	0,61
Pichilingue								
PE	104,95	76,20000	144,41667	0,55	99,80	146,64167	284,03333	0,52
PG					84,85	121,16667	226,67500	0,53
NEP	1,194	0,01161	0,02576	0,45	1,006	0,00221	0,01085	0,20
Piranão VD2B								
PE	96,45	224,18333	308,98333	0,73	114,05	338,84475	484,84289	0,70
PG					92,05	251,06502	352,43746	0,71
NEP	1,108	0,00881	0,01883	0,47	1,092	0,01578	0,02500	0,63
HXL								
PE	109,77	131,13389	195,79040	0,67	123,13	293,00001	417,59685	0,70
PG					101,21	222,03943	311,33327	0,71
NEP	1,139	0,01008	0,01626	0,62	1,219	0,01430	0,02618	0,55

$\hat{\sigma}_F^2$ = Estimativa da variância fenotípica das médias de progênies;

$\hat{\sigma}_p^2$ = Estimativa da variância entre progênies;

$\hat{h}_p^2$ = Estimativa do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias.

Tabela 12. Componentes de variância, média e a herdabilidade do peso de espigas (PE), peso de grãos (PG) e número de espigas por planta (NEP) em progênies de milho de segundo ciclo do método Seleção S₁. Anhembi (SP), 1999 e 2000.

	Média	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	$\hat{h}_p^2$	Média	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	$\hat{h}_p^2$
Anhembi (1999)					Anhembi (2000)			
Piranão VF1B								
PE	56,35	106,21667	143,58333	0,74	68,22	51,98650	143,09578	0,36
NEP	1,081	0,02676	0,03900	0,69	1,033	0,01103	0,03336	0,33
ITA-PR								
PE	63,03	133,17238	163,19731	0,82	80,84	194,25614	276,58371	0,70
NEP	1,206	0,02771	0,04047	0,68	1,141	0,02051	0,03753	0,55
Pichilingue								
PE	53,56	88,86114	116,05833	0,76	61,30	200,16667	263,74167	0,76
NEP	1,139	0,01325	0,03138	0,42	1,016	0,00960	0,03446	0,28
Piranão VD2B								
PE	38,90	62,18519	87,25837	0,71	62,14	195,12732	263,81861	0,74
NEP	0,941	0,0191	0,03263	0,59	1,012	0,02827	0,05001	0,57
HXL								
PE	71,81	104,08626	131,62156	0,79	70,40	177,72234	264,25740	0,67
NEP	1,221	0,02167	0,03499	0,62	1,118	0,03526	0,05600	0,63
ESALQ-PR1								
PE	58,58	354,80292	389,83933	0,91	66,00	354,09083	419,68083	0,84
NEP	1,105	0,05105	0,06760	0,76	1,121	0,04032	0,05935	0,68

$\hat{\sigma}_F^2$ = Estimativa da variância fenotípica das médias de progênies;

$\hat{\sigma}_p^2$ = Estimativa da variância entre progênies;

$\hat{h}_p^2$ = Estimativa do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias.

Tabela 13. Ganho genético esperado e realizado em porcentagem nos dois ciclos seletivos das populações de milho submetidas aos métodos Seleção IG e Seleção S₁ (entre parênteses). Piracicaba e Anhembi (SP), 1997 e 1999.

Populações	Ciclo 1		Ciclo 2	
	Esperado	Realizado	Esperado	
		Anhembi Piracicaba	Anhembi Piracicaba	
Piranão VF1B-P	15,09 ----	16,76 ----	10,13 ----	12,35 6,91 ----
Piranão VF1B	10,72 (14,74)	10,02 (-5,42)	14,78 (-1,27) [†]	1,76 (14,61) 3,83 (6,78) [†]
ITA-PR	6,54 (16,74)	9,75 (9,18)	5,16 (2,29) [†]	5,35 (12,24) 11,15 (10,00)
Pichilingue	7,55 (16,58)	16,23 (0,57)	7,14 (1,77) [†]	9,74 (7,57) 2,85 (5,90) [†]
Piranão VD2B	7,16 (13,13)	11,81 (-12,38)	12,42 (-4,99) [†]	9,98 (11,77) 15,51 (12,98) [†]
HXL	--- ---	5,57 (4,10)	7,09 (-7,50) [†]	11,29 (8,54) 12,62 (12,00) [†]
ESALQ-PR1	--- ---	--- (8,26)	--- (4,29) [†]	--- (15,38) --- (12,70) [†]
Médias	9,41 (15,30)	10,58 (-1,37))	8,61 (10,86)	

[†] Anhembi (SP), 2000.

Tabela 14. Estimativa da correlação genética ($\hat{r}_g$) e correlação fenotípica ($\hat{r}_f$) entre o número de espigas por planta (NEP) e a produção de espigas (PE) nas populações de milho submetidas aos métodos Seleção IG e Seleção S₁ (entre parênteses). Anhembi e Piracicaba (SP), 1999.

Populações	Anhembi		Piracicaba	
	$\hat{r}_g$	$\hat{r}_f$	$\hat{r}_g$	$\hat{r}_f$
Piranão VF1B-P	0,39	0,41	0,32	0,48
	---	---	---	---
Piranão VF1B	0,92	0,40	0,34	0,46
	(0,50)	(0,55)	(0,25) [†]	(0,26) [†]
ITA-PR	0,20	0,24	0,52	0,52
	(0,61)	(0,56)	(0,62) [†]	(0,61) [†]
Pichilingue	0,50	0,21	0,79	0,64
	(0,23)	(0,28)	(0,52) [†]	(0,53) [†]
Piranão VD2B	0,38	0,42	0,37	0,46
	(0,45)	(0,46)	(0,65) [†]	(0,59) [†]
HXL	0,39	0,38	0,18	0,37
	(0,47)	(0,48)	(0,49) [†]	(0,54) [†]
ESALQ-PR1	---	---	---	---
	(0,86)	(0,79)	(0,82) [†]	(0,74) [†]
Média	0,46	0,34	0,42	0,49
	(0,52)	(0,52)	(0,56) [†]	(0,55) [†]

[†] Anhembi (SP), 2000.

Tabela 15. Resposta correlacionada estimada e realizada em porcentagem da seleção para a prolificidade sobre a produção de espigas ($R_{PE,NEP}$), nas populações de milho submetidas aos métodos Seleção IG e Seleção S_1 (valores entre parênteses). Anhembi e Piracicaba (SP), 1997 e 1999.

Populações	Ciclo 1			Ciclo 2	
	Esperado	Realizado		Esperado	
		Anhembi	Piracicaba	Anhembi	Piracicaba
Piranão VF1B-P	9,38 ---	3,84	0,82	6,18 ---	3,92 ---
Piranão VF1B	9,61 (11,60)	20,86	20,61	7,16 (8,60)	6,82 (5,50) [†]
ITA-PR	0 (8,27)	-0,76	-3,64	2,11 (9,92)	10,26 (8,58) [†]
Pichilingue	0 (19,68)	2,15	0,53	0,20 (3,00)	5,80 (6,24) [†]
Piranão VD2B	5,28 (0)	9,97	4,74	6,29 (7,26)	7,44 (11,64) [†]
HXL	--- ---	15,42	0,68	4,62 (5,59)	2,59 (6,58) [†]
ESALQ-PR1	--- ---	---	---	--- (21,77)	--- (16,66) [†]
Médias	4,85 (9,89)	6,27 --		5,28 (9,62)	

[†] Anhembi (SP), em 2000.

Tabela 16. Valores mínimos, máximos, a média e o desvio padrão ($s_{\bar{x}}$) dos dados de espiga das progênes de milho obtidas no método Seleção S₁ no primeiro ciclo. Anhembi, 1997.

Populações		CE1	DE1	PE1	PG1	CE2	DE2	PE2	PG2	RCE	RDE	RPE	RPG
		cm	cm	gramas	gramas	cm	cm	cm	cm				
Piranão VD2B	Média	15,7	3,5	84,81	62,92	11,3	3,4	55,09	42,26	0,73	0,98	0,98	1,14
	$s_{\bar{x}}$	2,433	0,510	36,292	29,752	2,449	0,438	22,583	18,376	0,189	0,231	1,090	1,515
	Máximo	20	5,0	165	130	18	4,0	110	85	1,27	2,00	5,00	7,00
	Mínimo	11	2,0	15	10	7	2,5	15	10	0,39	0,60	0,12	0,11
Piranão VF1B	Média	15,1	3,4	73,75	56,00	10,4	3,4	49,9	39,1	0,71	1,07	1,04	1,27
	$s_{\bar{x}}$	2,660	0,583	34,037	28,028	2,461	0,480	22,650	18,618	0,236	0,483	1,133	1,666
	Máximo	21	5,0	185	140	17	4,0	105	80	1,57	4,33	6,00	8,00
	Mínimo	7	2,0	10	5	4	2,5	15	15	0,27	0,71	0,15	0,14
Pichilingue	Média	14,3	3,1	52,54	36,48	10,7	3,4	55,9	42,5	0,78	1,14	1,76	2,80
	$s_{\bar{x}}$	2,339	0,549	32,473	25,904	2,142	0,400	27,030	22,840	0,304	0,286	1,814	5,262
	Máximo	18	4,5	145	115	17	4,5	160	130	2,80	2,00	9,00	40,00
	Mínimo	5	2,0	10	2	6	2,5	20	7	0,43	0,75	0,20	0,13
ITA-PR	Média	15,3	3,4	69,48	52,28	11,3	3,4	62,8	50,4	0,75	1,04	1,57	2,35
	$s_{\bar{x}}$	2,048	0,502	34,637	27,648	2,378	0,495	30,562	24,747	0,164	0,230	2,289	6,144
	Máximo	21	4,0	160	120	17	4,5	150	125	1,15	2,00	12,00	45,00
	Mínimo	11	2,0	10	2	6	2,5	15	15	0,46	0,63	0,14	0,17
ESALQ-PR1	Média	13,7	3,0	47,84	33,19	9,5	3,4	49,1	36,8	0,71	1,17	2,44	3,47
	$s_{\bar{x}}$	1,945	0,578	27,111	22,063	2,624	0,512	27,890	23,327	0,229	0,336	4,178	6,363
	Máximo	17	4,0	110	85	15	4	105	90	1,17	2,00	21,00	27,50
	Mínimo	10	2,0	5	2	4	2	10	10	0,25	0,67	0,18	0,20

CE1 e CE2 = comprimento da primeira e da segunda espiga; DE1 e DE2 = diâmetro da primeira e da segunda espiga; PE1 e PE2 = peso da primeira e da segunda espiga; PG1 e PG2 = peso de grãos da primeira e da segunda espiga; RCE = CE2/CE1; RDE = DE2/DE1; RPE=PE2/PE1; RPG = PG2/PG1.

Tabela 17. Valores mínimos, máximos, a média e o desvio padrão ($s_{\bar{x}}$) dos dados de espiga das progênes de milho obtidas nos métodos Seleção S₁ e Seleção IG no segundo ciclo. Piracicaba, 1998.

População	CE1 cm	DE1 cm	PG1 grama	CE2 cm	DE2 cm	PG2 gramas	RCE	RDE	RPG
HXL									
Seleção S ₁	Média	16,42	4,3	92,73	11,6	4,2	52,02	0,73	0,98
	$s_{\bar{x}}$	2,98	0,7	35,53	2,7	0,7	23,99	0,23	0,21
	Máximo	25	6,0	173,54	18	6,0	108,61	1,42	1,67
	Mínimo	10	3,0	26,71	7	3,0	15,43	0,36	0,67
HXL									
Seleção IG	Média	13,4	3,9	56,91	16,2	4,1	62,54	1,24	1,06
	$s_{\bar{x}}$	2,481	0,7	33,85	2,47	0,652	37,98	0,30	0,22
	Máximo	22	5,0	145,40	22	6,0	164,32	2,38	1,67
	Mínimo	7	2,0	3,88	8	3,0	4,42	0,82	0,75
ITA-PR									
Seleção S ₁	Média	17,0	4,6	101,87	13,4	4,2	68,44	0,80	0,93
	$s_{\bar{x}}$	2,21	0,5841	34,77	2,49	0,54	30,151	0,161	0,143
	Máximo	22	6,0	189,9	19	5,0	138,95	1,36	1,33
	Mínimo	11	3,0	11,08	7	3,0	10,50	0,42	0,60
ITA-PR									
Seleção IG	Média	13,8	3,9	60,9	16,9	3,97	75,58	1,26	1,04
	$s_{\bar{x}}$	2,243	0,653	30,081	2,1	0,69	37,457	0,2581	0,209
	Máximo	20	6	149,67	22	5,5	178,66	2,25	1,67
	Mínimo	8	3	11,63	10	2,0	2,18	0,75	0,57
PICH									
Seleção S ₁	Média	16,0	4,0	89,89	12,5	3,7	68,85	0,80	0,95
	$s_{\bar{x}}$	2,018	0,815	34,496	2,634	0,72	30,637	0,20	0,19
	Máximo	21	5,0	149,37	19	5,0	152,57	1,545	1,50
	Mínimo	11	2,0	11,02	6	2,0	5,82	0,389	0,50
PICH									
Seleção IG	Média	12,9	3,8	53,42	15,2	4,0	65,2	1,24	1,06
	$s_{\bar{x}}$	2,45	0,642	29,644	1,842	0,693	36,1012	0,338	0,21
	Máximo	19	5,0	118,02	20	5,0	143,87	3,33	1,67
	Mínimo	6	2,0	5,60	9	3,0	5,78	0,75	0,60

Tabela 17. Continuação. Valores mínimos, máximos, a média e o desvio padrão ($s_{\bar{x}}$) dos dados de espiga das progênie de milho obtidas nos métodos Seleção S₁ e Seleção IG no segundo ciclo. Piracicaba, 1998.

População	CE1 cm	DE1 cm	PG1 grama	CE2 cm	DE2 cm	PG2 gramas	RCE	RDE	RPG	
Piranão VD2B Seleção S1	Média	15,3	3,4	73,46	13,9	3,4	59,85	0,94	1,02	1,02
	$s_{\bar{x}}$	2,71	0,627	32,218	2,929	0,626	25,068	0,29	0,246	0,915
	Máximo	23	5,0	157,55	22	5,0	136,7	1,73	2,00	7,67
	Mínimo	10	2,0	8,65	7	2,0	3,08	0,47	0,50	0,06
Piranão VD2B Seleção IG	Média	13,1	4,2	62,07	15,8	4,4	88,43	1,27	1,05	1,86
	$s_{\bar{x}}$	2,590	0,624	32,762	2,440	0,619	119,912	0,34	0,186	2,294
	Máximo	19	6,0	159,58	22	6,0	1032,89	2,83	1,67	18,47
	Mínimo	6	3,0	5,25	7	3,0	7,7	0,54	0,73	0,19
Piranão VF1B Seleção S1	Média	16,6	3,7	70,39	13,1	3,6	52,72	0,81	0,98	1,22
	$s_{\bar{x}}$	2,738	0,566	40,862	2,999	0,599	30,107	0,226	0,181	1,409
	Máximo	22	5,0	156,48	19	4,0	120,91	1,27	1,50	6,38
	Mínimo	11	2,0	6,09	8	2,0	5,63	0,42	0,67	0,14
Piranão VF1B Seleção IG	Média	13,3	3,7	66,13	15,4	3,6	63,43	1,22	0,99	1,30
	$s_{\bar{x}}$	3,02	0,628	34,404	2,167	0,957	36,665	0,346	0,268	1,42
	Máximo	21	5,0	139,28	19	9,0	162,32	3,17	2,25	8,85
	Mínimo	6	3,0	5,72	10	2,0	2,35	0,63	0,40	0,10
Piranão VF1B-P Seleção IG	Média	13,2	3,3	60,89	15,8	3,3	68,29	1,24	1,02	1,75
	$s_{\bar{x}}$	2,63	0,662	34,421	2,491	0,639	37,494	0,32	0,22	2,68
	Máximo	20	5,0	145,84	26	5,0	152,77	2,33	1,50	26,27
	Mínimo	6	2,0	1,90	9	2,0	2,47	0,65	0,50	0,04

CE1 e CE2 = comprimento da primeira e da segunda espiga; DE1 e DE2 = diâmetro da primeira e da segunda espiga; PG1 e PG2 = peso de grãos da primeira e da segunda espiga; RCE = CE2/CE1; RDE = DE2/DE1; RPG = PG2/PG1.

Tabela 18. Análise de variância da população de milho Piranão VF1B no primeiro ciclo de seleção dos métodos Seleção IG e Seleção S₁. Anhembi, 1997.

Piranão VF1B									
Seleção S1					Seleção IG				
FV	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	CV(%)	Média	
AP	Progenies	43	669,72**	9,16	163,54	72	276,18**	7,07	200,51
	Resíduo	86	224,25			144	204,03		
AE	Progenies	43	1277,90**	14,33	88,38	72	961,21**	9,38	116,08
	Resíduo	86	160,40			144	118,53		
ST	Progenies	43	40,0372**	17,92	12,52	72	15,4250**	16,49	15,26
	Resíduo	86	5,0351			144	6,3350		
NE	Progenies	43	63,213**	26,73	12,63	72	25,790**	18,90	17,15
	Resíduo	85	11,406			142	10,500		
NEP	Progenies	43	0,2306**	27,12	1,043	72	0,0827**	16,16	1,131
	Resíduo	85	0,0800			142	0,0334		
PE	Progenies	43	560,25**	27,24	40,32	72	830,84**	22,99	80,60
	Resíduo	82	120,67			141	343,66		
PG	Progenies	43	328,884**	29,81	28,28	72	557,36**	18,32	63,70
	Resíduo	82	71,056			140	238,22		
CE	Progenies	43	1883,74**	21,64	12,44	72	1140,84**	16,08	14,70
	Resíduo	85	453,74			142	320,71		
DE	Progenies	43	107,26**	21,64	3,27	72	98,759**	23,02	3,73
	Resíduo	85	28,04			142	43,006		

AP = altura da planta (cm);

AE = altura da espiga (cm);

ST = estande da parcela;

NE = número de espigas da parcela;

PE = peso de espigas (g/planta);

CE = comprimento de espigas (cm);

NEP = número de espigas por planta (NE/ST);

PG = peso de grãos (g/planta);

DE= diâmetro de espigas (cm);

*, ** P≤0,05 e P≤0,01, respectivamente

Tabela 19. Análise de variância da população de milho Piranão VD2B no primeiro ciclo de seleção dos métodos Seleção IG e Seleção S₁. Anhembi, 1997.

		Piranão VD2B					Seleção S ₁					Seleção IG				
FV	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	CV(%)	Média
AP	Progenies	42	852,13**	11,06	136,82	41	634,31**	8,38	172,36							
	Resíduo	84	228,83			82	208,56									
AE	Progenies	42	496,802**	9,59	71,10	41	427,69**	10,37	98,97							
	Resíduo	84	46,511			82	111,45									
ST	Progenies	42	27,0993**	22,15	12,72	41	21,6830**	13,04	15,26							
	Resíduo	84	7,9459			82	3,9634									
NE	Progenies	42	40,9117**	30,31	10,35	41	28,1009**	17,36	15,78							
	Resíduo	81	9,8427			81	7,5060									
NEP	Progenies	42	0,1372**	29,97	0,815	41	0,0897**	20,19	1,048							
	Resíduo	80	0,0564			81	0,0448									
PE	Progenies	42	240,471**	32,12	25,95	41	849,33**	22,12	82,57							
	Resíduo	80	69,476			80	333,76									
PG	Progenies	42	134,964**	34,70	18,20	41	624,65**	25,93	62,20							
	Resíduo	78	39,882			80	260,15									
CE	Progenies	42	1063,08**	24,99	12,90	41	825,69**	16,63	15,38							
	Resíduo	81	419,53			81	290,63									
DE	Progenies	42	86,103**	24,17	3,01	41	63,019**	18,31	3,85							
	Resíduo	81	21,951			81	22,200									

AP = altura da planta (cm);

AE = altura da espiga (cm);

ST = estande da parcela;

NE = número de espigas da parcela;

PE = peso de espigas (g/planta);

CE = comprimento de espigas (cm);

NEP = número de espigas por planta (NE/ST);

PG = peso de grãos (g/planta);

DE= diâmetro de espigas (cm);

*, ** P≤0,05 e P≤0,01, respectivamente

Tabela 20. Análise de variância da população de milho Pichilingue no primeiro ciclo de seleção dos métodos Seleção IG e Seleção S₁. Anhembi, 1997.

		Seleção S ₁					Pichilingue					Seleção IG				
FV	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	CV(%)	Média
AP Progênes	62	729,38**	7,56	160,19	75	482,76**	5,62	190,08	75	482,76**	5,62	190,08	75	482,76**	5,62	190,08
Resíduo	124	143,78			147	114,00			147	114,00			147	114,00		
AE Progênes	62	444,88**	13,20	83,75	75	290,460**	8,88	96,41	75	290,460**	8,88	96,41	75	290,460**	8,88	96,41
Resíduo	124	122,28			147	73,300			147	73,300			147	73,300		
ST Progênes	62	35,6827**	19,87	12,99	74	12,8303**	12,33	15,87	74	12,8303**	12,33	15,87	74	12,8303**	12,33	15,87
Resíduo	119	6,6696			147	3,8346			147	3,8346			147	3,8346		
NE Progênes	62	66,697**	23,12	14,28	74	26,6394**	16,26	18,16	74	26,6394**	16,26	18,16	74	26,6394**	16,26	18,16
Resíduo	119	10,894			143	8,7199			143	8,7199			143	8,7199		
NEP Progênes	62	0,1445**	17,69	1,095	74	0,0599**	15,12	1,152	74	0,0599**	15,12	1,152	74	0,0599**	15,12	1,152
Resíduo	119	0,0375			143	0,0303			143	0,0303			143	0,0303		
PE Progênes	62	399,09**	22,46	53,73	74	663,59**	20,38	97,06	74	663,59**	20,38	97,06	74	663,59**	20,38	97,06
Resíduo	121	145,70			142	391,27			142	391,27			142	391,27		
PG Progênes	62	261,286**	19,60	41,16	74	504,17**	20,36	78,23	74	504,17**	20,36	78,23	74	504,17**	20,36	78,23
Resíduo	117	65,073			142	253,74			142	253,74			142	253,74		
CE Progênes	62	1424,25**	16,93	13,00	74	876,71**	18,24	14,80	74	876,71**	18,24	14,80	74	876,71**	18,24	14,80
Resíduo	119	277,42			143	410,06			143	410,06			143	410,06		
DE Progênes	62	121,362**	24,22	3,44	74	55,340**	19,47	3,90	74	55,340**	19,47	3,90	74	55,340**	19,47	3,90
Resíduo	119	40,335			143	32,431			143	32,431			143	32,431		

AP = altura da planta (cm);

AE = altura da espiga (cm);

ST = estande da parcela;

NE = número de espigas da parcela;

PE = peso de espigas (g/planta);

CE = comprimento de espigas (cm);

NEP = número de espigas por planta (NE/ST);

PG = peso de grãos (g/planta);

DE = diâmetro de espigas (cm);

*, ** P≤0,05 e P≤0,01, respectivamente

Tabela 21. Análise de variância da população de milho ITA-PR no primeiro ciclo de seleção dos métodos Seleção IG e Seleção S₁. Anhembi, 1997.

		ITA-PR					
		Seleção S ₁			Seleção IG		
FV	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	CV(%) Média
AP Progenies	54	985,43**	6,2	187,45	61	445,36**	4,61 226,60
Resíduo	108	135,04			119	109,35	
AE Progenies	54	759,156**	9,22	106,20	61	297,347**	6,26 131,10
Resíduo	108	95,917			119	67,406	
ST Progenies	54	29,3293**	15,85	14,90	60	14,4319**	10,01 17,36
Resíduo	108	5,5818			120	3,0169	
NE Progenies	54	53,065**	21,43	14,87	60	20,8949**	13,33 18,67
Resíduo	107	10,160			118	6,2091	
NEP Progenies	54	0,14680**	20,01	0,999	60	0,0509**	14,32 1,089
Resíduo	108	0,04009			118	0,0243	
PE Progenies	54	427,40**	22,29	53,00	60	933,46**	19,08 102,57
Resíduo	106	139,54			117	382,86	
PG Progenies	54	337,310**	25,97	38,32	60	682,69**	20,25 82,33
Resíduo	106	98,997			116	277,96	
CE Progenies	54	462,32**	16,35	13,60	60	958,73**	16,74 15,30
Resíduo	107	272,83			118	358,64	
DE Progenies	54	86,182**	17,13	3,53	60	51,369**	18,48 3,90
Resíduo	107	20,289			118	27,530	

AP = altura da planta (cm);

AE = altura da espiga (cm);

ST = estande da parcela;

NE = número de espigas da parcela;

PE = peso de espigas (g/planta);

CE = comprimento de espigas (cm);

NEP = número de espigas por planta (NE/ST);

PG = peso de grãos (g/planta);

DE= diâmetro de espigas (cm);

*, ** P≤0,05 e P≤0,01, respectivamente

Tabela 22. Análise de variância da população de milho ESALQ-PR1 no primeiro ciclo de seleção dos métodos Seleção IG e Seleção S₁. Anhembi, 1997.

ESALQ-PR1						
Seleção S ₁				Seleção IG		
FV	GL	QM	CV(%)	Média	QM	Média
AP Progênesis	25	850,64**	2,99	170,40	26	436,84**
Resíduo	50	104,25			52	132,07
AE Progênesis	25	453,47**	10,41	92,21	26	177,496*
Resíduo	50	92,14			52	90,692
ST Progênesis	25	39,0605**	19,26	13,23	26	16,0530 ^{ns}
Resíduo	50	6,4959			52	7,4669
NE Progênesis	25	35,4369**	24,58	10,52	26	10,3787*
Resíduo	49	6,6874			51	6,5449
NEP Progênesis	25	0,0490*	19,54	0,810	26	0,0794 ^{ns}
Resíduo	48	0,0250			51	0,0639
PE Progênesis	25	207,322**	25,42	31,71	26	546,02**
Resíduo	48	64,999			51	103,83
PG Progênesis	25	168,446**	27,71	22,33	26	386,824**
Resíduo	48	38,270			51	94,811
CE Progênesis	25	455,56**	18,77	13,80	26	6622,2**
Resíduo	49	199,33			52	7100,9
DE Progênesis	25	31,669**	19,35	3,48	26	58,324*
Resíduo	49	15,570			52	61,052

AP = altura da planta (cm);

AE = altura da espiga (cm);

ST = estande da parcela;

NE = número de espigas da parcela;

PE = peso de espigas (gramas/planta);

CE = comprimento de espigas (cm);

NEP = número de espigas por planta (NE/ST);

PG = peso de grãos (gramas/planta);

DE = diâmetro de espigas (cm);

*, ** P≤0,05 e P≤0,01, respectivamente

Tabela 23. Análise de variância da população de milho Piranão VF1B-P no primeiro ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi, 1997.

Piranão VF1B-P – Seleção IG				
FV	GL	QM	CV(%)	Média
AP				
Progênes	82	1805,41**	6,54	212,59
Resíduo	164	193,65		
AE				
Progênes	82	1299,48**	9,84	123,66
Resíduo	164	147,99		
ST				
Progênes	82	12,2080**	14,24	15,79
Resíduo	164	5,0528		
NE				
Progênes	82	32,240**	18,15	17,49
Resíduo	161	10,072		
NEP				
Progênes	82	0,1156**	17,47	1,123
Resíduo	161	0,0385		
PE				
Progênes	82	1143,24**	24,13	78,04
Resíduo	160	354,73		
PG				
Progênes	82	708,63**	24,37	65,91
Resíduo	158	257,97		
CE				
Progênes	82	967,64**	17,59	14,70
Resíduo	161	404,69		
DE				
Progênes	82	63,498**	16,80	3,80
Resíduo	161	24,995		

AP = altura da planta (cm);

AE = altura da espiga (cm);

ST = estande da parcela;

NE = número de espigas da parcela;

PE = peso de espigas (gramas/planta);

CE = comprimento de espigas (cm);

NEP = número de espigas por planta (NE/ST);

PG = peso de grãos (gramas/planta);

DE = diâmetro de espigas (cm);

*, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente

Tabela 24. Análise de variância da população de milho Piranão VF1B-P no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.

Piranão VF1B- P - Seleção IG							
Anhembi				Piracicaba			
FV	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	Média
AP	Progênes	109	1135,17**	218,69	109	964,00**	177,62
	Resíduo	217	346,15		217	328,91	
AE	Progênes	109	774,42**	131,47	109	490,87**	95,97
	Resíduo	217	264,01		217	145,26	
PRE	Progênes	109	0,0048**	0,599	109	0,0026**	0,539
	Resíduo	217	0,0015		217	0,0017	
ST	Progênes	109	26,4301**	16,24	109	12,2943**	16,06
	Resíduo	217	6,3342		217	4,9801	
NE	Progênes	109	38,665**	19,71	109	34,887**	19,30
	Resíduo	217	12,934		217	11,336	
NEP	Progênes	109	0,0782**	1,233	109	0,0650**	1,208
	Resíduo	217	0,0372		217	0,0440	
PE	Progênes	109	1057,65**	105,40	109	1082,22**	101,60
	Resíduo	217	296,23		217	526,65	
PG	Progênes				109	848,15**	83,00
	Resíduo				217	373,12	
CE	Progênes				109	3,8482**	16,82
	Resíduo				217	1,8914	
DE	Progênes				109	0,1640**	4,06
	Resíduo				217	0,0543	

AP = altura da planta (cm); AE = altura da espiga (cm);
 PRE = posição relativa da espiga na planta (AE/AP); ST = estande da parcela;
 NE = número de espigas da parcela; NEP = número de espigas por planta (NE/ST);
 PE = peso de espigas (g/planta); PG = peso de grãos (g/planta);
 CE = comprimento de espigas (cm); DE = diâmetro de espigas (cm),
 *, ** P≤0,05 e P≤0,01, respectivamente

Tabela 25. Análise de variância da população de milho Piranão VF1B no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.

Piranão VF1B - Seleção IG							
Anhembi				Piracicaba			
FV	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	CV(%) Média
AP Progênes	80	632,59**	5,82	228,39	80	799,31**	7,60 195,53
Resíduo	160	176,80			160	220,82	
AE Progênes	80	549,08**	8,90	141,80	80	543,53**	11,06 108,28
Resíduo	160	159,37			160	143,48	
PRE Progênes	80	0,0031**	4,91	0,620	80	0,0032**	6,51 0,552
Resíduo	160	0,0009			160	0,0013	
ST Progênes	80	14,3431*	18,21	16,74	80	11,1668**	12,03 16,91
Resíduo	157	9,2960			160	4,1371	
NE Progênes	80	34,1228**	15,47	19,76	80	30,816**	17,16 20,84
Resíduo	159	9,3454			159	12,784	
NEP Progênes	80	0,0716 ^{ns}	21,09	1,202	80	0,0646 ^{ns}	18,24 1,240
Resíduo	156	0,0507			159	0,0513	
PE Progênes	80	1487,43**	15,72	100,17	80	1550,90**	16,26 125,74
Resíduo	156	248,03			159	417,87	
PG Progênes					80	1182,68**	16,39 104,55
Resíduo					159	293,73	
CE Progênes					80	6,2185**	6,92 17,08
Resíduo					159	1,3976	
DE Progênes					80	0,1319**	4,91 4,14
Resíduo					159	0,0414	

AP = altura da planta (cm);

PRE = posição relativa da espiga na planta (AE/AP);

NE = número de espigas da parcela;

PE = peso de espigas (g/planta);

CE = comprimento de espigas (cm);

AE = altura da espiga (cm);

ST = estande da parcela;

NEP = número de espigas por planta (NE/ST);

PG = peso de grãos (g/planta);

DE = diâmetro de espigas (cm),

*, ** P ≤ 0,05 e P ≤ 0,01, respectivamente

Tabela 26. Análise de variância da população de milho ITA-PR no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.

ITA-PR - Seleção IG							
Anhembi				Piracicaba			
FV	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	CV(%) Média
AP Progenies	121	450,10**	4,73	224,52	121	686,90**	8,51 203,13
Resíduo	241	112,91			242	299,09	
AE Progenies	121	367,28**	7,19	131,18	121	370,05**	11,45 107,57
Resíduo	241	93,122			242	151,46	
PRE Progenies	121	0,00239**	4,63	0,597	121	0,0030**	6,04 0,528
Resíduo	241	0,00076			241	0,0010	
ST Progenies	121	15,2011**	14,48	17,40	121	6,6833**	8,26 19,02
Resíduo	229	6,3442			242	2,4788	
NE Progenies	121	22,6961**	15,27	19,86	121	18,2340**	10,73 20,56
Resíduo	240	9,1963			240	4,8150	
NEP Progenies	121	0,0568**	17,65	1,165	121	0,0428**	11,97 1,074
Resíduo	228	0,0423			240	0,0165	
PE Progenies	121	957,60**	16,81	105,55	121	1313,70**	14,89 111,95
Resíduo	229	314,78			240	277,73	
PG Progenies					121	963,73**	15,41 93,00
Resíduo					240	205,45	
CE Progenies					121	3,9848**	6,44 16,89
Resíduo					240	1,1846	
DE Progenies					121	0,1363**	4,11 4,15
Resíduo					240	0,0291	

AP = altura da planta (cm);

PRE = posição relativa da espiga na planta (AE/AP);

NE = número de espigas da parcela;

PE = peso de espigas (g/planta);

CE = comprimento de espigas (cm);

*, ** P≤0,05 e P≤0,01, respectivamente

AE = altura da espiga (cm);

ST = estande da parcela;

NEP = número de espigas por planta (NE/ST);

PG = peso de grãos (g/planta);

DE = diâmetro de espigas (cm),

Tabela 27. Análise de variância da população de milho Pichilingue no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.

Pichilingue – Seleção IG						
Anhembi				Piracicaba		
FV	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM
AP Progênies	91	295,90**	5,17	199,59	91	322,40**
Resíduo	180	106,38			181	194,88
AE Progênies	91	216,384**	7,93	107,65	91	160,828**
Resíduo	180	72,866			181	91,452
PRE Progênies	91	0,00246**	5,52	0,539	91	0,00247**
Resíduo	180	0,00088			181	0,00113
ST Progênies	91	25,7858**	17,66	16,26	91	10,6133**
Resíduo	179	8,2503			177	4,6971
NE Progênies	91	29,9412**	18,83	18,97	91	17,9295**
Resíduo	177	12,8934			181	9,7482
NEP Progênies	91	0,0773**	17,25	1,194	91	0,03256 ^{ns}
Resíduo	175	0,0425			177	0,02594
PE Progênies	91	433,25 **	13,53	104,95	91	852,1000**
Resíduo	176	204,65			177	412,1750
PG Progênies					91	680,03**
Resíduo					177	316,53
CE Progênies					91	3,0627**
Resíduo					181	1,6523
DE Progênies					91	0,1264**
Resíduo					181	0,0391

AP = altura da planta (cm);

PRE = posição relativa da espiga na planta (AE/AP);

NE = número de espigas da parcela;

PE = peso de espigas (g/planta);

CE = comprimento de espigas (cm);

AE = altura da espiga (cm);

ST = estande da parcela;

NEP = número de espigas por planta (NE/ST);

PG = peso de grãos (g/planta);

DE = diâmetro de espigas (cm),

*, ** P≤0,05 e P≤0,01, respectivamente

Tabela 28. Análise de variância da população de milho Piranão VD2B no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.

Piranão VD2B - Seleção IG							
Anhembi				Piracicaba			
FV	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	CV(%) Média
AP Progenies	134	973,16**	9,60	189,52	134	952,98**	11,23 165,03
Resíduo	268	331,24			268	343,34	
AE Progenies	134	708,14**	14,55	106,29	134	554,956**	16,15 83,22
Resíduo	268	239,31			268	180,55	
PRE Progenies	134	0,00420**	7,45	0,558	134	0,00508**	8,99 0,501
Resíduo	268	0,00173			267	0,00204	
ST Progenies	134	32,1025**	14,18	16,48	134	15,7974**	12,69 17,92
Resíduo	268	5,4632			267	5,1665	
NE Progenies	134	43,2337**	15,78	18,06	134	32,7267**	15,36 19,42
Resíduo	266	8,1264			267	8,8947	
NEP Progenies	134	0,05649**	15,64	1,108	134	0,07499**	15,23 1,092
Resíduo	264	0,03005			266	0,02766	
PE Progenies	134	926,95**	16,54	96,45	134	1454,53**	18,35 114,05
Resíduo	267	254,63			266	437,99	
PG Progenies					134	1057,31**	18,77 92,90
Resíduo					266	304,12	
CE Progenies					134	4,3316**	6,91 16,51
Resíduo					267	1,3025	
DE Progenies					134	0,13884**	4,45 4,21
Resíduo					267	0,03524	

AP = altura da planta (cm); AE = altura da espiga (cm);
 PRE = posição relativa da espiga na planta (AE/AP); ST = estande da parcela;
 NE = número de espigas da parcela; NEP = número de espigas por planta (NE/ST);
 PE = peso de espigas (g/planta); PG = peso de grãos (g/planta);
 CE = comprimento de espigas (cm); DE = diâmetro de espigas (cm),
 * ** P≤0,05 e P≤0,01, respectivamente

Tabela 29. Análise de variância população de milho HXL no primeiro ciclo, do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, em 1999.

HXL – Seleção IG									
Anhembi					Piracicaba				
	FV	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	CV(%)	Média
AP	Progênes	102	431,85**	5,61	196,35	102	706,75**	8,72	190,96
	Resíduo	204	122,73			204	277,37		
AE	Progênes	102	311,800**	8,74	113,28	102	427,65**	12,79	105,73
	Resíduo	204	98,025			204	182,98		
PRE	Progênes	102	0,00213**	5,04	0,576	102	0,00256**	6,72	0,552
	Resíduo	204	0,00084			204	0,00138		
ST	Progênes	102	31,0501**	14,29	17,20	102	19,9305**	10,92	19,26
	Resíduo	203	6,0403			204	4,4271		
NE	Progênes	102	33,1567**	14,75	19,33	102	39,655**	15,38	23,18
	Resíduo	203	8,1314			203	12,708		
NEP	Progênes	102	0,0488**	11,96	1,139	102	0,07853**	15,48	1,219
	Resíduo	200	0,0186			203	0,03564		
PE	Progênes	102	586,74**	12,67	109,77	102	1252,79**	15,70	123,13
	Resíduo	202	193,34			203	373,79		
PG	Progênes					102	933,99**	16,16	101,21
	Resíduo					203	267,88		
CE	Progênes					102	2,9851**	6,15	15,68
	Resíduo					203	0,9294		
DE	Progênes					102	0,1415**	4,19	4,10
	Resíduo					203	0,0294		

AP = altura da planta (cm);

PRE = posição relativa da espiga na planta (AE/AP);

NE = número de espigas da parcela;

PE = peso de espigas (g/planta);

CE = comprimento de espigas (cm);

*, ** P≤0,05 e P≤0,01, respectivamente

AE = altura da espiga (cm);

ST = estande da parcela;

NEP = número de espigas por planta (NE/ST);

PG = peso de grãos (g/planta);

DE = diâmetro de espigas (cm),

Tabela 30. Análise de variância da população de milho Piranão VFIB no segundo ciclo de seleção do método Seleção S₁. Anhembi, 1999 e 2000.

Piranão VFIB – Seleção S ₁								
Anhembi (1999)					Anhembi (2000)			
FV	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	CV(%)	Média
AP								
Progenies	31	792,95**	6,52	202,08	31	804,96**	8,17	164,37
Resíduo	62	173,60			60	180,51		
AE								
Progenies	31	618,67**	9,39	117,62	61	590,58	13,57	99,22
Resíduo	62	122,04			60	181,44**		
PRE								
Progenies	31	0,00394**	5,66	0,581	31	0,00561	9,77	0,602
Resíduo	62	0,00108			60	0,00346**		
ST								
Progenies	31	18,7668**	16,84	15,89	61	61,8468	19,41	14,98
Resíduo	62	7,1549			60	8,4513**		
PE								
Progenies	31	430,75**	18,3	56,35	31	429,29**	24,23	68,22
Resíduo	60	112,10			60	273,33		
NE								
Progenies	31	45,419**	19,73	17,10	61	56,542	22,84	14,83
Resíduo	60	11,371			60	11,467**		
NEP								
Progenies	31	0,11699**	17,77	1,081	31	0,10007	25,06	1,033
Resíduo	60	0,03671			60	0,06698**		

AP = altura da planta (cm);

AE = altura da espiga (cm);

PRE = posição relativa da espiga na planta (AE/AP);

ST = estande da parcela;

PE = peso de espigas (g/planta).

NE = número de espigas da parcela;

NEP = número de espigas por planta (NE/ST);

*, ** P≤0,05 e P≤0,01, respectivamente

Tabela 31. Análise de variância da população de milho Pichilingue no segundo ciclo de seleção do método Seleção S₁. Anhembi, 1999 e 2000.

Pichilingue – Seleção S ₁									
Anhembi (1999)					Anhembi (2000)				
FV	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	CV(%)	Média	
AP	99	420,89**	7,58	171,66	99	628,10**	10,25	139,96	
Resíduo	198	169,09			198	206,02			
AE	99	229,40**	11,07	91,39	99	316,17**	15,18	73,62	
Resíduo	198	102,36			198	124,92			
PRE	99	0,00323**	8,35	0,532	99	0,00736**	10,01	0,526	
Resíduo	198	0,00197			198	0,00277			
ST	99	24,2017**	21,32	14,45	99	34,003**	24,31	14,00	
Resíduo	195	9,4882			195	11,588			
PE	99	348,175**	16,86	53,56	99	791,23**	22,54	61,30	
Resíduo	195	81,592			197	190,73			
NE	99	37,262**	20,92	16,18	99	45,717**	27,71	13,93	
Resíduo	198	11,451			197	14,897			
NEP	99	0,0941**	20,47	1,139	99	0,1034**	26,89	1,016	
Resíduo	195	0,0544			197	0,0746			

AP = altura da planta (cm);

AE = altura da espiga (cm);

PRE = posição relativa da espiga na planta (AE/AP);

ST = estande da parcela;

PE = peso de espigas (g/planta).

NE = número de espigas da parcela;

NEP = número de espigas por planta (NE/ST);

* **, $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente

Tabela 32. Análise de variância da população de milho ITA-PR no segundo ciclo de seleção do método Seleção S_1 . Anhembi, 1999 e 2000.

ITA-PR – Seleção S_1								
Anhembi (1999)					Anhembi (2000)			
FV	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	CV(%)	Média
AP								
Progenies	88	355,19**	7,39	194,13	88	489,19 ^{ns}	8,01	174,05
Resíduo	174	205,72			176	194,67		
AE								
Progenies	88	289,44**	9,98	113,51	88	351,09**	13,73	103,66
Resíduo	174	128,35			176	202,60		
PRE								
Progenies	88	0,00296**	6,56	0,584	88	0,00616**	8,80	0,595
Resíduo	174	0,00147			176	0,00274		
ST								
Progenies	88	14,1235**	18,55	15,83	88	16,0027**	15,52	17,02
Resíduo	174	8,6229			176	6,9741		
PE								
Progenies	88	492,592**	15,31	63,03	88	829,75**	19,44	80,84
Resíduo	174	93,075			175	246,98		
NE								
Progenies	88	41,089**	18,01	18,80	88	32,600**	20,95	19,10
Resíduo	173	11,468			175	16,013		
NEP								
Progenies	88	0,12141**	16,22	1,206	88	0,11260**	19,81	1,141
Resíduo	173	0,03827			175	0,05107		

AP = altura da planta (cm);

AE = altura da espiga (cm);

PRE = posição relativa da espiga na planta (AE/AP);

ST = estande da parcela;

PE = peso de espigas (g/planta).

NE = número de espigas da parcela;

NEP = número de espigas por planta (NE/ST);

*, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente

Tabela 33. Análise de variância da população de milho HXL no primeiro ciclo de seleção do método Seleção S₁. Anhembi, 1999 e 2000.

		HXL – Seleção S ₁					
		Anhembi (1999)			Anhembi (2000)		
FV	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	CV(%) Média
AP Progenies	52	633,67**	7,47	182,25	52	750,43**	10,36 144,46
Resíduo	104	185,43			100	223,85	
AE Progenies	52	302,93**	10,72	103,26	52	377,347**	11,91 78,97
Resíduo	104	122,60			100	88,530	
PRE Progenies	52	0,00263**	6,72	0,566	52	0,00428**	6,57 0,546
Resíduo	104	0,00145			100	0,00128	
ST Progenies	52	16,2751**	14,74	16,17	52	36,2803**	17,53 15,05
Resíduo	101	5,6859			100	6,9587	
PE Progenies	52	394,865**	12,66	71,81	52	792,77**	22,89 70,40
Resíduo	101	82,606			100	259,60	
NE Progenies	52	25,626**	17,39	19,31	52	64,454**	22,54 16,49
Resíduo	104	11,277			100	13,815	
NEP Progenies	52	0,10496**	16,37	1,221	52	0,16799**	22,32 1,118
Resíduo	101	0,03995			100	0,06222	

AP = altura da planta (cm);

AE = altura da espiga (cm);

PRE = posição relativa da espiga na planta (AE/AP);

ST = estande da parcela;

PE = peso de espigas (g/planta).

NE = número de espigas da parcela;

NEP = número de espigas por planta (NE/ST);

*, ** P≤0,05 e P≤0,01, respectivamente

Tabela 34. Análise de variância da população de milho ESALQ-PR1 no segundo ciclo de seleção do método Seleção S₁. Anhembi, 1999 e 2000.

ESALQ-PR1 – Seleção S ₁									
Anhembi (1999)					Anhembi (2000)				
FV	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	CV(%)	Média	
AP									
Progenies	64	372,13 ^{ns}	8,72	188,31	63	833,93**	10,03	164,09	
Resíduo	127	269,43			123	270,88			
AE									
Progenies	64	228,32*	11,49	108,59	63	578,49**	11,69	101,09	
Resíduo	127	155,60			123	139,63			
PRE									
Progenies	64	0,00196ns	7,38	0,576	63	0,008198**	7,31	0,616	
Resíduo	127	0,00181			123	0,002028			
ST									
Progenies	64	18,2924**	15,14	16,08	63	50,9300**	18,51	13,89	
Resíduo	127	5,9334			123	6,6171			
PE									
Progenies	64	1169,52**	18,45	58,58	63	1259,04**	21,25	66,00	
Resíduo	122	105,11			122	196,77			
NE									
Progenies	64	79,7353**	16,00	17,59	63	127,793**	22,12	15,77	
Resíduo	124	7,9197			122	12,171			
NEP									
Progenies	64	0,20279**	20,17	1,105	63	0,178035**	21,30	1,121	
Resíduo	121	0,04963			122	0,057062			

AP = altura da planta (cm);

AE = altura da espiga (cm);

PRE = posição relativa da espiga na planta (AE/AP);

ST = estande da parcela;

PE = peso de espigas (g/planta).

NE = número de espigas da parcela;

NEP = número de espigas por planta (NE/ST);

*, ** P≤0,05 e P≤0,01, respectivamente

Tabela 35. Análise de variância da população de milho Piranão VD2B no segundo ciclo de seleção do método Seleção S₁. Anhembi, 1999 e 2000.

Piranão VD2B – Seleção S ₁							
Anhembi (1999)				Anhembi (2000)			
FV	GL	QM	CV(%)	Média	GL	QM	CV(%) Média
AP							
Progenies	83	915,08**	7,12	161,70	83	652,52**	10,52 132,19
Resíduo	166	132,62			166	193,49	
AE							
Progenies	83	313,642**	10,98	89,37	83	310,86**	16,43 73,67
Resíduo	166	96,356			166	146,59	
PRE							
Progenies	83	0,00352**	7,61	0,553	83	0,00561**	9,95 0,556
Resíduo	166	0,00177			166	0,00306	
ST							
Progenies	83	30,2420**	17,48	14,83	83	50,925**	23,86 14,47
Resíduo	165	6,7230			166	11,918	
PE							
Progenies	83	261,775**	22,29	38,90	83	791,45**	23,21 62,14
Resíduo	163	75,220			166	206,07	
NE							
Progenies	83	41,475**	26,19	13,94	83	60,008**	29,82 14,20
Resíduo	160	13,324			166	17,939	
NEP							
Progenies	83	0,09788**	21,41	0,941	83	0,15004**	25,22 1,012
Resíduo	160	0,04058			166	0,06522	

AP = altura da planta (cm);

AE = altura da espiga (cm);

PRE = posição relativa da espiga na planta (AE/AP);

ST = estande da parcela;

PE = peso de espigas (g/planta).

NE = número de espigas da parcela;

NEP = número de espigas por planta (NE/ST);

*, ** P≤0,05 e P≤0,01, respectivamente

Tabela 36. Análise de variância conjunta da população de milho HXL no primeiro ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.

FV	GL	QM	%CV	Média
Altura da Planta (cm)				
Local	1	4489,75**	7,30	193,65
Bloco (Local)	4	604,61*		
Progênes	102	882,90**		
Progênes x local	102	255,69*		
Resíduo médio	408	200,05		
Altura da Espiga (cm)				
Local	1	8801,22**	10,82	109,51
Bloco (Local)	4	367,91*		
Progênes	102	592,98**		
Progênes x local	102	146,47 ^{ns}		
Resíduo médio	408	140,50		
Posição da Espiga na Planta				
Local	1	0,08945**	5,91	0,564
Bloco (Local)	4	0,00178 ^{ns}		
Progênes	102	0,00364**		
Progênes x local	102	0,00105 ^{ns}		
Resíduo médio	408	0,00111		
Estande				
Local	1	672,0952**	12,54	18,24
Bloco (Local)	4	10,6706 ^{ns}		
Progênes	102	43,3874**		
Progênes x local	102	7,4593**		
Resíduo médio	407	5,2317		
Peso de Espigas (g/planta)				
Local	1	27454,22**	14,46	116,46
Bloco (Local)	4	1642,42**		
Progênes	102	1418,92**		
Progênes x local	102	420,33**		
Resíduo médio	405	283,79		
Número de Espigas da Parcela				
Local	1	2319,730**	15,19	21,26
Bloco (Local)	4	24,722 ^{ns}		
Progênes	102	57,254**		
Progênes x local	102	15,294**		
Resíduo médio	406	10,420		
Número de Espigas/Planta				
Local	1	0,94888**	13,97	1,179
Bloco (Local)	4	0,12443**		
Progênes	102	0,08882**		
Progênes x local	102	0,03722*		
Resíduo médio	403	0,02716		

*, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente.

Tabela 37. Análise de variância conjunta da população de milho ITA-PR no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.

FV	GL	QM	%CV	Média
Altura da planta (cm)				
Local	1	84000,19**	6,72	213,82
Bloco (Local)	4	2028,79**		
Progênes	121	842,83**		
Progênes x local	121	273,05*		
Resíduo médio	483	206,20		
Altura da Espiga (cm)				
Local	1	131124,99**	9,16	120,80
Bloco (Local)	4	1118,03**		
Progênes	121	563,46**		
Progênes x local	121	168,21**		
Resíduo médio	483	122,35		
Posição da Espiga na Planta				
Local	1	0,86864**	5,31	0,563
Bloco (Local)	4	0,00263*		
Progênes	121	0,00433**		
Progênes x local	121	0,00103 ^{ns}		
Resíduo médio	482	0,00089		
Estande				
Local	1	507,6378**	11,44	18,24
Bloco (Local)	4	27,2863**		
Progênes	121	14,2613**		
Progênes x local	121	6,3131**		
Resíduo médio	471	4,3582		
Peso de Espigas (g/planta)				
Local	1	7691,80**	15,81	108,79
Bloco (Local)	4	3383,02**		
Progênes	121	1795,28**		
Progênes x local	121	469,35**		
Resíduo médio	469	295,81		
Número de Espigas da Parcela				
Local	1	59,4084**	13,13	20,16
Bloco (Local)	4	14,1953 ^{ns}		
Progênes	121	31,9678**		
Progênes x local	121	8,7732 ^{ns}		
Resíduo médio	480	7,0057		
Número de Espigas / Planta				
Local	1	1,53278**	15,24	1,119
Bloco (Local)	4	0,19478**		
Progênes	121	0,06138**		
Progênes x local	121	0,03821*		
Resíduo médio	468	0,02908		

*, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente.

Tabela 38. Análise de variância conjunta da população de milho Pichilingue no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.

FV	GL	QM	%CV	Média
Altura da Planta (cm)				
Local	1	140000,68**	6,69	183,59
Bloco (Local)	4	5337,30**		
Progenies	91	443,81**		
Progenies x local	91	173,88 ^{ns}		
Resíduo médio	361	150,75		
Altura da Espiga (cm)				
Local	1	111929,171**	9,71	93,36
Bloco (Local)	4	2368,802**		
Progenies	91	273,581**		
Progenies x local	91	103,239 ^{ns}		
Resíduo médio	361	82,185		
Posição da Espiga na Planta				
Local	1	0,63495**	6,28	0,505
Bloco (Local)	4	0,00496**		
Progenies	91	0,00382**		
Progenies x local	91	0,00111 ^{ns}		
Resíduo médio	361	0,00101		
Estande				
Local	1	369,0591**	14,90	17,09
Bloco (Local)	4	37,2435**		
Progenies	91	28,9708**		
Progenies x local	91	7,3291 ^{ns}		
Resíduo médio	356	6,4837		
Peso de Espigas (gramas/parcela)				
Local	1	3144,09**	17,16	102,38
Bloco (Local)	4	21942,16**		
Progenies	91	850,71**		
Progenies x local	91	449,66**		
Resíduo médio	353	308,71		
Número de Espigas da Parcela				
Local	1	177,959**	18,28	18,39
Bloco (Local)	4	123,532**		
Progenies	91	34,979**		
Progenies x local	91	12,976**		
Resíduo médio	358	11,303		
Número de Espigas / Planta				
Local	1	5,10191**	16,80	1,100
Bloco (Local)	4	0,54829**		
Progenies	91	0,06270**		
Progenies x local	91	0,05347**		
Resíduo médio	352	0,03415		

*, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente.

Tabela 39. Análise de variância conjunta da população de milho Piranão VF1B no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.

FV	GL	QM	%CV	Média
Altura da Planta (cm)				
Local	1	131207,02**	6,65	211,96
Bloco (Local)	4	4345,47**		
Progenies	80	1234,66**		
Progenies x local	80	197,25 ^{ns}		
Resíduo médio	320	198,81		
Altura da Espiga (cm)				
Local	1	136507,52**	9,84	125,04
Bloco (Local)	4	2258,85**		
Progenies	80	957,40**		
Progenies x local	80	135,20 ^{ns}		
Resíduo médio	320	151,43		
Posição da Espiga na Planta				
Local	1	0,55957**	5,69	0,586
Bloco (Local)	4	0,00566**		
Progenies	80	0,00519**		
Progenies x local	80	0,00113 ^{ns}		
Resíduo médio	320	0,00111		
Estande				
Local	1	2,7076 ^{ns}	15,37	16,83
Bloco (Local)	4	38,4783**		
Progenies	80	18,0228**		
Progenies x local	80	7,5046 ^{ns}		
Resíduo médio	317	6,6922		
Peso de Espigas (g/planta)				
Local	1	78762,77**	16,16	113,03
Bloco (Local)	4	4189,21**		
Progenies	80	2697,16**		
Progenies x local	80	342,85 ^{ns}		
Resíduo médio	315	333,76		
Número de Espigas da Parcela				
Local	1	142,112**	16,39	20,30
Bloco (Local)	4	7,0327 ^{ns}		
Progenies	80	53,030**		
Progenies x local	80	12,234 ^{ns}		
Resíduo médio	318	11,065		
Número de Espigas / Planta				
Local	1	0,19015 ^{ns}	19,66	1,222
Bloco (Local)	4	0,18680**		
Progenies	80	0,08694**		
Progenies x local	80	0,04833 ^{ns}		
Resíduo médio	315	0,05770		

*, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente.

Tabela 40. Análise de variância conjunta da população de milho Piranão VF1B-P no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.

FV	GL	QM	%CV	Média
Altura da Planta (cm)				
Local	1	276289,26**	9,27	198,16
Bloco (Local)	4	2811,43**		
Progenies	109	1783,06**		
Progenies x local	109	316,12 ^{ns}		
Resíduo médio	434	337,52		
Altura da Espiga (cm)				
Local	1	206749,77**	12,58	112,95
Bloco (Local)	4	2701,50**		
Progenies	109	1034,86**		
Progenies x local	109	230,44 ^{ns}		
Resíduo médio	434	204,64		
Posição da Espiga na Planta				
Local	1	0,59432**	6,97	0,569
Bloco (Local)	4	0,01424**		
Progenies	109	0,00565**		
Progenies x local	109	0,00175 ^{ns}		
Resíduo médio	434	0,00157		
Estande				
Local	1	4,4927 ^{ns}	14,73	16,15
Bloco (Local)	4	8,9928 ^{ns}		
Progenies	109	31,5164**		
Progenies x local	109	7,2081**		
Resíduo médio	434	5,6571		
Peso de Grãos (g/planta)				
Local	1	2191,03*	19,60	103,40
Bloco (Local)	4	7095,98**		
Progenies	109	1639,83**		
Progenies x local	109	500,08 ^{ns}		
Resíduo médio	434	411,43		
Número de Espigas da Parcela				
Local	1	24,922 ^{ns}	17,86	19,51
Bloco (Local)	4	122,650**		
Progenies	109	58,406**		
Progenies x local	109	15,146 ^{ns}		
Resíduo médio	434	12,135		
Número de Espigas / Planta				
Local	1	0,09222 ^{ns}	16,51	1,221
Bloco (Local)	4	0,32816**		
Progenies	109	0,09131**		
Progenies x local	109	0,05189*		
Resíduo médio	434	0,04062		

*, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente.

Tabela 41. Análise de variância conjunta da população de milho Piranão VD2B no segundo ciclo de seleção do método Seleção IG. Anhembi e Piracicaba, 1999.

FV	GL	QM	%CV	Média
Altura da Planta (cm)				
Local	1	121469,79**	10,36	177,28
Bloco (Local)	4	642,74 ^{ns}		
Progenies	134	1589,47**		
Progenies x local	134	336,67 ^{ns}		
Resíduo médio	536	337,29		
Altura da Espiga (cm)				
Local	1	107834,38**	15,29	94,75
Bloco (Local)	4	147,26 ^{ns}		
Progenies	134	1029,98**		
Progenies x local	134	233,11 ^{ns}		
Resíduo médio	536	209,93		
Posição da Espiga na Planta				
Local	1	0,64660**	8,18	0,530
Bloco (Local)	4	0,00114 ^{ns}		
Progenies	134	0,00725**		
Progenies x local	134	0,00202 ^{ns}		
Resíduo médio	535	0,00188		
Estande				
Local	1	415,0795**	13,41	17,20
Bloco (Local)	4	23,7696**		
Progenies	134	38,2539**		
Progenies x local	134	9,6199**		
Resíduo médio	535	5,3151		
Peso de Espigas (g/planta)				
Local	1	60911,11**	17,68	105,24
Bloco (Local)	4	2343,59**		
Progenies	134	1879,12**		
Progenies x local	134	502,95**		
Resíduo médio	533	346,13		
Número de Espigas da Parcela				
Local	1	348,4598**	15,56	18,75
Bloco (Local)	4	10,4627 ^{ns}		
Progenies	134	64,1018**		
Progenies x local	134	11,6258**		
Resíduo médio	533	8,5112		
Número de espigas / planta				
Local	1	0,06710 ^{ns}	15,44	1,100
Bloco (Local)	4	0,15119**		
Progenies	134	0,09518**		
Progenies x local	134	0,03655**		
Resíduo médio	530	0,02885		

*, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente.

Tabela 42. Análise de variância conjunta da população de milho HXL no segundo ciclo de seleção do método Seleção S₁. Anhembi, 1999 e 2000.

FV	GL	QM	CV(%)	Média
Altura da planta (cm)				
Local	1	113957,30**	8,74	163,60
Bloco (Local)	4	2079,84**		
Progenies	52	1140,44**		
Progenies x ano	52	260,52 ^{ns}		
Resíduo médio	204	204,26		
Altura da espiga (cm)				
Local	1	46082,82**	11,28	91,27
Bloco (Local)	4	684,84**		
Progenies	52	519,67**		
Progenies x ano	52	162,86*		
Resíduo médio	204	105,90		
Posição da espiga na planta				
Local	1	0,028230**	6,67	0,556
Bloco (Local)	4	0,00067**		
Progenies	52	0,00437**		
Progenies x ano	52	0,00265**		
Resíduo médio	204	0,00137		
Estande				
Local	1	130,9998**	16,10	15,61
Bloco (Local)	4	11,4637 ^{ns}		
Progenies	52	36,5590**		
Progenies x ano	52	18,5496**		
Resíduo médio	201	6,3191		
Peso de espigas (g/planta)				
Local	1	412,30 ^{ns}	18,37	71,11
Bloco (Local)	4	901,01**		
Progenies	52	758,08**		
Progenies x ano	52	425,97**		
Resíduo médio	201	170,65		
Número de espigas por parcela				
Local	1	778,117**	19,75	17,98
Bloco (Local)	4	68,086**		
Progenies	52	62,025**		
Progenies x ano	52	31,595**		
Resíduo médio	204	12,521		
Número de espigas / planta				
Local	1	0,98379**	19,31	1,170
Bloco (Local)	4	0,38306**		
Progenies	52	0,19662**		
Progenies x ano	52	0,07860*		
Resíduo médio	201	0,05102		

*, ** P ≤ 0,05 e P ≤ 0,01, respectivamente.

Tabela 43. Análise de variância conjunta da população de milho ITA-PR no segundo ciclo de seleção do método Seleção S₁. Anhembi, 1999 e 2000.

FV	GL	QM	CV(%)	Média
Altura da planta (cm)				
Local	1	53667,36**	7,69	184,05
Bloco (Local)	4	592,58*		
Progênes	88	512,72**		
Progênes x ano	88	329,62**		
Resíduo médio	350	200,16		
Altura da espiga (cm)				
Local	1	13095,01**	11,86	108,56
Bloco (Local)	4	579,80**		
Progênes	88	449,90**		
Progênes x ano	88	188,57 ^{ns}		
Resíduo médio	350	165,69		
Posição da espiga na planta				
Local	1	0,01390**	7,79	0,589
Bloco (Local)	4	0,00851**		
Progênes	88	0,00627**		
Progênes x ano	88	0,00283*		
Resíduo médio	350	0,00210		
Estande				
Local	1	186,1510**	16,997	16,43
Bloco (Local)	4	31,1656**		
Progênes	88	20,0131**		
Progênes x ano	88	9,9776 ^{ns}		
Resíduo médio	350	7,7938		
Peso de espigas (g/planta)				
Local	1	41261,64**	18,13	71,95
Bloco (Local)	4	917,94**		
Progênes	88	919,03**		
Progênes x ano	88	400,51**		
Resíduo médio	349	170,25		
Número de espigas da parcela				
Local	1	6,551 ^{ns}	19,57	18,95
Bloco (Local)	4	15,577 ^{ns}		
Progênes	88	54,517**		
Progênes x ano	88	20,008**		
Resíduo médio	348	13,753		
Número de espigas / planta				
Local	1	0,62121**	18,02	1,173
Bloco (Local)	4	0,14603*		
Progênes	88	0,15281**		
Progênes x ano	88	0,08256**		
Resíduo médio	348	0,04470		

*, ** P ≤ 0,05 e P ≤ 0,01, respectivamente.

Tabela 44. Análise de variância conjunta da população de milho Pichilingue no segundo ciclo de seleção do método Seleção S₁. Anhembi, 1999 e 2000.

FV	GL	QM	CV(%)	Média
Altura da planta (cm)				
Local	1	150722,93**	8,79	155,80
Bloco (Local)	4	360,20 ^{ns}		
Progenies	99	809,07**		
Progenies x ano	99	239,92 ^{ns}		
Resíduo médio	396	187,55		
Altura da espiga (cm)				
Local	1	47328,03**	12,92	82,50
Bloco (Local)	4	300,80*		
Progenies	99	393,70**		
Progenies x ano	99	151,87*		
Resíduo médio	396	113,64		
Posição da espiga na planta				
Local	1	0,00662 ^{ns}	9,21	0,529
Bloco (Local)	4	0,00613*		
Progenies	99	0,00767**		
Progenies x ano	99	0,00293 ^{ns}		
Resíduo médio	396	0,00237		
Estande				
Local	1	6,5481 ^{ns}	28,75	14,35
Bloco (Local)	4	48,6031*		
Progenies	99	53,1861*		
Progenies x ano	99	21,8498*		
Resíduo médio	393	17,0083		
Peso de espigas (g/planta)				
Local	1	7910,80**	23,05	57,22
Bloco (Local)	4	404,42 ^{ns}		
Progenies	99	941,33**		
Progenies x ano	99	212,47 ^{ns}		
Resíduo médio	392	173,96		
Número de espigas da parcela				
Local	1	750,033**	24,11	15,05
Bloco (Local)	4	22,343 ^{ns}		
Progenies	99	67,773**		
Progenies x ano	99	15,247 ^{ns}		
Resíduo médio	395	13,170		
Número de espiga / planta				
Local	1	2,45883**	23,99	1,076
Bloco (Local)	4	0,16875 ^{ns}		
Progenies	99	0,12114**		
Progenies x ano	99	0,07436 ^{ns}		
Resíduo médio	392	0,06659		

*, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente.

Tabela 45. Análise de variância conjunta da população de milho Piranão VF1B no segundo ciclo de seleção do método Seleção S₁. Anhembi, 1999 e 2000.

FV	GL	QM	CV(%)	Média
Altura da planta (cm)				
Local	1	69101,76**	7,25	183,42
Bloco (Local)	4	294,53 ^{ns}		
Progênes	31	1259,66**		
Progênes x ano	31	333,00**		
Resíduo médio	122	176,10		
Altura da espiga (cm)				
Local	1	17099,49**	11,33	108,52
Bloco (Local)	4	79,54 ^{ns}		
Progênes	31	912,31**		
Progênes x ano	31	291,09**		
Resíduo médio	122	151,25		
Posição da espiga na planta				
Local	1	0,01686**	8,02	0,591
Bloco (Local)	4	0,00034 ^{ns}		
Progênes	31	0,00666**		
Progênes x ano	31	0,00296 ^{ns}		
Resíduo médio	122	0,00224		
Estande				
Local	1	68,0822**	18,08	15,42
Bloco (Local)	4	5,1635 ^{ns}		
Progênes	31	53,8296**		
Progênes x ano	31	26,7016**		
Resíduo médio	122	7,7925		
Peso de espigas (g/planta)				
Local	1	4809,62**	22,02	63,04
Bloco (Local)	4	774,87**		
Progênes	31	493,91**		
Progênes x ano	31	342,31*		
Resíduo médio	120	192,71		
Número de espigas da parcela				
Local	1	299,922**	21,17	15,96
Bloco (Local)	4	6,888 ^{ns}		
Progênes	31	75,365**		
Progênes x ano	31	22,973**		
Resíduo médio	120	11,419		
Número de espigas / planta				
Local	1	0,10361 ^{ns}	21,56	1,057
Bloco (Local)	4	0,07827 ^{ns}		
Progênes	31	0,14297**		
Progênes x ano	31	0,06453 ^{ns}		
Resíduo médio	120	0,05194		

*, ** P ≤ 0,05 e P ≤ 0,01, respectivamente.

Tabela 46. Análise de variância conjunta da população de milho Piranão VD2B no segundo ciclo de seleção do método Seleção S₁. Anhembi, 1999 e 2000.

FV	GL	QM	CV(%)	Média
Altura da planta (cm)				
Local	1	109749,86**	8,69	146,94
Bloco (Local)	4	2219,22**		
Progenies	83	1371,23**		
Progenies x ano	83	196,37 ^{ns}		
Resíduo médio	332	163,05		
Altura da espiga (cm)				
Local	1	31067,16**	13,52	81,52
Bloco (Local)	4	1189,99**		
Progenies	83	485,81**		
Progenies x ano	83	138,69 ^{ns}		
Resíduo médio	332	121,47		
Posição da espiga na planta				
Local	1	0,00114 ^{ns}	8,86	0,554
Bloco (Local)	4	0,00386 ^{ns}		
Progenies	83	0,00582**		
Progenies x ano	83	0,00329*		
Resíduo médio	332	0,00241		
Estande				
Local	1	17,1136 ^{ns}	20,85	14,65
Bloco (Local)	4	55,9028**		
Progenies	83	67,7474**		
Progenies x ano	83	13,4166*		
Resíduo médio	331	9,3285		
Peso de espigas (g/planta)				
Local	1	67972,10**	23,46	50,65
Bloco (Local)	4	193,44 ^{ns}		
Progenies	83	714,74**		
Progenies x ano	83	334,74**		
Resíduo médio	329	141,23		
Número de espigas da parcela				
Local	1	9,8689 ^{ns}	28,13	14,07
Bloco (Local)	4	95,7095**		
Progenies	83	85,7005**		
Progenies x ano	83	15,9261 ^{ns}		
Resíduo médio	326	15,6738		
Número de espigas / planta				
Local	1	0,60629**	23,59	0,977
Bloco (Local)	4	0,04282 ^{ns}		
Progenies	83	0,18935**		
Progenies x ano	83	0,05807 ^{ns}		
Resíduo médio	326	0,05312		

*, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente.

Tabela 47. Análise de variância conjunta da população de milho ESALQ-PR1 no segundo ciclo de seleção do método Seleção S₁. Anhembi, 1999 e 2000.

FV	GL	QM	CV(%)	Média
Altura da Planta (cm)				
Local	1	54114,17**	9,32	176,36
Bloco (Local)	4	1150,14**		
Progênes	64	876,71**		
Progênes x ano	63	327,08 ^{ns}		
Resíduo médio	250	270,14		
Altura da Espiga (cm)				
Local	1	5538,19**	11,59	104,89
Bloco (Local)	4	576,46**		
Progênes	64	618,58**		
Progênes x ano	63	175,80 ^{ns}		
Resíduo médio	250	147,74		
Posição da espiga na planta				
Local	1	0,13572**	7,35	0,596
Bloco (Local)	4	0,00257 ^{ns}		
Progênes	64	0,00643**		
Progênes x ano	63	0,00368**		
Resíduo médio	250	0,00192		
Estande				
Local	1	507,9760**	16,70	15,00
Bloco (Local)	4	10,3378 ^{ns}		
Progênes	64	43,0304**		
Progênes x ano	63	22,8095**		
Resíduo médio	247	6,2739		
Peso de espigas (g/planta)				
Local	1	10672,87**	20,21	60,78
Bloco (Local)	4	77,35 ^{ns}		
Progênes	64	1939,97**		
Progênes x ano	63	471,58**		
Resíduo médio	244	150,95		
Número de espigas				
Local	1	306,749**	18,98	16,69
Bloco (Local)	4	0,984 ^{ns}		
Progênes	64	167,573**		
Progênes x ano	63	33,228**		
Resíduo médio	246	10,028		
Número de espigas / planta				
Local	1	0,07989 ^{ns}	20,76	1,113
Bloco (Local)	4	0,04113 ^{ns}		
Progênes	64	0,31201**		
Progênes x ano	63	0,07559*		
Resíduo médio	243	0,05336		

*, ** $P \leq 0,05$ e $P \leq 0,01$, respectivamente.

FIGURAS

Figura 3. Médias da herdabilidade da prolificidade das populações de milho nos dois métodos de seleção.

Seleção IG

Figura 4. Número de espigas por planta das populações de milho nos ciclos[†] de seleção para prolificidade do método Seleção IG.

[†] Ciclos 0 e 1= Anhembi, 1999 (SP); Ciclo 01= Anhembi (SP), 1997; Ciclo 2= estimativa.

Seleção S1

Figura 5. Número de espigas por planta das populações de milho nos ciclos[†] de seleção do método Seleção S1.

[†] Ciclos 0 e 1= Médias Anhembi (SP) 1999 e 2000; Ciclo 01= Anhembi (SP), 1997; Ciclo 2= estimativa.

Figura 6. Depressão por endogamia da prolificidade e da produção de espigas das populações de milho nos dois ciclos† de seleção.

†Ciclo 0 = Anhembi (SP) 1997; Ciclo 1 = Anhembi (SP) 1999.

Figura 7. Médias do comprimento, diâmetro e peso de grãos das segundas espigas das populações de milho nos dois ciclos de seleção para prolificidade no método Seleção S_1 .

REFERÊNICAS BIBLIOGRÁFICAS

AGRAMA, H.A.S. Sequential path analysis of grain yield and its components in maize.

Plant Breeding, v.115, n.5, p.343-346, 1996.

ANDERSON, E.L.; KAMPRATH, E.J.; MOLL, R.H. Nitrogen fertility effects on accumulation, remobilization, and partitioning of N and dry matter in corn genotypes differing in prolificacy. **Crop Science**, v.76, p. 397-404, 1984.

BIASUTTI, C.A.; PEIRETTI, D.A. Asociación de caracteres morfológicos en poblaciones de maíz (*Zea mays* L.) en condiciones de estrés y no estrés hídrico. **Agroscientia**, v.9, p.59-64, 1992.

BLUM, A. **Plant breeding for stress environments**. Boca Raton: CRC Press, 1988.

BOLAÑOS, J.; EDMEADES, G.O. Eight cycles of selection for drought tolerance in lowland tropical maize. I. Responses in grain, yield, biomass and radiation utilization. **Field Crops Research**, v.31, p.233-252, 1993.

BOLAÑOS, J.; EDMEADES, G.O. The importance of the anthesis-silking interval in breeding for drought tolerance in tropical maize. **Field Crops Research**, v. 48, p.65-80, 1996.

BROTSLOW, D.J.; DARRAH, L.L.; ZUBER, M.S.; KRAUSE, G.F. Effect of prolificacy on grain yield and root and stalk strength in maize. **Crop Science**, v.28, p.750-755, 1988.

- BROWN, W.L. Physical characteristics of corn of the future. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRIAL RESEARCH CONFERENCE, 20., Chicago, 1965. **Proceedings**. Chicago: American Seed Trade Association, 1965. p.7-16.
- BUREN, L.L.; MOCK, J.J.; ANDERSON, I.C. Morphological and physiological traits in maize associated with tolerance to high plant density. **Crop Science**, v.14, p.426-429, 1974.
- CAMBERATO, J.J.; KAMPRATH.E.J.; MOLL, R.H.; JACKSON, W.A. Apical and subapical earshoot development of prolific maize hybrids (*Zea mays* L.): the role of nitrogen. **Maydica**, v.34, p.309-317, 1989.
- CASNOFF, D.M. Nitrogen: its effect on the expression of prolificacy and its utilization by prolific and non-prolific genotypes of maize (*Zea mays* L.). **Dissertation Abstracts International**, v.44, p.2621b-2622b, 1984.
- CASTRO, E.M. Competição entre populações de milho normais e braquíticas. Piracicaba, 1983. 156p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- CHANH TA, T.; ROESKE, C.A.; EAGLESHAM, A.R.J. Changes in maize-stalk proteins during ear development. **Physiologia Plantarum**; v.87, p.21-24, 1993.
- CLINE, M.G. Concepts and terminology of apical dominance. **American Journal of Botany**, v.84, p.1064-1069, 1997.
- COLLINS, W.K.; RUSSELL, W.A.; EBERHART, S.A. Performance of two ear type of corn belt maize. **Crop Science**, v.40, p.35-50, 1965.
- COMPTON, W.A.; MUMM, R.F.; MATHENA, B. Progress from adaptive mass selection in incompletely adapted maize populations. **Crop Science**, v.19, p.531-533, 1979.

- COORS, J.G.; MARDONES, M.C. Twelve cycles of mass selection for prolificacy in maize. I. Direct and correlated responses. **Crop Science**, v.29, p.262-266, 1989.
- COX, W. Whole-plant physiological and yield responses of maize to plant density. **Agronomy Journal**, v.88, p.489-496, 1996.
- CROW, J.F.; KIMURA, M. **An introduction to population genetics**. New York: Harper and Row, 1970. 571p.
- DAMPTEY, H.B. The effect of water deficit, hormones and mineral nutrition on the growth of axillary inflorescence in *Zea mays* L. **Ghana Journal of Science**, v. 22-28, p.17-28, 1982. Resumo em **CAB Abstracts on CD-ROM**, 1994-96/
- DURIEUX, R.P. Root activity and nutrient uptake and accumulation in prolific and nonprolific corn. **Dissertation Abstracts International.-B, Sciences and Engineering**, v.51, n.4, p.1557-B, 1990.
- DURIEUX, R.P.; KAMPRATH, E.J.; MOLL, R.H. Yield contribution of apical and subapical ears in prolific and nonprolific corn. **Agronomy Journal**, v.85, p.606-610, 1993.
- DUVICK, D.N. Continuous backcrossing to transfer prolificacy to a single-eared inbred line of maize. **Crop Science**, v.14, p.69-71, 1974.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. Essex: Longman, 1996. 464p.
- FISCHER, K.S.; EDMEADES, G.O.; JOHNSON, E.C. Selection for the improvement of maize yield under moisture-deficits. **Field Crops Research**, v.22, p.227-243, 1989.
- GAMA, E.E.G.; VIANNA, R.T.; NASPOLINI FILHO, V.; MAGNAVACA, R. Efeito depressivo da endogamia em gerações avançadas de quatro tipos genéticos de híbridos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.20, p.1293-1300, 1985.

- GARDNER, C.O.; HARVEY, P.H.; COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F. Dominance of genes controlling quantitative characters in maize. **Agronomy Journal**, v., p. 186-191, 1953.
- GOOD, R.L.; HALLAUER, A.R. Inbreeding depression in maize by selfing and full-sibbing. **Crop Science**, v.17, p.935-940, 1977.
- GOULAS, C.K.; LONNQUIST, J.H. Combined half-sib and S1 family selection in a maize population. **Crop Science**, v.16, p.461-464, 1976.
- GUEI, R.G.; WASSOM, C.E. Inheritance of some drought adaptive traits in maize: I. Interrelationships between yield, flowering, and ears per plant. **Maydica**, v.37, p.157-164, 1992.
- HALLAUER, A. Heritability of prolificacy in maize. **The Journal of Heredity**, v.65, p.163-168, 1974.
- HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468p.
- HALLAUER, A.R.; TROYER, A.F. Prolific corn hybrids and minimizing risk of stress. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRIAL RESEARCH CONFERENCE, 27., Chicago, 1972. **Proceedings**. Chicago: American Seed Trade Association, 1972. p.140-158.
- HARRIS, R.E.; MOLL, R.H.; STUBER, C.W. Control and inheritance of prolificacy in maize. **Crop Science**, v.16, p.843-851, 1976.
- JACOBS, B.C.; PEARSON, C.J. Potential yield of maize, determined by rates of growth and development of ears. **Field Crops Research**, v.27, p.281-298, 1991.
- KAMPRATH, E.J.; MOLL, R.H.; RODRIGUEZ, N. Effects of nitrogen fertilization and recurrent selection on performance of hybrid populations of corn. **Agronomy Journal**, v.74, p.955-958, 1982.

- KAMPRATH, E.J.; MOLL, R.H.; RODRIGUEZ, N. Effects of nitrogen fertilization and recurrent selection on performance of hybrid populations of corn. **Crop Science**, v.74, 1982.
- KASSOUF, A.L.; MIRANDA FILHO, J.B. Variabilidade e endogamia na população de milho ESALQ-PG¹. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15., Maceió, 1984. **Anais**. Brasília: EMBRAPA-CNPMS, 1986. p.119-131.
- LAFITTE, H.R.; EDMÉADES, G.O. Stress tolerance in tropical maize is linked to constitutive changes in ear growth characteristics. **Crop Science**, v.35, p.820-826, 1995.
- LAIBLE, C.A.; DIRKS, V.A. Genetic variance and selective value of ear number in corn (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v.8, p.540-542, 1968.
- LAMKEY, K.R.; HALLAUER, A.R. Comparison of maize populations improved by recurrent selection. **Maydica**, v.29, p.357-374, 1984.
- LEJEUNE, P.; BERNIER, G. Effect of environment on the early steps o ear initiation in maize (*Zea mays* L.). **Plant Cell and Environment**, v.19, p.217-224, 1996.
- LI, C.C. **Population genetics**. Pacific Grove (CA): Boxwood Press, 1976.
- LI, C.J.; GUEVARA, E.; HERRERA, J.; BANGERTH, F. Effect of apex excision and replacement by 1-naphthylacetic acid on cytokinin concentration and apical dominance in pea plants. **Physiologia Plantarum**, v.94, p.465-469, 1995.
- LONNQUIST, J.H. Mass selection for prolificacy in maize. **Der Züchter**, v.37, p.185-188, 1967.
- LORDELO, J.A.C. Parâmetros genéticos das populações de milho Piranão VD2 e Piranão VF1. Piracicaba, 1982. 63p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

- MAITA, R.; COORS, J.; AVILA, L.G.; CESPEDES, P.L.M. Twenty cycles of biparental mass selection for prolificacy in the maize population Golden Glow. Direct and indirect responses. In: REUNION LATINOAMERICANA, 3.; REUNION DE LA ZONA ANDINA DE INVESTIGADORES EN MAIZ, 16., Cochabamba, Bolívia, 1995. **Memorias**. Cochabamba: CIFP, 1995a. p.1031-1053.
- MAITA, R.; COORS, J.; AVILA, L.G.; CESPEDES, P.L.M. Twenty cycles of biparental mass selection for prolificacy in the maize population Golden Glow. Analysis of phenotypic stability. In: REUNION LATINOAMERICANA, 3.; REUNION DE LA ZONA ANDINA DE INVESTIGADORES EN MAIZ, 16., Cochabamba, Bolívia, 1995. **Memorias**. Cochabamba: CIFP, 1995b. p.1055-1070.
- MAITA, R.; COORS, J.G. Twenty cycles of biparental mass selection for prolificacy in the open-pollinated maize population Golden Glow. **Crop Science**, v.36, p.1527-1532, 1996.
- MANI, V.P.; DUBE, S.D. Genetics of prolificacy in maize. **Annals of Agricultural Research**, v.18, p.194-199, 1997.
- MARECK, J.H.; GARDNER, C.O. Responses to mass selection and stability of resulting populations. **Crop Science**, v.19, p.779-783, 1979.
- MARIANI, G.; DESIDERIO, E. Grain yield and prolificacy in maize. 2. A diallel analysis of eight inbreds from the O.P. variety Nostrano Dell'Isola at two densities. **Maydica**, v.20, p.95-110, 1975.
- MIRANDA FILHO, J.B.; VENCOVSKY, R. Considerações sobre o tamanho efetivo de populações para a preservação de germoplasmas. **Relatório Científico do Instituto de Genética (ESALQ/USP)**, v.12, p.122-130, 1978.
- MIRANDA FILHO, J.B.; VENCOVSKY, R. The partial circulant diallel cross at the interpopulation level. **Genetics and Molecular Biology**, v.22, p.249-255, 1999.

- MOLL, R.H.; KAMPRATH, E.J. Effects of population density upon agronomic traits associated with genetic increases in yield of *Zea mays* L. **Agronomy Journal**, v.69, p.81-84, 1977.
- MOLL, R.H.; MOTTO, M.; TOLEDO, J.F. Prediction and inheritance of prolific expression in maize hybrids. **Maydica**, v.26, p.273-285, 1981.
- MORELLO, C.L.; SANTOS, M.X.; RAMALHO, M.A.P.; OLIVEIRA, A.C. Efeito da densidade de plantas na seleção massal para prolificidade em milho (*Zea mays* L.). **Ciência e Prática**, v.18, p.357-364, 1994.
- MOTTO, M.; MOLL, R.H. Prolificacy in maize: a review. **Maydica**, v.28, p.53-76, 1983.
- NASS, L.L. Variabilidade genética de populações semi-exóticas de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1992. 136p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- NASS, L.L.; MIRANDA FILHO, J.B. Inbreeding depression rates of semi-exotic maize (*Zea mays* L.) populations. **Brazilian Journal of Genetics**, v.18, p.585-592, 1995.
- OTEGUI, M.E. Prolificacy and grain yield components in modern Argentinian maize hybrids. **Maydica**, v.40, n.4, p.371-376, 1995.
- PACKER, D. Variabilidade genética e endogamia em quatro populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1998. 102p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- PAN, W.L.; CAMBERATO, J.J.; JACKSON, W.A.; MOLL, R.H. Utilization of previously accumulated and concurrently absorbed nitrogen during reproductive growth in maize. **Plant Physiology**, v.82, p.247-253, 1986.

- PAN, W.L.; CAMBERATO, J.J.; MOLL, R.H. et al. Altering source-sink relationships in prolific maize hybrids: consequences for nitrogen uptake and remobilization. **Crop Science**, v.35, p.836-845, 1995.
- PATERNIANI, E. Evolução do milho e implicações no melhoramento. In: COLÓQUIO SOBRE CITOGENÉTICA E EVOLUÇÃO DE PLANTAS, 1, Piracicaba, 1984. **Tópicos de Citogenética e Evolução de Plantas**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1984.
- PATERNIANI, E. Influence of tassel size on ear placement in maize (*Zea mays* L.) **Maydica**, v.26, p.85-91, 1981.
- PATERNIANI, E. Phenotypic recurrent selection for prolificacy in maize. **Maydica**, v.23, p.29-34, 1978.
- PATERNIANI, E. Resultados de três ciclos de seleção para prolificidade em duas populações de milho. In: REUNIÃO BRASILEIRA DE MILHO E SORGO, 1980. **Resumos**. 1980a. p.15.
- PATERNIANI, E. Seleção massal com controle biparental para a prolificidade em milho. **Relatório Científico do Instituto de Genética (ESALQ/USP)**, v.14, p.69-76, 1980b.
- PATERNIANI, E.; VENCOSKY, R. Reciprocal recurrent selection based on half-sib progenies and prolific plants in maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, v.22, p.141-152, 1978.
- PHILLIPS, I.D.J. Apical dominance. **Annual Review of Plant Physiology**, v.26, p.341-367, 1975.
- PINTHUS, M.J.; BELCHER, A.R. Maize topmost axillary shoot interference with lower ear development in vitro. **Crop Science**, v.34, p.458-461, 1994.
- PRIOR, C.L.; RUSSEL, W.A. Yield performance of nonprolific and prolific maize hybrids at six plant densities. **Crop Science**, v.15, p.482-485, 1975.

- RISTAKOVIC, D.; TRIFONOVIC, V. Heritability of ear number in prolific maize hybrids (*Zea mays* L.). MEETING OF THE MAIZE AND SORGHUM SECTION OF EUCARPIA, 10., Varna, Bulgária, 1979. **Proceedings**. 1983. p.296-310. / Resumo em **CAB Abstracts on CD-ROM**, 1983-84/
- ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Genotypic and phenotypic correlations in corn and their implications in selection. **Agronomy Journal**, v.43, p.282-287, 1951.
- RUSSEL, W.A. Testcrosses of one and two ear types of corn belt maize inbreds. I. Performance at four plant stand densities. **Crop Science**, v.8, p.244-247, 1968.
- SASS, J.E.; LOEFFEL, F.A. Development of auxiliary buds in maize in relation to barrenness. **Agronomy Journal**, v.51, p.484-486, 1959.
- SEGOVIA, F.F.S. Avaliação da seleção massal em ambos os sexos para prolificidade em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1983. 91p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.
- SING, D.F.; MOLL, R.H.; HANSON, W.D. Inbreeding in two populations of *Zea mays* L. **Crop Science**, v.7, p.631-636, 1967.
- SINGH, M.; KHEHRA, A.S.; DHILLON, B.S. Direct and correlated response to recurrent full-sib selection for prolificacy in maize. **Crop Science**, v.26, p.275-278, 1986.
- SOARES FILHO, W.S. Características fenotípicas e genéticas das populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico Piranão VD2B e Piranão VF1B. Piracicaba, 1987. 185p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

- SORRELLS, M.E.; HARRIS, R.E.; LONNQUIST, J.H. Response of prolific and nonprolific maize to growth regulating chemicals. **Crop Science**, v.18, p.783-787, 1978.
- SORRELLS, M.E.; LONNQUIST, J.H.; HARRIS, R.E. Inheritance of prolificacy in maize. **Crop Science**, v.19, p.301-306, 1979.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. **Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba: FEALQ, 1989. 134p.
- SOUZA JÚNIOR, C.L.; GERALDI, I.O.; ZINSLY, J.R. Influence of tassel size on the expression of prolificacy in maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, v.30, p.321-328, 1985.
- SPRAGUE, G.F.; BRIMHALL, B. Relative effectiveness of two systems for selection for oil content of the corn kernel. **Agronomy Journal**, v.42, p.83-88, 1950.
- STUBER, C.W.; MOLL, R.H.; HANSON, W.D. Genetic variances and inter-relationships of six traits in a hybrid population of *Zea mays* L. **Crop Science**, v.6, p.455-458, 1966.
- SUBANDI. Ten cycles of selection for prolificacy in a composite variety of maize. **Indonesian Journal of Crop Science**, v.5, p.1-11, 1990.
- SUBANDI; COMPTON, W.A. Genetic studies in an exotic population of corn (*Zea mays* L.) grown under two plant densities. I. Estimates of genetic parameters. **Theoretical and Applied Genetics**, v.44, p.153-159, 1974.
- TERRAZAS, J.M.; VELASCO, W.; AVILA, G.; AVILA, L.G. CESPEDES, P.L.M. Response to irrigation and water stress condition during the first stage of crop development in full-sib families of a maize variety from the highland zone. In: REUNION LATINOAMERICANA, 3.; REUNION DE LA ZONA ANDINA DE INVESTIGADORES EN MAIZ, 16., Cochabamba, Bolívia, 1995. **Memorias**. Cochabamba: CIFP, 1995. p.249-266.

- TEYKER, R.H.; MOLL, R.H.; JACKSON, W.A. Differences among prolific maize hybrids in the effects of lower leaf removal. **Maydica**, v.36, p.1-10, 1991.
- THOMISON, R.R.; JORDAN, D.M. Plant population effects on corn hybrids differing in ear growth habit and prolificacy. **Journal of Production Agriculture**, v.8, p. 394-400, 1995.
- TOLLENAAR, M. Sink-source relationships during reproductive development in maize: A review. **Maydica**, v.22, p.49-75, 1977.
- TOLLENAAR, M.; DWYER, L.M.; STEWART, D.W. Ear and kernel formation in maize hybrids representing three decades of grain yield improvement in Ontario. **Crop Science**, v.32, p.432-438, 1992.
- TORREGROZA, M. Response of a highland maize synthetic to eleven cycles of divergent mass selection for ear per plant. **Agronomy Abstract**, p.16, 1973.
- TORREGROZA, M.; HARPSTEAD, D.D. Effects of mass selection for ears per plant in maize. **Agronomy Abstract**, p.20, 1967.
- TSOTSIS, B. Objectives of industry breeders to make efficient and significant advances in the future. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRIAL RESEARCH CONFERENCE, 27., Chicago, 1972. **Proceedings**. Chicago: American Seed Trade Association, 1972. p.140-158.
- UNDERSANDER, D.J. Yield and yield component response of maize to water stress in hybrids with different sources of stress tolerance. **Maydica**, v.32, p.49-60, 1987.
- VALOIS, A.CC.; MIRANDA FILHO, J.B. Comparação entre métodos de seleção em milho cv. Centralmex. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.19, p.169-177, 1984.

VASCO MEDINA, A.S. Avaliação de híbridos simples de milho (*Zea mays* L.) obtidos de linhagens com diferentes graus de endogamia. Piracicaba, 1990. 210p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

VEIT, B.; SCHIMIDT, R.J.; HAKE, S.; YANOFSKY, M.F. Maize floral development: new genes and old mutants. **The Plant Cell**, v.5, p.1205-1215, 1993.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Revista Brasileira de Genética, 1992. 496p.