VARIABILIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES
SEMI-EXÓTICAS DE MILHO (*Zea mays* L.)

LUCIANO LOURENÇO NASS
Engenheiro Agrônomo

Orientador Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

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

P I R A C I C A B A

Estado de São Paulo - Brasil

Junho, 1992

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

Nass, Luciano Lourenço

N265v Variabilidade genética de populações semi-exóticas de
milho. Piracicaba, 1992.
136p. ilustr.

Tese - ESALQ
Bibliografia.

1. Genética quantitativa 2. Milho - Melhoramento 3. Mi
lho - População ~~semi-exótica~~ 4. Milho - Variabilidade gené
tica I. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Pi
racicaba

CDD 633.15

VARIABILIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES
SEMI-EXÓTICAS DE MILHO (*Zea mays* L.)

LUCIANO LOURENÇO NASS

Aprovada em : 04.08.1992

Comissão Julgadora :

Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho	ESALQ/USP
Prof. Dr. Roland Vencovsky	ESALQ/USP
Prof. Dr. Décio Barbin	ESALQ/USP
Prof. Dr. Lázaro José Chaves	EA/UFGO
Dr. Manoel Xavier dos Santos	CNPMS/EMBRAPA

Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

Orientador

À Nilce pelo amor
que sinto,

OFEREÇO

Aos nossos filhos
Alexandre,
Marcus Vinícius e
Mário Sérgio

DEDICO

A G R A D E C I M E N T O S

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

- Ao Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho pela valiosa orientação e ensinamentos recebidos. Ao amigo Branco pelo agradável convívio durante este trabalho.

- À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), particularmente ao Centro Nacional de Pesquisa de Recursos Genéticos e Biotecnologia (CENARGEN), pela oportunidade deste treinamento.

- Ao Conselho Nacional de Pesquisa e Desenvolvimento (CNPq), pela bolsa concedida.

- A Sociedade Agrícola Germinal Ltda./ Ciba Geigy Química S.A., pelo apoio na condução dos experimentos em Uberlândia - MG.

- Aos docentes do Departamento de Genética da ESALQ/USP pelos ensinamentos e aos seus funcionários pela presteza e colaboração.

- À bibliotecária Nilce T. Puga Nass pela revisão das referências bibliográficas.

- Aos funcionários Antônio Miotto e Marcos Cella pelo auxílio indispensável na condução dos experimentos de campo.

- Aos amigos Dr. Jorge Luiz Loyola Dantas, Dra. Ana Cristina Vello Loyola Dantas, Dr. Afonso Celso Candeira Valois e Dr. Ido José Pellicano, pela amizade, apoio e sugestões apresentadas.

- Aos meus pais, avó, irmã, tios e sobrinhos, pelo amor, compreensão e constante incentivo na minha vida.

Í N D I C E

	Página
RESUMO.....	vii
SUMMARY.....	x
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	4
2.1. Germoplasma exótico.....	4
2.2. Variabilidade intra e interpopulacional...	9
2.2.1. Produção.....	9
2.2.2. Caracteres vegetativos.....	14
2.2.3. Caracteres reprodutivos.....	16
2.3. Endogamia.....	17
2.4. Progressos obtidos por seleção recorrente com irmãos germanos.....	19
2.4.1. Nível intrapopulacional.....	21
2.4.2. Nível interpopulacional.....	22
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	25
3.1. Material.....	25
3.2. Métodos.....	27
3.2.1. Progênies intrapopulacionais.....	27
3.2.2. Execução experimental.....	28
3.2.3. Progênies interpopulacionais.....	32
3.2.4. Análise de variância.....	33
3.2.5. Componentes de variância : intrapo- pulacinal.....	36

3.2.6. Componentes de variância : interpopulacional.....	40
3.2.7. Depressão por endogamia.....	41
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	42
4.1. Avaliação geral das progênies intrapopulacionais.....	42
4.2. Depressão por endogamia	50
4.3. Avaliação geral das progênies interpopulacionais.....	55
4.4. Análises de variância.....	57
4.4.1. Progênies intrapopulacionais.....	57
4.4.1.1. População EE1 (ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1).....	57
4.4.1.2. População EC4 (ESALQ-PB1 x CRAVO 4).....	59
4.4.2. Progênies interpopulacionais.....	61
4.5. Estimativas de parâmetros genéticos.....	64
4.5.1. Progênies intrapopulacionais.....	64
4.5.2. Progênies interpopulacionais.....	75
4.6. Considerações finais.....	77
5. CONCLUSÕES.....	83
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	86
TABELAS.....	107
FIGURAS.....	124
APÊNDICES.....	134

VARIABILIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES
SEMI-EXÓTICAS DE MILHO (*Zea mays* L.)

Autor : LUCIANO LOURENÇO NASS

Orientador : Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

RESUMO

Foi estudada a variabilidade genética nas populações semi-exóticas de milho, ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1 (EE1) e ESALQ-PB1 x CRAVO 4 (EC4), aos níveis intra e interpopulacional. Progênies ao nível intrapopulacional (irmãos germanos e S_1) de EE1 e EC4 foram avaliadas em dois experimentos em Piracicaba-SP, sendo um para cada população. Em ambos os casos foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com três repetições e os tratamentos foram arranjados em parcelas subdivididas, com grupos (tipos de progênies) nas parcelas e progênies nas subparcelas. Foram avaliados os seguintes caracteres: altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de espigas (NE), número de ramificações do pendão (NR), estande (ES), diâmetro de espiga

(DE), comprimento de espiga (CE), peso de espigas (PE) e produção de grãos (PG).

A produção de grãos de EE1 e EC4 foi da ordem de 3,8 e 5,5 t/ha para progênies de irmãos germanos e de 2,1 e 2,9 t/ha para progênies S_1 , respectivamente. Estes valores representam 52,3%, 78,5%, 28,1% e 41,8% da produção da testemunha (híbrido duplo Cargill-511), respectivamente. Para os demais caracteres as populações EE1 e EC4 mostraram médias superiores à testemunha para AP, AE e NR, nas progênies de irmãos germanos e para AE e NR nas progênies S_1 .

As medidas de depressão por endogamia ($m_1 - m_0$, sendo m_1 e m_0 as médias de progênies endógamas e não endógamas, respectivamente), expressa em porcentagem de m_0 , para EE1 e EC4, foram: 13,7% e 12,8% (AP); 15,9% e 14,2% (AE); 46,0% e 31,3% (NE); 19,4% e 12,7% (NR); 19,2% e 9,8% (ES); 17,1% e 12,4% (DE); 18,7% e 15,8% (CE); 44,8% e 45,0% (PE); 46,2% e 46,7% (PG), respectivamente.

De uma maneira geral, as estimativas da variância genética entre progênies (IG e S_1) em EE1 foram superiores em relação a EC4. As estimativas em S_1 foram superiores às obtidas com IG, exceto para os caracteres PE, PG e NR, provavelmente em decorrência da influência negativa de D_1 (covariância entre efeitos aditivos e dominantes nos homozigotos) na variância genética total nestes caracteres.

As progênies de irmãos germanos interpopulacionais (EE1 x EC4) foram avaliadas em Uberlândia-MG, em três

experimentos em blocos casualizados com três repetições; foi avaliado somente o caráter peso de grãos, cuja média na análise agrupada foi de 2,5 t/ha, representando 92,6% da média da testemunha (2,7 t/ha). A variância genética entre progênies foi de magnitude inferior às estimativas obtidas ao nível intrapopulacional (EE1 e EC4); entretanto, os efeitos de locais e anos devem ser considerados na comparação das estimativas da variância.

GENETIC VARIABILITY IN SEMI-EXOTIC
POPULATIONS OF MAIZE (*Zea mays* L.)

Author : LUCIANO LOURENÇO NASS

Adviser : Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

SUMMARY

The genetic variability, of both intra and interpopulation level, was studied in the semi-exotic populations, ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1 (EE1) and ESALQ-PB1 x CRAVO 4 (EC4). Intrapopulation progenies (full-sib and S_1) from EE1 and EC4 were evaluated in two experiments (one for each population) at Piracicaba-SP. Both experiments were in completely randomized blocks with three replications, following the split-plot arrangement with sets of different progenies in the plots and individual progenies in the subplots. The following traits were evaluated: plant height (PH), ear height (EH), ear number (EN), tassel branch number (TB), stand (ST), ear diameter (ED), ear length (EL), ear yield (EY) and grain yield (GY).

Grain yield of EE1 and EC4 was of the order of 3,8 and 5,5 t/ha for full-sib progenies and of 2,1 and 2,9 t/ha for S_1 progenies, respectively. Such values represent 52,3%, 78,5%, 28,1% and 41,8% of the check (double cross Cargill-511) yield, respectively. For the other traits populations EE1 and EC4 showed means higher than checks for PH, EH and TB, for full-sib progenies and for EH and TB for S_1 progenies.

Inbreeding depression ($m_1 - m_0$; where m_1 and m_0 stand for inbred and non-inbred progenies, respectively), expressed in percent of m_0 , for EE1 and EC4 were: 13,7% and 12,8% (PH); 15,9% and 14,2% (EH); 46,0% and 31,3% (EN); 19,4% and 12,7% (TB); 19,2% and 9,8% (ST); 17,1% and 12,4% (ED); 18,7% and 15,8% (EL); 44,8% and 45,0% (EY); 46,2% and 46,7% (GY), respectively.

In general, estimates of the genetic variance among progenies (FS and S_1) were higher for EE1 relative to EC4. Except for traits EY, GY and TB, estimates in S_1 were higher than those in FS, probably due to the negative effect of D_1 (covariance between additive and dominant effects in the homozygotes) in the total genetic variance for those traits.

Interpopulation full-sib progenies (EE1 x EC4) were evaluated at Uberlandia-MG in three experiments in completely randomized blocks with three replications; only grain yield was evaluated in these experiments, and the

grouped analysis showed a mean of 2,5 t/ha, that is 92,6% of the check (2,7 t/ha) yield. The genetic variance among progenies was of lower magnitude than those obtained at the intrapopulations (EE1 and EC4); however, effects of location and year must be accounted for in comparing variance estimates.

1. INTRODUÇÃO

A vulnerabilidade genética é uma preocupação constante dos melhoristas, praticamente em todas as culturas com um determinado nível de melhoramento genético. Na cultura do milho, esse interesse tornou-se mais intenso após as perdas na produção de milho híbrido, ocorridas em 1970 nos Estados Unidos, causadas por uma epidemia de *Helminthosporium maydis*.

Após esta catástrofe, os pesquisadores concentraram seus esforços no sentido de ampliar a variabilidade genética das populações. Desde então, os mecanismos geradores de variabilidade como hibridação, agentes mutagênicos e, mais recentemente, os trabalhos no campo da biotecnologia, têm sido empregados para desenvolver populações geneticamente variáveis.

A utilização de germoplasma exótico em programas de melhoramento é um mecanismo de elevado potencial para aumentar a variabilidade genética das populações (WELLHAUSEN, 1965). Nesse sentido, tem-se frequentemente, optado pela realização de cruzamentos entre materiais exóticos e materiais adaptados, o que permite quantificar a

heterose, os efeitos da introgressão de genes, bem como estimar os componentes de variação genética nas populações semi-exóticas.

Embora a introgressão de genes apresente perspectivas de sucesso, os germoplasmas exóticos ainda são pouco explorados (SPRAGUE, 1980). A disponibilidade de ampla variabilidade de recursos genéticos de milho, constitui-se em relevante contribuição à estabilidade da cultura para qualquer país do mundo, pois possibilita a obtenção sistemática de combinações genotípicas mais produtivas, com maior resistência a doenças e pragas e mais tolerantes à condições adversas do meio ambiente.

Nas condições brasileiras, estudos realizados com diversas raças de milho evidenciaram alguns materiais promissores para utilização em programas de melhoramento. Entre as raças exóticas descritas, BRIEGER *et alii* (1958) e PATERNIANI & GOODMAN (1977) salientaram o potencial de Cravo, por apresentar grande número de fileiras de grãos e, Entrelaçado, pelo maior comprimento de espiga.

A inclusão destes caracteres em uma população melhorada e adaptada, pode levar futuramente a um acréscimo significativo na produção, uma vez que tais caracteres estão associados à produção. O potencial genético destas raças para fins de melhoramento é bastante promissor (SANTOS, 1985), haja vista a considerável quantidade de variabilidade genética possível de ser explorada nas populações semi-exóti-

cas EE e EC, originárias, respectivamente, dos cruzamentos ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO e ESALQPB1 x CRAVO.

Os estudos sobre o potencial e propriedades genéticas de populações semi-exóticas para fins de melhoramento são relativamente escassos, tanto a nível intra como interpopulacional.

De acordo com o exposto, o presente trabalho teve como objetivos:

a. avaliar o potencial das populações semi-exóticas EE1 e EC4 para fins de melhoramento, verificando o efeito da introgressão de genes na variabilidade genética, após dois ciclos de seleção recorrente intrapopulacional.

b. estimação de parâmetros genéticos aos níveis intra e interpopulacional envolvendo as populações semi-exóticas EE1 e EC4.

c. verificar a depressão por endogamia nas populações semi-exóticas EE1 e EC4.

d. avaliar o potencial da seleção intrapopulacional no melhoramento do híbrido interpopulacional, oriundo destas populações.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Germoplasma exótico

O termo exótico é definido como : de origem estrangeira, estranho, não nativo, não totalmente naturalizado ou aclimatizado (HALLAUER, 1978). Por sua vez, LONNQUIST (1974) definiu milho exótico como sendo oriundo de outra área, estando representado por adaptações diferentes à altitudes, latitudes, tipos de solo, além de outros fatores ambientais.

HALLAUER (1978) considerou germoplasma exótico como sendo todas as fontes de germoplasmas que não são imediatamente úteis ou adaptadas para um programa de melhoramento genético específico, ou seja, quando ajustes fisiológicos serão necessários para naturalizar e aclimatizar o germoplasma para sua utilização. Em programas de melhoramento aplicado, germoplasma exótico inclui todos os materiais que não apresentam utilidade imediata sem uma seleção prévia para adaptação em uma determinada área (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). Dentro desta ampla diversificação de significados, os germoplasmas exóticos podem ser constituídos por raças, populações, linhagens, etc., desde que quando cultivados em

áreas diferentes dos seus locais de adaptação, não manifestem suas potencialidades sem um ajuste fisiológico (SANTOS, 1985).

De acordo com SPRAGUE (1980), os melhoristas têm procurado ampliar a variabilidade genética manipulada em seus programas, principalmente através de intercâmbio de linhagens elites entre programas distintos de melhoramento genético; porém, os germoplasmas exóticos existentes nos centros de origem, centros de diversificação e bancos de germoplasma, ainda são pouco explorados.

Tratando-se da utilização de germoplasmas exóticos, PATERNIANI (1962) considerou duas possibilidades: (a) raças ou variedades com base genética ampla e (b) linhagens endogâmicas com base genética estreita. A escolha entre as alternativas e seu sucesso dependem do nível de melhoramento do milho, da situação econômica e social, da variabilidade genética e do potencial do germoplasma local.

As raças, variedades e linhagens de milho, apresentam grande uniformidade quanto à morfologia dos cromossomos (GALINAT, 1977). Tal similaridade permite que germoplasmas exóticos sejam amplamente cruzados. Entretanto, para obtenção de combinações gênicas com funções bioquímicas eficientes dentro do genoma, faz-se necessário permitir a recombinação genética acompanhada por seleção branda (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

GRIFFING & LINDSTROM (1954), EFRON & EVERETT (1969) e NELSON (1972), avaliaram a potencialidade de incorporar germoplasmas exóticos em linhagens adaptadas, para posterior aproveitamento no desenvolvimento de milhos híbridos. Outras alternativas na utilização de germoplasma exótico foram sugeridas por KRAMER & ULLSTRUP (1959) e THOMPSON (1968), na identificação de fontes de resistência a doenças e na produção de silagem, respectivamente. Embora existam vantagens evidentes na introgressão de genes, WELLHAUSEN (1965) verificou ser pouco expressiva a utilização de germoplasma exótico para o melhoramento de híbridos comerciais americanos, principalmente por apresentarem altura de planta excessiva e sensibilidade ao fotoperíodo, entre outros caracteres agronômicos indesejáveis.

O procedimento mais comum em estudos de germoplasmas exóticos tem sido a realização de cruzamentos entre materiais exóticos e adaptados (HALLAUER, 1978). Através destes cruzamentos pode-se detectar heterose nas populações semi-exóticas resultantes, quantificar os efeitos da incorporação de caracteres com alta herdabilidade via seleção massal e, em alguns casos, estimar os componentes da variação genética destas populações, objetivando comparar a variabilidade genética em relação à população originalmente adaptada e melhorada (SANTOS, 1985).

EBERHART (1971) considerou que o primeiro retrocruzamento para o germoplasma adaptado é a melhor

população base para a prática de seleção. Estudos através de simulações em computadores demonstraram que, com o aumento do nível de dominância e com a utilização de parentais mais contrastantes, é recomendável lançar mão de gerações adicionais de retrocruzamentos antes de iniciar a seleção (DUDLEY, 1982). Quando o germoplasma exótico não é adaptado para um determinado local, um ou dois retrocruzamentos para o material adaptado são necessários. Entretanto, quando a população exótica tem sido previamente selecionada para adaptabilidade, podem ser obtidos efeitos positivos imediatos (CROSSA *et alii*, 1987; MUNGOMA & POLLAK, 1988).

Algumas tentativas para determinar o percentual de germoplasma exótico a ser incorporado nas populações adaptadas têm sido realizadas, porém, ainda não há informações conclusivas sobre esta questão. GRIFFING & LINDSTROM (1954) relataram que os híbridos F_1 mais produtivos foram aqueles em que houve a participação de linhagens com 25% a 50% de exóticos em cruzamentos com linhagens adaptadas. Posteriormente, WELLHAUSEN (1965) recomendou incorporar dosagens menores ou iguais a 25% de germoplasma exótico dentro de materiais adaptados do "Corn Belt" dos Estados Unidos.

DUDLEY (1984) desenvolveu uma metodologia para identificar germoplasma exótico com alelos favoráveis dominantes não presentes em um cruzamento simples entre parentais adaptados. Para tanto, torna-se necessário avaliar

o comportamento das linhagens parentais adaptadas, do híbrido simples entre elas e dos híbridos simples entre os genótipos exóticos disponíveis e as duas linhagens parentais adaptadas. A escolha de genótipos que contenham maior quantidade de alelos favoráveis não presentes no germoplasma adaptado, é fator importante, principalmente para reduzir os esforços e abreviar o tempo necessário para se extrair linhagens superiores da população base (VELLO, 1985).

Considerando a probabilidade de fixação de alelos, CROSSA (1989) verificou que se a população exótica tiver sido selecionada para adaptabilidade e possuir alelos favoráveis em alta frequência, a população de cruzamento pode ser utilizada diretamente como população base no processo de seleção. Caso o retrocruzamento para o parental adaptado seja utilizado, então um aumento no tamanho da população é necessário para conservar os alelos favoráveis que foram previamente incorporados.

Um levantamento detalhado quanto à utilização, potencialidade e metodologias desenvolvidas para o aproveitamento de germoplasmas exóticos em milho, pode ser encontrado no trabalho de SANTOS (1985). Conforme foi salientado por PATERNIANI (1990), para os programas de melhoramento genético de milho no Brasil, o Tuxpeño é um notável exemplo de contribuição de um germoplasma exótico para aumentar o potencial de produção, tanto de híbridos quanto de variedades.

2.2. Variabilidade intra e interpopulacional

2.2.1. Produção

Uma das mais significativas contribuições da genética quantitativa para o melhoramento genético de plantas é a possibilidade de estimar os componentes da variação genética; estes fornecem subsídios na tomada de decisões durante o planejamento e condução dos programas de melhoramento. Os componentes da variação genética auxiliam, também, na escolha da população base e do método de seleção, permitindo inclusive avaliações para definir a viabilidade da continuação de um programa em andamento (CANTON, 1988; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

Somente com os trabalhos de COMSTOCK & ROBINSON (1948, 1952) é que foram estimados os componentes da variação genética em populações de milho. Os delineamentos I, II e III, envolvem diversos tipos de progênies e mostram como os componentes da variância genética são estimados a partir das variâncias entre progênies. Através desta metodologia, ROBINSON *et alii* (1955) concluíram que variedades de milho de polinização livre possuíam suficiente variabilidade genética aditiva, a qual possibilitava progressos com seleção, mesmo com métodos simples como a seleção massal.

Ao nível intrapopulacional, tais delineamentos foram extensivamente aplicados em diversos tipos de populações de milho (ROBINSON *et alii*, 1949; GOODMAN, 1965; SUBANDI & COMPTON, 1974; SILVA & HALLAUER, 1975; entre

outros). As estimativas obtidas para diversos caracteres indicaram preponderância da variância genética aditiva, seguida da variância genética dominante e das variâncias epistáticas, sendo que as epistáticas foram consideradas negligenciáveis. Quando o estudo é baseado em populações F_2 , pode-se também, estimar o grau médio de dominância, o qual permite inferências sobre o tipo de ação gênica envolvido no controle dos caracteres.

HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) realizaram um amplo levantamento das estimativas das variâncias genéticas a nível intrapopulacional. No Brasil, predominam os trabalhos envolvendo progênies de meios irmãos, os quais permitem estimar a variância genética aditiva, a herdabilidade e, conseqüentemente, o progresso esperado por seleção (SOUZA JÚNIOR, 1983). Um resumo das estimativas obtidas pelo Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" é apresentado por RAMALHO (1977) e ampliado por SAMPAIO (1986); dando sequência a este levantamento, VENCOVSKY *et alii* (1988) verificaram que a média das estimativas da variância genética aditiva foi de 309 com um intervalo de variação de 41 a 753 (gramas/planta)². Algumas estimativas recentes da variância genética aditiva são apresentadas na Tabela 01.

Outro esquema empregado no melhoramento de populações tem sido a utilização de progênies endogâmicas obtidas por autofecundações sucessivas. PATERNIANI & MIRANDA

Tabela 01. Estimativas da variância genética aditiva(σ^2_A) para produção de grãos (gramas/plantas)², em diversas populações de milho no Brasil.

População	Variância Aditiva	Referências
ESALQ PB-5	173,88	CHAVES (1985)
ESALQ PB-4	146,40	BENITEZ TORRES (1986)
ESALQ PB-5	85,94	BENITEZ TORRES (1986)
ESALQ PB-1	218,80	BIGOTO (1988)
SUWAN DMR	316,00	CANTON (1988)
ESALQ PB-2	219,20 (a)	MARQUES (1988)
ESALQ PB-3	234,40 (a)	MARQUES (1988)
ESALQ PB-2	246,60 (b)	MARQUES (1988)
ESALQ PB-3	263,70 (b)	MARQUES (1988)
Pop(s). brasileiras #	306,10	MIRANDA FILHO (1985)
Pop(s). brasileiras	309,00	VENCOVSKY <i>et alii</i> (1988)
Pop(s). americanas	469,10	HALLAUER & MIRANDA FO(1988)

(a) presença de dominância (hipótese $\sigma^2_A = \sigma^2_D$)

(b) ausência de dominância (hipótese $\sigma^2_D = 0$)

médias de 45, 58 e 99 estimativas, respectivamente.

FILHO (1987) salientaram que o uso de progênies endogâmicas é recomendado para caracteres de baixa herdabilidade, pelo fato da endogamia promover um aumento na variância genética entre progênies, e também, no progresso esperado por seleção. A possibilidade de seleção contra genes letais ou deletérios é outro aspecto favorável da seleção com famílias endogâmicas (HALLAUER, 1980). Assim, as populações melhoradas quando submetidas à autofecundação apresentarão menor depressão por endogamia.

HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) reportaram estimativas da variância genética aditiva obtidas com progênies endogâmicas. Alguns desses resultados são apresentados na Tabela 02.

Tabela 02. Estimativas da variância genética aditiva (σ^2_A) para produção de grãos (g/pl)², com progênies endogâmicas de milho.

----- Variância Aditiva -----			
População	Progênie	Intervalo de Variação	Média
BSSS 13	S ₂	257,6 a 350,8	302,5
BSK	S ₁	120.7 a 389.0	241,2

Ao nível interpopulacional, o melhoramento foi intensificado com o advento da seleção recorrente recíproca (COMSTOCK *et alii*, 1949); entretanto, os componentes da variância genética somente foram demonstrados por STUBER & COCKERHAM (1966). Os resultados indicaram que os componentes da variância genética ao nível interpopulacional foram equivalentes aos definidos para o nível intrapopulacional. SOUZA JÚNIOR (1988) apresentou a decomposição das variâncias genéticas interpopulacionais e suas relações com a obtenção e seleção de híbridos.

Através dos delineamentos propostos por COMSTOCK & ROBINSON (1948, 1952) vários trabalhos foram desenvolvidos no sentido de avaliar a variabilidade em cruzamentos interpopulacionais (STUBER *et alii*, 1966; GOODRICH *et alii*, 1975; OBILANA *et alii*, 1979). Foram observadas quantidades suficientes de variância genética aditiva, podendo-se esperar progressos consideráveis por seleção.

MIRANDA FILHO (1982) sugeriu os delineamentos a e b, os quais permitem estimar a variância genética aditiva em ambos os níveis, intra e interpopulacional, embora não seja possível estimar as variâncias dominantes. Ambos os delineamentos permitem estimar o progresso esperado para seleção intrapopulacional, para o cruzamento interpopulacional, para heterose e para as populações parentais (intra) através da seleção recorrente recíproca, proporcionando uma grande quantidade de informações para os programas de

melhoramento genético de populações. MIRANDA FILHO & PATERNIANI (1983) reportaram o uso do delineamento a e os resultados com o delineamento b foram relatados por SOUZA JÚNIOR & MIRANDA FILHO (1989).

No Brasil, as estimativas ao nível interpoblacional, foram obtidas utilizando-se progênies de meios irmãos ou irmãos germanos. Os resultados obtidos para produção de grãos são apresentados na Tabela 03.

2.2.2. Caracteres vegetativos

LIMA & PATERNIANI (1977) consideraram os caracteres produção de grãos, altura de planta, altura de espiga e acamamento, como prioritários no melhoramento de milho. As plantas de porte mais baixo conferem vantagens como maior resistência ao acamamento e facilidade de colheita (SAMPAIO, 1986).

As estimativas médias das variâncias aditivas, obtidas de vários trabalhos por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988), para altura de planta e altura de espiga, foram respectivamente, 212,90 e 152,70 (cm/planta)². As estimativas evidenciaram que, para os caracteres em questão, a maior proporção da variância genética total pode ser atribuída aos efeitos aditivos. Em diversas populações brasileiras, SANTOS (1985) constatou que as estimativas da variância genética aditiva, para altura de planta e altura de espiga, oscilaram entre 176,56 a 668,00 (cm/planta)² e 46,14 a 548,00 (cm/planta)², respectivamente. O autor enfatizou também, que as

Tabela 03. Estimativas das variâncias genéticas aditivas para produção de grãos (gramas/planta)², ao nível interpopulacional, em diversas populações de milho no Brasil.

População	$\sigma^2_{A1}^*$	$\sigma^2_{A2}^{**}$	$\sigma^2_{A(12)}^{***}$	Referências
ESALQ VF1 x ESALQ VD2	258,52	205,12	231,82	PATERNIANI & VENCovsky (1978)
PIRANÃO VF1 x PIRANÃO VD2	--	--	331,40 a 497,12 ‡	MIRANDA FILHO (1979)
ESALQ VF1 x ESALQ VD2	--	--	184,92 a 277,36 ‡	SOUZA JÚNIOR et alii (1980b)
PIRAMEX x CATETO	236,14	79,90	158,02	MIRANDA FILHO & PATERNIANI (1983)
ESALQ PB1 x BR-105	370,45	150,55	260,50	SOUZA JÚNIOR (1983)
ESALQ PB1 x BR-105	--	--	86,39 a 129,58 ‡	MIRANDA FILHO et alii (1986)
ESALQ PB4 x ESALQ PB5	249,80	131,40	190,60	SOUZA JÚNIOR & MIRANDA FILHO (1986)
PIRANÃO VD2 x PIRANÃO VF1	358,40	126,10	242,20	MARTINS (1986)
BR-106 x BR-105	507,20	368,12	437,66	PELLICANO (1990)

* Primeira população utilizada como fêmea

** Segunda população utilizada como fêmea

*** $\sigma^2_{A(12)} = 1/2 (\sigma^2_{A12} + \sigma^2_{A21})$

‡ Limites de $\sigma^2_{A(12)}$ considerando $\sigma^2_{A(12)} = \sigma^2_{D12}$ e $\sigma^2_{D12} = 0$, respectivamente.

populações brasileiras apresentam variabilidade genética superior, para ambos os caracteres, em relação às populações americanas.

Além dos caracteres descritos anteriormente, têm-se valorizado as características do pendão, a inflorescência masculina do milho. MOCK & SCHUETZ (1974) estudaram a herança do número de ramificações do pendão e obtiveram estimativas das componentes da variação genética. Os autores verificaram ser este caráter herdado quantitativamente, e ainda, que a variância genética aditiva foi mais importante que a dominante.

No Brasil, é crescente o interesse sobre o número de ramificações do pendão, visando o aumento da eficiência produtiva do milho. Os resultados relatados por GERALDI (1977), ANDRADE & MIRANDA FILHO (1979), SOUZA JÚNIOR *et alii* (1980a), LORDELO (1982), AGUILAR MORÁN (1984), SAMPAIO (1986) e MARQUES (1988), são bastante promissores, apresentando estimativas da variância genética aditiva compreendidas entre 6,50 a 43,96 (ramificações/planta)².

2.2.3. Caracteres reprodutivos

A produção é um caráter complexo e representa o produto final da interrelação de inúmeras variáveis, ou seja, é uma expressão combinada do genótipo e ambiente, do início até o final do período de crescimento (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). Embora sejam vários os caracteres reprodutivos, no presente estudo serão enfocados somente o

comprimento e o diâmetro da espiga.

Quanto ao comprimento da espiga, após análise de 36 trabalhos, HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) relataram estimativas médias no valor de $152,40 \times 10^{-2} \text{ (cm/espiga)}^2$ para a variância genética aditiva. No levantamento realizado por SANTOS (1985), o intervalo de variação foi de $90,00 \times 10^{-2}$ a $352,40 \times 10^{-2} \text{ (cm/espiga)}^2$, para a variância aditiva do caráter em questão.

Com referência ao caráter diâmetro da espiga, SANTOS (1985) relatou um intervalo de variação para as estimativas da variância aditiva entre $1,81 \times 10^{-2}$ a $12,00 \times 10^{-2} \text{ (cm/espiga)}^2$. Por sua vez, em 35 trabalhos analisados, uma média de $4,60 \times 10^{-2} \text{ (cm/espiga)}^2$ foi constatada por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988).

2.3. Endogamia

A mais notável consequência observada da endogamia é a redução do valor fenotípico, mostrado pelos caracteres relacionados com a capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica (FALCONER, 1960). O fenômeno da depressão por endogamia é muito conhecido para a produção de grãos e outros caracteres quantitativos, sendo que em algumas situações, o decréscimo na produção em linhagens endogâmicas pode ser tão acentuado a ponto de limitar sua utilização em programas de obtenção de híbridos.

No levantamento realizado por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988), a depressão endogâmica esperada para

produção de grãos, ao nível de 50% de homozigose induzida pela autofecundação, variou de 42,2 a 71,9 gramas/planta; para altura de planta e altura de espiga, os valores oscilaram entre 7,8 a 33,4 cm e 10,4 a 29,6 cm, respectivamente.

No Brasil, vários estudos têm sido conduzidos para avaliar a depressão endogâmica, já que as populações atualmente disponíveis apresentam uma acentuada carga genética (MARQUES, 1988). Para a produção de grãos de 14 populações introduzidas, VIANNA *et alii* (1982) constataram valores de depressão variando de 42,0% a 58,0%. GERALDI & VENCovsky (1980) reportaram valores de 36,7% a 54,8% na depressão para a produção de nove populações brasileiras. Na produção da variedade Centralmex, a depressão por endogamia foi da ordem de 39,0% (VALOIS & MIRANDA FILHO, 1984b).

LIMA *et alii* (1984) estudaram 32 populações brasileiras e observaram que a depressão endogâmica variou de 27,0% a 59,9% para a produção de grãos, de 6,6% a 20,3% para a altura de planta e de 6,9% a 27,4% para a altura de espiga, após uma geração de autofecundação. Verificaram também, que as populações derivadas de linhagens endogâmicas apresentaram valor médio de 34,0% de depressão, enquanto que nos compostos e variedades de polinização livre, a média foi de 41,3%. De acordo com MIRANDA FILHO & VIÉGAS (1987), tais resultados concordam em certo grau com a hipótese de que populações derivadas de linhas endogâmicas ou que já passaram por alguma fase de endogamia, são menos sensíveis aos efeitos de depressão causados por genes deletérios.

MIRANDA FILHO & MEIRELLES (1988) concluíram que existe potencial para extração de linhagens menos depressivas para a produção nas populações ESALQ-PB2 e ESALQ-PB3. Através das distribuições de linhagens S_1 e de progênies de irmãos germanos ($S_0 \times S_0$) da população ESALQ-PB1, KASSOUF & MIRANDA FILHO (1986) observaram a ocorrência de variabilidade quanto aos efeitos da endogamia para diversos caracteres.

Na Tabela 04, adaptada de VENCovsky *et alii* (1988), encontram-se outras estimativas da depressão por endogamia em diferentes materiais genéticos. De acordo com essas estimativas, nota-se que as variedades de polinização livre e as populações, exibiram praticamente tanta depressão quanto à observada pelo grupo de híbridos.

2.4. Progressos obtidos por seleção recorrente com irmãos germanos

A expressão seleção recorrente (HULL, 1945) significa um processo contínuo de melhoramento, onde se sucedem ciclos de recorrência. O método visa aumentar continuamente a frequência dos genes favoráveis através dos sucessivos ciclos de seleção. Atualmente, denomina-se de seleção recorrente todos os esquemas cíclicos de seleção (HALLAUER, 1980). Os vários processos de seleção recorrente, com descrição detalhada de cada método, podem ser encontrados em PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987) e HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988).

Tabela 04. Estimativas da depressão por endogamia (%), em relação às médias S_o , para peso de espiga em diferentes materiais genéticos no Brasil.

Material genético		Média	Intervalo Variação
Várias Populações(S_o, S_1)		45,8	40,2 a 60,4 (1)
Várias Populações(S_o, S_1)		40,5	27,0 a 57,9 (2)
Vários Híbridos (S_o, S_1)		48,6	40,9 a 56,7 (3)
Variedades:			
CMS-05-Co	(S_o, S_2)	64,0	0,0 a 94,0 (4)
CMS-05-Co	(S_o, S_1)	42,5	18,6 a 66,0 (5)
CMS-05-C ₁	(S_o, S_1)	38,9	17,9 a 58,4 (5)
Centralmex	(S_o, S_1)	36,7	11,6 a 67,4 (6)
Compostos:			
ESALQ-PB2	(S_o, S_1)	46,3	18,9 a 75,8 (7)
ESALQ-PB3	(S_o, S_1)	45,5	16,7 a 71,7 (7)

(1) VIANNA *et alii* (1982); (2) LIMA *et alii* (1984); (3) GAMA *et alii* (1985); (4) NASPOLINI & VENCovsky (1982); (5) MÔRO (1982); (6) MOTA (1974); (7) MIRANDA FILHO & MEIRELLES (1988).

2.4.1.Nível intrapopulacional

Famílias de irmãos germanos são obtidas a partir de cruzamentos planta a planta. HARLAND (1946) sugeriu um método pelo qual os cruzamentos aos pares eram testados em experimentos com repetições, seguido de seleção das melhores progênies e recombinação das sementes remanescentes das progênies selecionadas.

Uma modificação quanto à obtenção das progênies de irmãos germanos foi introduzida por LONNQUIST (1961), de tal forma que as progênies são obtidas segundo um esquema em cadeia . Em um ciclo de seleção divergente para produção de grãos, o autor constatou uma maior eficiência desse esquema em relação ao método original.

Os resultados disponíveis na literatura evidenciam que a utilização de progênies de irmãos germanos tem sido eficiente no melhoramento de populações. A Tabela 05 relaciona alguns desses resultados.

No Brasil, VALOIS (1982) e VALOIS & MIRANDA FILHO (1984a) observaram que a variabilidade entre progênies de irmãos germanos e o progresso esperado por seleção foram superiores no esquema usual em relação ao esquema em cadeia. BENITEZ TORRES (1986) também utilizou o esquema em cadeia nas populações ESALQ-PB4 e ESALQ-PB5; as populações apresentaram um grande potencial para melhoramento, sendo que ESALQ-PB4 possui maior variabilidade genética do que ESALQ-PB5.

Tabela 05. Progressos em ganho/ciclo (G%) obtidos por seleção com progênies de irmãos germanos ao nível intrapopulacional, para produção de grãos em diversas populações de milho.

População	Ciclos	G (%)	Referências
Krug	1	8,9	LONNQUIST (1961)
Krug #	1	10,6	LONNQUIST (1961)
Krug	1	14,9	SILVA & LONNQUIST (1968)
Jarvis	6	3,5	MOLL & STUBER (1971)
Indian Chief	6	2,8	MOLL & STUBER (1971)
(Va17 x Va29)F ₂	4	9,3	GENTER (1976)
Krug	4	4,7	COMPTON & LONNQUIST (1982)
# Progênies obtidas por cruzamentos em cadeia.			

2.4.2. Nível interpopulacional

A seleção recorrente recíproca foi proposta por COMSTOCK *et alii* (1949); basicamente é um método que visa aumentar a frequência de genes favoráveis nas duas populações envolvidas e melhorar a resposta heterótica entre elas. Stuber (1965), citado por SOUZA JÚNIOR (1983), foi o primeiro a relacionar o conceito de covariância entre parentes para estimar os parâmetros genéticos interpopulacionais, permitindo assim, o desdobramento da variância genética nos componentes aditivos, dominantes e epistáticos, os quais mostraram-se análogos aos componentes definidos ao nível

intrapopulacional. A obtenção de estimativas da variância genética interpopulacional é fator importante para uma exata caracterização da variabilidade disponível para seleção (MIRANDA FILHO & PATERNIANI, 1983).

Ao nível interpopulacional, HALLAUER (1967) e LONNQUIST & WILLIAMS (1967) sugeriram a utilização de famílias de irmãos germanos para a obtenção de híbridos de linhagens. Posteriormente, HALLAUER & EBERHART (1970) propuseram a seleção recorrente recíproca com famílias de irmãos germanos (SRRIG). O método utiliza progênies de irmãos germanos, ao invés de meios irmãos, obtidas de plantas prolíficas. Consiste, essencialmente, em se cruzar plantas S_0 aos pares nas espigas superiores e, autofecundar as espigas inferiores. As progênies de irmãos germanos são avaliadas em ensaios de produção e após identificação dos cruzamentos mais promissores, as progênies S_1 de cada população são recombinadas em lotes isolados.

Através dessa metodologia, HALLAUER (1973) reportou um ganho de 10,1% no híbrido interpopulacional, com apenas um ciclo de seleção. Após o terceiro ciclo, Hallauer (1977), citado por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988), verificou aumentos de 18,0%, 17,0% e 9,7% na produção das populações BS10, BS11 e no híbrido BS10 x BS11, respectivamente.

Na aplicação da SRRIG faz-se seleção para prolificidade nas populações e devido à forte correlação genética entre produção e prolificidade; a SRRIG deve

conduzir a progressos adicionais aos esperados apenas com a seleção baseada nas progênies. Além disso, em relação a seleção recorrente recíproca com meios irmãos, pode ser avaliado o dobro de plantas em um mesmo espaço físico, permitindo uma seleção mais intensa. Outra vantagem é que o método permite o desenvolvimento simultâneo de híbridos de linhagens (JONES *et alii*, 1971; SOUZA JÚNIOR, 1983; PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1987).

Baseando-se nas magnitudes relativas entre as variâncias genéticas intra e interpopulacionais, COMPTON *et alii* (1965) e CRESS (1966) compararam a seleção recorrente recíproca com a seleção intrapopulacional. De acordo com VENCOVSKY (1987), essa relação é uma maneira de visualizar a superioridade ou não da seleção recorrente interpopulacional sobre a intrapopulacional. Os resultados evidenciaram que, na ausência de dominância, ambos os processos de seleção são igualmente efetivos; com dominância parcial a completa, quando a soma das frequências dos alelos favoráveis do mesmo loco nas duas populações forem inferiores a 1,0, a seleção inter supera a intrapopulacional, ocorrendo o inverso quando esta soma for superior a 1,0; já com sobredominância, existe um conjunto complexo de comparações, porém, em média a seleção recorrente recíproca supera a intrapopulacional.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. MATERIAL

Em 1983/84, o Departamento de Genética da ESALQ/USP iniciou um programa de melhoramento envolvendo a introgressão de genes de duas raças brasileiras de milho. Amostras representativas das raças Cravo e Entrelaçado foram cruzadas com uma população melhorada (ESALQ-PB1), adaptada às condições do Estado de São Paulo. As populações F_2 resultantes desses cruzamentos foram denominadas por EE1 e EC1. Paralelamente, foram introduzidas outras amostras das raças Cravo e Entrelaçado, as quais, após cruzamento com ESALQ-PB1, originaram populações F_2 denominadas por EE2, EE3, EC2, EC3 e EC4.

Foram utilizadas no presente estudo duas populações semi-exóticas submetidas a dois ciclos de seleção para produção de grãos, ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1 (EE1) e ESALQ-PB1 x CRAVO 4 (EC4). Como testemunha foi utilizado o híbrido duplo comercial Cargill-511. Apresenta-se, a seguir, um breve histórico dos materiais.

ESALQ-PB1 - População obtida no Departamento de Genética da ESALQ/USP, originalmente denominada de Composto Planta

Baixa (MIRANDA FILHO, 1974; 1977). Na sua síntese participaram as seguintes populações: Tuxpeño Crema I, Mezcla Amarilla, Eto Blanco Planta Baja, Antigua Grupo 2, Meb, Piracar e Cateto Argentina-Uruguai. Apresenta porte e ciclo intermediários, boa produtividade, sementes amarelas e variáveis quanto ao tipo (PATERNIANI et alii, 1977). Informações mais detalhadas sobre esta população podem ser encontradas no trabalho de SANTOS(1985).

EC4 - População semi-exótica resultante do cruzamento de ESALQ-PB1 com uma amostra da raça Cravo Riograndense, submetida a dois ciclos de seleção para produção de grãos. De acordo com PATERNIANI & GOODMAN (1977), o tipo de grão apresentado pela raça Cravo Riograndense não tem valor comercial, uma vez que são longos e estreitos. A Tabela 06 apresenta suas principais características, destacando-se o grande número de fileiras por espiga.

EE1 - População semi-exótica resultante do cruzamento de ESALQ-PB1 com uma amostra da raça Entrelaçado, submetida a dois ciclos de seleção para produção de grãos. O germoplasma representativo da raça Entrelaçado encontra-se distribuído pela região Amazônica, com incipiente adaptação para a região Centro-Sul (PATERNIANI & GOODMAN, 1977). Suas principais características são apresentadas na Tabela 06, dentre as quais, chama a atenção o acentuado comprimento da espiga.

TESTEMUNHA - O híbrido duplo Cargill 511 foi utilizado como testemunha. Apresenta grãos dentados e de coloração amarela, com boas produtividades e características agronômicas satisfatórias em cultivos comerciais.

Tabela 06. Médias dos principais caracteres, referentes às raças de milho Cravo e Entrelaçado, obtidas em Piracicaba-SP. Adaptada de SANTOS (1985)

CARACTERES	CRAVO	ENTRELAÇADO
Altura de planta (cm)	249,00	283,00
Altura de espiga (cm)	119,00	151,60
Número ramificações do pendão	23,80	32,30
Comprimento de espiga (cm)	15,50	29,20
Número fileiras por espiga	19,40	13,00
Diâmetro de espiga (cm)	4,82	3,86
Diâmetro de sabugo (cm)	3,14	2,99

3.2.MÉTODOS

3.2.1.Progênies intrapopulacionais

Em março de 1989, foram plantados dois lotes contíguos das populações semi-exóticas EE1 e EC4. Cada lote foi dividido ao meio para facilitar a obtenção das progênies de irmãos germanos (IG) e de autofecundação (S_1). As espigas

de ambas as populações foram protegidas antes da emissão dos estilo-estigmas, o mesmo acontecendo com os pendões antes da deiscência das anteras. No momento adequado, os cruzamentos manuais foram efetuados conforme o tipo de progênie desejado.

Foram realizadas cerca de 400 polinizações para cada população, sendo 200 de IG e 200 de S_1 ; destas, foram obtidas 86 progênies de IG e 109 S_1 para EE1, e, 120 de IG e 150 S_1 para EC4. Em agosto de 1989, as progênies foram colhidas e no laboratório procedeu-se a seleção das melhores espigas. Foram tomadas para avaliação em ensaios 160 progênies em EE1, sendo 80 de cada tipo, e 240 progênies em EC4, compostas por 120 de cada tipo de progênie. As progênies selecionadas nas duas populações constituíram-se no material experimental do presente trabalho.

3.2.2. Execução experimental

As progênies de irmãos germanos e de autofecundação, de ambas as populações semi-exóticas, foram avaliadas no município de Piracicaba-SP. Para tanto, foram conduzidos dois experimentos no campo experimental da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", sendo que o experimento 1 envolveu as progênies obtidas a partir de EE1 e o experimento 2 as progênies oriundas de EC4.

A semeadura em ambos os experimentos foi realizada em 13.11.89, sendo colocadas 30 sementes por parcela; 15 dias após a germinação foi efetuado o desbaste, procu-

rando-se manter um estande de 15 plantas/parcela. O desenvolvimento da cultura foi dentro das recomendações técnicas dos cultivos comerciais, com fornecimento de água sempre que se fez necessário.

EXPERIMENTO 1 (EE1) - Foram utilizados quatro grupos de 40 progênies e duas testemunhas (híbrido Cargill-511) em cada grupo. Os grupos A,B,C e D foram constituídos da seguinte maneira: A e B com progênies de irmãos germanos; C e D com progênies S_1 . Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com três repetições e os tratamentos foram arranjados em parcelas subdivididas, onde os grupos (tipos de progênies) constaram das parcelas e progênies (progênies/grupos) nas subparcelas, em classificação hierárquica. Inicialmente, os grupos foram casualizados dentro de repetições e, em seguida, as progênies dentro dos grupos. A unidade experimental utilizada foi uma fileira de 3m de comprimento com espaçamento de 1m entre fileiras e 0,20m entre plantas dentro de fileiras (CHAVES, 1985).

EXPERIMENTO 2 (EC4) - Foram utilizados seis grupos de 40 progênies e duas testemunhas (híbrido Cargill-511) em cada grupo. A composição dos grupos deu-se da seguinte forma: E, F e G com progênies de irmãos germanos ; H,I e J com progênies S_1 . O delineamento utilizado foi análogo ao do experimento 1, assim como o tamanho da parcela e os espaça-

mentos entre e dentro de fileiras.

Foram tomados os dados de nove caracteres, para cada uma das populações, os quais encontram-se descritos a seguir:

- Altura de planta (AP): avaliada em cinco plantas competitivas escolhidas ao acaso em cada parcela; a altura de planta foi medida em metros, da superfície do solo até a inserção da última folha.
- Altura de espiga (AE): avaliada pelos mesmos critérios adotados para altura de planta; a altura de espiga foi medida em metros, da superfície do solo até a inserção basal da primeira espiga.
- Estande (ES): avaliado no momento em que a parcela atingiu a maturação fisiológica, contando-se o número de plantas com espigas na unidade experimental (3m^2).
- Número de ramificações do pendão (NR): após a completa liberação do pólen, foram tomados cinco pendões ao acaso de plantas competitivas dentro de cada parcela. Os pendões foram cortados na parte basal, amarrados e etiquetados. Posteriormente, no laboratório, procedeu-se a contagem do número total de ramificações, para cada pendão individualmente.
- Peso de espigas (PE): após a colheita, as espigas despalhadas foram levadas ao laboratório onde foi realizada a pesagem. Foi utilizada uma balança eletrônica da marca Toledo, com capacidade máxima para dez quilos e com sensibilidade para dez gramas.

- Número de espigas (NE): após a pesagem das espigas, efetuou-se a contagem do número total de espigas dentro de cada parcela.
- Diâmetro de espiga (DE): foram selecionadas cinco espigas ao acaso para avaliação deste caráter. Para tanto, foi utilizada uma caixa com régua fixada na parte central, onde as cinco espigas foram colocadas dispostas alternadamente sobre a régua, sendo medido, em centímetros, o diâmetro total da porção mediana.
- Comprimento de espiga (CE): avaliado através do mesmo procedimento adotado para o diâmetro de espiga. As cinco espigas tomadas aleatoriamente, foram colocadas em conjunto sobre a régua, onde foi medido, em centímetros, o comprimento total das cinco espigas.
- Peso de grãos (PG): cada parcela foi debulhada e os grãos pesados na mesma balança utilizada para determinação do peso de espigas. Após a pesagem de cada parcela, foram tomados ao acaso um total de 79 amostras dos dois experimentos, visando posterior determinação do teor de umidade.

A determinação do teor de umidade foi efetuada por um aparelho "Steinlite". O teor médio de umidade foi de 13,1%; assim, o peso de grãos neste trabalho, está associado ao referido valor.

Foram realizadas correções nos caracteres PE e PG para o estande ideal de 15 plantas, através da metodologia de correção por covariância (STEEL & TORRIE, 1960), introdu-

zindo-se uma modificação na metodologia (SANTOS,1985). A partir das análises de variância e covariância para estande e produção, em blocos casualizados, estimou-se o coeficiente de regressão linear (b), obtido por: $b = SP_{xy} / SQ_x$ sendo x o estande e y a produção; SP_{xy} a soma de produtos residual da análise de covariância estande x produção; SQ_x a soma de quadrados residual da análise de variância para estande.

A correção foi efetuada ao nível de totais de subparcelas, ao invés de médias de tratamentos. Assim, o peso de campo corrigido (P_c) foi obtido como se segue:

$$P_c = P - b (x - 15), \text{ onde}$$

P_c : peso corrigido de espigas ou de grãos;

P : peso observado de espigas ou de grãos;

b : coeficiente de regressão linear do peso de espigas ou de grãos, em relação às variações do estande;

x : estande observado.

3.2.3. Progênies interpopulacionais

No ano agrícola de 1987/88, foram obtidas progênies de irmãos germanos interpopulacionais entre as populações semi-exóticas EE1 e EC4, utilizando-se cada população como macho e fêmea.

A avaliação experimental foi realizada no município de Uberlândia-MG em 1988/89. Para tanto, foram conduzidos três experimentos; sendo um para progênies de EE1

x EC4 (EE1 como fêmea) com 64 progênies e dois para progênies de EC4 x EE1 (EC4 como fêmea), ambos com 81 progênies. Os experimentos foram delineados em blocos casualizados com três repetições, avaliando-se somente o caráter produção de grãos. A unidade experimental, para os três experimentos, foi uma fileira de 5m de comprimento com espaçamento de 1m entre fileiras e 0,20m entre plantas dentro de fileiras.

3.2.4. Análise de variância

As análises dos experimentos 1 e 2, com progênies intrapopulacionais das populações semi-exóticas EE1 e EC4, foram realizadas em blocos casualizados com parcelas subdivididas. Para todos os caracteres avaliados, o modelo matemático utilizado foi:

$$Y_{ijk} = m + b_j + q_k + (bq)_{jk} + p_{i(k)} + e_{ijk}, \text{ onde:}$$

Y_{ijk} : é a observação da progênie i do grupo k no bloco j,
para PG e PE as observações foram corrigidas por
covariância;

m : é a média geral;

b_j : é o efeito do bloco j ($j=1,2,\dots,J$), aleatório;

q_k : é o efeito do grupo k ($k=1,2,\dots,K$), o qual é decomposto
em efeitos entre IG (aleatório), entre S_1 (aleatório) e
IG vs. S_1 (fixo);

$(bq)_{jk}$: é o erro experimental ao nível de parcelas (Erro a),

sendo $(bq)_{jk} \cap N(0, \sigma^2_{bq})$;

$P_{i(k)}$: é o efeito da progênie i ($i=1,2,\dots,I$) dentro do grupo k ($k=1$: IG e $k=2$: S_1), sendo $E(P_{i(1)}) = 0$,

$E(P_{i(1)}^2) = \sigma^2_{IG}$, $E(P_{i(2)}) = 0$ e $E(P_{i(2)}^2) = \sigma^2_{S1}$;

e_{ijk} : é o erro experimental ao nível de subparcelas

(Erro b), sendo $e_{ijk} \cap N(0, \sigma^2_e)$.

Nos experimentos envolvendo progênies de irmãos germanos ao nível interpopulacional, a análise da variância foi realizada em blocos casualizados, sendo avaliado somente o caráter peso de grãos. O modelo matemático utilizado na análise foi :

$$Y_{ij} = m + b_j + p_i + e_{ij} , \text{ onde :}$$

Y_{ij} : é a observação da progênie i no bloco j , para PG as observações foram corrigidas por covariância;

m : é a média geral;

b_j : é o efeito do bloco j ($j=1,2,\dots,J$), aleatório;

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

$$\therefore E(p_i) = 0 \text{ e } E(p_i^2) = \sigma^2_p ;$$

e_{ij} : é o erro experimental associado a progênie i no bloco j , sendo $e_{ij} \cap N(0, \sigma^2)$.

O esquema da análise da variância para os caracteres avaliados nas progênies intrapopulacionais foi:

FV	GL		QM	E(QM)
	EE1	EC4		
Repetições	2	2	QM1	--
Grupos	3	5	QM2	--
Entre IG	1	2	QM3	--
Entre S ₁	1	2	QM4	--
IG vs. S ₁	1	1	QM5	--
Erro a	6	10	QM6	--
Prog/Grupos	156	234	QM7	--
Prog/IG	78	117	QM8	$\sigma^2_{e(IG)} + I \sigma^2_{IG}$
Prog/S ₁	78	117	QM9	$\sigma^2_{e(S_1)} + I \sigma^2_{S_1}$
Erro b	312	468	QM10	σ^2_{eb}
Erro (IG)	156	234	QM11	$\sigma^2_{e(IG)}$
Erro (S ₁)	156	234	QM12	$\sigma^2_{e(S_1)}$

Ao nível de subparcelas, procedeu-se ao desdobramento do QMerro b em relação ao tipo de progênie analisado.

A nível interpopulacional, o esquema utilizado na análise de variância foi :

FV	GL		QM	E(QM)
	EE1 [#]	EC4		
Blocos	2	2	QM1	--
Progênies	63	80	QM2	$\sigma^2 + r \sigma^2_p$
Erro	126	160	QM3	σ^2

População utilizada como fêmea.

3.2.5. Componentes de variância : intrapopulacional

As estimativas da variância genética entre progênies intrapopulacionais foram obtidas como se segue :

$$\hat{\sigma}_{IG}^2 = (QM8 - QM11)/r , \text{ onde } \hat{\sigma}_{IG}^2 \text{ é a estimativa}$$

da variância entre progênies de irmãos germanos ;

$$\hat{\sigma}_{S1}^2 = (QM9 - QM12)/r , \text{ onde } \hat{\sigma}_{S1}^2 \text{ é a estimativa}$$

da variância entre progênies de autofecundação (S_1).

A variância genética entre progênies de irmãos germanos, ao nível intrapopulacional, contém $(1/2) \sigma_A^2 + (1/4) \sigma_D^2$. Por sua vez, para progênies S_1 , os componentes são $\sigma_A^2 + (1/4) \sigma_D^2 + D_1 + (1/8) D_2$ onde :

- σ^2_A : variância genética aditiva ;
 σ^2_D : variância genética dominante ;
 D_1 : covariância entre os efeitos aditivos e dominantes
 nos homozigotos, podendo ser positiva ou negativa ;
 D_2 : variância dos efeitos de dominância nos homozigotos
 (COCKERHAM, 1983).

As variâncias associadas às estimativas das variâncias genéticas foram obtidas de acordo com VELLO & VENCOSKY (1974), considerando-se o tipo de progênie avaliado e seu respectivo erro.

$$\hat{V}(\hat{\sigma}^2_{IG}) = \frac{2}{r^2} \left(\frac{QM_8^2}{n_8+2} + \frac{QM_{11}^2}{n_{11}+2} \right) ; \text{ logo } S_{\hat{\sigma}^2_{IG}} = \sqrt{\hat{V}(\hat{\sigma}^2_{IG})}$$

$$\hat{V}(\hat{\sigma}^2_{eIG}) = \frac{2}{r^2} \left(\frac{QM_{11}^2}{n_{11}+2} \right) ; \text{ logo } S_{\hat{\sigma}^2_{eIG}} = \sqrt{\hat{V}(\hat{\sigma}^2_{eIG})}$$

$$\hat{V}(\hat{\sigma}^2_{s1}) = \frac{2}{r^2} \left(\frac{QM_9^2}{n_9+2} + \frac{QM_{12}^2}{n_{12}+2} \right) ; \text{ logo } S_{\hat{\sigma}^2_{s1}} = \sqrt{\hat{V}(\hat{\sigma}^2_{s1})}$$

$$\hat{V}(\hat{\sigma}^2_{es1}) = \frac{2}{r^2} \left(\frac{QM_{12}^2}{n_{12}+2} \right) ; \text{ logo } S_{\hat{\sigma}^2_{es1}} = \sqrt{\hat{V}(\hat{\sigma}^2_{es1})}$$

Na estimação da variância genética aditiva, para os caracteres com baixa dominância (NE, CE, DE, NR, AP e AE), foi utilizada a hipótese $\sigma^2_D = 0$. Assim, para as progênes de IG tem-se $\hat{\sigma}^2_A = 2\hat{\sigma}^2_{IG}$; e para as progênes S_1 tem-se

$\hat{\sigma}^2_A = \hat{\sigma}^2_{S1}$.Por sua vez, para os caracteres de alta

dominância (PE e PG), foi utilizada a hipótese $\sigma^2_A = \sigma^2_D$.

Nas progênes de IG a estimativa foi obtida por

$\hat{\sigma}^2_A = (4/3) \hat{\sigma}^2_{IG}$; enquanto que para progênes S_1 tem-se

$\hat{\sigma}^2_A = (4/5) \hat{\sigma}^2_{S1} - (4/5)D$, sendo $D = D_1 + \frac{1}{4} D_2$.

Os componentes D_1 e D_2 surgem na variância entre progênes S_1 devido a endogamia (COCKERHAM, 1983).

Desta forma, considerando-se a hipótese $\sigma^2_A = \sigma^2_D$, verifica-se

que $\hat{\sigma}^2_{S1} = (5/4) \hat{\sigma}^2_A + D$ e $\hat{\sigma}^2_{IG} = (3/4) \hat{\sigma}^2_A$. Assim, as

diferenças observadas nas estimativas para os dois tipos de progênes são devidas ao desvio D, o qual foi estimado por :

$$\hat{D} = \hat{\sigma}^2_{S1} - (5/3) \hat{\sigma}^2_{IG}$$

Na medida em que σ^2_D for menor que σ^2_A , o valor de D será superestimado, proporcionalmente. O máximo de superestimação seria quando $\sigma^2_D = 0$, correspondendo a $\frac{1}{2} \sigma^2_D$.

Os erros associados às estimativas das variâncias genéticas aditivas foram obtidos utilizando-se os erros associados às estimativas das variâncias genéticas entre progênies, considerando-se as hipóteses $\sigma^2_D = 0$ e $\sigma^2_A = \sigma^2_D$, comentadas anteriormente.

Em ambas as populações semi-exóticas, EE1 e EC4, a variância genética aditiva foi estimada por dois tipos de progênies (IG e S₁); decidiu-se, então, para os caracteres de baixa dominância, reuni-las em uma estimativa média da variância genética aditiva a fim de efetuarem-se algumas comparações entre as populações. Para tanto, obteve-se uma média ponderada pelo inverso das variâncias associadas às estimativas da $\hat{\sigma}^2_{A_{SI}}$ e $\hat{\sigma}^2_{A_{IG}}$.

A estimativa da variância genética aditiva média foi obtida como se segue :

$$\overline{\sigma^2_A} = \frac{K_1 \hat{\sigma}^2_{A_{SI}} + K_2 \hat{\sigma}^2_{A_{IG}}}{K_1 + K_2}$$

onde, $K_1 = 1/V(\hat{\sigma}^2_{A_{SI}})$ e $K_2 = 1/V(\hat{\sigma}^2_{A_{IG}})$.

A variância da estimativa da variância genética aditiva média foi obtida por :

$$\hat{V}(\overline{\sigma^2}_A) = \frac{K_1^2 V(\hat{\sigma}^2_{A_{SI}})}{(K_1+K_2)^2} + \frac{K_2^2 V(\hat{\sigma}^2_{A_{IG}})}{(K_1+K_2)^2} , \text{ logo } s_{\overline{\sigma^2}_A} = \sqrt{\hat{V}(\overline{\sigma^2}_A)}$$

3.2.6. Componentes de variância : interpopulacional

Ao nível interpopulacional, a estimativa da variância genética entre progênieis foi obtida, a partir do esquema apresentado no item 3.2.4. por

$$\hat{\sigma}^2_p = (QM2 - QM3)/r. \text{ A variância da estimativa da variância}$$

entre progênieis foi obtida de acordo com VELLO & VENCovsky (1974) como se segue :

$$\hat{V}(\hat{\sigma}^2_p) = \frac{2}{r^2} \left(\frac{QM_2^2}{n_2+2} + \frac{QM_3^2}{n_3+2} \right) , \text{ logo } s_{\hat{\sigma}^2_p} = \sqrt{\hat{V}(\hat{\sigma}^2_p)}$$

Para a obtenção das estimativas da variância genética aditiva foram consideradas duas hipóteses : $\sigma^2_A = \sigma^2_D$ e $\sigma^2_D = 0$; com este artifício tem-se o intervalo de variação da σ^2_A ao nível interpopulacional. Os erros associados às estimativas das variâncias interpopulacionais foram obtidos considerando-se as hipóteses acima mencionadas.

3.2.7. Depressão por endogamia

A depressão por endogamia foi avaliada como se segue:

$$I = m_{s1} - m_{so} \quad \text{e} \quad I\% = 100 (m_{s1} - m_{so})/m_{so}, \text{ onde}$$

m_{s1} : média das progênies S_1 ;

m_{so} : média das progênies de irmãos germanos.

Obteve-se uma estimativa da depressão por endogamia devido ao aumento de 1% no coeficiente de endogamia através da relação $I_{1\%} = I/50$. Além disso, foram estimadas as contribuições relativas dos homozigotos (u+a) e dos heterozigotos (d) como se segue:

$$u+a = 2m_{s1} - m_{IG} \quad \text{e} \quad d = -2I.$$

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Avaliação geral das progênies intrapopulacionais

Os valores médios obtidos para os caracteres número de espigas (NE), peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG), nas duas populações semi-exóticas, referentes aos dois tipos de progênies (IG e S_1) e as testemunhas, encontram-se na Tabela 07.

Para o caráter NE da população ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1 (EE1), as progênies S_1 apresentaram em média 6,7 espigas/parcela e as progênies de IG 12,4 espigas/parcelas; isto correspondeu, respectivamente, a 42,7% e 79,0% da média apresentada pela testemunha. Na população ESALQ-PB1 x CRAVO 4 (EC4) a média das progênies S_1 foi de 9,2 espigas/parcela e das progênies de IG foi de 13,4 espigas/parcela, correspondendo a 58,2% e 84,8% da média constatada para a testemunha, respectivamente. Deve-se ressaltar que a parcela experimental utilizada foi de 3m², assim o estande "ideal" nos experimentos foi de 15 plantas/parcela.

Para peso de espigas (PE) os valores médios encontrados na população EE1 foram 52,5; 95,2 e 179,3 gramas/planta (g/pl) para progênies S_1 , progênies de IG e

testemunha, respectivamente (Tabela 07). Considerando-se uma densidade de 50.000 pl/ha, estes valores, em t/ha, equivalem a 2,6; 4,8 e 9,0. Em relação a média da testemunha, as progênies S_1 produziram 29,3% e às de IG 53,1%. Na população EC4, as médias foram 73,6; 133,6 e 170,5 g/pl, para as progênies S_1 , de IG e testemunha; equivalendo, em t/ha, a 3,7; 6,7 e 8,5, respectivamente. As progênies S_1 produziram 43,1% em relação a média da testemunha, enquanto que nas progênies de IG, esse valor foi de 78,4%.

Para o caráter peso de grãos (PG), verificou-se na população EE1, uma média de 41,3 g/pl para as progênies S_1 e de 76,8 g/pl para as progênies de IG (Tabela 07); estes valores correspondem a 28,1% e 52,3% da média apresentada pela testemunha, respectivamente. Considerando-se uma densidade de 50.000 pl/ha, estes valores equivalem a 2,1 e 3,8 t/ha. Para a população EC4, as progênies S_1 e de IG apresentaram médias de 58,3 e 109,4 g/pl, respectivamente. Estes valores corresponderam a 41,8% e 78,5% da média da testemunha, equivalendo, em t/ha, a 2,9 e 5,5.

Observando-se a distribuição das médias destas populações, Figuras 01, 02 e 03, para os dois tipos de progênies (S_1 e IG), verifica-se que a população EC4 apresentou médias superiores a população EE1, para os caracteres NE, PE e PG. Entretanto, a população EE1 mostrou maior amplitude de variação para os três caracteres, fato que evidencia uma maior variabilidade genética em EE1.

Os valores médios obtidos para os caracteres estande (ES), altura de planta (AP) e altura de espiga (AE), relativos aos dois tipos de progênies, são apresentados na Tabela 08.

Para a população EE1, as médias das progênies S_1 (11,4 plantas/parcela) e das progênies de IG (14,1 plantas/parcela) para o caráter estande (ES), corresponderam, respectivamente, a 81,0% e 100,1% da média apresentada pela testemunha. Em EC4 as médias das progênies S_1 e de IG foram 13,0 e 14,4 plantas/parcela, correspondendo a 86,8% e 96,3% em relação a média da testemunha, respectivamente. Considerando que a unidade experimental utilizada foi de $3m^2$, o que implica em um estande "ideal" de 15 plantas, nota-se que as médias das progênies de IG foram equivalentes a do híbrido comercial e que nas progênies S_1 esse valor não foi muito inferior. A variação do ES pode ser melhor visualizada através da distribuição de médias deste caráter na Figura 04.

Quanto a altura de planta (AP), as médias de progênies foram de 231,9 cm/planta (cm/pl) para S_1 e 268,7 cm/pl para IG, na população EE1. Em relação a média da testemunha, os respectivos valores corresponderam a 94,6% e 109,6%. Na população EC4, essas médias foram 237,8 e 272,8 cm/pl, correspondendo a 96,2% e 110,4% da média da testemunha.

Para o caráter altura de espiga (AE), na

população EE1, as médias das progênies S_1 e IG foram 143,1 e 170,2 cm/pl, respectivamente. Ambas superaram a média apresentada pela testemunha, sendo este acréscimo de 5,6% e 25,6%, respectivamente. A população EC4 mostrou a mesma tendência, com médias de progênies S_1 149,4 cm/pl e para progênies de IG 174,2 cm/pl, sendo 8,1% e 26,0% superiores em relação a média da testemunha, respectivamente.

Na literatura sobre populações semi-exóticas são encontrados resultados médios para AP e AE que apresentam valores mais altos (GOODMAN, 1965; SHAUMAN, 1971) ou mais baixos (TROYER & BROWN, 1972; GENTER, 1976) que as médias da população melhorada, dependendo dos germoplasmas exóticos que participaram nos cruzamentos e da população utilizada.

Avaliando as mesmas populações, porém com outra amostra da raça Cravo e comparando com a população adaptada e melhorada ESALQ-PB1, SANTOS et alii (1990) observaram redução na altura de planta e altura de espiga na população EC e um aumento em ambos os caracteres na população EE, quando comparadas com a população melhorada. Pela distribuição das médias os autores salientaram que existe potencial genético, em ambas as populações, para selecionar famílias com AP e AE mais baixas.

As Figuras 05 e 06, apresentam a distribuição das médias dos caracteres AP e AE, de ambas as populações, considerando-se os dois tipos de progênies. Os resultados evidenciaram a possibilidade de selecionar genótipos segre-

gantes para reduzir a altura de planta e altura de espiga através do uso de poligenes.

Os valores médios obtidos nas duas populações para os caracteres diâmetro de espiga (DE), comprimento de espiga (CE) e número de ramificações do pendão (NR), são apresentados na Tabela 09.

Na população EE1, a média das progênes S_1 para DE foi de 3,2 cm/espiga e para as progênes de IG 3,9 cm/espiga. Esses valores corresponderam, respectivamente, a 72,5% e 87,5% da média apresentada pela testemunha. Valores superiores em ambos os tipos de progênes foram constatados na população EC4, sendo de 3,9 cm/espiga para S_1 e 4,5 cm/espiga para IG, os quais corresponderam, respectivamente, a 88,8% e 101,3% da média da testemunha. SANTOS (1985) utilizando progênes de meios irmãos obteve valores semelhantes para o caráter DE, com médias de 4,0 e 4,5 cm/espiga, para as populações EE e EC, respectivamente, sendo que a introgressão de genes exóticos foi capaz de alterar as médias deste caráter.

A distribuição das médias do DE para os dois tipos de progênes, de ambas as populações, mostrou potencialidade genética para a prática de seleção visando aumentar o DE (Figura 07).

Para o caráter comprimento de espiga (CE) as progênes S_1 da população EE1 apresentaram em média 14,2 cm/espiga, enquanto que nas progênes de IG a média foi de

17,4 cm/espiga (Tabela 09); estes valores foram equivalentes a 75,9% e 93,3%, respectivamente, da média constatada para a testemunha. As progênies S_1 e de IG da população EC4 apresentaram médias inferiores às da população EE1, sendo essas médias, respectivamente, de 13,9 e 16,5 cm/espiga; as quais corresponderam a 73,4% e 87,2% da média verificada para a testemunha. A Figura 08 apresenta a distribuição de médias para o CE de ambas as populações.

As raças Entrelaçado e Cravo apresentam, respectivamente, em média 29,2 e 15,5 cm/espiga para o caráter CE (PATERNIANI & GOODMAN, 1977). Nos resultados obtidos verificou-se uma redução na população EE1 de 40,3% e um aumento de 6,6% na população EC4, em relação as médias originais das raças Entrelaçado e Cravo, respectivamente. SANTOS (1985) obteve resultados similares para a população EE, com redução de 41,2% na média do comprimento de espiga em relação a raça Entrelaçado. O autor salientou que tal diminuição, na média das populações semi-exóticas, foi compensada por um acréscimo considerável no número de grãos por fileira. CORTEZ-MENDOZA & HALLAUER (1979) e SALAZAR & HALLAUER (1986) após 10 e 15 ciclos, respectivamente, de seleção massal divergente para comprimento de espiga, verificaram que a seleção indireta baseada no comprimento de espiga não foi eficaz para aumentar a produção de grãos.

O caráter número de ramificações do pendão (NR) apresentou média de 29,1 e 36,2 ramificações/planta para as

progênes S_1 e de IG, respectivamente, na população EE1. Em relação a testemunha esses valores corresponderam a 128,5% e 159,6%. Na população EC4, as progênes S_1 e de IG apresentaram, respectivamente, 25,1 e 28,7 ramificações/ planta em média; correspondendo a 102,5% e 117,4% da média apresentada pela testemunha (Tabela 09).

Os resultados obtidos para o NR apresentaram médias superiores as constatadas por SANTOS (1985). Entretanto, esse aumento é um fator desfavorável para a produção do milho, visto que na literatura são relatados efeitos benéficos para plantas com pendões menores (MOCK & SCHUETZ, 1974; GERALDI, 1977; PATERNIANI, 1981). Embora as médias em ambas as populações tenham sido elevadas, pode-se verificar pela distribuição das mesmas (Figura 09), segregantes com potencialidade para a prática de seleção visando diminuir o número de ramificações do pendão.

As populações EE1 e EC4 completaram o terceiro ciclo de seleção, sendo avaliadas no primeiro e segundo ciclos por progênes de meios irmãos e no terceiro por progênes de irmãos germanos. No Apêndice 1 encontram-se as médias das progênes e a porcentagem em relação à testemunha (Cargill-511), para os vários caracteres avaliados nos três ciclos de seleção.

Na população EE1, os caracteres PE e PG, mantiveram-se praticamente inalterados ao longo dos ciclos. Na síntese desta população observou-se considerável segrega-

ção para tipo de grão farináceo, o que exigiu inicialmente, forte seleção para uniformização deste caráter (MIRANDA FILHO - Comunicação pessoal). Outro fator é a incipiente adaptação da raça Entrelaçado para a região Centro-Sul (PATERNIANI & GOODMAN, 1977). Quando o germoplasma exótico não é adaptado para um determinado local, um ou dois retrocruzamentos para o material adaptado são necessários (CROSSA *et alii*, 1987; MUNGOMA & POLLAK, 1988).

Verificou-se uma redução no caráter AP após três ciclos de seleção, com relação a média apresentada pela testemunha. Para os caracteres DE, CE e NR, não foram constatados progressos ao longo dos ciclos, uma vez que foi dada maior ênfase para seleção quanto ao tipo de grão.

Na população EC4 os caracteres PE e PG apresentaram médias maiores que na população EE1; foi observado, também, um aumento em relação a porcentagem da média da testemunha ao longo dos ciclos, com exceção do segundo ciclo para PG (Apêndice 1). De acordo com PATERNIANI & GOODMAN (1977) a raça Cravo Riograndense não possui valor comercial por apresentar grãos longos e estreitos. Entretanto, com a incorporação de 50% do germoplasma de ESALQ-PB1 verificou-se, ao longo dos ciclos, um incremento no aspecto e qualidade dos grãos. Avaliando outra amostra da raça Cravo com a população melhorada ESALQ-PB1, SANTOS (1985) enfatizou a possibilidade de utilização da população EC para programas de melhoramento a curto prazo, enquanto que EE seria recomendada para

programas a longo prazo.

Os caracteres AP e AE apresentaram médias mais elevadas em relação a média da testemunha no terceiro ciclo. Deve-se ressaltar que a seleção concentrou-se no tipo de grão e na produção, assim, na continuidade deste programa, maior ênfase deverá ser dada para estes caracteres. Para os caracteres DE, CE e NR, não foram constatadas alterações nas médias em relação ao ciclo inicial, uma vez que não foi praticada seleção direta para os mesmos.

Embora as populações EE1 e EC4 não tenham apresentado médias muito atrativas em termos de utilização imediata em programas de melhoramento, elas podem ser portadoras de outros alelos que não são fenotípica ou visualmente detectáveis; os alelos para resistência a doenças e pragas, tolerância a seca ou capacidade de extração de íons, somente poderão se manifestar durante o processo de seleção quando o ambiente for apropriado para sua expressão (SANTOS & MIRANDA FILHO, 1992). Acredita-se que com a continuidade deste programa, os alelos favoráveis possam ser captados via seleção recorrente, haja vista o nível de variabilidade genética detectada em ambas as populações semi-exóticas.

4.2. Depressão por endogamia

Nas Tabelas 10 e 11, são apresentadas as estimativas de depressão por endogamia (I), porcentagem em relação a população não endógama (I%), depressão na média

fenotípica pelo aumento de 1% no coeficiente de endogamia ($I_{1\%}$), contribuição relativa dos homozigotos ($u+a$) e dos heterozigotos (d), para os nove caracteres avaliados nas populações EE1 e EC4, respectivamente.

Para o caráter NE verificou-se uma maior depressão por endogamia na população EE1, sendo de 46,0% a porcentagem em relação a população não endógama; para EC4 este valor foi de 31,3%. A depressão pelo aumento de 1% no coeficiente de endogamia foi semelhante para ambas as populações; por sua vez a contribuição relativa dos heterozigotos foi mais acentuada para o caráter NE, principalmente em EE1.

No caráter PE nota-se que as populações EE1 e EC4 foram igualmente afetadas pela endogamia; embora as porcentagens em relação a população não endógama tenham sido semelhantes (44,8% para EE1 e 45,0% para EC4), as progênies de IG em EC4 foram muito superiores (6,7 t/ha) em relação as progênies de IG em EE1 (4,8 t/ha). Para PG verificou-se fato semelhante quanto a depressão endogâmica, sendo constatadas progênies de IG em EC4 superiores as progênies da população EE1. Estes resultados estão de acordo com os apresentados por SANTOS (1985), os quais evidenciaram uma superioridade da população EC sobre EE, em dois locais, para os caracteres PE e PG.

Em EE1, as depressões com o aumento de 1% no coeficiente de endogamia, para PE e PG foram, respectiva-

mente, 0,8 e 0,7 g/pl; para EC4 estes valores foram um pouco superiores, sendo 1,2 para PE e 1,0 para PG. O levantamento realizado por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) constatou um decréscimo médio de 1,2 g/pl para o aumento de 1% na homozigose para produção de grãos, com intervalo de variação entre 0,8 a 1,4 g/pl. Todas as estimativas de $I_{1\%}$, com exceção de PG em EE1, encontram-se dentro dos limites acima. Deve-se ressaltar que a redução na produção de grãos devida ao aumento da porcentagem de homozigose obedece uma relação linear (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

A contribuição relativa dos heterozigotos foi muito superior em relação aos homozigotos, tanto para PE quanto para PG. Segundo LIMA *et alii* (1984) para um modelo simples sem epistasia, onde a contribuição de ambos os homozigotos para a média é positiva, espera-se que os valores de $u+a$ sejam superiores aos valores de d para qualquer nível de dominância ou frequência gênica. Desta forma, valores elevados de $u+a$ são indicativos do potencial das populações como fonte de linhagens com alta produção.

As estimativas de $u+a$ nas populações EE1 e EC4 foram baixas. Entretanto, estimativas negativas de $u+a$ foram relatadas por LIMA *et alii* (1984). Os autores relacionaram alguns fatores para explicar tais estimativas, entre eles: a existência de genes recessivos deletérios e a ocorrência de epistasia.

No caráter ES a depressão por endogamia foi

maior em EE1 (19,2%) que em EC4 (9,8%). As estimativas de $I_{1\%}$ para ambas as populações foram semelhantes às obtidas por GOOD & HALLAUER (1977) e situaram-se abaixo da média (0,08) relatada por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988). A contribuição relativa dos homozigotos foi mais efetiva, sendo consideravelmente superior na população EC4.

As depressões por endogamia para os caracteres AP e AE foram, respectivamente, 13,7% e 15,9% na população EE1, enquanto que em EC4 os valores foram de 12,8% e 14,2%. Os efeitos da endogamia nesses caracteres não foram muito acentuados. LIMA *et alii* (1984), em estudo envolvendo 32 populações brasileiras, encontraram um intervalo de variação para a depressão endogâmica variando entre 6,6% a 20,3% para AP e de 6,9% a 27,4% para AE, após uma geração de autofecundação.

Os valores de $I_{1\%}$ para AP e AE foram semelhantes para ambas as populações semi-exóticas e um pouco superiores a média de 15 estimativas relatadas por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988). Quanto a contribuição dos homo e heterozigotos nos caracteres AP e AE, constatou-se maior influência dos homozigotos. As estimativas obtidas para $u+a$, em EE1 e EC4, foram superiores a média de 32 populações brasileiras avaliadas por LIMA *et alii* (1984).

Para o caráter DE a depressão endogâmica foi maior na população EE1 (17,1%) que em EC4 (12,4%). Os valores de $I_{1\%}$ foram iguais para ambas as populações e de mesma

magnitude em relação aos obtidos por GOOD & HALLAUER (1977). Nas duas populações foi constatada maior influência dos homozigotos.

A depressão por endogamia em CE apresentou a mesma tendência do caráter DE. A população EE1 (18,7%) foi mais influenciada pela autofecundação que EC4 (15,8%). O aumento de 1% na homozigose reduz o CE, em ambas as populações, na mesma intensidade; verificou-se, também, maior contribuição dos homozigotos para este caráter. As estimativas obtidas para $I_{1\%}$, para o caráter CE, foram superiores às relatadas por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988).

Após uma geração de autofecundação o caráter NR apresentou maior depressão endogâmica em EE1 (19,4%) que em EC4 (12,7%). Neste caráter a contribuição dos homozigotos foi predominante, principalmente na população EC4. A redução no NR em EE1, pelo aumento de 1% no coeficiente de endogamia, foi o dobro da verificada na população EC4.

De uma maneira geral, a depressão endogâmica foi mais pronunciada na população EE1, com os caracteres NE, DE, CE, NR, ES, AP e AE, apresentando valores superiores aos verificados na população EC4. KASSOUF & MIRANDA FILHO (1986) observaram a ocorrência de variabilidade quanto aos efeitos da endogamia para esses caracteres, através das distribuições de médias de linhagens S_1 e progênies de irmãos germanos da população ESALQ-PB1. Para os caracteres PE e PG, os resultados obtidos para depressão por endogamia encontram-se dentro

do intervalo de variação constatado em diversas populações brasileiras e introduzidas (GERALDI & VENCovsky, 1980; VIANNA *et alii*, 1982; VALOIS & MIRANDA FILHO, 1984b).

4.3. Avaliação geral das progênies interpopulacionais

Deve-se ressaltar que, para as progênies interpopulacionais o único caráter avaliado experimentalmente foi o peso de grãos (PG). Consequentemente, a comparação entre progênies intra e interpopulacionais, em termos de médias e estimativas dos parâmetros genéticos, ficará restrita a este caráter.

É oportuno salientar, também, que as avaliações das progênies intra e interpopulacionais foram realizadas em anos e locais diferentes; portanto, as comparações das médias e das estimativas dos parâmetros genéticos, servem apenas como um balizamento para trabalhos futuros, uma vez que as estimativas tendem a ser bastante influenciadas por interações ambientais (locais e anos).

Na Tabela 18 são apresentadas as médias dos três experimentos com progênies de irmãos germanos interpopulacionais. Estes experimentos desenvolveram-se sob condições climáticas desfavoráveis, as quais influenciaram as médias obtidas.

Quando a população EE1 foi utilizada como fêmea a média obtida foi de 52,6 g/pl, equivalendo a 2,6 t/ha, considerando-se uma densidade de 50.000 pl/ha. Por outro

lado, nos dois experimentos utilizando a população EC4 como fêmea, as médias obtidas foram 53,0 e 47,0 g/pl, equivalendo a 2,6 e 2,4 t/ha, respectivamente, considerando-se a mesma densidade acima mencionada. Comparando-se as médias apresentadas pelas progênies interpopulacionais com a média do híbrido duplo comercial Cargill- 511, nota-se que as progênies foram 8,3% menos produtivas quando EE1 foi utilizada como fêmea; nos experimentos onde EC4 participou como progenitor feminino esta redução foi de 3,0% e 11,8%, respectivamente.

A média do híbrido interpopulacional entre as populações semi-exóticas, independentemente da população utilizada como fêmea, pode ser expressa pela equação $\frac{1}{4} E + \frac{1}{4} (E \times C4) + \frac{1}{4} (E \times E1) + \frac{1}{4} (E1 \times C4)$. Nesta expressão, com exceção de E que representa a população ESALQ-PB1, os demais componentes representam os híbridos F_1 entre as populações. Nota-se que a população melhorada e adaptada (E) contribui apenas com 25% desse valor, enquanto que os outros 75% são função dos híbridos entre ESALQ-PB1 (E), ENTRELAÇADO 1 (E1) e CRAVO 4 (C4). Como as médias apresentadas pelos híbridos foram muito próximas da testemunha, um considerável efeito heterótico deve estar contido nos híbridos entre as populações utilizadas.

Como enfatizou SOUZA JÚNIOR (1981), o comportamento de um híbrido interpopulacional representa o comportamento médio de todos os possíveis híbridos simples

provenientes do cruzamento entre linhagens das duas populações parentais, pois os genes das linhagens, que gerarão híbridos simples, são funções das frequências destes genes nas variedades de onde foram obtidas. Consequentemente, se um híbrido interpopulacional for muito produtivo, espera-se obter híbridos (simples, duplos e triplos) selecionados que excedam consideravelmente o híbrido interpopulacional.

Nesse sentido, como as produtividades dos híbridos interpopulacionais foram apenas 8,3% (EE1 como fêmea), 3,0% e 11,8% (EC4 como fêmea) inferiores ao híbrido duplo comercial Cargill-511, conclui-se que as duas populações são materiais promissores para a obtenção de híbridos, pois existem possibilidades de serem selecionados híbridos de linhagens com razoável potencial produtivo.

4.4. Análises de variância

4.4.1. Progênies intrapopulacionais

4.4.1.1. População EE1 (ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1)

As significâncias dos quadrados médios (teste F) detectadas nas análises de variância em parcelas subdivididas, a média geral e os coeficientes de variação (CVa% e CVb%), para os nove caracteres avaliados na população EE1, são apresentados nas Tabelas 12, 13 e 14. Deve-se salientar que, em decorrência do número de graus de liberdade (G.L.) do erro b ser relativamente elevado, foi desconsiderada a perda

de 1 G.L. para os caracteres PE e PG, ajustados por covariância.

Ao nível de parcelas, foram observadas diferenças altamente significativas entre os grupos para todos os caracteres. Os grupos de irmãos germanos (IG) diferiram entre si para os caracteres NE, CE e NR, ao nível de 5% de probabilidade, e, para PE, PG e DE, ao nível de 1% de probabilidade. Entre os grupos de progênes S_1 verificaram-se diferenças significativas para o CE e NR, e, altamente significativas para o ES e DE. A comparação entre os grupos (IG vs. S_1) foi altamente significativa para todos os caracteres estudados, indicando que houve um comportamento diferenciado entre os grupos de IG e de progênes S_1 . Esse resultado era esperado, uma vez que a consequência imediata da endogamia é a redução dos valores fenotípicos, mostrado pelos caracteres envolvidos com a capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica (FALCONER, 1960).

Ao nível de subparcelas, os quadrados médios das fontes de variação progênes/IG e progênes/ S_1 , foram testados com seus respectivos erros. Assim, foi necessário proceder ao desdobramento do QMerro b em relação ao tipo de progênie analisado. Foram detectadas diferenças altamente significativas entre progênes dentro de grupos para os nove caracteres. Como os genótipos foram reunidos em grupos e avaliados através de dois tipos de progênes (IG e S_1), pode-se constatar a presença de variância genética aditiva em

ambos os tipos de progênies. As progênies de IG apresentaram diferenças altamente significativas para todos os caracteres, exceto para o ES, onde não foi detectada significância. De forma análoga, as progênies de autofecundação (S_1), também apresentaram diferenças altamente significativas para todos os caracteres em estudo. Tais diferenças indicam uma possibilidade de sucesso tanto no melhoramento da população semi-exótica per se, quanto na obtenção de linhagens mais produtivas para síntese de híbridos, caso os programas de melhoramento tenham continuidade.

Em geral, o desvio padrão (a) está associado a um menor número de graus de liberdade que o (b); assim os efeitos dos tratamentos testados nas subparcelas são determinados com maior precisão do que os efeitos dos tratamentos nas parcelas (KEMPTHORNE, 1975). Os coeficientes de variação (CVa% e CVb%) observados encontram-se dentro dos limites aceitáveis para a experimentação agrícola em milho. Nos caracteres NE, PE e PG, esses valores foram um tanto elevados. Isto ocorreu devido as médias apresentadas terem sido relativamente baixas para estes caracteres.

4.4.1.2. População EC4 (ESALQ-PB1 x CRAVO 4)

As significâncias dos quadrados médios (teste F) das análises de variância em parcelas subdivididas, a média geral e os coeficientes de variação (CVa% e CVb%), para os nove caracteres avaliados na população EC4, são apresenta-

dos nas Tabelas 15, 16 e 17.

Nota-se, ao nível de parcelas, que os grupos apresentaram diferenças ao nível de 1% de probabilidade para todos os caracteres. Foi constatada diferença entre os grupos de IG para os caracteres NE, PG e ES ao nível de 5% de probabilidade. Entre os grupos de progênes S_1 , verificou-se diferença altamente significativa para ES e DE, e, significativa para CE. A comparação entre os dois grupos (IG vs. S_1) apresentou significância ao nível de 1% de probabilidade, indicando que os grupos comportaram-se de maneira diferenciada para todos os caracteres.

Ao nível de subparcelas, procedeu-se ao desdobramento do QMerro b de maneira análoga à realizada na população EE1. Em todos os caracteres foram constatadas diferenças altamente significativas para progênes dentro de grupos, evidenciando a presença de variabilidade genética aditiva nos diferentes tipos de progênes avaliados. As progênes de IG diferiram entre si, ao nível de 1% de probabilidade, para oito dos nove caracteres, sendo que no caráter ES, a diferença foi constatada ao nível de 5% de probabilidade. As progênes S_1 apresentaram diferenças altamente significativas para todos os caracteres. As significâncias dos testes F evidenciam a grande variação existente na população EC4 e a possibilidade de resultados promissores através do melhoramento intrapopulacional ou pela seleção de linhagens mais produtivas para produção de

híbridos.

Os coeficientes de variação (CVa% e CVb%) observados na população EC4, estão dentro dos limites aceitáveis da experimentação agrícola, e, foram inferiores para todos os caracteres comparativamente aos apresentados pela população EE1. Percebe-se que, em geral, as médias obtidas para a população EC4 foram superiores às da população EE1, com exceção dos caracteres CE e NR.

4.4.2. Progênie interpopulacionais

As análises de variância individuais e agrupada das progênie de irmãos germanos interpopulacionais, como também, as respectivas médias e coeficientes de variação são apresentados na Tabela 18. Foram detectadas diferenças significativas entre as progênie, independentemente da população utilizada como fêmea.

Os coeficientes de variação dos experimentos foram 22,6%, 21,0% e 19,9%, quando EE1 e EC4 (dois experimentos) foram utilizadas como fêmea, respectivamente.

Diferenças altamente significativas foram constatadas na análise agrupada das progênie de irmãos germanos interpopulacionais, as quais evidenciam presença de variabilidade genética (Tabela 18).

A seleção recorrente recíproca (SRR) é uma metodologia que visa melhorar a resposta heterótica entre duas populações, utilizando-se dos vários tipos de ação

gênica conjuntamente (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1987; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

Conforme salientado por VENCOVSKY (1987), a seleção recorrente recíproca explora somente a capacidade geral de combinação nos locos sem dominância e nos locos em que as frequências alélicas são iguais nas duas populações. Nos locos com algum grau de dominância e com frequências alélicas contrastantes, além da capacidade geral de combinação ela também explora a capacidade específica de combinação, através dos efeitos gênicos não aditivos.

Entre as considerações feitas por SANTOS (1985), com referência as populações semi-exóticas EE e EC, foi sugerido o aproveitamento destas para obtenção de linhagens, as quais poderiam resultar em híbridos bem promissores, em função da divergência genética existente nas sub-populações.

Com a evolução dos métodos de melhoramento genético de populações, surgiram algumas metodologias envolvendo a combinação de diferentes tipos de progênies. O emprego de progênies de irmãos germanos com autofecundação simultânea das plantas S_0 (HALLAUER, 1967; LONNQUIST & WILLIAMS, 1967), foi sugerido com o objetivo de reduzir o tempo necessário para obtenção de milho híbrido e, também, tem sido utilizado para seleção recorrente recíproca (HALLAUER & EBERHART, 1970). Os procedimentos são bastante semelhantes; entretanto, quando se visa a obtenção de

híbridos, não existe a fase de recombinação. Após a avaliação das progênes de IG, as sementes S_1 correspondentes as melhores progênes são plantadas aos pares, efetuando-se novamente os cruzamentos (S_1 de A são cruzadas com S_1 de B) e autofecundação das plantas envolvidas nos cruzamentos. No ano seguinte as progênes de IG ($S_{1A} \times S_{1B}$) são avaliadas em ensaios de produção e o processo se repete até que seja atingido o grau de endogamia desejado nas linhagens (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1987).

Esta metodologia pode ser empregada nas populações semi-exóticas EE1 e EC4, uma vez que a obtenção de híbridos e o melhoramento recíproco podem ser conduzidos simultaneamente. A fase de avaliação das progênes $S_0 \times S_0$ é comum aos dois esquemas. Posteriormente, as progênes S_1 são utilizadas para cruzamento aos pares e autofecundação no programa de híbridos. As sementes das mesmas progênes S_1 são utilizadas, simultaneamente, para recombinação e obtenção das populações AI e BI, no esquema de seleção recorrente recíproca (SRR). Neste ponto, os programas tornar-se-iam independentes; entretanto, a cada ciclo de SRR, pode-se iniciar um novo programa de obtenção de híbridos, dando um aspecto dinâmico e contínuo ao programa. Como salientaram PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987), isto é desejável porque as possibilidades de obtenção de híbridos superiores aumentam nos ciclos avançados de seleção recorrente recíproca.

4.5. Estimativas de parâmetros genéticos

4.5.1. Progênies intrapopulacionais

As estimativas da variância genética entre famílias S_1 , de IG e da variância ambiental correspondentes aos dois tipos de progênies, para oito dos nove caracteres avaliados nas populações ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1 (EE1) e ESALQ-PB1 x CRAVO 4 (EC4), encontram-se nas Tabelas 19 e 20, respectivamente. Para o caráter ES não foram obtidas tais estimativas.

A população EE1 apresentou estimativas da variância genética entre famílias (S_1 e IG) superiores às da população EC4, para todos os caracteres, com exceção dos caracteres AP e AE, quando avaliados através de progênies de irmãos germanos. As estimativas obtidas com progênies S_1 , para os caracteres NE, AP, AE, DE e CE, foram superiores às obtidas com progênies de irmãos germanos em ambas as populações.

Estes resultados estão de acordo com o esperado, visto que a endogamia conduz a um aumento da variância genética aditiva entre progênies (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1987; MARQUES, 1988). Entretanto, para os caracteres NR, PE e PG, as estimativas obtidas com progênies de IG superaram as obtidas com progênies S_1 . Esse comportamento pode ser explicado pelo fato de que, entre os componentes da variância genética entre progênies S_1 , encontram-se os desvios D_1 e $(1/8) D_2$. Segundo COCKERHAM (1983), D_1 é a covariância entre

os efeitos aditivos e dominantes nos homozigotos e D_2 é a variância dos efeitos de dominância nos homozigotos. Como D_1 é uma covariância, este desvio pode ser positivo ou negativo; conseqüentemente, com D_1 negativo, é possível que a variância entre progênies S_1 seja inferior às obtidas com progênies não endógamas.

A partir das estimativas contidas nas Tabelas 19 e 20, estimaram-se as respectivas variâncias genéticas aditivas, conforme procedimento descrito no item 3.2.5., para as populações EE1 e EC4, as quais são apresentadas na Tabela 21.

Em se tratando de comparações entre diferentes populações, com possíveis discrepâncias na relação peso de espigas : peso de grãos, SANTOS (1985) enfatizou a necessidade de se discutir cada um dos caracteres separadamente, a fim de mostrar as diferenças de estimativas existentes entre eles, bem como para mostrar a conveniência de tal procedimento aos futuros trabalhos que envolvam comparações desta natureza.

Conforme salientado no item 3.2.5., para os caracteres avaliados que apresentam alta dominância (PE e PG), procedeu-se a estimativa da variância genética aditiva para as progênies de irmãos germanos e de autofecundação, considerando-se apenas a hipótese $\sigma^2_A = \sigma^2_D$.

Com relação ao caráter peso de espigas (PE), a estimativa da variância genética aditiva para as progênies de

IG, em (gramas / planta)², da população EE1 (559,44 $\pm$ 122,44) foi superior em 1,68 vezes em relação a estimativa da população EC4 (333,08 $\pm$ 73,68). Utilizando as mesmas populações, porém com outra amostra da raça Cravo e avaliando progênies de meios irmãos em dois locais, SANTOS (1985) verificou a superioridade da estimativa da população EE em relação à população EC, a qual foi aproximadamente de 1,52 vezes.

De acordo com HALLAUER (1978), o procedimento mais comum em estudos com germoplasmas exóticos tem sido a realização de cruzamentos entre exóticos e adaptados. Através destes cruzamentos pode-se detectar heterose nas populações semi-exóticas resultantes, como também quantificar os efeitos da incorporação de caracteres com alta herdabilidade via seleção massal. Em vários trabalhos visando aumentar a produção, conduzidos por seleção massal, foram observados resultados mais favoráveis em populações semi-exóticas do que em populações adaptadas (WELLHAUSEN, 1965; GENTER, 1976; COMPTON et alii, 1979; HANSON & JOHNSON, 1981). Para peso de grãos, GENTER (1976) relatou um ganho de 171% em um composto formado a partir de 25 raças, verificando-se inclusive redução na altura de planta e de espiga.

SUBANDI & COMPTON (1974) e MOLL & SMITH (1981), obtiveram resultados experimentais sobre a potencialidade de populações semi-exóticas para fins de melhoramento, sendo constatada maior importância da variância genética aditiva e

destacando as possibilidades de sucesso com a seleção. Após cinco ciclos de seleção com irmãos germanos, MOLL & SMITH (1981) relataram uma estimativa de 728,50 (gramas/planta)² para a variância genética aditiva da população semi-exótica Indian Chief x Diente de Caballo. Comparando-se esta estimativa com a obtida por MOLL & ROBINSON (1966) para a população adaptada Indian Chief (222,20), nota-se a considerável superioridade e potencialidade da população semi-exótica.

Para se ter uma idéia da magnitude das estimativas da variância genética aditiva obtidas para as populações semi-exóticas EE1 e EC4, procurou-se compará-las com estimativas obtidas recentemente para diversas populações de milho no Brasil (Tabela 01). Assim, pode-se verificar, que as estimativas obtidas para ambas as populações semi-exóticas foram superiores às relatadas por CHAVES (1985), BENITEZ TORRES (1986), BIGOTO (1988), CANTON (1988) e MARQUES (1988).

Quanto ao caráter peso de grãos (PG), verificou-se o mesmo comportamento apresentado pelo caráter PE (Tabela 21). A estimativa obtida para a variância genética aditiva para as progênies de IG, em (gramas/planta)², da população EE1 (406,24 ± 88,29) foi superior cerca de 1,72 vezes em relação a estimativa apresentada pela população EC4 (235,54 ± 53,16). Para o caráter PG, SANTOS (1985) obteve uma relação de igual magnitude entre as estimativas da variância genética aditiva para as populações semi-exóticas EE e EC.

No levantamento realizado por HALLAUER &

MIRANDA FILHO (1988), envolvendo estimativas de 99 trabalhos, a média da variância genética aditiva para produção de grãos foi de 469,1 (gramas/planta)². Nota-se que a estimativa da variância aditiva obtida para a população EE1 correspondeu a 86,60% dessa média. Por outro lado, ela foi 31,47% superior a média das estimativas, 309,0 (gramas/planta)², obtida para diversas populações de milho no Brasil (VENCOVSKY *et alii*, 1988). A variabilidade genética apresentada pela população EE1 evidencia um excelente potencial para o melhoramento com possibilidades de serem obtidos consideráveis progressos por seleção.

Avaliando o potencial genético para fins de melhoramento das raças Cravo e Entrelaçado, SANTOS (1985) recomendou o aproveitamento da potencialidade genética apresentada pela população semi-exótica EC para programas de melhoramento a curto prazo, enquanto que a população EE poderia ser aproveitada para programas a longo prazo.

Para os caracteres altura de planta (AP) e altura de espiga (AE) as estimativas da variância genética aditiva (Tabela 21), em (cm/planta)², considerando a população EE1 foram $299,98 \pm 60,05$; $211,40 \pm 42,55$ e $208,97 \pm 54,22$; $233,96 \pm 52,44$, para progênies S₁ e de IG, com média de $235,32 \pm 32,31$ e $224,22 \pm 27,95$, respectivamente. Na população EC4, esses valores foram $247,64 \pm 37,50$; $187,79 \pm 28,45$ e $320,18 \pm 50,20$; $355,34 \pm 55,64$, para progênies S₁ e de IG, com média de $285,90 \pm 25,78$ e $245,30 \pm 23,05$, respectivamente.

Considerando-se as estimativas da variância genética aditiva média, nota-se que a população EC4 apresentou estimativas superiores a EE1 somente para os caracteres AP e AE.

PATERNIANI & GOODMAN (1977) relataram que a raça Cravo tem sido mantida na região Sul do Brasil sem muita introgressão com outras raças ou cultivares. Assim, existe a possibilidade de que alguma forma de seleção tenha sido praticada no sentido de escolher plantas com atributos agronômicos desejáveis (SANTOS, 1985). No que diz respeito a raça Entrelaçado, sabe-se que sua manutenção tem sido feita pelos índios da região amazônica e que foram coletadas diversas amostras desta raça, em diferentes locais (SANTOS et alii, 1990).

Levando em consideração a origem da raça Cravo e supondo que alguma seleção tenha sido praticada, SANTOS (1985) salientou que possivelmente a população EE deve apresentar maior variabilidade genética, para AP e AE, do que a população EC. Entretanto, os resultados obtidos no presente estudo, indicaram que a população EC4 apresentou, em média, maior variabilidade genética que a população EE1 para ambos os caracteres. Convém lembrar que as médias obtidas para AP e AE foram superiores às obtidas por SANTOS (1985) e que utilizou-se uma amostra distinta da raça Cravo Riograndense.

No levantamento realizado por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988), as estimativas médias das variâncias

aditivas para AP e AE foram, respectivamente, 212,90 e 152,70 (cm/planta)². Os valores médios obtidos para a variância aditiva situaram-se acima dessas médias nas duas populações. O levantamento realizado por SANTOS (1985), envolvendo 16 trabalhos, constatou um intervalo de variação entre 176,56 a 668,00 (cm/planta)² para AP e entre 46,14 a 548,00 (cm/planta)² para AE, com valores médios de 334,17 e 242,27 (cm/planta)², respectivamente. Todas as estimativas obtidas da variância genética aditiva independentemente do tipo de progênie, para AP e AE, estão dentro do intervalo acima. As variâncias aditivas médias foram um pouco inferiores às do levantamento, com exceção de AE na população EC4.

Na população EE1, o caráter diâmetro de espiga (DE) apresentou estimativas da variância genética aditiva de $18,85 \pm 4,02 \times 10^{-2}$ e $17,34 \pm 3,64 \times 10^{-2}$ (cm/ espiga)², para as progênies S₁ e de IG, respectivamente. A variância aditiva média foi de $17,78 \pm 2,17 \times 10^{-2}$ (cm/ espiga)². Na população EC4, as estimativas da variância genética aditiva para progênies S₁ e de IG foram, respectivamente, $6,52 \pm 1,59 \times 10^{-2}$ e $5,51 \pm 1,12 \times 10^{-2}$ (cm/espiga)², com média de $5,71 \pm 0,71 \times 10^{-2}$ (cm /espiga)².

A variabilidade genética em EE1 foi bastante superior em relação a população EC4; entretanto, mesmo em EC4, obtiveram-se níveis satisfatórios de variação para o caráter DE. As estimativas da variância aditiva foram maiores que a média de 21 e 35 estimativas obtidas por SANTOS (1985)

e HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988), respectivamente.

No caráter comprimento de espiga (CE), a população EE1 apresentou estimativas da variância aditiva de $2,60 \pm 0,66$ (cm/espiga)² para progênies S₁ e de $4,15 \pm 0,84$ (cm /espiga)² para progênies de IG. Na população EC4, esses valores foram $2,14 \pm 0,36$ e $1,43 \pm 0,26$ (cm/espiga)², respectivamente.

Quanto ao CE, as estimativas da variância genética aditiva da população EE1 foram superiores às da população EC4, tanto para os diferentes tipos de progênies como em termos de médias. Sabendo-se que a característica marcante da raça Entrelaçado é o acentuado comprimento de espiga (PATERNIANI & GOODMAN, 1977), os resultados obtidos estão de acordo com o esperado, pois a estimativa da variância aditiva média da população EE1 foi 1,89 vezes maior que em EC4. Essa relação aproxima-se bastante da obtida por SANTOS (1985), que procedendo comparação equivalente com outras amostras, constatou uma estimativa da variância genética aditiva em EE 1,99 vezes mais alta que em EC.

Apesar dessas estimativas terem sido obtidas em um só local, podem ser constatados efeitos positivos da incorporação de genes das raças originais nas populações semi-exóticas. CORTEZ-MENDONZA & HALLAUER (1979) não detectaram interação significativa entre comprimento de espiga x locais. A presença de variabilidade genética torna-se mais evidente quando são comparadas as estimativas obtidas para a

variância aditiva média (Tabela 21), com a média de 20 estimativas (1,69) reportada por SANTOS (1985) e de 36 estimativas (1,52) relatada por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988), principalmente para a população EE1.

Com relação ao caráter número de ramificações do pendão (NR), as estimativas da variância genética aditiva para progênies S_1 e de IG foram, respectivamente, $35,89 \pm 6,43$ e $93,98 \pm 17,12$ (ramificações/planta)² na população EE1, com média de $48,67 \pm 5,68$ (ramificações/planta)². Comparativamente, as estimativas obtidas em EC4 foram inferiores às apresentadas em EE1, sendo de $18,22 \pm 2,87$; $40,88 \pm 5,96$ e $25,40 \pm 2,37$ (ramificações/planta)² para progênies S_1 , de IG e para a média, respectivamente. Estimativas semelhantes foram obtidas por SANTOS (1985), onde o autor constatou estimativa da variância aditiva mais elevada para a população semi-exótica EE em relação a população adaptada (ESALQ-PB1) e a população semi-exótica EC.

Comparando-se as estimativas médias da variância genética aditiva das populações EE1 e EC4, com a estimativa média de nove populações, 21,5310 (ramificações/planta)², obtidas pelo Departamento de Genética da ESALQ (SANTOS, 1985), verifica-se uma elevada variabilidade genética aditiva nas populações estudadas, principalmente na população EE1.

Vários trabalhos evidenciam que a redução do tamanho do pendão conduz a uma maior eficiência produtiva (MOCK & SCHUETZ, 1974; GERALDI, 1977; PATERNIANI, 1981).

Nesse contexto, associando-se as estimativas das variâncias genéticas aditivas com as médias obtidas para o NR, pode-se verificar que a população EC4 seria indicada para trabalhos a curto prazo, enquanto que EE1, apresentou potencial para estudos com prazos mais longos. Deve-se ressaltar a considerável presença de variabilidade genética na população EE1, indicando que mesmo com metodologias simples de melhoramento, como a seleção massal, podem ser atingidos progressos genéticos significativos.

No Apêndice 2 encontram-se as estimativas da variância genética aditiva e das herdabilidades ao nível de médias de progênies, para três ciclos de seleção das populações semi-exóticas EE1 e EC4.

Após três ciclos de seleção, a população EE1 apresentou considerável nível de variabilidade para todos os caracteres, com exceção do CE. Como salientado anteriormente, a raça Entrelaçado é originária da região Amazônica (PATERNICI & GOODMAN, 1977), com adaptação muito incipiente para a região Centro-Sul; provavelmente, as interações genótipos por ambientes (locais e anos) podem estar influenciando bastante estas estimativas.

Para o caráter PE houve um aumento expressivo na variância aditiva no terceiro ciclo. Esse resultado é indicativo de que a raça Entrelaçado apresenta poucos alelos favoráveis para este caráter; geralmente, em populações agronomicamente inferiores, quando existem locos com frequên-

cia inferior a 1/2 ou 1/3 no início da seleção, pode ocorrer um aumento da variância aditiva (VENCOVSKY, 1987).

Na população EC4 constataram-se níveis satisfatórios de variabilidade genética após três ciclos de seleção, com exceção do caráter CE. O germoplasma representativo da raça Cravo foi menos influenciado pelas interações ambientais de locais e anos. De acordo com SANTOS & MIRANDA FILHO (1992), existe a possibilidade das populações semi-exóticas possuírem alelos não detectáveis fenotípica ou visualmente e que podem ser úteis em termos de melhoramento. Como salientaram esses autores, os alelos para resistência a doenças ou pragas, tolerância a seca e capacidade de extração de íons, só poderão se manifestar durante o processo de seleção quando o ambiente for apropriado para sua expressão.

Ambas as populações semi-exóticas apresentaram variabilidade genética satisfatórias e com possibilidades de sucesso através de seleção recorrente. Entretanto, a porcentagem de genes exóticos (50%) parece um tanto alta para obtenção de progressos imediatos. A porcentagem ideal de introgressão ainda não é bem definida na literatura, contudo existem indicativos que 25% de genes exóticos seria um nível razoável para ser incorporado nas populações adaptadas (WELLHAUSEN, 1965; VELLO, 1985; SANTOS, 1985). Outro aspecto relevante na introgressão é decidir qual a melhor população base para a prática de seleção; caso o

germoplasma exótico não seja adaptado para um determinado local, recomenda-se a utilização de gerações adicionais de retrocruzamentos antes do início da seleção (DUDLEY, 1982; CROSSA *et alii*, 1987; MUNGOMA & POLLAK, 1988).

4.5.2. Progênies interpopulacionais

As estimativas da variância genética entre progênies de irmãos germanos e da variância genética aditiva ao nível interpopulacional, para as populações semi-exóticas EE1 e EC4, são apresentadas na Tabela 22.

Convém lembrar que, para a obtenção da variância genética aditiva foram consideradas duas hipóteses : 1) presença da variância genética dominante ($\sigma^2_A = \sigma^2_D$) e 2) ausência da variância genética dominante ($\sigma^2_D = 0$). Desta forma, pode-se determinar o intervalo de variação da variância genética aditiva através dos limites inferior e superior, respectivamente.

Para a população EE1 utilizada como fêmea os limites da estimativa da variância genética aditiva, em (gramas/planta)², variaram de $146,11 \pm 37,51$ a $219,16 \pm 56,26$. Para a população EC4 utilizada como fêmea foram conduzidos dois experimentos; os limites das estimativas da variância genética aditiva foram de $114,85 \pm 27,20$ a $172,28 \pm 40,80$ e de $144,71 \pm 29,03$ a $217,06 \pm 43,54$. Procedeu-se, também, a análise agrupada dos experimentos a fim de se determinarem os limites da variância genética aditiva interpopulacional

$\sigma^2_{A(12)}$ conforme as hipóteses consideradas. Esse intervalo variou de $134,39 \pm 17,85$ a $201,58 \pm 26,78$ (gramas/planta)².

Estimativas de variâncias genéticas aditivas ao nível interpoblacional para produção de grãos têm sido reportadas (ROBINSON *et alii*, 1958; COMPTON *et alii*, 1965; STUBER *et alii*, 1966; GOODRICH *et alii*, 1975; OBILANA *et alii*, 1979; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988). VENCovsky *et alii* (1988) reportaram estimativas de variâncias genéticas interpoblacionais para populações brasileiras, as quais apresentaram média de 203,9 (gramas/planta)².

O limite superior da estimativa da variância genética aditiva interpoblacional obtida pela análise agrupada foi de 201,58 (gramas/planta)²; esse valor foi muito próximo da média das populações brasileiras relatada por VENCovsky *et alii* (1988). Comparando-se essa estimativa com as estimativas apresentadas na Tabela 03, obtidas em diversas populações de milho no Brasil, verifica-se que ela foi superior as estimativas reportadas por MIRANDA FILHO & PATERNIANI (1983), MIRANDA FILHO *et alii* (1986), SOUZA JÚNIOR & MIRANDA FILHO (1986), sendo inferior as estimativas obtidas por PATERNIANI & VENCovsky (1978), MIRANDA FILHO (1979), SOUZA JÚNIOR (1983), MARTINS (1986) e PELLICANO (1990).

Nas duas populações semi-exóticas utilizadas nesse estudo, a população ESALQ-PB1 participa em ambas com igual proporção (50%); conseqüentemente, é possível que a variância genética aditiva interpoblacional seja menor do

que se fossem utilizadas populações mais contrastantes. Entretanto, a utilização da geração segregante do cruzamento EE1 x EC4 como população base para seleção recorrente se prende ao objetivo de combinar características das duas populações semi-exóticas.

Deve-se salientar, também, que a estimativa da variância aditiva interpopulacional foi obtida na geração F_1 ; entretanto, a prática de seleção será iniciada em F_2 , quando a população atingir o equilíbrio. A variância de F_1 e F_2 , ao nível de um loco, é definida como: $V(F_1) = pq\alpha_2^2 + rs\alpha_1^2 + (2pqd)(2rsd)$ e $V(F_2) = \frac{1}{2}(p+r)(q+s)\alpha_{12}^2 + [\frac{1}{2}(p+r)(q+s)d]^2$, onde α é o efeito médio de substituição gênica (MIRANDA FILHO, 1991). Nessa oportunidade, o autor comparou graficamente populações F_1 e F_2 considerando dominância completa e variando as frequências alélicas de p e r (alelos favoráveis das populações A e B, respectivamente); na medida em que as frequências de p e r são mais contrastantes, observa-se um considerável aumento da variância genética da geração F_1 para F_2 . Assim, com o avanço para F_2 , espera-se um incremento na porção aditiva da variância genética interpopulacional entre as populações EE1 e EC4, a qual poderá ser explorada nos ciclos de seleção subsequentes.

4.6. Considerações finais

De uma maneira geral os resultados obtidos no presente trabalho atenderam aos objetivos propostos; assim

foi possível verificar a potencialidade para fins de melhoramento genético das populações semi-exóticas ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1 e ESALQ-PB1 x CRAVO 4, bem como obter um indicativo do comportamento do híbrido interpopulacional entre elas. Embora as avaliações das progênies intra e interpopulacionais tenham sido realizadas em anos e locais diferentes, o que implica na obtenção de estimativas que podem ter sido influenciadas por interações ambientais, as médias e as estimativas dos parâmetros genéticos obtidas servem como um balizamento para trabalhos futuros. Desta forma, como continuidade desta pesquisa, seria oportuno sintetizar novas progênies intra e interpopulacionais e avaliá-las experimentalmente em um ou mais locais durante o mesmo ano agrícola.

Para os vários caracteres analisados as populações semi-exóticas EE1 e EC4 apresentaram médias inferiores ao híbrido duplo comercial Cargill-511 utilizado como testemunha. A similaridade do número e da morfologia dos cromossomos entre exóticos e adaptados permitem que os germoplasmas de milho sejam amplamente cruzados. Entretanto, o efeito imediato no cruzamento entre materiais exóticos e adaptados geralmente é desanimador (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

Um aspecto interessante é que a literatura ainda não apresenta uma posição definitiva diz respeito ao percentual de germoplasma exótico a ser incorporado nas

populações adaptadas. Nas populações utilizadas neste trabalho esse percentual é de 50%. Embora não se disponha de informações do comportamento dessas populações com percentuais menores de introgressão, provavelmente a redução nas médias dos caracteres de interesse agronômicos não seria tão acentuada.

Um trabalho envolvendo essas mesmas populações com um menor percentual de germoplasma exótico, por exemplo 25%, poderá gerar informações de interesse para verificar a quantidade mais adequada de introgressão; como também, comparações com o trabalho de SANTOS (1985) e com o presente estudo, possivelmente conduzirão a uma melhor compreensão tanto dos aspectos ligados à introgressão de genes, quanto à variabilidade genética das populações semi-exóticas resultantes.

Visando a continuidade deste programa de melhoramento são sugeridas, a seguir, alternativas para elevar o potencial produtivo das populações EE1 e EC4: a) retrocruzar as populações semi-exóticas para a população melhorada e adaptada ESALQ-PB1. Com isso seriam obtidas populações com apenas 25% de germoplasma exótico, as quais deverão apresentar médias superiores em relação às populações com 50% de introgressão; b) cruzar EC4 com a população ESALQ-PB4 e EE1 com a população ESALQ-PB5. Os compostos ESALQ-PB4 (dente) e ESALQ-PB5 (flint) foram sintetizados a partir das variedades utilizadas na síntese de ESALQ-PB1. Na síntese de

ESALQ-PB4 participaram as populações Tuxpeño Crema I, Meb e Antigua Grupo 2; para ESALQ-PB5 foram utilizadas as populações Eto Blanco, Piracar e Mezcla Amarilla (SAMPAIO, 1986).

As populações semi-exóticas resultantes destes cruzamentos apresentariam 25% de germoplasma exótico; os 75% restantes seriam representados por 61% de Tuxpeño Crema I, Meb e Antigua Grupo 2 (conjuntamente), e 14% de Eto Blanco, Piracar, Mezcla Amarilla e Cateto Argentina-Uruguai, no cruzamento EC4 x ESALQ-PB4. Do mesmo modo, no cruzamento EE1 x ESALQ-PB5, os 75% restantes seriam representados por 61% de Eto Blanco, Piracar e Mezcla Amarilla, e 14% de Tuxpeño Crema I, Meb, Antigua Grupo 2 e Cateto Argentina-Uruguai.

A designação de semi-exóticas para as populações EE1 e EC4, deve-se ao fato da população ESALQ-PB1 ser considerada adaptada às condições locais pelos vários ciclos de seleção a que foi submetida, embora na sua síntese tenham sido também utilizadas populações exóticas.

As avaliações de dois tipos de progênies intrapopulacionais, IG e S_1 , mostrou-se vantajosa pela possibilidade de visualização da depressão por endogamia das populações EE1 e EC4. Uma análise da distribuição das progênies S_1 , de ambas as populações, evidenciou a possibilidade de extração de linhagens com menor depressão por endogamia para o caráter peso de grãos.

As magnitudes das estimativas da variância genética entre progênies e da variância genética aditiva para

os caracteres avaliados, aos níveis intra e interpopulacional, mostraram-se promissoras para a continuidade deste programa de melhoramento. Além disso, os alelos relacionados com resistência a doenças ou pragas e com tolerância a outros estresses, poderão ser identificados através dos ciclos de seleção recorrente.

As raças Entrelaçado e Cravo apresentam características marcantes no comprimento de espiga e no número de fileiras por espiga, respectivamente. Na sequência deste programa de melhoramento seria oportuno o desenvolvimento de um índice de seleção envolvendo esses caracteres com produção de grãos. Desta forma o efeito da introgressão de genes nas populações semi-exóticas EE1 e EC4 poderia ser melhor avaliado, no sentido de tentar explorar mais convenientemente o caráter comprimento de espiga e o maior número de fileira de grãos (associado ao diâmetro de espiga), respectivamente. Do mesmo modo, um índice de seleção poderia ser idealizado para seleção na população segregante EE1 x EC4, onde os caracteres comprimento e diâmetro de espiga devem ser considerados juntamente com a produção de grãos, visando maximizar o efeito da seleção. De acordo com CRUZ (1990), as comparações entre os ganhos obtidos pelo uso de índices e os obtidos por seleção direta permitiram concluir que estes últimos proporcionam, em geral, ganhos maiores no caráter principal, porém inferiores em termos totais. Além disso, os índices são vantajosos, uma vez que proporcionam maiores

ganhos totais, com distribuição, entre os caracteres, mais adequada ao melhoramento.

5. CONCLUSÕES

As interpretações dos resultados do presente trabalho permitiram relacionar as seguintes conclusões :

a. O comportamento relativo das populações semi-exóticas ESALQ-PB1 x CRAVO 4 e ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1, em relação ao híbrido duplo comercial (Cargill-511), corrobora informações dos ciclos anteriores referente ao efeito negativo da intregressão de genes comparativamente à população original. Também, verificou-se uma superioridade das progênies não endógamas (irmãos germanos) da população EC4 em relação a população EE1.

b. As progênies intrapopulacionais (IG e S₁), em ambas as populações semi-exóticas, mostraram níveis elevados de variabilidade genética. Verificou-se a possibilidade de sucesso tanto no melhoramento das populações semi-exóticas *per se*, quanto na obtenção de linhagens mais produtivas para a síntese de híbridos.

c. Em todos os caracteres estudados a população semi-exótica EE1 apresentou maior variabilidade do que a população semi-exótica EC4, com exceção dos caracteres altura de planta e altura de espiga, quando avaliados através de progênies de irmãos germanos.

d. As estimativas da variância genética obtidas com progênies endogâmicas, em ambas as populações semi-exóticas, foram superiores às obtidas com progênies não endógamas. Entretanto, verificou-se um comportamento inverso nos caracteres número de ramificações do pendão, peso de espigas e peso de grãos. Os desvios associados à variância genética entre progênies S_1 influenciaram consideravelmente estas estimativas, principalmente aqueles associados ao componente D_1 , o qual expressa a covariância entre os efeitos aditivos e dominantes nos homozigotos.

e. De uma maneira geral, a depressão endogâmica foi mais acentuada na população EE1, apresentando valores superiores aos verificados na população EC4 para a maioria dos caracteres avaliados. Com respeito ao peso de espigas e ao peso de grãos, os efeitos depressivos foram equivalentes para ambas as populações semi-exóticas.

f. Considerando-se as médias dos caracteres peso de espiga e peso de grãos das progênies de irmãos germanos intrapopulacionais, observou-se uma superioridade da população EC4 em relação a população EE1. Por sua vez, em termos de variância genética aditiva, a população EE1 mostrou-se bastante superior à população EC4. Pela magnitude das estimativas da variância genética aditiva as populações semi-exóticas EC4 e EE1 poderiam ser utilizadas em programas de melhoramento genético a curto e longo prazo, respectivamente.

g. O comportamento médio e a variabilidade genética observada entre as progênies de irmãos germanos interpopulacionais, indicaram que existem perspectivas favoráveis para a seleção de híbridos de linhagens com razoável potencial produtivo.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGUILAR MORÁN, J.F. Avaliação do potencial genético de linhagens e respectivos testadores obtidos de duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1984. 118p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

ANDRADE, J.A.C. & MIRANDA FILHO, J.B. Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres do pendão na população ESALQ-PB1 de milho. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, Piracicaba, 15 : 15-21, 1979.

BENITEZ TORRES, L. Avaliação de progênies de irmãos germinados obtidas por cruzamentos em cadeia em duas populações de milho (*Zea mays* L.) Piracicaba, 1986. 102p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

BIGOTO, C.A. Estudo da população ESALQ-PB1 de milho (*Zea mays* L.) em cinco ciclos de seleção recorrente. Piracicaba, 1988. 124p. (Mestrado - Escola Superior de

Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

BRIEGER, F. G.; GURGEL, J. T. A.; PATERNIANI, E.;

BLUMENSCHIEIN, A.; ALLEONI, M.R. *Races of maize in Brazil and other eastern South American countries.*

NAS - NRC Publ. 593, 1958.

CANTON, T. Avaliação de oito ciclos de seleção recorrente na população de milho (*Zea mays* L.) Suwan DMR. Piracicaba, 1988. 112p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

CHAVES, L.J. Tamanho da parcela para seleção de progênies de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1985. 148p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

COCKERHAM, C.C. Covariances of relatives from self-fertilization. *Crop Science*, Madison, 23 :1177-80, 1983.

COMPTON, W.A. & LONNQUIST, J.H. A multiplicative selection index applied to four cycles of full-sib recurrent selection in maize. *Crop Science*, Madison, 22: 981-3, 1982.

COMPTON, W.A.; GARDNER, C.O.; LONNQUIST, J.H. Genetic variability in two open-pollinated varieties of corn (*Zea mays* L.) and their F_1 progenies. *Crop Science*, Madison, 5 : 505-8, 1965.

COMPTON, W.A.; MUMM, R.F.; MATHEMA, B. Progress from mass selection in incompletely adapted maize population. *Crop Science*, Madison, 19 : 531-3, 1979.

COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations. *Biometrics*, Washington, 4 : 254-66, 1948.

COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. Estimation of average dominance of genes. In : GOWEN, J.W. *Heterosis*. Ames, Iowa State College Press, 1952. p. 494-516.

COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F.; HARVEY, P.H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. *Agronomy Journal*, Madison, 41 : 360-7, 1949.

CORTEZ-MENDONZA, H. & HALLAUER, A.R. Divergent mass selection for ear length in maize. *Crop Science*, Madison, 19 : 175-8, 1979.

- CRESS, C.E. A comparison of recurrent selection systems. *Genetics*, Princeton, 54 : 1371-9, 1966.
- CROSSA, J. Theoretical considerations for the introgression of exotic germplasm into adapted maize populations. *Maydica*, Bergamo, 34 : 53-62, 1989.
- CROSSA, J.; GARDNER, C.O.; MUMM, R.F. Heterosis among populations of maize (*Zea mays* L.) with different levels of exotic germplasm. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlim, 73 : 445-50, 1987.
- CRUZ, C.D. Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas. Piracicaba, 1990. 188p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- DUDLEY, J.W. Theory for transfer of alleles. *Crop Science*, Madison, 22 : 631-7, 1982.
- DUDLEY, J.W. A method for identifying populations containing favorable alleles not present in elite germplasm. *Crop Science*, Madison, 24 : 1053-4, 1984.
- EBERHART, S.A. Regional maize diallels with U.S. and semi-exotic varieties. *Crop Science*, Madison, 11 :

911-4. 1971.

EFRON, Y. & EVERETT, H.L. Evaluation of exotic germplasm for improving corn hybrids in northern United States. *Crop Science*, Madison, 9 : 44-7, 1969.

FALCONER, D.S. *Introduction to quantitative genetics*. New York, Ronald Press, 1960. 430p.

GALINAT, W.C. The origin of corn. In : SPRAGUE, G.F., ed. *Corn and corn improvement*. Madison, American Society of Agronomy, 1977. p. 1-47.

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*, Brasília, 20 : 1293-300, 1985.

GENTER, C.F. Mass selection in a composite of intercrosses of mexican races of maize. *Crop Science*, Madison, 16 : 556-8, 1976.

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

GERALDI, I.O. & VENCovsky, R. Depressão por endogamia em populações de milho. In : REUNIÃO BRASILEIRA DE MILHO E SORGO, 13., Londrina, 1980. *Resumos*. Londrina, IAPAR, 1980. p.45.

GOOD, R.L. & HALLAUER, A.R. Inbreeding depression in maize by selfing and full-sibbing. *Crop Science*, Madison, 17 : 935-40, 1977.

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

GOODRICH, C.L.; STUCKER, R.E.; COMPTON, W.A. Average gene frequency estimates in two open-pollinated cultivars of corn. *Crop Science*, Madison, 15 : 746-9, 1975.

GRIFFING, B. & LINDSTROM, E.W. A study of the combining abilities of corn inbreds having varying proportions of Corn Belt and non Corn Belt germplasm. *Agronomy Journal*, Madison, 46 : 545-52, 1954.

HALLAUER, A.R. Development of single-cross hybrid from two-eared maize populations. *Crop Science*, Madison, 7 : 192-5, 1967.

- HALLAUER, A.R. Hybrid development and population improvement in maize by reciprocal full-sib selection. *Egyptian Journal Genetic Cytology*, Giza, 2 : 84-101, 1973.
- HALLAUER, A.R. Potential of exotic germplasm for maize improvement. In : WALDEN, D.B., ed. *Maize breeding and genetics*. New York, John Wiley, 1978. p.229-47.
- HALLAUER, A.R. Relation of quantitative genetics to applied maize breeding. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 3 : 207-33, 1980.
- HALLAUER , A.R. & EBERHART, S.A. Reciprocal full sib selection. *Crop Science*, Madison, 10 : 315-6, 1970.
- HALLAUER A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames, Iowa State University Press, 1988. 468p.
- HANSON, W.D. & JOHNSON, E.C. Evaluation of an exotic maize population adapted to a locality. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlim, 60 : 55-63, 1981.
- HARLAND, S.C. A new method of maize improvement. *Tropical Agriculture*, London, 23 : 114, 1946.

- HULL, F.H. Recurrent selection for specific combining ability in corn. *Agronomy Journal*, Madison, 37 : 134-45, 1945.
- JONES, L.P.; COMPTON, W.A.; GARDNER, C.O. Comparison of full and half-sib reciprocal recurrent selection. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlim, 41 : 36-9, 1971.
- KASSOUF, A.L. & MIRANDA FILHO, J.B. Variabilidade e endogamia na população de milho ESALQ-PB1. In : CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15., Maceió, 1984. *Anais*. Brasília, EMBRAPA/DDT, 1986. p.119-31.
- KEMPTHORNE, O. *The desing and analysis of experiments*. Huntington, Robert E. Krieger, 1975. 631p.
- KRAMER, H.H. & ULLSTRUP, A.J. Preliminary evaluation of exotic maize germplasm . *Agronomy Journal*, Madison, 51 : 687-9, 1959.
- LIMA, M. & PATERNIANI, E. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em progênies de meio irmãos de milho (*Zea mays* L.) ESALQ-VD2 MI-HSI III e suas implicações no melhoramento. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, Piracicaba, 11 : 84-9, 1977.

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

LONNQUIST, J.H. Progress from recurrent selection procedures for the improvement of corn populations. *Bulletin "University Nebraska College Agricultural Research"*, Nebraska, (197): 1-33, 1961.

LONNQUIST, J.H. Consideration and experiences with recombinations of exotic and Corn Belt maize germplasms. In : ANNUAL CORN ANMD SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 29. , Chicago, 1974. *Proceedings*. Washington, American Seed Trade Association, 1974. p. 102-17.

LONNQUIST, J.H. & WILLIAMS, N.E. Development of maize hybrids through selection among full sib families. *Crop Science*, Madison, 7 : 369-70, 1967.

LORDELO, J.A.C. Parâmetros genéticos das populações de milho Piranão-VD2 e Piranão-VF1. Piracicaba, 1982. 63p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

MARQUES, J.R.B. Seleção recorrente com endogamia em duas

populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1988. 145p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

MARTINS, C. da S. Potencial genético de linhagens e híbridos de duas populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico. Piracicaba, 1986. 143p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

MIRANDA FILHO, J.B. Cruzamentos dialélicos e síntese de compostos de milho (*Zea mays* L.) com ênfase na produtividade e no porte da planta. Piracicaba, 1974. 116p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

MIRANDA FILHO, J.B. Avaliação de famílias de meios irmãos na população ESALQ-PB1. *Relatório do Departamento de Genética*, Piracicaba, 11 : 90-4, 1977.

MIRANDA FILHO, J.B. Avaliação de híbridos "crípticos" $S_0 \times S_0$ entre duas populações de milho braquítico. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, Piracicaba, 13 : 159-71, 1979.

MIRANDA FILHO, J.B. Mating schemes to predict gain on heterosis in reciprocal recurrent selection. *Revista*

Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 5 : 745-60, 1982.

MIRANDA FILHO, J.B. Breeding methodologies for tropical maize. In: BRANDOLINI, A. & SALAMINI, F., ed. *Breeding strategies for maize production improvement in the tropics*. Florence, FAO, 1985. p. 177-206.

MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative analyses of a cross between populations and their derived generations. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 14 : 547-61, 1991.

MIRANDA FILHO, J. B. & PATERNIANI, E. Intra e interpopulation genetic parameter estimates and implications in selection. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 6 : 15-27, 1983.

MIRANDA FILHO, J.B. & MEIRELLES, W.F. Depressão por endogamia em progênies S_1 de duas populações de milho. In : CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., Belo Horizonte, 1986. *Anais*. Sete Lagoas, EMBRAPA/CNPMS, 1988. p.320-7.

MIRANDA FILHO, J.B. & VIÉGAS, G.P. Milho híbrido. In : PATERNIANI, E. & VIÉGAS, G.P., ed. *Melhoramento e produ-*

ção do milho. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1,
p. 277-340.

MIRANDA FILHO, J.B.; SOUZA JÚNIOR, C.L.; GERALDI, I.O.
Avaliação de híbridos $S_0 \times S_0$ entre duas variedades de
milho. In : CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15.,
Maceió, 1984. *Anais*. Brasília, EMBRAPA/DDT, 1986.
p. 177-81.

MOCK, J.J. & SCHUETZ, S.H. Inheritance of tassel branch
number in maize. *Crop Science*, Madison, 14 : 885-98,
1974.

MOLL, R.H. & ROBINSON, H.F. Observed and expected response
in four selection experiments in maize. *Crop Science*,
Madison, 6 : 319-23, 1966.

MOLL, R.H. & STUBER, C.W. Comparison of response to
alternative selection procedures initiated with two
populations of maize (*Zea mays* L.). *Crop Science*,
Madison, 11 : 706-11, 1971.

MOLL, R.H. & SMITH, O.S. Genetics variances and
responses in an advanced generation of a hybrid
of widely divergent populations of maize. *Crop
Science*, Madison, 21 : 387-91, 1981.

MÔRO, J.R. Efeito da alta intensidade de seleção no melhoramento de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1982. 52p.

(Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

MOTA, M.G.C. Comportamento de progênies de meios irmãos e S_1 na variedade de milho (*Zea mays* L.) Centralmex. Piracicaba, 1974. 73p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

MUNGOMA, C. & POLLAK, L.M. Heterotic patterns among ten Corn Belt and exotic maize populations. *Crop Science*, Madison, 28 : 500-4, 1988.

NASPOLINI FILHO, V. & VENCOVSKY, R. Avaliação de duas mil progênies S_2 da cultivar de milho BR 105. In : CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 14., Florianópolis, 1982. *Resumos*. Florianópolis, EMPASC, 1982. p.25.

NELSON, M.G. The use of exotic germplasm in practical corn breeding programs. In : ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY-RESEARCH CONFERENCE, 27., Chicago, 1972. *Proceedings*. Washington, American Seed Trade Association, 1972. p. 115-8.

OBILANA, A.T.; HALLAUER, A.R.; SMITH, O.S. Estimated

genetic variability in a maize interpopulation.

The Journal of Heredity, Washington, 70 : 127-32, 1979.

PATERNIANI, E. Evaluation of maize germplasm for the improvement of yield. UN Conf. Appl. Sci. Tech. Benefit Less Developed Areas, 1962. p. 1-3.

PATERNIANI, E. Influence of tassel size on ear placement in maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, Bergamo, 26 : 85-91, 1981.

PATERNIANI, E. Maize breeding in the tropics. *CRC Critical Reviews in Plant Science*, Boca Raton, 9 : 125-54, 1990.

PATERNIANI, E. & GOODMAN, M.M. Races of maize in Brazil and adjacent areas. In : INTERNATIONAL MAIZE AND WHEAT IMPROVEMENT. Mexico, 1977. 95p.

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

PATERNIANI, E. & MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In : PATERNIANI, E. & VIÉGAS, G.P., ed. *Melhoramento e produção do milho*. Campinas, Fundação

Cargill, 1987. v.1, p. 217-74.

PATERNIANI, E.; ZINSLY, J.R.; MIRANDA FILHO, J.B.

Populações melhoradas de milho obtidas pelo Instituto de Genética. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, Piracicaba, 11 : 108-14, 1977.

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

ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Estimates of heritability and degree of dominance in corn. *Agronomy Journal*, Madison, 41 : 353-9, 1949.

ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Genetic variances in open pollinated varieties of corn. *Genetics*, Princeton, 40 : 45-60, 1955.

ROBINSON, H.F.; KHALIL, A.; COMSTOCK, R.E.; COCKERHAM, C.C. Joint interpretation of heterosis and genetic variances in two open pollinated varieties of corn and their cross. *Genetics*, Princeton, 67 : 868-77, 1958.

RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns processos de

seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. Piracicaba, 1977. 122p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

SALAZAR, A.M. & HALLAUER, A.R. Divergent mass selection for ear length in maize. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 9 : 281-94, 1986.

SAMPAIO, N.F. Propriedades genéticas e potencial para o melhoramento dos compostos de milho (*Zea mays* L.) ESALQ-PB4 e ESALQ-PB5. Piracicaba, 1986. 105p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

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

SANTOS, M.X. & MIRANDA FILHO, J.B. Genetic potential of two Brazilian races of maize (*Zea mays* L.) for breeding purposes. *Journal of Genetics and Breeding*, Roma, 46, 1992. (no prelo)

SANTOS, M.X.; MIRANDA FILHO, J.B.; SOUZA JÚNIOR, C.L.
Potencial genético de duas raças brasileiras de milho

para fins de melhoramento. II. Caracteres da planta.

Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, 25 :

1489-500, 1990.

SHAUMAN, W.L. Effect of incorporation of exotic germplasm on variance components of an adapted open-pollinated corn variety at two populations densities. Lincoln, 1971. 93p. (Ph.D. University of Nebraska).

SILVA, J.W. & LONNQUIST, J.H. Genetic variances in populations developed from full-sib and S_1 testcross progeny selection in an open-pollinated variety of maize. *Crop Science*, Madison, 8 : 201-4, 1968.

SILVA, J.C. & HALLAUER, A.R. Estimation of epistatic variance in Iowa Stiff Stalk Synthetic maize. *The Journal of Heredity*, Washington, 66 : 290-6, 1975.

SOUZA JÚNIOR, C.L. Análise de cruzamentos dialélicos e predição de compostos de milho (*Zea mays* L.) braquítico. Piracicaba, 1981. 102p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

SOUZA JÚNIOR, C.L. Variabilidade genética em milho (*Zea mays* L.) e relações com a seleção recorrente intra e interpopulacional. Piracicaba, 1983. 151p. (Doutorado-

Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

SOUZA JÚNIOR, C.L. Variâncias genéticas interpopulacionais e suas relações com a obtenção e seleção de híbridos. Piracicaba, 1988. 140p. (Livre-Docência - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

SOUZA JÚNIOR, C.L. & MIRANDA FILHO, J.B. Avaliação do potencial genético das populações de milho (*Zea mays* L.) ESALQ-PB4 e ESALQ-PB5 para o melhoramento interpopulacional. In : CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., Belo Horizonte, 1986. *Resumos*. Belo Horizonte, EMBRAPA, 1986. p.69-70.

SOUZA JÚNIOR, C.L. & MIRANDA FILHO, J.B. Genetic variability in two maize (*Zea mays* L.) populations and its relationship with intra e interpopulation recurrent selection. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 12 : 271-85, 1989.

SOUZA JÚNIOR, C.L.; GERALDI, I.O.; ZINSLY, J.R. Correlações genéticas e fenotípicas entre seis caracteres da população de milho (*Zea mays* L.) Suwan. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, Piracicaba, 14 : 146-52, 1980a.

SOUZA JÚNIOR, C.L.; GERALDI, I.O.; ZINSLY, J.R. Potencial genético de dois compostos de milho (*Zea mays* L.) para a obtenção de híbridos. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, Piracicaba, 14 : 153-62, 1980b.

SPRAGUE, G.F. Germplasm resources of plants : their preservation and use. *Annual Review of Phytopathology*, Palo Alto, 18 : 147-65, 1980.

STEEL, C.W. & TORRIE, J.H. *Principles and procedures of statistics*. New York, Mc-Grow Hill Book, 1960. 417p.

STUBER, C.W. & COCKERHAM, C.C. Gene effects and variances in hybrid populations. *Genetics*, Princeton, 54 : 1279-86, 1966.

STUBER, C.W.; MOLL, R.H.; HANSON, W.D. Genetic variances and interrelationships of six traits in a hybrid population of *Zea mays* L. *Crop Science*, Madison, 6 : 455-8, 1966.

SUBANDI, W. & 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*, Berlim, 44 : 153-9, 1974.

THOMPSON, D.L. Silage yield of exotic corn. *Agronomy Journal*, Madison, 60 : 579-81, 1968.

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

VALOIS, A.C.C. Eficiência comparativa de quatro métodos de seleção em uma população melhorada de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1982. 119p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

VALOIS, A.C.C. & MIRANDA FILHO, J.B. Comparação entre métodos de seleção em milho cv. Centralmex. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 19 : 169-77, 1984a.

VALOIS, A.C.C. & MIRANDA FILHO, J.B. Estimação de componentes da variância na cultivar de milho Centralmex. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 19 : 479-88, 1984b.

VELLO, N.A. Efeitos da introdução de germoplasma exótico sobre a produtividade e relações com a base genética das cultivares de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Piracicaba, 1985. 91p. (Livre-Docência - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

- VELLO, N.A. & VENCOVSKY, R. Variâncias associadas às estimativas de variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade. *Relatório do Departamento de Genética*, Piracicaba, 8 : 238-48, 1974.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In : PATERNIANI, E. & VIÉGAS, G.P., ed. *Melhoramento e produção do milho*. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1, p. 137-214.
- VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J.B.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In : INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., Raleigh, 1987. *Proceedings*. Sunderland, Sinauer, 1988. p. 465-77.
- VIANNA, R.T.; GAMA, E.E.G.; NASPOLINI FILHO, V.; MÔRO, J.R.; VENCOVSKY, R. Inbreeding depression of several introduced populations of maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, Bergamo, 27 : 151-7, 1982.
- WELLHAUSEN, E.J. Exotic germplasm for improvement of Corn Belt maize. In : ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY-RESEARCH CONFERENCE, 20., Chicago, 1965. *Proceedings*. Washington, American Seed Trade Association, 1965. p.31-45.

T A B E L A S

Tabela 07. Valores médios obtidos para os caracteres número de espigas (NE), peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG), em duas populações semi-exóticas de milho, referentes a dois tipos de progênies e às testemunhas. Piracicaba-SP, 1989/90.

Tipo de Progênies	NE		PE		PG	
	esp/parc	%	g/pl	%	g/pl	%
ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1						
Progênies S ₁	6,72	42,67	52,51	29,28	41,29	28,11
Progênies IG	12,44	78,98	95,15	53,06	76,81	52,29

Testemunha	15,75	100,00	179,32	100,00	146,90	100,00

ESALQ-PB1 x CRAVO 4						
Progênies S ₁	9,19	58,24	73,55	43,14	58,27	41,81
Progênies IG	13,38	84,79	133,65	78,39	109,40	78,50

Testemunha	15,78	100,00	170,49	100,00	139,37	100,00

Tabela 08. Valores médios obtidos para os caracteres estande (ES), altura de planta (AP) e altura de espiga (AE), em duas populações semi-exóticas de milho, referentes a dois tipos de progênies e às testemunhas. Piracicaba-SP, 1989/90.

Tipo de	ES		AP		AE	
	pl/parc	%	cm/pl	%	cm/pl	%
ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1						
Progênies S ₁	11,43	80,95	231,90	94,57	143,06	105,61
Progênies IG	14,14	100,14	268,71	109,58	170,18	125,63

Testemunha	14,12	100,00	245,21	100,00	135,46	100,00

ESALQ-PB1 x CRAVO 4						
Progênies S ₁	12,99	86,77	237,84	96,22	149,40	108,11
Progênies IG	14,41	96,26	272,79	110,36	174,18	126,04

Testemunha	14,97	100,00	247,19	100,00	138,19	100,00

Tabela 09. Valores médios obtidos para os caracteres diâmetro de espiga (DE), comprimento de espiga (CE) e número de ramificações do pendão (NR), em duas populações semi-exóticas de milho, referentes a dois tipos de progênies e às testemunhas. Piracicaba-SP, 1989/90.

Tipo de Progênies	DE		CE		NR	
	cm/esp	%	cm/esp	%	ramif/pl	%
ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1						
Progênies S ₁	3,24	72,48	14,17	75,86	29,14	128,54
Progênies IG	3,91	87,47	17,42	93,26	36,17	159,55

Testemunha	4,47	100,00	18,68	100,00	22,67	100,00

ESALQ-PB1 x CRAVO 4						
Progênies S ₁	3,96	88,79	13,91	73,40	25,07	102,54
Progênies IG	4,52	101,34	16,52	87,18	28,71	117,42

Testemunha	4,46	100,00	18,95	100,00	24,45	100,00

Tabela 10. Valores médios obtidos em progênies S_1 e progênies de irmãos germanos, depressão por endogamia (I), porcentagem em relação a população não endógama (I%), depressão devido ao aumento de 1% no coeficiente de endogamia ($I_{1\%}$), contribuição relativa dos homozigotos ($u + a$) e heterozigotos (d), para nove caracteres na população semi-exótica de milho ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1. Piracicaba-SP, 1989/90.

	m_{S1}	m_{S0}	I	I%	$I_{1\%}$	$u+a$	d
#							
NE	6,72	12,44	-5,72	-45,98	0,11	1,00	11,44
DE	3,24	3,91	-0,67	-17,14	0,01	2,57	1,34
CE	14,17	17,42	-3,25	-18,66	0,06	10,92	6,50
NR	29,14	36,17	-7,03	-19,44	0,14	22,11	14,06
ES	11,43	14,14	-2,71	-19,17	0,05	8,72	5,42
AP	231,90	268,71	-36,81	-13,70	0,74	195,09	73,62
AE	143,06	170,18	-27,12	-15,94	0,54	115,94	54,24
PE	52,51	95,15	-42,64	-44,81	0,85	9,87	85,28
PG	41,29	76,81	-35,52	-46,24	0,71	5,77	71,04

- Caracteres descritos no item 3.2.2.

Tabela 11. Valores médios obtidos em progênies S_1 e progênies de irmãos germanos, depressão por endogamia (I), porcentagem em relação a população não endógama (I%), depressão devido ao aumento de 1% no coeficiente de endogamia ($I_{1\%}$), contribuição relativa dos homozigotos (u + a) e heterozigotos (d), para nove caracteres na população semi-exótica de milho ESALQ-PB1 x CRAVO 4. Piracicaba SP, 1989/90.

	m_{S1}	m_{S0}	I	I%	$I_{1\%}$	u+a	d
#							
NE	9,19	13,38	-4,19	-31,32	0,08	5,00	8,38
DE	3,96	4,52	-0,56	-12,39	0,01	3,40	1,12
CE	13,91	16,52	-2,61	-15,80	0,05	11,30	5,22
NR	25,07	28,71	-3,64	-12,68	0,07	21,43	7,28
ES	12,99	14,41	-1,42	- 9,85	0,03	11,57	2,84
AP	237,84	272,79	-34,95	-12,81	0,70	202,89	69,90
AE	149,40	174,18	-24,78	-14,23	0,50	124,62	49,56
PE	73,55	133,65	-60,10	-44,97	1,20	13,45	120,20
PG	58,27	109,40	-51,13	-46,74	1,02	7,14	102,26

- Caracteres descritos no ítem 3.2.2.

Tabela 12. Quadrados médios obtidos na análise da variância em blocos casualizados com parcelas subdivididas, média geral e coeficientes de variação (CVa% e CVb%), para número de espigas (NE), peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG), na população semi-exótica de milho ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1. Piracicaba-SP, 1989/90.

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios		
		NE (esp/parc) ²	PE (g/pl) ²	PG (g/pl) ²
Repetições	2	8,325ns	702,138ns	452,682ns
Grupos	3	1389,908**	78778,229**	55200,725**
Entre IG	1	187,267*	18261,914**	13921,932**
Entre S ₁	1	55,104ns	277,733ns	194,580ns
IG vs. S ₁	1	3927,352**	218195,039**	151485,667**
Erro a	6	18,880	538,049	361,858
Prog./Grupos	156	26,469**	1450,163**	1014,752**
Prog./IG	78	24,238**	1712,174**	1235,428**
Prog./S ₁	78	28,699**	1188,138**	794,069**
Erro b	312	8,141	348,468	241,903
Erro (IG)	156	9,276	453,425	321,385
Erro (S ₁)	156	7,006	243,528	162,425

Y (média geral)		9,58	74,00	58,67
CVa% (parcelas)		45,35	31,42	32,21
CVb% (subparcelas)		29,78	25,29	26,34

*,** - significativo a 5% e 1%, respectivamente.

ns - não significativo.

Tabela 13. Quadrados médios obtidos na análise da variância em blocos casualizados com parcelas subdivididas, média geral e coeficientes de variação (CVa% e CVb%), para os caracteres estande (ES), altura de planta (AP) e altura de espiga (AE), na população semi-exótica de milho ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1. Piracicaba-SP, 1989/90.

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios		
		ES (pl/parc) ²	AP (cm/pl) ²	AE (cm/pl) ²
Repetições	2	0,358ns	2627,211ns	1737,045ns
Grupos	3	329,558**	54249,740**	29451,215**
Entre IG	1	18,150ns	40,834ns	0,204ns
Entre S ₁	1	87,604**	52,579ns	116,206ns
IG vs. S ₁	1	882,919**	162655,801**	88237,234**
Erro a	6	3,480	1524,871	815,416
Prog./Grupos	156	7,715**	812,654**	643,315**
Prog./IG	78	2,851ns	497,426**	487,822**
Prog./S ₁	78	12,579**	1127,822**	798,807**
Erro b	312	4,702	205,781	150,784
Erro (IG)	156	2,930	183,966	136,883
Erro (S ₁)	156	6,474	227,892	164,618

Y (média geral)		12,78	250,00	157,00
CVa% (parcelas)		14,59	15,60	18,23
CVb% (subparcelas)		16,96	5,73	7,84

*,** - significativo a 5% e 1%, respectivamente.

ns - não significativo.

Tabela 14. Quadrados médios obtidos na análise da variância em blocos casualizados com parcelas subdivididas, média geral e coeficientes de variação (CVa% e CVb%), para os caracteres diâmetro de espiga (DE), comprimento de espiga (CE) e número de ramificações do pendão (NR), na população semi-exótica de milho ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1. Piracicaba-SP, 1989/90.

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios		
		DE ⁺ (cm/esp) ²	CE (cm/esp) ²	NR (ramif/pl) ²
Repetições	2	73,244*	9,033ns	262,725ns
Grupos	3	2020,732**	436,096**	2486,033**
Entre IG	1	248,068**	21,004*	667,334*
Entre S ₁	1	360,148**	18,482*	863,759*
IG vs. S ₁	1	5453,976**	1268,800**	5927,007**
Erro a	6	7,701	2,594	87,198
Prog./Grupos	156	54,642**	9,978**	141,632**
Prog./IG	78	34,112**	7,828**	161,709**
Prog./S ₁	78	75,172**	12,128**	121,558**
Erro b	312	13,364	2,970	17,315
Erro (IG)	156	8,107	1,601	20,746
Erro (S ₁)	156	18,624	4,338	13,884

Y (média geral)		3,57	15,79	32,66
CVa% (parcelas)		7,76	10,20	28,56
CVb% (subparcelas)		10,23	10,91	12,74

+ estimativas multiplicadas por 10².

*,** - significativo a 5% e 1%, respectivamente.

Tabela 15. Quadrados médios obtidos na análise da variância em blocos casualizados com parcelas subdivididas, média geral e coeficientes de variação (CVa% e CVb%), para os caracteres número de espigas (NE), peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG), na população semi-exótica de milho ESALQ-PB1 x CRAVO 4. Piracicaba-SP, 1989/90.

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios		
		NE (esp/parc) ²	PE (g/pl) ²	PG (g/pl) ²
Repetições	2	52,499*	1899,902ns	915,324ns
Grupos	5	668,491**	131334,483**	95366,686**
Entre IG	2	60,003*	2120,060ns	2023,998*
Entre S ₁	2	29,919ns	1052,885ns	1152,346ns
IG vs. S ₁	1	3162,612**	650326,541**	470480,738**
Erro a	10	8,215	619,213	395,104
Prog./Grupos	234	18,382**	1051,712**	728,764**
Prog./IG	117	12,794**	1231,996**	887,164**
Prog./S ₁	117	23,971**	871,430**	570,362**
Erro b	468	7,503	389,320	281,192
Erro (IG)	234	5,740	482,556	357,198
Erro (S ₁)	234	9,267	296,092	205,186
<hr/>				
Y (média geral)		11,28	103,33	84,00
CVa% (parcelas)		25,40	24,02	23,71
CVb% (subparcelas)		24,27	19,04	20,00

*,** - significativo a 5% e 1%, respectivamente.

ns - não significativo.

Tabela 16. Quadrados médios obtidos na análise da variância em blocos casualizados com parcelas subdivididas, média geral e coeficientes de variação (CVa% e CVb%), para os caracteres estande (ES), altura de planta (AP) e altura de espiga (AE), na população semi-exótica de milho ESALQ-PB1 x CRAVO 4. Piracicaba-SP, 1989/90.

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios		
		ES (pl/parc) ²	AP (cm/pl) ²	AE (cm/pl) ²
Repetições	2	2,606ns	10424,356*	3352,978*
Grupos	5	80,016**	45140,781**	22843,022**
Entre IG	2	5,475*	1030,553ns	1209,539ns
Entre S ₁	2	12,519**	1903,226ns	631,088ns
IG vs. S ₁	1	364,089**	219836,351**	110533,862**
Erro a	10	1,206	1391,300	713,970
Prog./Grupos	234	4,176**	720,304**	647,201**
Prog./IG	117	1,641*	576,795**	639,442**
Prog./S ₁	117	6,711**	863,503**	655,090**
Erro b	468	2,182	108,456	99,124
Erro (IG)	234	1,216	96,527	106,438
Erro (S ₁)	234	3,149	120,576	91,733
<hr/>				
Y (média geral)		13,70	255,00	162,00
CVa% (parcelas)		8,02	14,61	16,52
CVb% (subparcelas)		10,78	4,08	6,15

*,** - significativo a 5% e 1%, respectivamente.
ns - não significativo.

Tabela 17. Quadrados médios obtidos na análise da variância em blocos casualizados com parcelas subdivididas, média geral e coeficientes de variação (CVa% e CVb%), para os caracteres diâmetro de espiga (DE), comprimento de espiga (CE) e número de ramificações (NR), na população semi-exótica de milho ESALQ-PB1 x CRAVO 4. Piracicaba-SP, 1989/90.

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios		
		DE ⁺ (cm/esp) ²	CE (cm/esp) ²	NR (ramif/pl) ²
Repetições	2	24,156ns	12,859**	43,713ns
Grupos	5	1182,036**	249,429**	496,465**
Entre IG	2	30,100ns	1,750ns	26,657ns
Entre S ₁	2	91,394**	8,730*	20,992ns
IG vs. S ₁	1	5667,189**	1226,185**	2387,029**
Erro a	10	11,996	1,622	37,041
Prog./Grupos	234	23,819**	5,562**	67,360**
Prog./IG	117	12,579**	2,929**	68,760**
Prog./S ₁	117	35,060**	8,194**	65,961**
Erro b	468	9,908	1,275	9,379
Erro (IG)	234	4,320	0,790	7,443
Erro (S ₁)	234	15,496	1,760	11,315

Y (média geral)		4,24	15,22	26,89
CVa% (parcelas)		8,17	8,37	22,63
CVb% (subparcelas)		7,43	7,42	11,39

+ estimativas multiplicadas por 10².

*,** - significativo a 5% e 1%, respectivamente.

ns - não significativo.

Tabela 18. Análises individuais e agrupada da variância em blocos casualizados para peso de grãos (g/pl), médias e coeficientes de variação, das progênie de irmãos germanos interpopulacionais. Uberlândia-MG, 1988/89.

F.V.	EE1 x EC4 [#]		EC4 x EE1		EC4 x EE1		Agrupada	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Prog.	63	470,36**	80	381,94**	80	413,44**	223	418,21**
Erro	126	141,62	160	123,52	160	87,84	446	115,84
Média		52,56		53,05		47,03		50,75
CV%		22,6		21,0		19,9		21,2

- Primeira população utilizada como fêmea.

** - significativo a 1% de probabilidade.

Tabela 19. Estimativas da variância genética entre famílias ($\hat{\sigma}^2_{S1}$ e $\hat{\sigma}^2_{IG}$) e para a variância ambiental entre subparcelas ($\hat{\sigma}^2_{e(S1)}$ e $\hat{\sigma}^2_{e(IG)}$) para os caracteres número de espigas (NE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), diâmetro de espiga (DE), comprimento de espiga (CE), número de ramificações do pendão (NR), peso de espiga (PE) e peso de grãos (PG), na população semi-exótica de milho ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1. Piracicaba-SP, 1989/90.

Caracteres	$\hat{\sigma}^2_{S1}$	$\hat{\sigma}^2_{e(S1)}$	$\hat{\sigma}^2_{IG}$	$\hat{\sigma}^2_{e(IG)}$
NE	7,2310 ±1,53	7,0061 ±0,26	4,9873 ±1,32	9,2764 ±0,35
AP	299,9767 ±60,05	227,8920 ±8,55	104,4867 ±27,11	183,9662 ±6,90
AE	211,3963 ±42,55	164,6179 ±6,17	116,9797 ±26,22	136,8830 ±5,13
DE ⁺	18,8495 ±4,02	18,6236 ±0,69	8,6682 ±1,82	8,1073 ±0,30
CE	2,5967 ±0,66	4,3379 ±0,16	2,0757 ±0,42	1,6011 ±0,06
NR	35,8912 ±6,43	13,8840 ±0,52	46,9876 ±8,56	20,7461 ±0,78
PE	314,8711 ±63,28	243,5286 ±9,13	419,5822 ±91,83	453,4247 ±17,00
PG	210,5467 ±42,29	162,4255 ±6,09	304,6800 ±66,22	321,3853 ±12,05

+ estimativas multiplicadas por 10^2

Tabela 20. Estimativas da variância genética entre famílias (σ^2_{SI} e σ^2_{IG}) e para a variância ambiental entre subparcelas ($\sigma^2_{e(SI)}$ e $\sigma^2_{e(IG)}$), para os caracteres número de espigas (NE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), diâmetro de espiga (DE), comprimento de espiga (CE), número de ramificações do pendão (NR), peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG), na população semi-exótica de milho ESALQ-PB1 x CRAVO 4. Piracicaba-SP, 1989/90.

Caracteres	σ^2_{SI}	$\sigma^2_{e(SI)}$	σ^2_{IG}	$\sigma^2_{e(IG)}$
NE	4,9015 ±1,07	9,2669 ±0,28	2,3514 ±0,58	5,7396 ±0,18
AP	247,6423 ±37,50	120,5757 ±3,70	160,0893 ±25,10	96,5268 ±2,96
AE	187,7857 ±28,45	91,7327 ±2,82	177,6680 ±27,82	106,4385 ±3,27
DE ⁺	6,5212 ±1,59	15,4963 ±0,48	2,7528 ±0,56	4,3205 ±0,13
CE	2,1447 ±0,36	1,7600 ±0,05	0,7129 ±0,13	0,7903 ±0,02
NR	18,2153 ±2,87	11,3148 ±0,35	20,4390 ±2,98	7,4431 ±0,23
PE	191,7792 ±38,74	296,0924 ±9,09	249,8135 ±55,26	482,5556 ±14,81
PG	121,7253 ±25,44	205,1862 ±6,30	176,6552 ±39,87	357,1982 ±10,96

+ estimativas multiplicadas por 10^2

Tabela 21. Estimativas da variância genética aditiva ($\sigma^2_{A(S1)}$ e $\sigma^2_{A(IG)}$), para os caracteres número de espigas (NE), diâmetro de espiga (DE), comprimento de espiga (CE), número de ramificações do pendão (NR), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG), em duas populações semi-exóticas de milho. Piracicaba-SP, 1989/90.

	ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1			ESALQ-PB1 x CRAVO 4		
	$\sigma^2_{A(S1)}$	$\sigma^2_{A(IG)}$	$\bar{\sigma}^2_A^*$	$\sigma^2_{A(S1)}$	$\sigma^2_{A(IG)}$	$\bar{\sigma}^2_A^*$
NE	7,2310 ±1,53	9,9746 ±2,64	8,3340 ±1,19	4,9015 ±1,07	4,7027 ±1,16	4,7760 ±0,65
DE +	18,8495 ±4,02	17,3365 ±3,64	17,7771 ±2,17	6,5212 ±1,59	5,5057 ±1,12	5,7077 ±0,71
CE	2,5967 ±0,66	4,1513 ±0,84	3,4608 ±0,44	2,1447 ±0,36	1,4258 ±0,26	1,5736 ±0,16
NR	35,8912 ±6,43	93,9752 ±17,12	48,6696 ±5,68	18,2153 ±2,87	40,8781 ±5,96	25,4002 ±2,37
AP	299,9767 ±60,05	208,9733 ±54,22	235,3228 ±32,31	247,6423 ±37,50	320,1787 ±50,20	285,8968 ±25,78
AE	211,3963 ±42,55	233,9593 ±52,44	224,2214 ±27,95	187,7857 ±28,45	355,3360 ±55,64	245,2979 ±23,05
PE	251,8969# ±50,62	559,4430 ±122,44	---	153,4234# ±30,99	333,0846 ±73,68	---
PG	168,4374# ±33,83	406,2400 ±88,29	---	97,3802# ±20,35	235,5403 ±53,16	---

+ estimativas multiplicadas por 10^2 ; * variância genética aditiva média; # A esta estimativa deve ser subtraído $(4/5)D$. $D = D_1 + \frac{1}{5} D_2$; desvio associado à variância entre progênies S_1 . $D = -384,4326$ para PE e $D = -297,2533$ para PG em ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1; $D = -224,5766$ para PE e $D = -172,7002$ para PG em ESALQ-PB1 x CRAVO 4.

Tabela 22. Estimativas da variância genética entre progê-
nies de irmãos germanos e da variância genética
aditiva, em populações semi-exóticas de milho,
ao nível interpopulacional. Uberlândia-MG,
1988/89.

População #	$\hat{\sigma}^2_P$ (g/pl) ²	$\hat{\sigma}^2_A$ (g/pl) ² *
EE1 x EC4	109,58 ±28,13	146,11 a ±37,51 219,16 ±56,26
EC4 x EE1	86,14 ±20,40	114,85 a ±27,20 172,28 ±40,80
EC4 x EE1	108,53 ±21,77	144,71 a ±29,03 217,06 ±43,54
Agrupada	100,79 ±13,39	134,39 a ±17,85 201,58 ±26,78

- Primeira população utilizada como fêmea

* - Limites da σ^2_A considerando as hipóteses: $\sigma^2_A = \sigma^2_D$
e $\sigma^2_D = 0$.

F I G U R A S

Figura 01. Distribuição das médias para número de espigas (espigas/3m²), referente às populações EE1 e EC4, considerando-se dois tipos de progênies (IG e S1). Milho. Piracicaba-SP, 1989/90.

Figura 02. Distribuição das médias para peso de espigas ($\text{Kg}/3\text{m}^2$), referente às populações EE1 e EC4, considerando-se dois tipos de progenies (IG e SI). Milho. Piracicaba-SP, 1989/90.

Figura 03. Distribuição das médias para peso de grãos (Kg/3m²), referente às populações EE1 e EC4, considerando-se dois tipos de progênies (IG e S1). Milho. Piracicaba-SP, 1989/90.

Figura 04. Distribuição das médias para estande (plantas/3m²), referente às populações EE1 e EC4, considerando-se dois tipos de progenies (IG e S1). Milho. Piracicaba-SP, 1989/90.

Figura 05. Distribuição das médias para altura de planta (m), referente às populações EE1 e EC4, considerando-se dois tipos de progênies (IG e SI). Milho. Piracicaba-SP, 1989/90.

Figura 06. Distribuição das médias para altura de espiga (m), referente às populações EE1 e EC4, considerando-se dois tipos de progênies (IG e SI). Milho. Piracicaba-SP, 1989/90.

Figura 07. Distribuição das médias para diâmetro de cinco espigas (cm), referente às populações EE1 e

EC4, considerando-se dois tipos de progênies (IG e SI). Milho. Piracicaba-SP, 1989/90.

Figura 08. Distribuição das médias para comprimento de cinco espigas (cm), referente às populações EE1 e EC4, considerando-se dois tipos de progênies (IG e SI). Milho. Piracicaba-SP, 1989/90.

Figura 09. Distribuição das médias para número de ramificações do pendão (ramificações/planta), referente as populações EE1 e EC4, considerando-se dois tipos de progenies (IC e S1). Milho. Piracicaba-SP, 1989/90.

A P Ê N D I C E S

Apêndice 1 - Médias e porcentagem em relação à testemunha para sete caracteres das populações semi-exóticas EE1 e EC4, referentes a três ciclos de seleção recorrente intrapopulacional.

	EE1			EC4		
	I*	II*	III	I*	II*	III
PE (g/pl)	99,50	---	95,15	127,50	---	133,65
% T	64,24		53,06	74,73		78,39
PG (g/pl)	72,00	77,50	76,81	98,50	89,15	109,40
% T	56,47	37,61	52,29	70,03	47,00	78,50
AP (cm)	259,00	197,61	268,71	248,67	181,92	272,79
% T	114,48	106,65	109,58	106,72	98,43	110,36
AE (cm)	163,75	109,64	170,18	154,33	95,21	174,18
% T	135,05	109,27	125,63	119,02	96,98	126,04
DE (cm)	4,10	---	3,91	4,70	---	4,52
% T	92,76		87,47	103,52		101,34
CE (cm)	18,50	---	17,42	15,20	---	16,52
% T	106,81		93,26	89,62		87,18
NR	33,10	---	36,17	25,40	---	28,71
% T	142,06		159,55	112,89		117,42

* - MIRANDA FILHO, J.B. (dados não publicados)

Apêndice 2 - Estimativas da variância genética aditiva (superior) e da herdabilidade ao nível de médias de progênie (inferior) para sete caracteres das populações EE1 e EC4, referentes a três ciclos de seleção recorrente intrapopulacional.

	EE1			EC4		
	I*	II*	III	I*	II*	III
PE	281,2 38,6	---	559,4 73,5	370,0 40,7	---	333,1 60,8
PG	---	418,0 44,6	406,2 74,0	---	299,7 26,5	235,5 59,7
AP	468,0 67,7	353,1 49,9	209,0 63,0	254,0 59,7	274,5 50,1	320,2 83,3
AE	421,0 72,2	269,6 34,6	234,0 71,9	223,0 61,8	198,8 49,2	355,3 83,4
DE #	2,86 62,0	---	17,34 76,2	3,09 65,4	---	5,51 65,7
CE	12,93 49,2	---	4,15 79,5	9,12 57,0	---	1,43 73,0
NR	34,6 57,4	---	94,0 87,2	25,1 64,0	---	40,9 89,2

* - MIRANDA FILHO, J.B. (dados não publicados)

- Estimativas multiplicadas por 10^2