**COMPARAÇÃO DE TRÊS PROCESSOS SELETIVOS
PARA A IDENTIFICAÇÃO DE LINHAGENS S₁
SUPERIORES EM MILHO (*Zea mays* L.)**

ISMAEL CAMARGO BUITRAGO
Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR

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.

PIRACICABA
ESTADO DE SÃO PAULO - BRASIL
OUTUBRO DE 1996

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

Buitrago, Ismael Camargo

Comparação de três processos seletivos para a identificação de linhagens S₁ superiores em milho (zea mays L.) / Ismael Camargo Buitrago. - Piracicaba, 1996.

137p. : il.

Tese (doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1996.

Bibliografia.

1. Milho - Linhagem - Identificação 2. Milho - Melhoramento 3. Milho - Seleção
I. Título

CDD 633.15

1. INTRODUÇÃO

O sucesso no melhoramento de milho depende da identificação e utilização da variabilidade genética existente nas populações, para os fins específicos, que permitam alcançar o principal objetivo do melhoramento de plantas que é a identificação dos genótipos superiores. O desenvolvimento de cultivares superiores de forma sistemática requer que populações básicas sejam desenvolvidas e melhoradas para serem usadas como fontes de germoplasma em programas de seleção recorrente, como variedades comerciais e na extração de linhagens endogâmicas para a obtenção de híbridos.

Segundo Hallauer et al. (1988), três fatores têm contribuído significativamente para os avanços alcançados até hoje no melhoramento de milho: (a) o desenvolvimento das teorias da genética quantitativa e sua utilização nas espécies vegetais cultivadas; (b) o desenvolvimento de delineamentos experimentais e genéticos que facilitaram as análises e interpretação dos dados; (c) o desenvolvimento de processos seletivos para aumentar com mais eficiência a frequência de alelos favoráveis para caracteres de herança complexa.

A seleção recorrente foi sugerida como uma maneira de possibilitar o contínuo e progressivo melhoramento de populações, através da condução de ciclos sucessivos de seleção. Neste sistema procura-se acumular, gradualmente, alelos favoráveis na população, mantendo sua variabilidade genética. Hoje os métodos de seleção recorrente intra ou interpopulacionais envolvem o uso de progênies de meios irmãos, irmãos germanos, progênies S_1 e progênies S_2 , constituindo-se as populações melhoradas em fontes importantes de materiais para a extração de linhagens em programas de desenvolvimento de híbridos a médio e longo prazo (Hallauer & Miranda F^o, 1988).

**COMPARAÇÃO DE TRÊS PROCESSOS SELETIVOS
PARA A IDENTIFICAÇÃO DE LINHAGENS S,
SUPERIORES EM MILHO (*Zea mays* L.)**

ISMAEL CAMARGO BUITRAGO

Aprovada em 02/12/96

Comissão julgadora:

Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior	ESALQ/USP
Prof. Dr. Isaías Olívio Geraldi	ESALQ/USP
Prof. Dr. Luciano Lourenço Nass	EMBRAPA/CENARGEN
Prof. Dr. José Sebastião Cunha Fernandes	Universidade Federal do Paraná
Prof. Dr. Elto Eugênio Gomes e Gama	EMBRAPA/CNPMS

Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior

Orientador

HOMENAGENS

a meus pais e irmãos.

À minha esposa Bacy

e meus filhos

Ismaelito, Tito e Astrid,

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior, pela orientação, amizade e sobretudo, pelo incentivo no decorrer do curso.

Ao Eng^o Agr^o Dom Alfonso Alvarado Dumont, chefe do Programa de Melhoramento de Milho do IDIAP pelos estímulos e amizade.

Aos Drs. Richard Wedderburn, Diretor Associado do Programa de Milho e Jorge Bolaños, Agrônomo Regional para América Central, do CIMMYT, pelo apoio prestado.

Aos docentes do Departamento de Genética da ESALQ, pelos estímulos, exemplos e ensinamentos.

Ao Dr. Valdemar Napolini Filho e à empresa Agrocere Sementes S.A., pela facilidade na condução do experimento em Santa Cruz das Palmeiras.

Aos colegas Mário Caviedes, pelas inúmeras sugestões, sobre os vários aspectos do trabalho e Rogério de Melo Costa Pinto e José Raulindo Gardingo, pela revisão de Português.

Aos colegas do Curso de Pós-Graduação pelo companheirismo.

Aos funcionários do Departamento de Genética, pela atuação e colaboração prestada durante o período de estudo.

A Clotilde Maria Batochio Cunha, pela amizade, solidariedade e paciência na digitação de todos os nossos trabalhos na ESALQ/USP.

Às seguintes instituições, umas porque me ofereceram a oportunidade de realizar os estudos e outras por terem me auxiliado financeiramente nos estudos e na pesquisa:

- Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" da Universidade de São Paulo (ESALQ/USP);
- Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES-PEC-PG);
- Programa de Milho do Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (CIMMYT);
- Instituto de Investigación Agropecuaria de Panamá (IDIAP);
- Instituto para la Formación y Aprovechamiento de Recursos Humanos (IFARHU).

À todas as pessoas e instituições que, de alguma forma, contribuíram para a realização de meus estudos.

SUMÁRIO

RESUMO.....	viii
SUMMARY.....	xi
1. INTRODUÇÃO.....	01
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	03
2.1 Seleção recorrente.....	03
2.2 Seleção recorrente intrapopulacional em milho.....	04
2.3 Seleção usando progênies endógamas S_1 e S_2 vs. "testcross".....	09
2.4 Seleção recorrente interpopulacional em milho.....	11
2.5 Comparações dos processos seletivos intra vs. interpopulacionais em milho.....	14
2.6 Métodos combinados de seleção em milho.....	18
2.7. Correlações de linhagens e respectivos "testcrosses".....	20
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	22
3.1 Material genético.....	22
3.1.1 Descrição e origem das populações bases.....	22
3.1.2 Obtenção do material genético.....	23
3.2 Métodos.....	25
3.2.1 Execução experimental.....	25
3.2.2 Análises estatístico-genéticas.....	27
3.2.2.1 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos....	27
3.2.2.1.1. Análise da variância.....	27

	vii
3.2.2.1.2. Análise da covariância.....	29
3.2.2.1.3. Correlações genéticas.....	32
3.2.2.2 Análise da variância ao nível de parcela seguindo a estrutura de experimentos em faixas.....	33
3.2.2.3 Análise da variância ao nível de subparcela seguindo a estrutura em blocos casualizados.....	39
3.2.2.4 Análise e comparações entre médias ao nível de parcela e subparcela.....	40
3.2.2.4.1. Aplicação do teste t.....	40
3.2.2.4.2. Aplicação do teste Tukey.....	40
3.2.2.4.3. Estimativa da depressão por endogamia...	40
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	42
4.1 Avaliação e seleção de progênies.....	42
4.2 Análises de variâncias ao nível de parcelas.....	49
4.3 Análises de variâncias ao nível de subparcelas.....	57
4.4 Avaliação das progênies selecionadas: médias de parcelas.....	64
4.5 Avaliação das progênies selecionadas: médias de subparcelas.....	68
4.6 Considerações finais.....	80
5. CONCLUSÕES.....	82
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	84
TABELAS.....	104
APÊNDICE.....	125

**COMPARAÇÃO DE TRÊS PROCESSOS SELETIVOS
PARA A IDENTIFICAÇÃO DE LINHAGENS S_1
SUPERIORES EM MILHO (*Zea mays* L.)**

Autor: ISMAEL CAMARGO BUITRAGO

Orientador: Prof. Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR

RESUMO

Foram comparados três processos seletivos para a identificação de linhagens S_1 superiores nas populações de milho BR-105 e BR-106. De 100 genótipos S_0 amostrados de cada uma das duas populações foram obtidas progênies S_1 , meios irmãos intra e interpopulacionais. Os seis grupos de 100 progênies, sendo dois S_1 , dois intra e dois interpopulacionais, foram avaliados nos anos agrícolas 92/93 e 93/94, em dois locais da região de Piracicaba-SP. Baseados no comportamento dos três tipos de progênies, foram selecionadas as 10 melhores progênies de cada tipo, totalizando 30 progênies para a população BR-105 e 30 para a BR-106. A seguir, cada uma das progênies S_1 selecionadas foi cruzada com um testador endógamo, obtendo-se assim as 30 progênies testcross e 30 progênies S_1 , para cada população. Os experimentos foram instalados em latices 8 x 8 arranjadas segundo um delineamento em faixas com quatro repetições, em dois locais da região de Piracicaba e em Santa Cruz das Palmeiras-SP. Foram avaliados os seguintes caracteres: peso das espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), estande (ES), prolificidade (P) e posição relativa da espiga (R).

As estimativas dos componentes da variância genética e dos parâmetros afins, mostraram que as populações diferem quanto a variabilidade genética para os três caracteres estudados. Verificou-se que as progênies S_1 , apresentaram, como esperado, valores de variância genética entre progênies, fenotípicas e herdabilidade superiores às

progênes meios irmãos intrapopulacionais (MI intra) e meio irmãos interpopulacionais (MI inter), devido ao fato de que a endogamia aumenta a variabilidade genética entre progênes dentro da população. Estimativas de correlação genética entre progênes mostraram, em ambas as populações, maior associação entre as progênes não endogâmicas (MI intra, MI inter) que entre as progênes endogâmicas e não endogâmicas (S_1 , MI intra e S_1 , MI inter). Verificando-se com estes resultados que ambas as populações possuem frequências gênicas diferentes, sendo, portanto, geneticamente divergentes, constituindo-se num padrão heterótico com potencial para o desenvolvimento de híbridos de elevada produtividade e boas características agronômicas.

Por outro lado, a avaliação das progênes selecionadas mostrou que nas progênes S_1 , a média do caráter peso de espiga, em ambas as populações, mostraram uma leve tendência das progênes originadas da seleção MI inter serem superiores às da seleção S_1 e estas superiores à seleção MI intra; sendo que estas maiores produtividades estão associadas ao maior índice de prolificidade. Verificou-se que para estes caracteres, o comportamento entre as progênes testcrosses foi semelhante, ou seja, cada tipo de seleção identificou progênes diferentes, que no final tiveram comportamento médio similar. Isto sugere que as progênes S_1 e testcross selecionados, independente do tipo de seleção da qual se originaram, podem ser consideradas promissoras pelo comportamento *per se* das progênes S_1 que, em média, foram iguais ou superiores as S_1 parentais e, com alto potencial em combinações híbridas pois, em média, os testcrosses S_1 ' BR-106 x 22-2B foram 16,2% superior à média das testemunhas híbridas e os testcrosses S_1 ' BR-105 x 14-4B foram apenas 3,0% inferior à media dos híbridos comerciais utilizados como testemunhas.

As estimativas da depressão por endogamia mostrou que esta foi mais pronunciada na população BR-105 que na BR-106 à exceção do caráter R. Dentro dos tipos de seleção, as progênes selecionadas através de MI inter foram as menos afetadas pela depressão endogâmica para os caracteres PE, AP e AE; entretanto, verificou-se que

para os caracteres P, ES e R, o menor efeito da depressão endogâmica foi observado nas progênes da seleção S_1 em ambas as populações, indicando com estes resultados o potencial de ambas as populações para a extração de linhagens superiores, visando a obtenção de híbridos de linhagens, quanto em programas de melhoramento de populações.

**COMPARISON OF THREE SELECTIVE PROCEDURES FOR
THE IDENTIFICATION OF OUTSTANDING S_1
INBRED LINES IN MAIZE (*Zea mays* L.)**

Author: ISMAEL CAMARGO BUITRAGO

Adviser: Prof. Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR

SUMMARY

Three selective procedures were compared in order to identify outstanding S_1 lines in maize populations BR-105 and BR-106. One hundred genotypes (plants) were sampled from each population, from which one hundred S_1 progenies, intrapopulation and interpopulation half-sib progenies were obtained. These progenies were evaluated during two growing seasons (92/93 and 93/94) in two locations of Piracicaba, São Paulo. The best 10 lines for each selection type were identified based on their own performance, totaling 30 lines from BR-105 population and 30 lines from BR-106 population. Each line was crossed to an inbred tester generating 30 testcross progenies and 30 S_1 progenies for each population. These progenies were evaluated using an 8 x 8 Lattice arranged in split-blocks with four replications, during the growing season 94/95 at two locations in the Piracicaba region and one location in Santa Cruz das Palmeiras, all in the State of São Paulo. The traits evaluated were: ear weight (PE), plant height (AP), ear height (AE), stand (ES), prolificacy (P) and the ratio: ear height/plant height (AE/AP).

The genetic variance components and other genetic parameters estimates, showed that populations differ in relation to the studied traits. It was verified that, as expected, S_1 progenies presented genetic, and phenotypic variances, and heretabilities superior to those of half-sib intra and half-sib inter progenies, due to the fact that

inbreeding increases genetic variability among progenies within the populations. The estimates of genetic correlation among progenies showed in both populations a higher association involving the non-inbred progenies (half-sib intra, half-sib inter) than that involving inbred and non-inbred progenies (S_1 , half-sib intra) and (S_1 , half-sib inter). Results showed that both populations would have different gene frequencies, being genetically divergent, constituting heterotic patterns with potential for developing outstanding hybrids.

The S_1 lines selected from interpopulation selection showed a small tendency of superiority over the S_1 selection, which is superior over intrapopulation selection for both populations, being these superiorities associated with a higher prolificacy index. It was also found that performance of testcross progenies was similar for ear weight (PE) and prolificacy (P) in both populations, regardless of selection type used. Thus, each selection type identified different lines which showed similar performance. It suggests that selected S_1 and testcross progenies can be considered promissoring because of per se S_1 progenie performance that, in average, were equal or superior to S_1 parental progenies and, with high hybrid combination potential. Testcrosses (S_1 ' BR-106 x 23-2B) were 16,2% superior to the average of hybrid checks, and testcrosses (S_1 ' BR-105 x 14-4B) were only 3% inferior to the average of commercial hybrids used as checks.

The inbreeding depression of the selected lines were higher on that derived from BR-105 population than on BR-106, except for the R trait. Among selection types, the lines selected through intrapopulation half-sib progenies were less affected by inbreeding depression for PE, AP and AE traits, than the other types of selection. On the other hand, for P, ES and R traits the lower inbreeding depression effect was observed on S_1 selection for both populations, indicating the potential of these populations for inbred-hybrids programs.

1. INTRODUÇÃO

O sucesso no melhoramento de milho depende da identificação e utilização da variabilidade genética existente nas populações, para os fins específicos, que permitam alcançar o principal objetivo do melhoramento de plantas que é a identificação dos genótipos superiores. O desenvolvimento de cultivares superiores de forma sistemática requer que populações básicas sejam desenvolvidas e melhoradas para serem usadas como fontes de germoplasma em programas de seleção recorrente, como variedades comerciais e na extração de linhagens endogâmicas para a obtenção de híbridos.

Segundo Hallauer et al. (1988), três fatores têm contribuído significativamente para os avanços alcançados até hoje no melhoramento de milho: (a) o desenvolvimento das teorias da genética quantitativa e sua utilização nas espécies vegetais cultivadas; (b) o desenvolvimento de delineamentos experimentais e genéticos que facilitaram as análises e interpretação dos dados; (c) o desenvolvimento de processos seletivos para aumentar com mais eficiência a frequência de alelos favoráveis para caracteres de herança complexa.

A seleção recorrente foi sugerida como uma maneira de possibilitar o contínuo e progressivo melhoramento de populações, através da condução de ciclos sucessivos de seleção. Neste sistema procura-se acumular, gradualmente, alelos favoráveis na população, mantendo sua variabilidade genética. Hoje os métodos de seleção recorrente intra ou interpopulacionais envolvem o uso de progênies de meios irmãos, irmãos germanos, progênies S_1 e progênies S_2 , constituindo-se as populações melhoradas em fontes importantes de materiais para a extração de linhagens em programas de desenvolvimento de híbridos a médio e longo prazo (Hallauer & Miranda F^o, 1988).

Um estudo sobre uso dos métodos de seleção recorrente utilizados pelos melhoristas de milho da América Latina, África, Oriente Médio e Ásia, indica que os métodos mais amplamente usados nos quatro continentes são aqueles que se utilizam de progênies endógamas S_1 , progênies de meios irmãos e de irmãos germanos. Com exceção do Oriente Médio, o uso de progênies S_1 tem sido normal nos programas de seleção recorrente (Pandey & Gardner, 1992).

Embora na atualidade, os métodos de seleção recorrente com progênies intra e interpopulacionais sejam amplamente usados no melhoramento genético do milho, não existem estudos críticos ou específicos que orientem os melhoristas a decidirem sobre o tipo de progênie que deve ser empregada para identificar, de forma eficiente, os genótipos superiores para serem utilizados em programas de obtenção de linhagens para o desenvolvimento de híbridos.

A avaliação e seleção combinadas, envolvendo diferentes tipos de progênies, isto é, S_1 e progênies intra e interpopulacionais originadas da mesma planta S_0 , pode ser uma metodologia promissora para resolver esta questão, devido aos diferentes efeitos genéticos envolvidos nestas progênies além de explorar diferentes proporções da variância genética aditiva. Assim, os mesmos genótipos avaliados em diferentes tipos de progênies podem gerar informações discrepantes, acarretando a seleção de genótipos distintos. Visando gerar informações que auxiliem os melhoristas a tomarem uma decisão neste sentido, foi realizada esta pesquisa, que teve por objetivo básico comparar o comportamento de linhagens S_1 selecionadas com a utilização de progênies de meios irmãos intra e interpopulacionais e S_1 *per se*. Avaliou-se também, o tipo de progênie mais adequada na identificação de linhagens S_1 superiores, para serem utilizadas tanto em programas de obtenção de híbridos de linhagens, quanto em programas de melhoramento de populações.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Seleção Recorrente

Os sistemas de seleção recorrente foram desenvolvidos para melhorar sistematicamente as fontes de germoplasma a serem usadas em programas de melhoramento (Jenkins, 1940; Hull, 1945; Comstock et al., 1949). Os diversos sistemas de seleção recorrente têm como objetivo aumentar contínua e progressivamente a frequência dos alelos favoráveis, através de ciclos sucessivos de seleção e recombinação dos genótipos superiores, mantendo a variabilidade genética da população.

Estes sistemas de seleção recorrente têm sido discutidos amplamente na literatura por diversos autores: Sprague & Eberhart (1977), Gardner (1978), Hallauer (1985), Hallauer & Miranda (1988), Hallauer et al. (1988), Paterniani (1990, 1993) e Pandey & Gardner (1992). De modo geral, os sistemas de seleção recorrente foram divididos por Moll & Stuber (1974) em dois tipos: (a) sistemas de seleção recorrente intrapopulacional e, (b) sistemas de seleção recorrente recíproca interpopulacional; em ambos os sistemas temos uma unidade de avaliação e seleção das progênies e outra unidade de recombinação das progênies selecionadas.

Na maioria dos sistemas a unidade de avaliação é constituída por um grupo de progênies e a unidade de recombinação, pode ser constituída de sementes remanescentes das progênies selecionadas ou outro tipo de progênie dos genótipos selecionados.

2.2. Seleção recorrente intrapopulacional em milho

Os sistemas de seleção recorrente (SR) para melhoramento intrapopulacional envolvem a seleção massal, seleção com progênies de meios irmãos (MI), seleção com progênies de irmãos germanos (IG) e seleção de progênies endógamas (S_1 e S_2). A seleção pode ser praticada entre e dentro das progênies; a seleção entre progênies baseia-se no comportamento médio das progênies através dos ambientes (Dhillon & Khehra, 1989; Pandey & Gardner, 1992) e a seleção massal dentro das progênies.

A eficiência de qualquer método de seleção, conforme Stojisin & Kannenberg (1994b), depende de dois fatores principais afetando as frequências alélicas na população: seleção e deriva genética, de maneira que teoricamente, a resposta máxima na seleção recorrente intrapopulacional é obtida com frequências intermediárias dos alelos favoráveis ($P = 0,5$), que resulta em mudanças nos efeitos aditivos em relação aos efeitos dominantes, considerando ausência de dominância.

Usando sistemas de seleção recorrente, baseados em progênies de meios irmãos intrapopulacionais (Paterniani, 1967), após três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na população Paulista Dent; reportou um progresso médio de 13,6%/ciclo; Webel & Lonnquist (1967) obtiveram ganhos de 9,44%/ciclo, após quatro ciclos de seleção na variedade Hays Golden. Lima (1977) com seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na população ESALQ VD 2, obteve ganhos médios de 10,44%/ciclo. Santos et al. (1988) avaliaram dois ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos nas populações de milho Dentado Composto e Flint Composto em diferentes regiões do Nordeste brasileiro, sendo que os progressos estimados corresponderam a um ganho médio anual de 15,47% e 5,2%, respectivamente.

A seleção recorrente intrapopulacional com progênies de irmãos germanos, tem sido usada com sucesso no melhoramento populacional da produção de grãos e outras características agronômicas.

Johnson et al. (1986), após 15 ciclos de seleção recorrente para reduzir altura de planta com progênies de irmãos germanos na população Tuxpeño Crema I, obtiveram uma redução linear na altura de planta de 282 (cm/pl) para 179 (cm/pl) equivalente a 2,4% / ciclo. Ao diminuir a altura, a densidade ótima aumentou de 48.000 para 64.000 plantas/ha e com esta densidade ótima houve um incremento no rendimento de 4,4%/ciclo.

Entretanto, no estudo de Stromberg & Compton (1989), o progresso depois de dez ciclos de seleção recorrente com progênies de irmãos germanos na variedade Nebraska Krug (NK), usando um índice de seleção multiplicativo baseado em rendimento, estande e plantas sem espigas, mostrou que o rendimento aumentou 0,07 Mg/ha/ciclo (1,2%); a proporção de plantas acamadas diminuiu 2,8% e a proporção de plantas sem espigas aumentou 0,1%/ciclo.

O uso de progênies endógamas no melhoramento de populações segundo Paterniani & Miranda F^o (1987) é recomendado para caracteres de baixa herdabilidade, porque a endogamia faz aumentar a variância genética entre progênies e conduz a um aumento do progresso esperado por seleção.

Os trabalhos de Comstock (1964), Empig et al. (1972), Eberhart (1972), Sprague & Eberhart (1977), Hallauer (1980), Hallauer & Miranda (1981) e Cockerham & Matzinger (1985), indicaram que a seleção recorrente de progênies endógamas S_1 e S_2 , pode ser superior aos métodos baseados em progênies de irmãos germanos, meios irmãos e seleção massal. Não obstante, Choo & Kannenberg (1979), advertem que esta eficiência das progênies endógamas pode ser afetada por fatores como a ligação, intensidade de seleção, tamanho populacional, herdabilidade do caráter e tipo de ação gênica envolvida. Márquez (1988b) salienta as vantagens do uso das progênies S_1 , no melhoramento populacional em milho visando selecionar para resistência a pragas e doenças. Assim, Grombacher et al. (1989), usaram três ciclos de seleção recorrente com progênies S_1 nas populações BS1 e BS9 e demonstraram que a resistência às doenças e qualidade do colmo podem ser melhoradas através deste esquema.

Klenke et al. (1986), após quatro ciclos de SR com progênes S_1 na população BS9 para resistência à Primeira (I^a) e Segunda (II^a) geração de European Corn Borer (ECB), conseguiram incrementar a resistência a ECB durante o ciclo completo da planta; o dano diminuiu de 3,6 para 2,7 na I^a geração de ECB e de 6,4 para 4,4 na II^a geração, em uma escala de 1 a 9 (1 = resistente; 9 = suscetível).

Resultados similares obtiveram Nyhus et al. (1989) que submeteram dois sintéticos de milho BSAA e BSBB a quatro ciclos de seleção recorrente com progênes S_1 para resistência à I^a geração de (ECB) e *Diplodia maydis* (DSR). O nível de resistência alcançado em BSBB foi suficiente para evitar perdas na produção causadas por infestações de ECB e (DSR). Entretanto, houve uma redução linear média de 20% para produção de grãos em ambos os sintéticos *per se*.

Carson & Wicks (1993) conduziram o sintético BS19 a dois ciclos de seleção recorrente com progênes S_1 usando diferentes critérios de seleção: (a) para produção na ausência de estresse e de doenças; (b) na presença de estresse induzido por ferrugem comum (NLB) e podridão do colmo causada por (DSR). A produção de grãos na ausência de estresse das doenças teve aumento médio de 6,0%/ciclo; e uma média de 3,0%/ciclo na seleção para resistência a doenças *per se*. A seleção para resistência *per se*, a NBL e DSR resultaram em ganhos de 7,0%/ciclo para produção de grãos sob estresse de NBL e DSR.

Usando um esquema similar para melhorar a tolerância ao frio nas populações BS13(SCT) e BSSS2(SCT), Hoard & Crosbie (1985) mostraram, após cinco ciclos de seleção, ganhos significativos para porcentagens de emergência de 2,1%/ciclo, peso de matéria-seca das plântulas de 0,04 g/ciclo e contagens de vigor das plântulas de 0,3 unidades/ciclo.

Estudos comparativos entre processos seletivos intrapopulacionais têm sido realizados por vários pesquisadores. Neste sentido, Hallauer et al. (1988) enfatizam que os coeficientes para os componentes da variância genética aditiva entre progênes são: 1,0 para as progênes S_1 , 1,5 para as progênes S_2 e aproximadamente 2,0 para

progênes S_n ; entretanto, este coeficiente se reduz para 0,25 entre progênes de meios irmãos e 0,5 entre progênes de irmãos germanos. Neste contexto, os trabalhos de Webel & Lonnquist (1967) indicam que a seleção espiga por fileira modificada foi mais efetiva que a seleção massal, no melhoramento do caráter produção de grãos.

Posteriormente, El Rouby et al. (1971) verificaram que as diferenças entre o método espiga por fileira modificada e seleção massal foram pequenas nas gerações iniciais do melhoramento. Num estudo de simulação, Choo & Kannenberg (1979) observaram que para caracteres de alta herdabilidade (0,6), a seleção massal é mais efetiva que a seleção espiga por fileira modificada (ME). Não obstante, esta última é mais efetiva para caracteres de baixa herdabilidade. Ao comparar a seleção massal, ME e seleção com progênes S_1 , o estudo indicou que a seleção de S_1 é mais eficiente que os outros métodos, embora seja necessário usar plantios fora de época para reduzir o ciclo para dois anos.

Ramalho (1977) avaliou a eficiência dos processos seletivos intrapopulacionais baseados em progênes de irmãos germanos e de meios irmãos. Os resultados mostraram que o ganho para produção com a seleção envolvendo progênes de irmãos germanos foram quase sempre superiores ao obtido com a seleção entre e dentro de progênes de meios irmãos com sementes remanescentes, não considerando o tamanho efetivo.

Burton et al. (1971) depois de quatro ciclos de seleção baseadas em progênes S_1 e progênes de meios irmãos, observaram ganhos para BSK(S) de 0,234 Mg/ha/ciclo vs. 0,113 Mg/ha/ciclo para BSK(HI) respectivamente, para a seleção com progênes S_1 e meios irmãos. Posteriormente, depois de oito ciclos de seleção, Tanner & Smith (1987), observaram que para produção de grãos do ciclo 0 para o C4 os ganhos na população *per se*, para BSK(S) foram 0,335 Mg/ha (6,9 %)/ciclo, comparado com 0,105 Mg/ha, (2,2%) por ciclo para o programa de MI. Entretanto, do ciclo 4 ao 8, para o caráter produção de grãos, não houve diferenças nos dois procedimentos de seleção.

Sullivan & Kannerberg (1987) compararam os métodos de seleção usando progênies S_1 e espiga por fileira modificado (ME); este estudo indicou que a resposta à seleção S_1 foi linear positiva e significativa nas populações; a média de incremento por ciclo flutuou de 12 a 19%. Entretanto, a seleção com ME foi variável e não houve uma resposta linear através dos ciclos.

Jobet & Barriga (1988), compararam os métodos de seleção massal estratificada e seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos (MI). Os estudos da seleção simulada para caracteres quantitativos indicaram que ambos os métodos de seleção mostraram adequados progressos genéticos para os caracteres altura de planta e produção de grãos, sendo os avanços genéticos de 7,5% e 8,0% para a seleção massal, e de 6,3% e 6,0% com seleção utilizando progênies de meios irmãos, respectivamente, para os dois caracteres.

Guo (1991) relatou que populações obtidas a partir da variedade Shenzhong ciclo 1, foram submetidas a um ciclo de seleção com progênies de meios irmãos e de irmãos germanos. Os resultados demonstraram que a produção das progênies de meios irmãos e irmãos germanos derivadas do ciclo 2 foram em média, 12,2% e 10,4% superiores, respectivamente, à população original Ciclo 0. Entretanto, as duas populações melhoradas ciclo 2, não foram significativamente diferente entre si para produção.

Livini et al. (1992) avaliaram as respostas diretas e correlacionadas após três ciclos de seleção com progênies S_1 e com progênies de irmãos germanos (IG) para produção de grãos. Os resultados indicaram incremento de 0,36 Mg/ha/ciclo (6,6% ciclo) e 0,2 Mg/ha/ciclo (3,7% ciclo), respectivamente, para a seleção com progênies S_1 e irmãos germanos.

Lamkey (1992) apresenta dados demonstrando que a seleção com MI, usando o híbrido duplo Iowa 13 como testador da população BSSS, melhorou o comportamento da população *per se*, para produção de grãos em 3,9%/ciclo e teve sucesso na identificação de linhagens com alta performance em combinações híbridas.

Entretanto, ao analisar os resultados na BS13, onde foi usada a seleção de progênies S_2 , observou-se, que não houve melhora substancial na população *per se*.

Teoricamente, o resultado na BS13 não é esperado já que em ausência de sobredominância a seleção de progênies S_2 , deve ser superior aos outros métodos; a explicação é que com progênies de MI e IG não há a participação do componente D_1 , por outro lado, com progênies endógamas, há o D_1 , o que pode reduzir o ganho com seleção. Comparando-se o uso de progênies S_1 e S_2 , Souza Jr. (1989) destaca que ao se comparar as expressões dos progressos esperados com seleção usando progênies S_1 e S_2 , verifica-se no numerador que em progênies S_2 ocorre um aumento de 50% na σ^2_A e de 150% em D_1 , em relação às progênies S_1 . Como o componente D_1 é negativo quando a frequência dos alelos favoráveis (p) é inferior a 0,5, a utilização de progênies S_2 em populações pouco melhoradas pode proporcionar progressos inferiores aqueles que seriam obtidos com progênies S_1 . Portanto, a utilização de progênies S_2 para a seleção recorrente em lugar da utilização de progênies S_1 , deve levar em consideração a magnitude e sinal do componente D_1 .

2.3. Seleção usando progênies endógamas S_1 e S_2 vs. "testcross"

Os métodos de seleção para o melhoramento intrapopulacional envolvendo caracteres quantitativos em milho tem-se baseado no comportamento de indivíduos ou progênies para o melhoramento da população *per se*, ou em progênies híbridas ("testcross") para melhorar a capacidade de combinação das populações.

Lonnquist & Lindsey (1964), compararam "testcross" vs. S_1 *per se* de 169 progênies S_1 do sintético KIII. Os resultados apresentados sugerem que o progresso na seleção para produção baseados em: (a) S_1 *per se* e (b) "testcross" com um testador não aparentado, foi dependente de diferentes efeitos genéticos. Eles reportam evidências indicando que a seleção de S_1 *per se* foi baseado principalmente em efeitos aditivos e concluíram que o uso de um testador não aparentado pode resultar na seleção de

progênes com alelos contrastantes em locos sobredominantes. Posteriormente, Lonquist (1968) reportou que a seleção baseada no comportamento dos "testcrosses", usando a população parental como testador resultou em variedades sintéticas de rendimento superior às baseadas em progênes S_1 selecionadas, usando um testador não aparentado.

Duclos & Crane (1968) reportaram os resultados de dois ciclos de um programa de seleção recorrente simultâneo baseado no comportamento de progênes S_1 e no comportamento dos "testcrosses" usando um híbrido duplo como testador. As linhagens do sintético baseado no comportamento de linhagens S_1 apresentaram médias de produção significativamente superiores às linhagens do sintético baseado no comportamento dos "testcrosses". Do mesmo modo, as médias de produção dos sintéticos baseado no comportamento dos topcross foram significativamente superiores às médias de produção do sintético baseado no comportamento de linhagens S_1 .

Os trabalhos de Genter & Alexander (1962,1966) e Genter (1973), compararam o comportamento das linhagens S_1 *per se* e em cruzamentos ("testcross"). Em termos gerais verifica-se nestes trabalhos, que o comportamento das linhagens S_1 *per se* foi superior aos "testcrosses" para aumentar a produção e a capacidade geral de combinação das populações. Entretanto, a seleção baseada nos "testcrosses" foi efetiva no incremento da frequência de genes contribuindo para aumentar a produção nos cruzamentos, mas não nas populações. Por outro lado, o estudo de Carangal et al. (1971) mostrou que a seleção de progênes S_1 para produção de grãos foi melhor na população *per se* e semelhante à seleção de "testcross" para melhorar a capacidade geral de combinação.

Horner et al. (1989) e Morera (1989), estudaram os efeitos dos métodos de seleção baseados em progênes autofecundadas (S_2) e seus "testcrosses" sobre a capacidade geral e específica de combinação em populações melhoradas. Os resultados indicam que o método "testcross" incrementou a produção em 3% considerando todos os cruzamentos, entretanto, foi observado um aumento de 7%, quando os melhores 50

cruzamentos dentro de cada método foram considerados. Os resultados indicaram que o método dos "testcrosses" parece ser mais efetivo para identificar a capacidade de combinação para produção de grãos, que o método de seleção baseado em progênes S_2 .

Avaliando a resposta à seleção no caráter produção de grãos usando progênes S_1 e "testcross", Burgess & West (1993) utilizaram uma população submetida previamente a dez ciclos de seleção para diminuir a altura de planta. Durante este período, a produção de grãos diminuiu 29 % em relação à população original. A resposta à seleção S_1 incrementou a produção em 44 % após quatro ciclos e a seleção baseada no "testcross" resultou num ganho de 21 % na produção da população. Assim, quatro ciclos de seleção recorrente de progênes S_1 restauraram a produção de grãos ao mesmo nível da população antes da seleção para diminuir a altura de espiga.

2.4 Seleção recorrente interpopulacional em milho

Os métodos de Seleção Recorrente Intergupulacional ou Recíproca (SRR) têm sido utilizados para desenvolver novos padrões heteróticos e melhorar os já previamente identificados. A eficiência destes esquemas tem sido demonstrada pelos trabalhos de Moll & Robinson (1966), Martin & Hallauer (1980) e comparados com outros métodos de seleção Moll & Stuber (1971), Eberhart et al. (1973), Moll et al. (1978), Smith (1983), dentre outros.

Resultados de seleção baseada em progênes de meios irmãos e irmãos germanos interpopulacionais relatados nos trabalhos de Penny & Eberhart (1971), depois de cinco ciclos de SRR em BSSS e BSCB1, mostraram incremento significativo na produção da população BSSS e do híbrido interpopulacional; entretanto, houve redução na produção da BSCB1. Foi observado um ganho de 1,7 % no híbrido interpopulacional contra um ganho esperado de 7,2 %/ciclo. Posteriormente, em outro estudo, Eberhart et al. (1973) avaliaram o progresso obtido depois de cinco ciclos de SRR nas populações de milho BSSS(R) e BSCB1(R). Os resultados indicaram que o aumento na produção

do híbrido interpopulacional foi linear com taxa de 2,73 q/ha (4,6%)/ciclo. A heterose aumentou de 15% na interpopulação Co x Co, para 37% na interpopulação BSSS(R)C5 x BSCB1(R)C5; e 34% na interpopulação BSSS(HT)C7 x BSCB1(R)C5. Martin & Hallauer (1980) avaliaram sete ciclos de SRR nas populações BSSS e BSCB1; o progresso observado na interpopulação foi de 1,75 q/ha/ciclo, verificando-se um aumento na heterose (média dos pais) de 14,9% no cruzamento Co x Co para 41,7% no cruzamento C₇ x C₇. Smith (1983) relatou progressos de 0,247 Mg/ha/ciclo, do Co para C₄; e de 0,361 Mg/ha para os C₄ ao C₈. O que representa ganhos de 4,3%/ciclo para produção de grãos no híbrido interpopulacional depois de oito ciclos de SRR de MI nas populações BSSS e BSCB1.

Schnicker & Lamkey (1993) estimaram os efeitos de 11 ciclos de seleção de famílias de IG sobre a média, variância genética e correlações entre as características do híbrido interpopulacional BSSSxBSCB1. Os autores reportaram que a produção grãos aumentou 0,25 Mg/ha/ciclo (6,46%), a umidade dos grãos aumentou 0,85 g/Kg/ciclo, o acamamento diminuiu 0,23%; demonstrando desta forma a eficiência do método para melhorar o híbrido interpopulacional.

Os trabalhos de Keeratinijakal & Lamkey (1993a; 1993b) indicaram que a SRR foi efetiva para melhorar a produção de grãos no híbrido interpopulacional BSSS(R) x BSCB1(R). Após 11 ciclos de seleção, a produção dos grãos aumentou no híbrido interpopulacional, 6,95%/ciclo (0,28 Mg/ha/ciclo); na população BSSS(R), a produção de grãos aumentou 1,94% (0,06 Mg/ha/ciclo) e na população BSCB1(R) não ocorreram alterações significativas. A heterose baseada na média dos pais aumentou de 25,44% para 76,04%, do Co ao C₁₁.

Depois de avaliar sete ciclos de SRR com IG nas populações BS10 e BS11, Hallauer (1984) obteve uma resposta direta na interpopulação de 2,1%/ciclo para produção. As respostas indiretas em BS10 e BS11 foram 2,7 e 2,4%, respectivamente.

Reeder Jr. et al. (1987) conduziram seis ciclos de SRR com progênies de irmãos germanos para produção de grãos em duas populações; a média de produção nas

populações aumentou significativamente, do Co ao C6, em 6,3% na população BS10 e 5,7% na BS11. Entretanto, as estimativas das variâncias genéticas após seis ciclos de SRR com IG, sugerem uma pequena redução da variabilidade genética, embora estatisticamente não significativa. Posteriormente, Eyherabide & Hallauer (1991) utilizando as mesmas populações, estimaram a resposta a oito ciclos de SRR com famílias de irmãos germanos, o esquema foi efetivo para incrementar a produção de grãos no híbrido interpopulacional em 6,5%/ciclo, 3,0%/ciclo na população BS10 e 1,6%/ciclo na BS11. A heterose (MP) exibida pelo híbrido interpopulacional para produção de grãos aumentou de 2,5% no Co para 39,7% no C8.

Souza Jr. et al. (1993) avaliaram o potencial genético das populações de milho BR-105 e BR-106. O progresso esperado com seleção recorrente recíproca com progênies de meios irmãos e recombinação de plantas S_1 foi de 12,9 g/planta (637,32 Kg/ha) o que corresponde a 7,69% em relação ao híbrido interpopulacional. A média esperada do híbrido interpopulacional após um ciclo de seleção recorrente recíproca foi 28,39% superior às populações parentais originais, sendo 9,16% devido ao progresso com seleção e 19,23% devido à heterose que se manifesta no cruzamento entre as populações originais.

Estudos comparativos entre processos seletivos interpopulacionais para medir sua eficiência nos programas de melhoramento são reportados na literatura. Ehdaie & Cress (1970) compararam teoricamente os procedimentos de SRR baseados em progênies de irmãos germanos e em progênies de meios irmãos visando o desenvolvimento de híbridos. Foram estudadas sete frequências gênicas com duas intensidades de seleção (branda e forte), usando diferentes modelos genéticos. Eles concluíram que: (a) a seleção com IG foi claramente superior por ciclo e por geração; (b) condições de equilíbrio foram frequentes com epistasia na seleção de MI e não com seleção com IG; (c) os progressos iniciais e totais foram sempre positivos com seleção de irmãos germanos. Em outro estudo de simulação, Jones et al. (1971) compararam os métodos de SRR de irmãos germanos e meios irmãos. Observaram que o

comportamento relativo destes dois esquemas parece depender da intensidade de seleção e da variância ambiental; neste estudo a SRR com progênies de IG foi favorecida com baixas intensidades de seleção. Entretanto, esta vantagem diminuiu quando a variância ambiental foi relativamente superior à variância genética total e quando a intensidade de seleção aumentou.

Souza Jr. (1987) descreveu um novo método de seleção recorrente recíproca (SRR), que requer plantas prolíficas e envolve progênies de meios irmãos obtidas alternadamente de plantas não endógamas (S_0) e endógamas (S_1). Ao comparar a SRR com IG, dado por Hallauer & Eberhart (1970) com SRR com MI com plantas prolíficas, proposto por Paterniani e Vencovsky (1978), a nova metodologia foi muito mais eficiente e simples, sendo potencialmente de muito benefício em programas de melhoramento, que visam a obtenção de híbridos de linhagens endógamas.

Russell et al. (1992) compararam os progressos obtidos através de dois procedimentos de SRR nos sintéticos BS21 e BS22. O esquema modificado consistiu no uso de duas linhagens endógamas como testadores em vez das populações, foi usada a linhagem endógama A632 como testador para BS21 e a linhagem endógama H99, para BS22. Os ganhos para produção foram lineares para BS21(R) x BS22(R) com 4,9% ciclo, entretanto, para o esquema modificado BS21(R) x A632 foi 4,7%/ciclo, os ganhos para os cruzamentos BS22(R) x H99, foram positivas, mas não significativas.

2.5. Comparações dos processos seletivos intra vs. interpopulacionais em milho

Estudos visando determinar a eficiência relativa de diferentes processos seletivos intra e interpopulacionais têm sido relatados em vários trabalhos. Compton et al. (1964) avaliaram as respostas em três esquemas de seleção: massal; com progênies de meios irmãos intrapopulacionais e meios irmãos interpopulacionais, nas variedades Golden Republic e Barber Reid. Em termos gerais os resultados indicaram que para o caráter produção de grãos, o progresso esperado com o método intrapopulacional foi

mais eficiente para melhorar ambas as variedades, sendo a resposta maior na variedade Golden Republic. Entretanto, o método interpopulacional foi eficiente para melhorar o híbrido interpopulacional. A seleção massal foi o método menos eficiente, para melhorar as variedades.

Comparando experimentalmente a seleção intrapopulacional com progênes de IG e SRR com progênes de MI nas variedades Jarvis e Indian Chief e no híbrido interpopulacional, Moll & Stuber (1971), observaram aumentos significativos na produção após seis ciclos de seleção. As respostas em ambas variedades à seleção com IG foram 2,1 vezes superiores à resposta obtida através da SRR. Entretanto, a resposta do híbrido intervarietal à SRR foi 1,3 vezes superior à resposta à seleção de famílias de IG, indicando que a seleção com IG aumentou a produção nas variedades *per se* e a SRR aumentou a produção do híbrido intervarietal.

Por outro lado, trabalhando com as mesmas variedades, Moll et al. (1966, 1971, 1978, 1984), usando simultaneamente métodos de seleção com progênes de irmãos germanos (intrapopulacionais) e SRR com progênes de meios irmãos (interpopulacionais), após 10 ciclos de seleção, obtiveram uma resposta média com a seleção de IG de 3,5% e de 1,4%/ciclo, para Jarvis e Indian Chief, respectivamente. Entretanto, a resposta à SRR com MI foi de 2,4% e -0,3%/ciclo, para as duas populações, respectivamente. No que diz respeito ao melhoramento do híbrido interpopulacional, as respostas foram similares para ambos os métodos 2,0% e 2,7% para IG e SRR com MI, respectivamente. Portanto, a resposta à seleção nas populações *per se* foram maiores na seleção intra que na SRR.

Miranda F^o & Paterniani (1983) avaliaram as populações de milho Piramex e Cateto usando famílias de meios irmãos (intrapopulacional) e "testcross" de famílias de meios irmãos (interpopulacional); quando compararam os progressos esperados, verificaram que a seleção recorrente recíproca baseada em "testcross" de progênes de meios irmãos foi mais efetiva que a seleção intrapopulacional, com um progresso de 2,98% sobre o cruzamento varietal original e, que o método

interpopulacional foi, em média, mais eficiente para melhorar também, ambas as populações *per se* que o método intrapopulacional.

Souza Jr. (1983) estudou a eficiência relativa entre alguns processos de seleção recorrente recíproca e seleção interpopulacional no melhoramento do híbrido interpopulacional; seus resultados evidenciaram que a seleção recorrente recíproca com progênies de meios irmãos obtidas de plantas prolíficas é o método mais adequado, quando é possível se fazer plantios fora de época. Entretanto, a seleção intrapopulacional com progênies de irmãos germanos é a melhor opção, quando as fases da seleção são conduzidas apenas no ciclo normal.

Mahdy et al. (1988) compararam um ciclo de seleção recorrente com progênies S_1 e de SRR com progênies de meios irmãos para produção de grãos no sintético $S_{1,2}$ e no composto Giza 2. A seleção S_1 aumentou significativamente a produção de grãos sendo o progresso genético observado em Giza 2 de 13,73%. Na SRR de MI os ganhos foram de 8,41% e 14,66% para o Giza 2 e o Sintético $S_{1,2}$, respectivamente.

St. Martin (1986) comparou métodos de seleção intra vs. interpopulacional usando, a nível intrapopulacional, progênies S_1 e irmãos germanos, e a nível interpopulacional, progênies de meios irmãos e irmãos germanos. As comparações foram feitas calculando as mudanças que ocorrem nas frequências alélicas com cada método. Considerando um curto prazo, a seleção intrapopulacional de IG resultou no método mais efetivo para a maioria das combinações de frequências alélicas estudadas, considerando baixo o grau de dominância. Com valores elevados no grau de dominância, os métodos S_1 e SRR de IG foram superiores, sendo que o método de SRR de MI não superou os demais métodos.

Rodriguez & Hallauer (1988) usaram nove populações de milho para avaliar a resposta à seleção recorrente intrapopulacional com progênies de MI nas populações BSK, BSSS e BS12 e progênies endógamas S_1 e S_2 para BSK, BSTL, BS2 e BS16 e seleção interpopulacional com progênies de meios irmãos para BSSS e BSCB₁

e irmãos germanos para BS10 e BS11. Os resultados sugerem que a seleção intrapopulacional foi melhor que a seleção interpopulacional. A resposta média para produção de grãos foi 0,249 Mg/ha/ciclo (38,4%) para os métodos intrapopulacionais e 0,033 Mg/ha/ciclo (4,0%) para os métodos interpopulacionais.

Souza Jr. & Miranda Filho (1989) compararam a seleção intra vs. interpopulacional. Os ganhos esperados foram de 6,3 e 4,9% para ESALQ-PB1 e BR-105, respectivamente, ou seja, 5,6% em média para a seleção intrapopulacional baseada em progênies de MI. Entretanto, com a seleção interpopulacional, o progresso foi de 6,8 e 3,8% para ESALQ-PB1 e BR-105, respectivamente, sendo o ganho total da SRR de famílias de MI de 6,6%. Neste estudo, o esquema de SRR baseado em famílias de meios irmãos foi mais eficiente para incrementar a produção, devido ao ganho na heterose.

Odhambo & Compton (1989) avaliaram cinco ciclos de seleção recorrente com progênies S_1 e de SRR com progênies IG nas populações de milho NBS, NSS e NKS, e nos híbridos interpopulacionais NBS x NSS e NBS x NKS. Ambos os métodos foram igualmente efetivos no melhoramento com respostas médias de 2,0% para S_1 e 1,8% para a SRR de IG por ciclo. No híbrido interpopulacional as respostas foram de 3,6% e 2,9%/ciclo para SRR com progênies de IG e S_1 , respectivamente.

Gouesnard et al. (1991) compararam procedimentos de seleção intra e interpopulacional em duas populações de milho forrageiro. Nos dois ciclos avaliados (C_0 , C_1), os métodos intra e interpopulacional foram igualmente efetivos no melhoramento da capacidade de combinação. O método intrapopulacional foi, em geral, mais eficiente que o método interpopulacional para melhorar o valor *per se* das populações, e o método interpopulacional foi mais eficiente para melhorar a capacidade de combinação para o caráter peso de matéria seca na população flint.

De maneira geral, os trabalhos de Moll & Stuber (1971), Darrah et al. (1972), Eberhart et al. (1973), Russell et al. (1973), Moll et al. (1978) e Jiang et al. (1990) apresentam evidências que sugerem que a heterose aumenta com a seleção

recorrente recíproca, mas pode diminuir no híbrido de duas populações quando esquemas de seleção intrapopulacionais são utilizados.

Souza Jr. & Miranda Filho (1985) em um estudo teórico, verificaram que a alteração da heterose (Δh), via seleção, tende a ser negativa para a seleção intrapopulacional e positiva para a seleção interpopulacional para modelos com dominância completa e sobredominância, sendo exceções situações em que $p = r$ ou $\Delta p = \Delta r$ implicando que $\Delta h = 0$.

Como indicado em trabalhos prévios, os métodos de seleção recorrente intrapopulacional foram superiores para melhorar as populações *per se*, enquanto que, a seleção recorrente recíproca ou interpopulacional foi superior para melhorar o híbrido interpopulacional, com respostas positivas em uma das populações e negativas na outra. Para contornar este problema, Souza Jr. (1993) propôs o método modificado como uma alternativa para resolver o problema. O método consiste em se utilizar uma das populações como testadora de ambas as populações, sendo que a população com menor média para o caráter específico é utilizada como testadora. O método envolve esquemas de seleção recorrente intrapopulacional, posto que uma população é testadora dela própria, e interpopulacional, já que a mesma população servirá como testadora para a outra população.

Arias (1995) avaliou experimentalmente o método modificado proposto por Souza Jr. (1993), concluindo que o esquema de seleção recorrente modificado foi considerado mais eficiente que a seleção recorrente recíproca e a seleção recorrente intrapopulacional para atender de forma ampla às necessidades de um programa de produção de híbridos de linhagens.

2.6. Métodos combinados de seleção em milho

Com a evolução dos métodos de melhoramento de populações, foi observada a relativa eficiência dos diferentes esquemas. Assim, começou-se a pensar

em combinar diferentes tipos de progênies para avaliar melhor um genótipo; este método foi proposto por Lonnquist (1967b¹ e 1967c²) citados por Hallauer & Miranda F^o (1988) e Lonnquist & Castro (1967) e envolve a seleção simultânea de progênies S_1 e de meios irmãos procedentes da mesma planta S_o . As duas progênies deverão dar uma melhor avaliação do genótipo da planta, do que cada uma individualmente, permitindo uma exploração mais eficiente dos diversos tipos de ação gênica, pois a avaliação de progênies S_1 é baseada principalmente nos efeitos aditivos, enquanto que, as progênies de meios irmãos refletem os efeitos principalmente de dominância.

De acordo com Hallauer & Miranda F^o (1988), a combinação de métodos pode ser apropriada devido ao fato das linhagens modernas exigirem excelente capacidade de combinação e elevado potencial para produção de sementes, objetivos que podem ser atingidos facilmente com esta metodologia.

Embora os métodos combinados teoricamente apresentem vantagens práticas, têm sido pouco utilizados pelos melhoristas, registrando-se na literatura apenas os trabalhos de Goulas & Lonnquist (1976) e Coors (1988).

O trabalho de Goulas & Lonnquist (1976) apresenta resultados de dois ciclos de seleção, utilizando a avaliação combinada de progênies S_1 e progênies de meios irmãos. Os resultados indicaram que o aumento da produção de grãos foi de 25%, da altura de espiga de 11% e houve um decréscimo de 3% na umidade dos grãos quando comparada com o sintético original. Posteriormente, Coors (1988) completou dois ciclos mais de seleção combinada obtendo incrementos de 3,5%/ciclo para produção de grãos e uma diminuição de 1,5%/ciclo na umidade dos grãos. As estimativas da herdabilidade em sentido amplo para progênies MI e S_1 , foram de 0,34 e 0,76, respectivamente para a produção de grãos, e 0,68 e 0,88 para a umidade dos grãos, respectivamente.

¹ LONNQUIST, J. **Intrapopulation Improvement:** Combination S_1 and HS selection. Maize 5. CIMMYT, 1967b.

² LONNQUIST, J. **Interpopulation Improvement:** Combined S_1 , mass and reciprocal recurrent selection. Maize 6. CIMMYT, 1967c.

2.7. Correlações de linhagens e respectivos "testcrosses"

As correlações envolvendo caracteres de progênies endógamas S_1 ou S_2 , com seus respectivos "testcrosses" têm despertado o interesse dos pesquisadores e melhoristas de milho. Alguns dos resultados obtidos são relatados nos trabalhos de Koble & Rinke (1963), que compararam o comportamento de um grupo de linhagens S_1 *per se* e em "testcrosses" com testadores aparentados e não aparentados. A correlação entre o comportamento de linhagens S_1 vs comportamento de "testcross" foi maior ou superior, que a correlação entre o comportamento de ambos os grupos de "testcrosses" para o caráter produção de grãos e outras características agronômicas.

Lonnquist & Lindsey (1964) compararam linhagens S_1 *per se* e "testcrosses" usando dois testadores; um não aparentado e a população parental. Eles encontraram correlação significativa entre a produção das S_1 e seus correspondentes "testcrosses", mas não de magnitude suficiente para ter valor preditivo.

Por sua vez, Genter & Alexander (1966) ao correlacionarem a produção de 153 linhagens S_1 , da população CBS, com seus "testcrosses" obtiveram valores de $r = 0,61^{**}$; e seis das 10 linhagens S_1 mais produtivas, estiveram entre as que originaram os 10 "testcross" mais produtivos. Quando correlacionaram a produção das 60 linhagens S_1 , derivadas da população CBS-TC1, com seus "testcross" obtiveram $r=0,47^{**}$; e quatro das 10 linhagens S_1 mais produtivas estavam entre aquelas que produziram os "testcross" com maior produção. Finalmente, a correlação para produção das linhagens S_1 derivadas da população CBS-TC2, com seus "testcrosses" foram apenas $r = 0,15$ e só duas das 10 linhagens S_1 mais produtivas, estiveram entre os 10 melhores "testcross".

Duclos & Crane (1968) ao estimaram a correlação fenotípica das progênies S_1 vs. "testcross" para produção obtiveram valores de $r = 0,42^{**}$, o que segundo eles indica a relação entre os dois procedimentos de avaliação, embora este valor seja pequeno para fins de predição.

Illg (1969) estudou a correlação para a produção de grãos entre progênes de meios irmãos avaliados *per se* e em "testcross" das variedades de milho Piramex e Cateto. Os resultados indicaram que a correlação existente entre progênes MI *per se* vs. seus "testcross" na variedade Piramex foi de 0,48* enquanto que na variedade Cateto foi de 0,26*.

Por sua vez, Morera (1989) estimou que a correlação simples entre progênes S_2 e "testcrosses" para altura de espiga foi significativamente alta na população A ($r=0,57$) e na população B ($r = 0,42$). Em termos gerais neste estudo, houve uma correlação fenotípica entre os dois métodos de avaliação para todos os caracteres estudados, a exceção do número de espigas por plantas na população B.

Arias et al. (1994) estimaram coeficientes de correlação fenotípica entre linhagens S_1 e "testcrosses" intra e interpopulacionais de 0,20* e 0,17*, respectivamente, para a população BR-105. No caso da população BR-106 os valores encontrados foram 0,38** e 0,42**, respectivamente, indicando uma relação mais estreita entre os "testcrosses" e as progênes S_1 para a população BR-106.

Smith (1986) estudou teoricamente a relação entre linhagens *per se* e o comportamento dos "testcross" para examinar as possíveis razões para os baixos valores das correlações. Os resultados indicaram que, para caracteres condicionados por um grande número de locos mostrando dominância completa, as correlações entre linhagens *per se* e o comportamento dos "testcross", espera-se que seja menor que 0,5. Isto é devido aos efeitos mascaradores de alelos favoráveis dominante no testador. A baixa correlação entre linhagens *per se* e comportamento dos "testcross" pode indicar que a quantidade de ação gênica não aditiva está afetando o comportamento dos "testcross".

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material genético

3.1.1 Descrição e origem das populações bases

Foram utilizadas duas populações de milho liberadas pelo Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS/EMBRAPA) e denominadas de **BR-105** e **BR-106**, cujas descrições são:

A população **BR-105** possui porte baixo, ciclo precoce, grãos alaranjados duros e baixa depressão por endogamia. Originalmente foi denominada de Suwan, tendo sido obtida na Tailândia através da seleção recorrente com progênies S_1 . Ela foi sintetizado a partir do inter cruzamento das raças de milho Cuban Flint, Cuban Dent, Catetos, Tuxpeño, Tusón, Coastal Tropical Flint e germoplasma dos Estados Unidos da América, cruzados com os compostos 1 e 5 da Filipinas com resistência a downy mildew (Gracen, 1986). Foi introduzida no Brasil em 1976 sendo submetida a 5 ciclos de seleção com progênies de irmãos germanos no CNPMS/EMBRAPA (Souza Jr. et al., 1993).

A população **BR-106** possui porte baixo, ciclo precoce e grãos amarelos dentados. Foi obtida pelo inter cruzamento das variedades tardias de porte alto Centralmex, Composto Dentado e Maya. A seguir, este composto foi cruzado com a população BR-108 (Tuxpeño-1), de ciclo precoce e porte baixo. Após duas gerações de recombinação, seguiram-se três ciclos de seleção para redução da altura da planta e da espiga (Souza Jr. et al., 1993).

3.1.2 Obtenção do material genético

Das populações de milho BR-105 e BR-106, 100 plantas não selecionadas foram autofecundadas gerando 100 progênies S_1 , as sementes foram multiplicadas fazendo "*sib*" dentro das linhas S_1 's. A seguir cada progênie S_1 da população BR-105 foi cruzada com a população BR-106 (BR-105♀ S_1 x BR-106♂) e cada progênies S_1 da população BR-106 foi cruzada com a população BR-105 (BR-106♀ S_1 x BR-105♂), para se obter as progênies de meios irmãos interpopulacionais. Ao mesmo tempo cada progênie S_1 da população BR-105 foi cruzada com a população BR-105 parental (BR-105♀ S_1 x BR-105♂ parental) e cada progênie S_1 da população BR-106 foi cruzada com a população BR-106 parental (BR-106♀ S_1 x BR-106♂ parental) para se obter as progênies de meios irmãos intrapopulacionais.

Assim, cada planta (100 de cada população) gerou três tipos de progênies: S_1 , meios irmãos interpopulacionais e meios irmãos intrapopulacionais. A avaliação das 300 progênies de cada população, foi realizada nas fazendas Areão e Caterpillar, município de Piracicaba, durante dois anos (92/93 e 93/94), usando duas repetições por local. O delineamento experimental utilizado foi o látice 10 x 10, com parcelas constituídas de 4 m lineares e, espaçamento de 0,80 m entre linhas e 0,20 m entre plantas dentro de parcelas, deixando-se 20 plantas por parcela após o desbaste.

Baseado no desempenho dos três tipos de progênies avaliadas para os caracteres peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e prolificidade (P), foram selecionadas 10 progênies de cada tipo de progênie avaliada [10 progênies S_1 , 10 progênies de meios irmãos interpopulacionais (MI inter) e 10 progênies derivadas dos meios irmãos intrapopulacionais (MI intra)], totalizando 30 progênies selecionadas para a população BR-105 e 30 progênies para a população BR-106.

A seguir, no primeiro semestre de 1994, na Estação Experimental do Departamento de Genética, as sementes remanescentes das progênies selecionadas que

correspondem a linhagens S_1 foram multiplicadas por "*sib*" (#) na linha e cruzadas com testadores endógamos para se obter os "testcross". O testador das 30 linhagens S_1 's selecionadas da população BR-105 foi a linhagem elite 14-4B, derivada da população BR-106; e o testador das 30 progênes S_1 's selecionadas da população BR-106 foi a linhagem elite 23-2B derivada da população BR-105. O esquema indicando os três tipos de seleção efetuados nas progênes (S_1 , MI intra e MI inter) e os dois tipos de progênes avaliadas neste trabalho (S_1 e "testcross") encontra-se na Tabela 1. Deste modo, foram obtidos os 60 tratamentos objeto deste estudo.

Utilizaram-se quatro testemunhas, as populações parentais BR-105 e BR-106, descritas previamente e os híbridos simples comerciais Zeneca 8452 e C-805, produzidos respectivamente pelas empresas privadas Zeneca Sementes e Cargill.

Tabela 1 - Resumo apresentando os tratamentos avaliados: três tipos de seleção (S_1 , MI intra e MI inter); e os dois tipos progênes (S_1 e "testcross"); nas populações BR-105 e BR-106.

População BR-105			População BR-106		
Tipo de Seleção	Tipo de Progênes		Tipo de Seleção	Tipo de Progênes	
	S_1	"testcross"		S_1	"testcross"
Seleção S_1	10 S_1 e	10 S_1 x 14-4B	Seleção S_1	10 S_1 e	10 S_1 x 23-2B
Seleção MI intra	10 S_1 e	10 S_1 x 14-4B	Seleção MI intra	10 S_1 e	10 S_1 x 23-2B
Seleção MI inter	10 S_1 e	10 S_1 x 14-4B	Seleção MI inter	10 S_1 e	10 S_1 x 23-2B
Total Prog BR-105	30 S_1 e	30 "testcrosses"	Total Prog BR-106	30 S_1 e	30 "testcrosses"

3.2 Métodos

3.2.1 Execução experimental

As progênies S_1 de ambas as populações (60 progênies S_1) e seus "testcross" (60 progênies "testcross") e quatro testemunhas constituídas pelas populações parentais BR-105 e BR-106 e os híbridos C-805 e Zeneca 8452, foram avaliadas seguindo o esquema de experimentos em faixas, de tal modo que as progênies com um mesmo grau de endogamia ocupassem parcelas adjacentes, isto é, uma faixa com todas as progênies S_1 contígua a uma faixa com todos os "testcross" visando diminuir os efeitos prováveis devido à diferenças de vigor das progênies. Dentro de cada faixa os tratamentos foram instalados segundo um delineamento em látice 8 x 8 com quatro repetições por local. Os experimentos foram avaliados no ano agrícola 1994/95, sendo instalados em três locais: a Fazenda Areão e a Fazenda Caterpillar, no município de Piracicaba e em Santa Cruz das Palmeiras (Agrocères), todas localizadas no Estado de São Paulo.

As subparcelas, com os tipos de progênies (S_1 e "testcross"), constaram de uma linha de 4 m de comprimento, com espaçamento de 0,20 m entre plantas, e 0,80 m entre linhas sendo a área efetiva de 3,6 m². As parcelas para avaliar os efeitos conjuntos dos genótipos (S_1 + "testcross") constaram de duas linhas como definidas anteriormente; desta forma as parcelas ocuparam uma área de 7,2 m².

Na semeadura foram colocadas 40 sementes por subparcela e 15 dias após a germinação foi efetuado o desbaste, procurando-se manter o estande ideal de 20 plantas por subparcela.

As adubações de plantio e cobertura e controle das plantas daninhas foram as normais para a cultura. Todos os dados foram tomados na subparcela como um todo ou de uma amostra representativa obtida de plantas competitivas dentro destas. Os caracteres avaliados e a forma de sua avaliação são apresentados a seguir:

Altura da planta (**AP**): média da altura de planta de cinco plantas competitivas, medidas do nível do solo a inserção da folha bandeira (cm/planta);

Altura da espiga (**AE**) : média da altura das espigas das mesmas cinco plantas competitivas, medidas do nível do solo até a inserção da primeira espiga (cm/planta);

Posição relativa da espiga (**R**): Este índice indica a posição da primeira espiga em relação à altura da planta. É obtido dividindo-se a altura da primeira espiga pela altura da planta (**AE/AP**);

Estande (**ES**): avaliado, contando-se o número total de plantas no momento da colheita;

Número médio de espigas por subparcela (**NE**): após a pesagem das espigas, efetuou-se a contagem do número total de espigas dentro de cada subparcela;

Peso de espigas (**PE**) : após a colheita, as espigas despalhadas foram levadas ao laboratório e deixadas por algum tempo para uniformizar a umidade e após foi realizada a pesagem. O peso de espigas despalhadas em quilogramas por subparcela de 3,6 m² foi transformado em gramas por planta dividindo-se o peso de cada subparcela pelo seu estande. Para este caráter foram feitas correções para estande médio, utilizando-se o método de correção por covariância, descrito por Steel & Torrie (1960).

Número médio de espigas por planta (Prolificidade) (**P**)= Este dado é calculado dividindo-se o número de espigas pelo número total de plantas da subparcela.

Os caracteres peso de espigas despalhadas, estande e prolificidade foram avaliados nos três locais, enquanto que os caracteres AP, AE e AE/AP, foram avaliados nos dois experimentos instalados em Piracicaba, SP.

3.2.2 Análises estatístico-genéticas

3.2.2.1. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

Embora o objetivo deste trabalho não tenha sido estimar parâmetros genéticos e fenotípicos, fizeram-se estimativas de alguns parâmetros para conhecer melhor a estrutura genética de ambas as populações.

Os dados experimentais coletados nas 300 progênes correspondente a 100 progênes S_1 , 100 progênes meios irmãos intrapopulacionais e 100 de meios irmãos interpopulacionais, nas duas populações, separadamente, foram analisados, considerando-se o modelo aleatório, isto é, todos os efeitos, com exceção da média geral, como sendo aleatórios.

3.2.2.1.1. Análise da variância

Com objetivo de se obter as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, foram realizadas as análises conjuntas de variância para os três caracteres principais (PE, AP, AE) usados para selecionar as 10 melhores progênes, nas duas populações; para cada tipo de progênes avaliadas S_1 , MI intra e MI inter. Para as análises de variância conjunta, foi adotado o seguinte modelo matemático:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + b_{j/l} + a_l + (ga)_{il} + e_{ijl}$$

sendo:

Y_{ijk} = total do genótipo i, na repetição j, do local l;

μ = média geral do experimento;

$E(\mu) = \mu$ e $E(\mu^2) = \mu^2$ (E = esperança matemática);

g_i = efeito do genótipo i, onde $i = 1, 2, \dots, I$;

$E(g_i) = 0$ e $E(g_i^2) = \sigma_p^2$

$b_{j/l}$ = efeito da repetição do bloco; onde $j = 1, 2$, dentro do local l ;

($l = 1, 2, \dots, L$);

a_l = efeito do local l ; onde $l = 1, 2, \dots, L$;

$E(a_l) = 0$ e $E(a_l^2) = \sigma_a^2$

$(ga)_{il}$ = efeito da interação entre o genótipo i e o local l ;

$E(ga_{il}) = 0$ e $E(ga_{il}^2) = \sigma_{gal}^2$

e_{ijl} = erro associado à parcela ij do local l ;

$E(e_{ijl}) = 0$ e $E(e_{ijl}^2) = \sigma_e^2$

O esquema da análise de variância conjunta pode ser visualizado na Tabela 2. As estimativas dos componentes de variância foram obtidas de acordo com as esperanças matemáticas. Assim, foram estimadas a variância genética entre progênies (σ_p^2), a variância fenotípica entre médias de progênies (σ_F^2) e da variância do resíduo entre parcelas (σ_e^2). Obtiveram-se também os coeficientes de herdabilidade ao nível de progênies (h^2), para cada caráter de ambas as populações, de acordo com a metodologia descrita por Vencovsky & Barriga (1992).

As estimativas foram obtidas através das seguintes expressões:

$$\sigma_p^2 : \frac{(QM_g - QM_{ga})}{r l}$$

$$\sigma_{ga}^2 : \frac{(QM_{ga} - QM_e)}{r}$$

$$\sigma_e^2 : QM_e$$

$$\sigma_F^2 : \frac{QM_g}{r l}$$

$$h^2 : \frac{\sigma_p^2}{\sigma_F^2}$$

onde:

QM_g : quadrado médio entre progênies;

QM_{ga} : quadrado médio das interações entre progênies e locais;

QM_e : quadrado médio dos erros;

r : número de repetições por local;

l : número de locais.

3.2.2.1.2. Análise da covariância

A análise da covariância entre os caracteres das progênies S_1 , MI inter e MI inter, foi feita conforme metodologia relatada por Kempthorne (1966). Com esta metodologia, pode-se obter a análise da covariância apenas com a utilização da análise da variância. Assim, para a obtenção da covariância entre as características de duas progênies X e Y, deve obter-se a análise da variância de X, Y e Z, sendo $Z = X + Y$. A partir destas análises foram calculados os produtos médios para a obtenção das estimativas das covariâncias.

Os produtos médios foram obtidos através das seguintes expressões:

$$PM_{p(x,y)} : (1/2) (QM_{pz} - QM_{px} - QM_{py})$$

$$PM_{e(x,y)} : (1/2) (QM_{ez} - QM_{ex} - QM_{ey})$$

onde:

QM_{pz} : quadrado médio entre progênies de $x + y$;

QM_{px} : quadrado médio entre progênies de x;

QM_{py} : quadrado médio entre progênies de y;

QM_{ez} : quadrado médio do erro de $x + y$;

QM_{ex} : quadrado médio do erro para progênie x ;

QM_{ey} : quadrado médio do erro para progênie y ;

$PM_{p(x,y)}$: produto médio entre progênies de x e y ;

$PM_{e(x,y)}$: produto médio do erro entre progênies de x e y ;

A covariância genética entre progênies foi estimada pela seguinte expressão:

$$C\hat{O}v_{p(x,y)} = \frac{(PM_{pxy} - PM_{exy})}{r}$$

onde:

$C\hat{O}v_{p(x,y)}$: covariância genética entre progênies x e y ;

r : número de repetições.

Tabela 2 - Esquema da análise combinada de variância com suas respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios E(QM) e dos produtos médios E(PM), utilizadas na obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos.

F.V.	G. L.	QM	E(QM)	PM	E(PM)
R/A	l(r-1)	-	-	-	-
A	(l-1)	-	-	-	-
G	(g-1)	QM _g	$\sigma_c^2 + r \sigma_{ga}^2 + rl\sigma_p^2$	PM _g (x,y)	Cov _c + rCov _{ga} + rlCov _p
G x A	(l-1)(g-1)	QM _{ga}	$\sigma_c^2 + r \sigma_{ga}^2$	PM _{ga} (x,y)	Cov _c + rCov _{ga}
E	l(r-1)(g-1)	QM _c	σ_c^2	PM _c (x,y)	Cov _c

E: erro médio

3.2.2.1.3. Correlações genéticas

As correlações genéticas entre as progênes foram estimadas de acordo com o procedimento relatado por Falconer (1986) e Kempthorne (1966), como se segue:

$$r_G (S_1, MI \text{ intra}) = \frac{Cov_p(S_1, MI \text{ intra})}{\sqrt{(\sigma_p^2 S_1 \cdot \sigma_p^2 MI \text{ intra})}}$$

$$r_G (S_1, MI \text{ inter}) = \frac{Cov_p(S_1, MI \text{ inter})}{\sqrt{(\sigma_p^2 S_1 \cdot \sigma_p^2 MI \text{ inter})}}$$

$$r_G (MI \text{ intra}, MI \text{ inter}) = \frac{Cov_p(MI \text{ intra}, MI \text{ inter})}{\sqrt{(\sigma_p^2 MI \text{ intra} \cdot \sigma_p^2 MI \text{ inter})}}$$

onde:

$r_G (S_1, MI \text{ intra})$ = coeficiente de correlação genética entre os caracteres das progênes S_1 e $MI \text{ intra}$.

$r_G (S_1, MI \text{ inter})$ = coeficiente de correlação genética entre os caracteres das progênes S_1 e $MI \text{ inter}$.

$r_G (MI \text{ intra}, MI \text{ inter})$ = coeficiente de correlação genética entre os caracteres das progênes $MI \text{ intra}$ e $MI \text{ inter}$.

A significância dos coeficientes de correlação genética foi avaliada pelo teste "t", seguindo a expressão proposta por Vencovsky & Barriga (1992).

3.2.2.2. Análise da variância ao nível de parcela seguindo a estrutura de experimentos em faixas

Foram feitas análises individuais dos experimentos para cada ambiente segundo o procedimento proposto por Kempthorne (1952), para análise de experimentos em faixas e, a seguir, as análises de variâncias conjunta envolvendo os três ambientes. As análises de variância para todos os caracteres foram realizadas com base nas médias de parcela.

O modelo matemático para a análise conjunta segundo Piedade (1987), é o seguinte:

$$Y_{iklj} = \mu + g_i + b_{j/l} + a_l + (ga)_{il} + (bga)_{(il)j} + t_k + (ta)_{kl} + (tab)_{(kl)j} + (gt)_{ik} + (gta)_{ikl} + e_{(ikl)j}$$

sendo:

($i = 1, 2, \dots, I$; $k = 1, 2, \dots, K$; $j = 1, 2, \dots, J$; $l = 1, 2, \dots, L$)
onde:

Y_{iklj} = é o valor observado na subparcela ou do tipo de progênie k , do genótipo i na repetição j dentro do ambiente l ;

μ = é a média geral;

g_i = é o efeito do genótipo i ;

$b_{j/l}$ = é o efeito do bloco ou repetição j , dentro do ambiente l ;

a_l = é o efeito do ambiente l ;

$(ga)_{il}$ = é o efeito da interação entre o genótipo i e o ambiente l ;

$(gab)_{(il)j}$ = é o erro experimental ao nível de parcelas, onde se supõe

$$(gab)_{(il)j} \sim N(0; \sigma_{gb}^2);$$

t_k = é o efeito do tipo de progênie k;

$(ta)_{kl}$ = é o efeito da interação entre o tipo de progênie k e o ambiente l;

$(tab)_{(kl)j}$ = é o erro experimental ao nível de subparcelas, onde se supõe

$$(tab)_{(kl)j} \sim N(0; \sigma_{tab}^2);$$

$(gt)_{ik}$ = é o efeito da interação entre o genótipo i e o tipo de progênie k;

$(gta)_{ikl}$ = é o efeito da interação entre o genótipo i com o tipo de progênie k e o ambiente l;

$e_{(ikl)j}$ = é o erro experimental que aparece devido à não casualização das subparcelas dentro das parcelas, onde se supõe $e_{(ikl)j} \sim N(0; \sigma^2)$.

O esquema da análise de variância conjunta com os graus de liberdade, esperanças matemáticas dos quadrados médios e o teste F, seguindo a estrutura dos experimentos em faixas num modelo misto (ambiente aleatório e genótipos fixos) é apresentado na Tabela 3.

Tabela 3 - Esquema da análise da variância conjunta e esperanças matemáticas dos quadrados médios e teste F, seguindo uma estrutura em faixas, para um modelo misto (Piedade, 1987).

F.V.	G.L.	QM	E(QM)	F
Ambiente (A)	L-1	Q1	$\sigma^2 + J\sigma_{ga}^2 + I\sigma_{iab}^2 + IJ\sigma_{ia}^2 + K\sigma_{gab}^2 + KJ\sigma_{ga}^2 + IKJ\sigma_a^2 + IK\sigma_b^2$	$(Q1 + Q5 + Q8 + Q10) / (Q4 + Q7 + Q2 + Q11)$
Repetição / A	L(J-1)	Q2	$\sigma^2 + I\sigma_{iab}^2 + K\sigma_{gab}^2 + IK\sigma_b^2$	$(Q2 + Q11) / (Q5 + Q8)$
Genótipo (G)	I-1	Q3	$\sigma^2 + J\sigma_{ga}^2 + K\sigma_{gib}^2 + KJ\sigma_{ga}^2 + KL\phi_g$	Q3/Q4
G x A	(I-1)(L-1)	Q4	$\sigma^2 + J\sigma_{ga}^2 + K\sigma_{gib}^2 + KJ\sigma_{ga}^2$	$(Q4 + Q11) / (Q5 + Q10)$
Erro (a)	L(I-1)(J-1)	Q5	$\sigma^2 + K\sigma_{iab}^2$	
Tipo (T)	K-1	Q6	$\sigma^2 + J\sigma_{ga}^2 + I\sigma_{iab}^2 + IJ\sigma_{ia}^2 + IJ\phi_i$	Q6/Q7
T x A	(K-1)(L-1)	Q7	$\sigma^2 + J\sigma_{ga}^2 + I\sigma_{iab}^2 + IJ\sigma_{ia}^2$	$(Q7 + Q11) / (Q8 + Q10)$
Erro (b)	L(K-1)(J-1)	Q8	$\sigma^2 + I\sigma_{iab}^2$	
G x T	(I-1)(K-1)	Q9	$\sigma^2 + J\sigma_{ga}^2 + LJ\phi_{gi}$	Q9/Q10
G x T x A	(I-1)(K-1)(L-1)	Q10	$\sigma^2 + J\sigma_{ga}^2$	Q10/Q11
Erro (c)	L(I-1)(K-1)(J-1)	Q11	σ^2	

onde:

$$\phi_g = \frac{\sum_i g_i^2}{(I-1)} ; \phi_t = \frac{\sum_t t_K^2}{(K-1)} \quad e \quad \phi_{gt} = \frac{\sum_{iK} (gt)_{iK}^2}{(I-1)(K-1)}$$

As hipóteses testadas neste modelo são:

- Ho(1): $g_i = 0$ associado a genótipo;
 Ho(2): $t_k = 0$ associada a tipo de progênie;
 Ho(3): $a_l = 0$ associada a ambiente;
 Ho(4): $(gt)_{ik} = 0$ associada a interação genótipo x tipo;
 Ho(5): $(ga)_{il} = 0$ associada a interação genótipo x ambiente;
 Ho(6): $(ta)_{kl} = 0$ associada a interação tipo x ambiente;
 Ho(7): $(gta)_{ikl} = 0$ associada a interação genótipo x tipo x ambiente.

Em seguida, foi feita a decomposição da fonte de variação associada a genótipo no esquema de análise de variância em faixas para estudar com mais detalhes os efeitos das diferentes progênies obtidas por três processos seletivos.

Na Tabela 4, são apresentados os desdobramentos possíveis das fontes de variação, necessários para explorar ao máximo as informações geradas no experimento e discriminar efetivamente as diferenças entre os diferentes tipos de seleção.

Para verificar a significância dos efeitos nas análises de variâncias conjunta, utilizou-se a fórmula de Satterthwaite (1946)³ citado por Barbin (1993); Vencovsky & Barriga (1992) a fim de calcular os números de graus de liberdade empregados no teste F, quando o valor de F não for um quociente simples de dois quadrados médios.

³ SATTERTWHAITE, F.E. An approximate distribution of estimates of variance components. **Biometrics Bulletin**, v.2, p.110-114, 1946.

Tabela 4 - Esquema da análise da variância conjunta com desdobramento das fontes de variação, para determinar os efeitos de tipos de seleção efetuadas nas populações BR-105 e BR-106.

F. V.	G.L.
Ambientes (A)	2
Repetição / A	9
Genótipo (G)	63
Progenies (P)	59
Progenies vs Testemunhas	1
Testemunhas (Test)	3
Progenies BR-105 vs progenies BR-106	1
Progenies BR-105	29
Seleção S_1	9
Seleção MI intra	9
Seleção MI inter	9
Seleção S_1 vs Seleção MI	1
Seleção MI intra vs Seleção MI inter	1
Progenies BR-106	29
Seleção S_1	9
Seleção MI intra	9
Seleção MI inter	9
Seleção S_1 vs Seleção MI	1
Seleção MI intra vs Seleção MI inter	1
Genótipo x Ambiente (A)	126
Progenies x A	118
(Progenies vs tstemunhas) x A	2
Testemunhas x A	6
Progenies BR-105 vs Progenies BR-106	2
Progenies BR-105 x A	58
Seleção S_1 x A	18
Seleção MI intra x A	18
Seleção MI inter x A	18
Seleção S_1 vs Seleção MI x A	2
Seleção MI intra vs Seleção MI inter x A	2
Progenies BR-106 x A	58
Seleção S_1 x A	18
Seleção MI intra x A	18
Seleção MI inter x A	18
Seleção S_1 vs Seleção MI x A	2

Tabela 4 - Continuação

Seleção MI intra vs Seleção MI inter x A	2
Erro (a)	567
Tipo (T)	1
Tipo x Ambiente	2
Erro (b)	9
Genótipo x Tipo	63
Progenies x T	59
(Genótipo vs Testemunhas) x T	1
Testemunhas x T	3
(Progenies BR-105 vs Progenies BR-106) x T	1
Progenies BR-105 x T	29
seleção S_1 x T	9
seleção MI intra x T	9
seleção MI inter x T	9
(seleção S_1 vs seleção MI) x T	1
(seleção MI intra vs MI inter) x T	1
Progenies BR-106 x T	29
seleção S_1 x T	9
seleção MI intra x T	9
seleção MI inter x T	9
(seleção S_1 vs seleção MI) x T	1
(seleção MI intra vs MI inter) x T	1
Genótipo x Ambiente x Tipo	126
Progenies x A x T	118
(Genótipo vs test.) x A x T	2
Testemunhas x A x T	6
(Progenies BR-105 vs Progenies BR-106) x A x T	2
Progenies BR-105 x A x T	58
Seleção S_1 x A x T	18
Seleção MI intra x A x T	18
Seleção MI inter x A x T	18
(Seleção S_1 vs seleção MI) x A x T	2
(Sel. MI intra vs MI inter) x A x T	2
Progenies BR-106 x A x T	58
Seleção S_1 x A x T	18
Seleção MI intra x A x T	18
Seleção MI inter x A x T	18
(Sel. S_1 vs MI) x A x T	2
(Sel. MI intra vs MI inter) x A x T	2
Erro (c)	567

3.2.2.3 Análise da variância ao nível de subparcela seguindo a estrutura em blocos casualizados

Foi feita uma análise de variância seguindo o delineamento de blocos casualizados e para analisar a variabilidade existente entre as progênies selecionadas por meio dos três processos seletivos, ao nível de subparcela para os tipos de progênie sendo avaliadas (S_1 versus "testcrosses"). Assim os blocos (faixas) contendo as progênies S_1 foram analisados como experimentos separados dos blocos (faixas) contendo as progênies "testcross". Dentro de cada um destes blocos, ainda foram analisadas separadamente as 30 progênies derivadas da população BR-105, das 30 progênies da população BR-106, ou seja, o experimento original para fins desta análise foi subdividido em quatro experimentos. Para completar a análise de variância fizeram-se os desdobramentos para cada tipo de seleção: seleção S_1 ; seleção de meios irmãos intrapopulacionais (MI intra); e seleção de meios irmãos interpopulacionais (MI inter), bem como os contrastes entre grupos correspondentes à seleção S_1 vs seleção de meios irmãos (S_1 vs MI) e seleção MI intra vs seleção MI inter.

O modelo matemático para a análise conjunta seguindo a estrutura em blocos casualizados, segundo Vencovsky & Barriga (1992), foi o seguinte:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + b_{j/l} + a_l + (ga)_{il} + e_{ijl}$$

onde: Y_{ijl} = é a observação do tratamento i na repetição j no ambiente l ;
 μ = é a média geral;
 g_i = é o efeito do genótipo i ($i = 1, 2, \dots, I$);
 $b_{j/l}$ = é o efeito da repetição ou bloco j ($j = 1, 2, \dots, J$) dentro do ambiente l ($l = 1, 2, \dots, L$);
 a_l = é o efeito de ambiente;
 $(ga)_{il}$ = é o efeito da interação genótipo x ambiente;
 e_{ijl} = é o erro experimental associado à parcela ij do ambiente l .

O esquema de análise de variância ao nível da subparcela seguindo a estrutura em blocos casualizados com os respectivos desdobramentos das fontes de variação, considerando o modelo misto (ambiente aleatório; genótipo fixo) é apresentado na Tabela 5.

3.2.2.4 Análise e comparações de médias ao nível de parcela e subparcela

3.2.2.4.1. Aplicação do teste "t"

Para detectar as diferenças estatísticas entre os valores médios obtidos nos três processos seletivos: seleção S_1 , seleção MI intra e seleção MI inter, referentes às médias de parcelas e subparcelas, foi utilizado o teste "t".

3.2.2.4.2. Aplicação do teste Tukey

O teste Tukey permite comparar todas as médias duas a duas, garantindo que o nível de significância conjunto do teste seja igual a α .

Neste estudo, aplicou-se o teste de comparações múltiplas de TUKEY ($P < 0,05$), para comparar as médias das seis características estudadas nas 30 progênies, oriundas da seleção S_1 , MI intra e MI inter, em ambas as populações.

3.2.2.4.3. Estimativas da depressão por endogamia

Com a média das progênies S_1 , de ambas as populações e para cada tipo de seleção e a média da testemunha parental (S_0), foi estimada a depressão por endogamia, baseado na porcentagem de endogamia com relação ao parental não endógamo, através da fórmula: $DE\% = (S_0 - S_1)/S_0 \times 100$

Tabela 5 - Esquema da análise da variância conjunta seguindo uma estrutura em blocos casualizados para determinar os efeitos de tipos de seleção (S_1 , MI intra e MI inter) dentro de cada tipo de progênie (S_1 e "testcross"), para as populações BR-105 e BR-106.

F.V.	G.L.	QM	F
Ambiente (A)	2	Q1	Q1/Q2
Repetição / (A)	9	Q2	Q2/Q5
Progênie (P)	29	Q3	Q3/Q4
Seleção S_1	9		
Seleção MI intra	9		
Seleção MI inter	9		
Seleção S_1 vs Seleção MI	1		
Seleção MI intra vs seleção MI inter	1		
Progênie x Ambiente (P x A)	58	Q4	Q4/Q5
Seleção S_1 x A	18		
Seleção MI intra x A	18		
Seleção MI inter x A	18		
(Seleção S_1 vs Seleção MI) x A	2		
(Seleção MI intra vs seleção MI inter) x A	2		
Erro médio	261	Q5	

4 - RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Avaliação e seleção de progênies

As populações BR-105 e BR-106 foram avaliadas durante dois anos, utilizando dois locais/ano, por três tipos de progênies (S_1 , MI intra e MI inter) obtidas dos mesmos genótipos S_0 . Com esta avaliação é possível inferir-se sobre as propriedades genéticas de cada população e tipos de progênies, assim como, com estes resultados, avaliar e comparar os efeitos dos três processos seletivos.

As estimativas da variância genética entre progênies (σ_p^2), da variância fenotípica entre médias de progênies (σ_F^2) e o coeficiente de herdabilidade ao nível de progênies (h^2), obtidas ao nível de médias de parcela das progênies S_1 , MI intra e MI inter das populações BR-105 e BR-106 para os caracteres peso de espigas despalhadas (PE), altura de planta (AP) e altura de espiga (AE) são apresentadas nas Tabelas 6 a 8. Observando-se os dados da Tabela 6, para o caráter PE, pode-se verificar que em ambas as populações a variância genética entre progênies S_1 é superior a das progênies de meios irmãos intra e interpopulacionais. Assim, para a população BR-105 as estimativas correspondem a 314,73, 110,58 e 130,59 (g/pl)² e na população BR-106, a 283,24 , 94,02 e 70,35 (g/pl)², respectivamente para as progênies S_1 , MI intra e MI inter. Estas estimativas obtidas nas progênies de meios irmãos intrapopulacionais, são superiores àquelas relatadas por Reis (1981), que estimou 57,54 (g/pl)² para o Composto Dente B e Tosello & Geraldi (1980) que estimaram em 52,10 (g/pl)² no ESALQ-VD; porém inferiores à estimativa de Torres (1987) que obteve 181,86 (g/pl)² no Composto Flint B. As estimativas obtidas neste estudo também são inferiores aos valores médios relatados em populações de milho tropical, por Miranda F^o (1985) e Vencovsky et al.

(1988), e em populações de milho de clima temperado por Hallauer & Miranda F^o (1988) com 306,00, 309,00 e 469,00 (g/pl)², respectivamente. Estes valores representam médias de 45, 58 e 99 estimativas baseadas em progênes de meios irmãos. Entretanto, para as progênes S₁, os dados obtidos estão dentro do intervalo de variação apresentado por Hallauer & Miranda F^o (1988), onde as estimativas de σ^2_A oscilaram de 87,72 a 626,04 (g/pl)², porém, inferiores aos valores médios relatados em populações brasileiras de 436 (g/pl)² por Fernandes (1990), fato que pode ser explicado pelos sucessivos ciclos de seleção recorrente, que têm sofrido ambas as populações, o que normalmente reduz a quantidade de variância genética aditiva que é explorada. As informações sobre magnitudes das variâncias genéticas a nível interpopulacional são escassas. Assim, nossas estimativas foram inferiores às obtidas por Souza Jr. (1983), com valores de $\sigma^2_{A_{12}} = 370$ e $\sigma^2_{A_{21}} = 150$ (g/pl)², utilizando populações BR-105 (1) e ESALQ-PB-1 (2). Estes resultados, sugerem a existência de variância genética do tipo aditiva suficiente, em ambas as populações isto é importante em populações como estas sujeitas a melhoramento populacional, porque ao ser explorada por meio de seleção permite a obtenção de progressos genéticos adequados através de ciclos sucessivos de seleção recorrente. Neste sentido, Hallauer et al. (1988) relatam que muitos pesquisadores, em milho, verificaram que a variância genética aditiva é mais importante que a variância genética dominante nos programas de melhoramento.

As estimativas da variância fenotípica de progênes S₁, para o caráter PE, apresentaram a mesma tendência observada anteriormente, ou seja, foram superiores aos outros dois tipos de progênes. Assim, na população BR-105 os valores da variância fenotípica ao nível de médias de progênes foram de 359,67 , 158,77 e 198,76 e para a BR-106 de 347,10, 165,07 e 148,00 (g/pl)² para as $\bar{p}$ rogênes S₁, MI intra e MI inter, respectivamente.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo (h²), ao nível de médias de progênes no caráter PE, seguem a tendência observada para as variâncias genéticas e fenotípicas, onde as progênes S₁ apresentaram os maiores

coeficientes seguidos das progênies MI intra e MI inter, para as duas populações. Para a BR-105 os valores foram de 0,88 , 0,70 e 0,66 e para a BR-106 foram de 0,82 , 0,57 e 0,48, na mesma ordem para as progênies S_1 , MI intra e MI inter. Este valores são superiores aos relatados por Vencovsky et al. (1988), que apresentaram valor médio de 58 estimativas de 11,0%, sendo o intervalo de variação de 1,5% a 29,0% em populações tropicais. Os valores elevados de h^2 obtidos neste estudo para o caráter PE, quando comparados com os relatados na literatura, podem ser atribuídos ao maior número de ambientes onde os experimentos foram conduzidos, o que reduziu a variância fenotípica nestas progênies. Assim, a herdabilidade para a produção de grãos, pode ser incrementada, identificando e utilizando ambientes específicos para reduzir o efeito da interação genótipo vs. ambiente (Hallauer, 1985).

Embora estes valores de herdabilidade em sentido amplo, estejam superestimados, no caso das progênies S_1 , dão uma indicação da proporção da variância genética que pode ser explorada com seleção recorrente para se obterem progressos adequados com a seleção e oferecem um indicativo de qual processo seletivo pode ser utilizado para ser mais eficiente na seleção em termos de ganhos por ciclo e por ano e com isto, obter linhagens melhores com o decorrer dos ciclos de seleção.

Para os caracteres altura da planta e espiga, verifica-se que as variâncias genéticas, fenotípicas e a herdabilidade, em ambas as populações, mostram que as progênies S_1 registraram os maiores valores, seguidos das progênies MI intra e MI inter. Assim, na BR-105 as variâncias genéticas entre progênies foram de 100,35 , 46,44 e 42,83 (cm/pl)² para altura da planta e 59,81 , 31,86 e 27,40 (cm/pl)² para altura da espiga, enquanto que na BR-106 estes valores foram 73,60 , 27,33 e 23,07 (cm/pl)², para altura da planta e 27,86 , 18,51 e 12,21 (cm/pl)² para altura da espiga, respectivamente, para as progênies S_1 , MI intra e MI inter (Tabelas 7 e 8).

Estas estimativas da variância genética baseada em progênies S_1 , para altura da planta e espiga, foram inferiores às relatadas por Hallauer & Miranda F^o (1988) de 212,90 e 152,70 (cm/pl)² para AP e AE, respectivamente, e inferiores aos

valores médios relatados por Fernandes (1990) em populações brasileiras de 300 e 156 (cm/pl)², respectivamente para AP e AE. Por outro lado, as estimativas médias das variâncias genéticas entre progênies de meio irmãos, conforme Cunha Fernandes (1990), considerando diferentes níveis de melhoramento das populações, isto é, $p = 0,5$ e $p = 0,7$, apresentaram valores respectivos de 448 e 401 (g/pl)², e 229 e 172 (g/pl)² para AP e AE, respectivamente, indicando que as populações BR-105 e BR-106 possuem alto nível de melhoramento devido as menores variâncias genéticas entre progênies S_1 e MI intra, já que uma consequência da seleção é a diminuição gradativa da variância genética com os sucessivos ciclos de seleção.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade para altura da planta foram de 0,87 , 0,78 , 0,81 para BR-105 e de 0,76 , 0,64 e 0,55 na BR-106, respectivamente para as progênies S_1 , MI intra e MI inter. Para a altura da espiga, nessa mesma ordem, os valores obtidos foram de 0,89 , 0,81 e 0,78 na BR-105 e na BR-106, de 0,73 , 0,67 e 0,58. Crisóstomo (1978) relatou valores de 0,4481 e 0,5970 na ESALQ-A e ESALQ-B. Já, Lima & Paterniani (1977), 0,6790 com ESALQ-VD2 e Souza Jr. et al. (1980), 0,8733 na Suwan para altura da planta. Enquanto que para altura da espiga, Crisóstomo (1978) relatou 0,5754 e 0,6550 na ESALQ-A e ESALQ-B; Lima & Paterniani (1977) 0,5190 com ESALQ-VD2 e Souza Jr. et al. (1980) 0,8460 com a Suwan.

Os coeficientes de herdabilidade encontrados neste trabalho estão dentro do intervalo de variação relatados nas pesquisas e podem ser considerados altos e, portanto, convenientes para continuar a seleção entre progênies em ambas as populações.

Os coeficientes de correlações genéticas estimados entre os três tipos de progênies de cada população, medem a probabilidade de que genótipos previamente selecionados por meio de um esquema de seleção, também sejam selecionados ao se utilizar outro tipo de seleção.

Quanto às correlações genéticas entre progênies, para o caráter peso de espigas, observa-se na Tabela 9, que a correlação entre progênies (S_1 , MI intra) foi de 0,18, entre (S_1 , MI inter) de 0,24 e entre (MI intra, MI inter) de 0,55 para a população BR-105, porém, nem uma destas correlações foi significativa e, para a população BR-106 os valores corresponderam a 0,56, 0,57 e 0,90, respectivamente, todas elas significativas ($P < 0,05$). Verifica-se que para o caráter PE, em ambas as populações, existe uma maior correlação entre as progênies (MI intra, MI inter) com valores de 0,55^{ns} na população BR-105 e 0,90* na população BR-106. Os valores de correlação genética (S_1 , MI intra) obtidos na população BR-106, estão mais próximos do valor médio de quatro ciclos de seleção apresentados nos trabalhos de Goulas & Lonnquist (1976) e Coors (1988), que obtiveram $r_g = 0,48$, embora estas estimativas tivessem oscilado de 0,28 até 0,91, variando muito de um ciclo para outro.

Para o caráter altura da planta, observa-se que para a população BR-105, a correlação (S_1 , MI intra) registrou valor superior (0,56), sendo (0,24) o menor valor observado na correlação (S_1 , MI inter) e 0,37 na correlação (MI intra, MI inter). Na população BR-106 a correlação (MI intra, MI inter) apresentou o maior coeficiente (0,91), sendo que as correlações (S_1 , MI intra) e (S_1 , MI inter), foram bastante semelhantes com 0,74 e 0,79, respectivamente (Tabela 9).

Já o caráter altura da espiga apresentou todos os coeficientes de correlação genética significativos entre as progênies avaliadas. Assim, na Tabela 9, verifica-se que na população BR-105, os coeficientes destas correlações foram de 0,50, 0,62 e 0,54 e para a BR-106 foram de 0,65, 0,69 e 1,04, respectivamente, para as correlações (S_1 , MI intra), (S_1 , MI inter) e (MI intra, MI inter).

Os resultados permitiram constatar que as correlações genéticas entre os tipos de progênies foram elevadas e significativas, especialmente na BR-106 e, que devem estar associadas às estruturas genéticas das populações e ao caráter. Os valores encontrados para população BR-106, indicam que a avaliação de qualquer um dos tipos de progênies podem ser igualmente eficiente para fins de melhoramento.

Em termos gerais, os resultados observados nas Tabelas 6 à 9, indicam a presença de variabilidade genética, especialmente do tipo aditiva presente nos três tipos de progênies avaliadas nas duas populações, para os caracteres peso de espigas despalhadas, altura da planta e altura da espiga, sendo esta variabilidade maior nas progênies S_1 , do que nas progênies MI intra e MI inter. Para cada tipo de progênie, a variância (σ_p^2) é composta de diferentes componentes da variância genética, para progênies de meios irmãos intrapopulacionais, $\sigma_p^2 = (1/4)\sigma_A^2$, para progênies de meios irmãos interpopulacionais, $\sigma_p^2 = (1/4)\sigma^2 A_{12}$ e para as progênies S_1 , $\sigma_p^2 = \sigma_A^2 + (1/4)\sigma_D^2 + D_1 + (1/8)D_2$ (Souza Júnior, 1989). Verifica-se que as variâncias genéticas fenotípicas e o coeficiente de herdabilidade foram ligeiramente superiores nas progênies da população BR-105, quando comparadas com a BR-106. Os valores estimados destes parâmetros genéticos e fenotípicos refletem o potencial de ambas as populações para o melhoramento intrapopulacional ou interpopulacional visando o melhoramento das populações *per se* e do híbrido interpopulacional, permitindo a obtenção de linhagens superiores para a formação de híbridos.

Por outro lado, os coeficientes de herdabilidade estimados em sentido amplo, embora inflacionados nas progênies S_1 , por conter os efeitos das variâncias aditivas e outros componentes envolvidos na sua estimativa, sugerem que nestas progênies selecionadas há uma alta proporção da variância genética que pode ser aproveitada na seleção, especialmente se forem usados esquemas de seleção recorrente empregando progênies S_1 na unidade de recombinação (Souza Jr., 1989; Hallauer et al., 1988).

Os coeficientes de correlações genéticas, nos três caracteres avaliados foram superiores entre as progênies da população BR-106 em relação às progênies da população BR-105. Estas estimativas, no caso da população BR-106, é consistente com a seleção realizada na mesma, onde verificou-se que 5 das 10 progênies S_1 estavam entre as progênies MI intra selecionadas, do mesmo modo que, 4 das 10 progênies S_1 , estavam entre as progênies MI inter selecionadas, e 4 das 10 progênies MI intra estavam

entre as progênies MI inter selecionadas. Entretanto, na população BR-105 a coincidência das progênies selecionadas pelos diferentes processos seletivos foi muito menor. Os resultados sugerem que os métodos de seleção usados neste estudo (S_1 , MI intra e MI inter) foram eficientes para identificar progênies superiores em ambas as populações. Não obstante, a maior coincidência entre as progênies da BR-106, constatada por meio do coeficiente de correlação genética, se deve possivelmente à uma estrutura genética nesta população diferente, quando comparada com a BR-105. Como as correlações genéticas são funções das frequências gênicas em ambas as populações, a diferença nos coeficientes de correlação genética entre progênies se deve às estruturas genéticas específicas de cada população.

Falconer (1986) indica que as correlações genéticas são influenciadas pelas frequências gênicas, de maneira que elas podem diferir acentuadamente entre populações diferentes, como no caso das populações BR-105 e BR-106 .

Uma outra explicação no caso particular da população BR-106, pode ser que em populações sob seleção recorrente ao selecionar-se os melhores genótipos em cada ciclo de seleção, vão ficando na população genótipos cada vez mais similares, quanto ao número de genes favoráveis e similitude destes genes. Assim sendo, espera-se que a variância genética diminua, já que as frequências gênicas tendem para a unidade (Marquez, 1988b).

As implicações práticas desta variabilidade dos três caracteres nas populações BR-105 e BR-106, são indicativo do potencial destas populações para se obterem adequados progressos com a seleção, por meio da acumulação de genes favoráveis via esquemas de seleção recorrente e, conseqüentemente, a obtenção de linhagens S_1 superiores em amostragens posteriores dentro destas populações, visando à obtenção de linhagens em programas de desenvolvimento de híbridos. Neste sentido, Eberhart (1982) explica que os híbridos obtidos do cruzamento de linhagens S_1 de populações originais foram inferiores aos híbridos obtidos de linhagens S_1 das populações melhoradas.

4.2 Análises de variâncias ao nível de parcelas

As significâncias dos quadrados médios (teste F) detectadas nas análises de variância no experimento em faixas, a média geral e os coeficientes de variação (CV (a)%, CV (b)% e CV (c)%), para os seis caracteres avaliados ao nível de médias de parcelas são apresentados na Tabela 10. Deve-se salientar que, em decorrência do número de graus de liberdade (G.L.) do erro (c) ser relativamente elevado (G.L. = 567), foi desconsiderada a perda de 1 G.L. para o caráter PE, ajustado para estande por covariância. Também é conveniente salientar, que embora os experimentos fossem planejados em latice 8 x 8, as análises de variância foram feitas seguindo o delineamento em blocos casualizados devido a não eficiência da análise em látice.

Em nível de parcelas, não foram observadas diferenças significativas ($P > 0,05$) para ambientes, na maioria dos caracteres, o que sugere que as condições ambientais sob as quais foram avaliados os genótipos não tiveram influência significativa na expressão fenotípica dos caracteres avaliados.

O efeito de genótipo neste experimento avalia as diferenças entre as progênes que foram selecionadas nas populações por meio de três processos seletivos e das testemunhas, sendo cada genótipo avaliado por dois tipos de progênes, isto é, S_1 e "testcross", incluindo quatro testemunhas. Entre genótipos, o teste F detectou significâncias ($P < 0,01$) para todas as características avaliadas. Esses resultados eram esperados, em decorrência de que nesta fonte de variação estão embutidos os efeitos de duas populações geneticamente divergentes. Dentro destas, foram avaliados dois tipos de progênes (S_1 e "testcross") obtidas de grupos de progênes selecionadas através das seleções S_1 , MI intra, MI inter e de quatro testemunhas. Assim sendo, foi necessário proceder ao desdobramento desta fonte de variação conforme indicado na Tabela 4, para explorar com mais precisão os efeitos das progênes obtidas pelos três tipos de seleção.

O efeito de progênes mede as diferenças entre os genótipos selecionados das populações, cada uma avaliada por progênes S_1 e "testcross". A significância

($P < 0,01$) observada para todos os caracteres, indica a alta variabilidade genética existente nas progênies. Este resultado era esperado, devido ao fato de que neste efeito foram analisadas conjuntamente as 60 progênies das duas populações (30 da BR-105 e 30 da BR-106), selecionadas por três tipos de seleção como indicado anteriormente. Estes resultados confirmam a grande diferença que existe entre as populações BR-105 e BR-106, diferença que pode ser de natureza genética, como demonstrado nos estudos conduzido por Pellicano (1990), Souza Jr. et al. (1993) e Arias (1995). Resultado que foi consistente com o observado no contraste progênies (BR-105) vs progênies (BR-106) que permite comparar diretamente as progênies de uma população em relação às progênies da outra população. A significância observada ($P < 0,01$) nos seis caracteres estudados expressa claramente a existência de diferenças entre estas populações, o que podem estar indicando que as estruturas genéticas destas populações são diferentes, como mostraram as estimativas dos parâmetros genéticos apresentadas no item 4.1.

A decomposição do efeito de progênies dentro de cada população (Tabelas 11 e 12), evidenciou as diferenças significativas ($P < 0,05$) para todas as características da população BR-105, e somente para os caracteres PE, AP, AE e R para a população BR-106, indicando uma maior variabilidade entre as progênies selecionadas da população BR-105 quando comparada com a BR-106.

O desdobramento do efeito de progênies para cada esquema de seleção (S_1 , MI intra e MI inter) mostrou que as progênies selecionadas pela seleção S_1 diferiram entre si, para os caracteres P, AP, AE e R para a população BR-105, e para PE, P, AP, AE para a BR-106. Entre as progênies selecionadas pela seleção de meios irmãos intrapopulacionais detectaram-se significâncias para todos os caracteres para a população BR-105 e para PE, AS, AP, AE e R para a população BR-106.

Já o grupo de progênies selecionadas por MI interpopulacionais mostraram significância ($P < 0,05$) para as características PE, P, AP, AE e R para a população BR-105 e ES, AP, AE e R para a população BR-106. A comparação dos contrastes (MI vs S_1 e MI intra vs MI inter), em ambas as populações, não

evidenciaram diferenças significativas ($P < 0,05$) para o caráter PE indicando que houve um comportamento similar entre as progênies obtidas pelos diferentes processos seletivos, para este caráter. Este resultado sugere que, qualquer um destes processos seletivos em estudo é capaz de selecionar progênies diferentes, mas com o mesmo potencial médio de produção. Esta tendência foi observada em ambas as populações, o que representa um fator de consistência destes resultados.

Ao nível de parcela, na interação genótipos por ambientes (GxA) mede-se o comportamento diferencial dos genótipos avaliados nos diferentes ambientes. Na Tabela 10, verifica-se que o comportamento dos genótipos foi consistente nos três ambientes, ou seja, não houve uma resposta diferencial dos genótipos, uns em relação aos outros devido a variações dos ambientes. Para a interação G x A, o teste F não detectou significâncias ($P > 0,05$) para nenhum dos seis caracteres estudados. Isto sugere que em média, os genótipos que tiveram comportamento superior num ambiente, mantiveram o mesmo padrão em todos os ambientes e os genótipos de comportamento inferior mantiveram esse padrão em todos os ambientes.

Em decorrência de que no efeito G x A estão embutidos os dois tipos de progênies (S_1 e "testcrosses") duas populações (BR-105 e BR-106) e dentro de cada população estão envolvidas diferentes progênies, selecionadas por distintos processos seletivos (S_1 , MI intra e MI inter), mesmo que a interação G x A não fosse significativa, procedeu-se ao desdobramento dos graus de liberdade desta fonte de variação, para explorar a interação progênies por ambiente (P x A), de maior interesse neste estudo.

Na interação P x A (Tabelas 13 e 14), o teste F ($P < 0,05$) não detectou significâncias para nenhum dos seis caracteres estudados, resultados estes consistente nas duas populações. Do mesmo modo, os quadrados médios correspondentes aos desdobramentos da interação seleção S_1 x A, MI intra x A e MI inter x A para as populações BR-105 e BR-106, não apresentaram significâncias para nenhum dos caracteres estudados, evidenciando que em ambas as populações, independentemente do

tipo de seleção efetuada, as progênies mantêm o mesmo padrão de comportamento nos diferentes ambientes, indicando que as melhores progênies em um ambiente o serão nos outros ambientes.

Significâncias foram detectadas ao se comparar a interação dos contrastes (S_1 vs MI) x A para altura da espiga (AE) e para (MI intra vs MI inter) x A apenas para o caráter altura da planta (AP) na população BR-105. Estes resultados não eram esperados, uma vez que os caracteres AP e AE, são de alta herdabilidade e, consequentemente, pouco afetados pelas variações ambientais. Não obstante, os estresses ambientais parecem afetar a altura da planta e espiga em função do tipo de seleção praticada nas populações.

Na Tabela 10, o contraste $\{ \text{progênies}(105) \text{ vs } \text{progênies}(106) \}$ x A, ou seja, entre as 30 progênies BR-105 vs as 30 progênies BR-106 por ambiente mostrou significância apenas para os caracteres PE, P e ES, indicando que para estes caracteres houve uma resposta diferencial das progênies de ambas as populações, sugerindo alternância no desempenho destas progênies, em função das mudanças ambientais. Para os caracteres associados ao porte da planta (AP, AE e R), a ausência de significância da interação pode ser interpretada como o comportamento normal esperado para os caracteres de alta herdabilidade que uma vez fixados, são pouco influenciados pelas variações ambientais.

As interações genótipo por ambientes são muito importantes do ponto de vista do melhoramento. A necessidade de desenvolver cultivares com adaptação em diferentes áreas geográficas requer um perfeito conhecimento das interações G x A, este entendimento pode determinar a divisão geográfica dos genótipos adaptados a regiões específicas (Fehr, 1987). A presença da interação genótipo por ambiente é indesejável em programas de melhoramento porque interfere na obtenção dos verdadeiros valores das estimativas dos componentes da variância genética, o que poderia resultar em estimativas incorretas do progresso esperado com a seleção, afetando, em consequência, a seleção de progênies ou a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade.

Ainda, em termos de interação genótipo x ambiente, os melhoristas procuram selecionar cultivares estáveis e próximos ao genótipo ideal. Verma et al. (1978) consideram que a cultivar ideal é aquela, que tem alta produtividade associada à alta estabilidade em ambientes desfavoráveis e é capaz de ser responsiva, em ambientes favoráveis.

O teste F, para os quadrados médios referentes aos efeitos associados a tipos de progênies (T), testa diretamente os efeitos de endogamia nas progênies S_1 e dos testadores nos "testcrosses". Para esta fonte de variação detectaram-se significâncias ($P < 0,05$) apenas nos caracteres ES e R (Tabela 10). Estes resultados, ou seja, a não significância para os caracteres PE, P, AP e AE, não era esperado em decorrência da endogamia nas progênies S_1 que, além de reduzir os valores médios dos caracteres, aumenta a variabilidade genética entre indivíduos da população, ocorrendo exatamente o contrário nas progênies "testcross", devido à heterozigose. Uma explicação para estes resultados é a falta de sensibilidade do teste F no experimento em faixas, que apresenta apenas um grau de liberdade para tipos (S_1 vs. "testcross") e dois graus de liberdade para o erro associado ($T \times A$) para os caracteres PE e P. No caso dos caracteres AP e AE que foram avaliados em dois ambientes o teste F envolve um grau de liberdade para tipo e um grau de liberdade associado ao erro. Em virtude destes resultados foi aplicado o teste "t", em nível de 5% de probabilidade para comparar os valores médios das progênies S_1 e "testcross", isto é, 70,10 vs 124,59 (g/pl) para PE, 0,81 vs. 0,93 (espigas/planta) para P, 190,05 vs. 229,62 (cm/pl) para AP e 103,13 vs 126,20 (cm/pl) para AE. Este teste também não detectou diferenças significativas entre os tipos de progênies avaliados para os caracteres PE e P. Entretanto, diferenças significativas foram encontradas para os caracteres AP e AE.

A avaliação conjunta dos genótipos com base nos dois tipos de progênies como proposto por Lonnquist (1967b⁴; 1967c⁵), citado por Hallauer & Miranda F^o

⁴ LONNQUIST, J. Intrapopulation improvement: combination S_1 and HS selection. *Maize* **5**. CIMMYT, 1967b.

(1988), permite uma avaliação mais precisa dos efeitos aditivos por meio das progênies S_1 e uma avaliação mais precisa dos efeitos de locos em heterozigose por progênies "testcross", sendo ambas as progênies derivadas da mesma planta S_0 . Os resultados apresentados por Goulas & Lonquist (1976) e Coors (1988), mostram eficiência deste método combinado de seleção para se obterem ganhos apropriados por meio da avaliação de progênies S_1 e meios irmãos obtidos da mesma planta S_0 .

A interação tipos por ambientes ($T \times A$), mede se o efeito dos tipos de progênies testados, mantiveram o mesmo padrão de comportamento em todos os ambientes. O teste F detectou significâncias ($P < 0,05$) nos caracteres PE, P, AP e AE, indicando que para estes caracteres houve um comportamento diferencial dos tipos de progênies avaliados em relação aos ambientes, ou seja, as progênies (S_1 e "testcross") não mantiveram o mesmo padrão de comportamento nos diferentes ambientes (Tabela 10).

A interação entre genótipos por tipos de progênies ($G \times T$), mede se o comportamento dos genótipos é influenciado pelos tipos de progênies avaliadas. No presente estudo a interação entre genótipos por tipos foi significativa apenas para os caracteres associados ao porte de planta AP, AE e R, indicando assim que para essas características o comportamento dos genótipos depende do tipo de progênie utilizado na avaliação. Estes resultados na realidade refletem as diferenças em AP, AE e R; entre as progênies S_1 (endógamas), onde a endogamia reduz a expressão do caráter e as progênies "testcross" (híbridos), onde a heterose aumenta a expressão do caráter (Tabela 10). Em virtude da significância detectada, procedeu-se ao desdobramento da interação $G \times T$ para explorar os efeitos da interação $P \times T$ (Tabelas 15 e 16) para ambas as populações e para os três tipos de seleção empregados. A interação $P \times T$ mostrou para a população BR-105 significâncias apenas nos caracteres AP, AE e R.

⁵ LONNQUIST, J. Intrapopulation improvement: combination S_1 , mas and reciprocal recurrent selection. **Maize 6**. CIMMYT, 1967c.

Após desdobramento do efeito (P x T) para cada tipo de seleção (S_1 , MI intra e MI inter), verifica-se que para as interações seleção S_1 x tipo, MI intra x tipo e MI inter x tipo, ocorreram diferenças significativas para os três caracteres associados ao porte da planta (AP, AE e R). Entretanto, para os caracteres associados diretamente com produtividade (PE, P e ES) o tipo de progênie parece não ter nenhuma influência no comportamento das progênies selecionadas e estes resultados são consistentes nos três tipos de seleção efetuada nas progênies da população BR-105.

Na população BR-106, para a interação P x T, detectaram-se significâncias ($P < 0,01$) para os caracteres AP, AE e R.

Entretanto, as interações seleção S_1 x T e MI inter x T apresentaram diferenças significativas ($P < 0,05$) para os caracteres AP e AE. Os resultados indicam que, para os caracteres associados ao porte de planta (AP e AE) houve resposta diferencial no comportamento das progênie e, sendo que este foi muito influenciado pelo tipo de progênie avaliada. O mesmo não ocorreu com os caracteres associados com produtividade (PE, P e ES), onde o tipo de progênie parece não ter influência no comportamento das progênie selecionadas por meio da seleção (S_1 , MI intra e MI inter); estes resultados mostraram consistência com os obtidos na população BR-105.

A seleção baseada no comportamento de progênie S_1 , enfatiza efeitos estritamente aditivos, em contraste com o método dos "testcrosses", com testadores endógamos que foram desenvolvidos para aproveitar as vantagens da ação gênica não aditiva (Horner et al., 1989). De maneira que a avaliação dos genótipos com base nos dois tipos de progênie conjuntamente como proposto por Lonquist (1967b⁶; 1967c⁷), Goulas & Lonquist (1976) e Coor (1988) permitiram uma avaliação mais precisa dos

⁶ LONNQUIST, J. Intrapopulation improvement: combination S_1 and HS selection. **Maize 5**. CIMMYT, 1967b.

⁷ LONNQUIST, J. Interpopulation improvement: combined S_1 , mass and reciprocal recurrent selection. **Maize 6**, CIMMYT, 1967c.

efeitos aditivos por meio das progênies S_1 e uma avaliação mais precisa dos efeitos aditivos e não aditivos pelas progênies "testcross", especialmente para um caráter de herança complexa como peso de espiga (PE), que envolve um grande número de pares de genes, com vários tipos de ação gênica. Arias (1995) trabalhando com ambas as populações (BR-105 e BR-106) e Souza Jr. (1983) com ESALQ-PB-1 e BR-105, associaram o efeito de interação genótipos x tipos com o coeficiente de correlação genética entre tipos de progênies. Assim, quando a interação G x T não foi significativa, a correlação genética entre tipos de progênies foi elevada, enquanto que, a significância desta interação, foi indicativa de baixos coeficientes de correlação genética entre progênies.

O contraste (sel. S_1 vs. sel. MI) x tipo (Tabelas 15 e 16), detectou diferenças estatísticas ($P < 0.01$) para os caracteres AP e R, na população BR-105. Já, para o contraste (sel. MI intra vs. sel. MI inter) x tipo, diferenças significativas ($P < 0,01$) foram detectadas no caráter R na população BR-106. A análise destes resultados não apresenta uma tendência clara para os caracteres AP, AE e R. Entretanto, os caracteres PE, P e ES, não apresentaram variabilidade significativa, sugerindo desta forma que independente das progênies selecionadas, os tipos de progênies (S_1 ou "testcross") mantém um comportamento estável e o tipo de seleção (S_1 , MI intra e MI inter), teve comportamento similar independente do tipo de progênie usado na avaliação, sendo esses resultados consistentes nas duas populações.

A interação tripla G x T x A mede a consistência das interações simples sobre os genótipos ou indivíduos que foram selecionados nas populações, cada um sendo avaliado por dois tipos de progênies S_1 e "testcross" e em três ambientes. A interação tripla G x T x A foi altamente significativa ($P < 0,01$) para os caracteres associados à produtividade PE, P e ES, indicando inconsistência ou falta de constância das interações simples (Tabela 10).

O desdobramento desta interação G x T x A para estudar em detalhes a interação P x A x T (Tabelas 17 e 18), apresentou significâncias ($P < 0,05$) em ambas

as populações para os caracteres PE, P e ES. Entretanto, o desdobramento para cada tipo de seleção mostrou na população BR-105 significância ($P < 0,01$) apenas para a interação seleção MI intra x A x T, para os caracteres PE, P e ES e significância ($P < 0,05$) na interação seleção S_1 x A x T, para o caráter ES. Este mesmo desdobramento efetuado na população BR-106 mostrou significância ($P < 0,05$) para os caracteres PE, P e ES, para os três processos seletivos (S_1 , MI intra e MI inter) com exceção da interação seleção MI intra x A x T, que não apresentou significância para caráter ES. Estes resultados sugerem que as interações simples G x A, G x T e T x A e seus desdobramentos para P x A e T x A, para cada população e tipo de seleção não foram consistentes.

Quanto aos caracteres associados ao porte da planta (AP, AR e R), a interação tripla P x A x T não foi significativa. Do mesmo modo, o desdobramento nos diferentes tipos de seleção (S_1 , MI intra e MI inter) não apresentou diferenças significativas, resultados consistentes em ambas as populações, indicando a consistência dos resultados obtidos nas interações simples previamente discutidas.

4.3 Análises de variância ao nível de subparcelas

As significâncias dos quadrados médios (teste F) detectadas nas análises de variância em blocos casualizados e os coeficientes de variação (CV%), para os seis caracteres avaliados nas populações BR-105 e BR-106, são apresentados nas Tabelas 19, 20 e 21.

Deve-se salientar que, em decorrência do elevado número de graus de liberdade (G.L. = 261) do erro médio foi desconsiderada a perda de 1 G.L. para o caráter PE, ajustado para estande por covariância.

Estas análises de variância foram feitas ao nível de subparcela, ou seja, individualmente para cada tipo de progênie (S_1 e "testcross"). Para ambiente, detectaram-se significâncias ($P < 0,05$) para todos os caracteres com exceção de AP para

as progênies S_1 da população BR-105 e BR-106. Entretanto, foram detectadas diferenças significativas entre as progênies "testcross" para os caracteres PE, ES, R e AE nas populações BR-105 e BR-106. As significâncias observadas nestes caracteres sugerem que as condições ambientais afetaram de maneira diferente a expressão fenotípica destes caracteres. Este resultado era esperado, já que os ambientes apresentavam condições diferentes. Estes resultados foram muito diferentes dos observados na Tabela 10, onde todos os efeitos dos genótipos estavam confundidos. Assim, na análise em faixas possivelmente o efeito de ambiente não afetou significativamente a expressão fenotípica dos caracteres avaliados ao analisarem-se, conjuntamente, ambos os tipos de progênies.

O efeito de progênies mede neste experimento, as diferenças entre indivíduos (plantas) amostradas das populações, cada uma avaliada separadamente por meio de progênies S_1 por um lado e de progênies "testcross" pelo outro. Detectaram-se diferenças altamente significativas ($P < 0,01$) entre as progênies S_1 para todos os caracteres da população BR-105; e para os caracteres PE, R, AP e AE na BR-106. Os resultados mostram a maior variabilidade genética que existe entre as progênies S_1 , para as características de importância econômica, o que sugere que é possível a obtenção de ganhos com a seleção para estes caracteres se fosse continuado um programa de seleção recorrente, gerando assim, linhagens S_1 superiores às obtidas neste estudo que poderão ser usadas como fonte de linhagens para desenvolver híbridos comerciais com maior potencial que os atuais (Tabelas 19, 20 e 21).

Para os "testcrosses" foram detectadas diferenças significativas ($P < 0,05$) para os caracteres PE, R, AP e AE para a população BR-105 e de ES, R, AP e AE na BR-106, verifica-se em ambas as populações, a existência de maior variabilidade entre os caracteres associados ao porte da planta (R, AP e AE). Este comportamento sugere que, os testadores usados podem estar discriminando as progênies S_1 com relativa eficiência nestes caracteres. Entretanto, o testador parece estar mascarando a expressão do verdadeiro potencial das progênies BR-106 para o caráter PE comprometendo a

eficiência da seleção no melhoramento da população *per-se*, já que não permite a discriminação eficiente destas progênies.

O desdobramento do efeito de progênies para cada processo seletivo (S_1 , MI intra e MI inter) (Tabelas 19, 20 e 21), mostra que em ambas as populações para os caracteres associados com produtividade, peso de espiga e prolificidade (PE e P), a avaliação por meio de "testcross" foi incapaz de discriminar as diferenças existente entre as progênies selecionadas com cada processo seletivo, ou sugere que, independente do tipo de seleção realizada, as progênies selecionadas apresentam alta frequência de alelos favoráveis que se refletem em uma alta capacidade de combinação com os testadores usados. Uma das razões para este comportamento pode ser o uso do testador endógamo (linhagens elite, geneticamente divergente), que mascarou a expressão do potencial das progênies. Isto, na opinião de Genter & Alexander (1962) e Marques (1988b) pode ser um aspecto indesejável, já que ao contribuir teoricamente com 50% dos genes para formar o "testcross", os genes do testador podem ter efeitos dominantes, epistáticos ou complementares. Também podem interagir com genes das progênies a serem avaliadas e ao ocorrer esta interação, vai-se refletir no comportamento fenotípico dos "testcrosses". Entretanto, esta "desvantagem" desaparece, quando o objetivo do programa de melhoramento é a obtenção de híbridos. Nestes casos, as linhagens endogâmicas como testadores podem ser usadas efetivamente, para melhorar a capacidade geral e específica de combinação (Zambesi et al., 1986). Assim desta maneira, se procede a uma identificação precoce das linhagens S_1 que podem ser usadas como genitores em programas de híbridos.

Entretanto, nas progênies S_1 após o desdobramento do efeito de progênies para cada tipo de seleção detectaram-se significâncias para os caracteres PE, P, R, AP e AE na seleção S_1 da população BR-105 e, de AP e AE na BR-106. Para a seleção MI intra, na população BR-105 os caracteres AP, AE e R e para a BR-106 os caracteres AP, AE, R, enquanto que a seleção MI inter, os caracteres PE, P, AP, AE e R na população BR-105; e para BR-106, os caracteres AP, AE e R apresentaram diferenças

significativas. De modo geral estes resultados refletem a variabilidade genética existente nos caracteres em estudo como consequência dos três tipos de seleção, que amostraram genótipos diferentes, com frequências gênicas diferentes; mas com comportamento médio similar.

Os contrastes comparando as progênies S_1 vs. meios irmãos e MI intra vs. MI inter, indicaram significância apenas para o caráter R na população BR-106, indicando que não houve um comportamento diferenciado entre as progênies selecionadas pela seleção S_1 versus as progênies selecionadas via meios irmãos intra e interpopulacionais em seu conjunto e entre as progênies MI inter versus MI intra para os caracteres que não apresentaram significância. Por outro lado, verifica-se que as variações nos "testcross" foram menores que nas progênies S_1 . Segundo Falconer (1986) a maior variância das progênies S_1 pode ser atribuída à maior suscetibilidade as variações ambientais apresentadas por genótipos endogâmicos em relação aos genótipos não endogâmicos.

Em termos gerais, os resultados obtidos, por um lado, indicaram que a recombinação destes grupos de progênies selecionadas por estes processos seletivos podem refletir-se em adequados progressos devido à seleção em gerações posteriores de seleção recorrente, constituindo-se fonte para extração de linhagens superiores a médio e longo prazo. Pelo outro, a curto prazo constituem-se fontes diretas para extração de linhagens potenciais a serem usadas no desenvolvimento de híbridos, haja vista o seu desempenho nos "testcrosses".

Segundo Eberhart (1972) e Marquez (1988b) espera-se que de uma população melhorada por seleção se derivem linhagens superiores às linhagens derivadas da população original, se isto é certo, então os híbridos obtidos das populações melhoradas devem ser superiores em produção e outras características às populações originais.

Foram altamente significativos ($P < 0,01$) os efeitos da interação $P \times A$ para os caracteres associados com produtividade PE e P, tanto nas progênies S_1 como nos "testcrosses", em ambas as populações, indicando que houve um comportamento

diferencial destas progênes nos vários ambientes, ou seja, que as progênes superiores em um determinado ambiente não mantiveram o mesmo padrão de comportamento nos outros ambientes.

A não significância da interação $P \times A$, nos caracteres AP, AE e R deve-se ao fato destes caracteres serem de alta herdabilidade, sendo, portanto, menos influenciados por diferenças ambientais quando comparados com caracteres como peso de espiga e prolificidade. A não significância da interação $P \times A$, sugere que não há necessidade de se tomar em dados de AP e AE em todos os ambientes com fins de seleção. Entretanto, para os caracteres associados à produtividade, principalmente peso de espigas, que sendo um caráter de baixa herdabilidade, há necessidade da avaliação dos genótipos com mais precisão, em numerosos ambientes localizados preferivelmente onde serão plantados, comercialmente, os novos cultivares e na época normal de plantio.

Segundo Allard & Bradshaw (1964), os efeitos ambientais, sem dúvida, contribuem nas diferenças de comportamento observadas nos genótipos e estes podem ser divididos em duas categorias, a que envolve fatores previsíveis (controlável) e a dos fatores imprevisíveis (fatores climáticos, pragas e pestes esporádicas), necessitando-se de vários testes regionais para a avaliação dos genótipos sob as mais variadas condições possíveis.

O desdobramento da interação $P \times A$, mostrou que o comportamento das progênes derivadas da seleção S_1 , MI intra e MI inter, para cada tipo de progênes (S_1 e "testcross"), variou em função dos ambientes.

Para o caráter peso de espiga (PE), o de maior importância econômica, observa-se que a interação progênes por ambiente afetou o desempenho das progênes S_1 . Assim, detectou-se significância nas interações $S_1 \times A$; MI intra $\times A$; e MI inter $\times A$ em ambas as populações, indicando, com isto, que o padrão de comportamento das progênes foi diferente de um ambiente para outro. Para o mesmo caráter (PE) nas progênes "testcrosses", somente as progênes derivadas da seleção MI inter na BR-105 e na BR-106 as progênes oriundas da seleção S_1 , não apresentaram significâncias, o que

indica que mantiveram um comportamento estável nos vários ambientes, ou seja, as progênies dentro destes tipos de seleção que mantiveram uma performance superior num ambiente mantiveram esse comportamento nos outros ambientes.

Para os caracteres associados ao porte da planta (AP, AE e R), detectou-se significância ($P < 0,05$) somente na interação MI intra x A, nas progênies S_1 para o caráter R da população BR-105 e na BR-106 a interação S_1 x A para os caracteres AP e R. Já, nos "testcrosses", em ambas as populações não se detectaram diferenças nos caracteres associados ao porte da planta, confirmando que estes caracteres de alta herdabilidade foram poucos influenciados pelas variações ambientais em genótipos heterozigotos. Resultados similares aos observados nestes mesmos caracteres nas progênies endógamas (S_1), sugerindo que nestes estudos, as progênies S_1 e "testcross" foram afetadas pelas variações ambientais.

Para a interação do contraste (S_1 vs MI) x A, foram detectadas significâncias entre as progênies S_1 , apenas para o caráter ES, na população BR-105, entretanto, na população BR-106 verificou-se diferenças para P e AP. Entre as progênies "testcross" houve variação significativa para PE, R, AP e AE na população BR-105 e na BR-106 as variações significativas foram detectadas apenas para o caráter PE. Na outra interação do contraste (MI intra vs MI inter) x A, nas progênies S_1 , da população BR-105 foram detectadas variações estatísticas para PE e, na BR-106 para PE, AP e ES. Enquanto que, nas progênies "testcross" detectaram-se significâncias na população BR-105, para os caracteres P e ES e na BR-106 para PE e P.

No caso das progênies S_1 em ambas as populações, considerando apenas o caráter PE, as análises destes resultados mostraram que para a interação (S_1 vs MI) x A, as progênies selecionadas a partir da seleção S_1 ou MI (seja intra ou interpopulacional), não apresentaram comportamentos diferentes às mudanças ambientais. Não obstante, quando a comparação é feita com a interação (MI intra vs. MI inter) x A, verifica-se uma resposta diferencial, indicando que as progênies selecionadas pela seleção MI intra ou MI inter respondem de maneira diferente às

variações ambientais, ou seja, há alternância de superioridade dos processos seletivos quando se mudam as condições do ambiente. Enquanto que nas progênes "testcrosses", a exceção da interação (MI intra vs MI inter) x A, na BR-105, parece haver um comportamento diferencial dos outros contrastes nos diferentes ambientes, sugerindo que nenhum destes tipos de seleção é superior em relação aos outros, para a identificação de genótipos superiores com estabilidade e adaptabilidade em todos os ambientes.

A presença de valores significativos nas interações com ambiente indicam que os caracteres PE, P, ES, AP, AE e R, foram influenciados pelo ambiente, sendo a influência ambiental maior sobre os caracteres de baixa herdabilidade PE e P, e menores nos caracteres associados ao porte da planta AP, AE e R que são menos afetados pelas variações ambientais. Estes resultados foram consistentes nas duas populações e nos dois tipos de progênes avaliadas.

De modo geral, estes resultados não indicaram uma tendência clara sobre a maior ou menor suscetibilidade das progênes S_1 em relação aos "testcrosses" quando testados sob as mesmas condições ambientais. Neste sentido a literatura também apresenta muitos resultados contraditórios, por exemplo Marquez (1988a), considera que a seleção de linhagens S_1 *per se* pode ser limitada pela forte interação genótipo por ambiente, o que influi diretamente na variância fenotípica das famílias e de maneira inversa na resposta à seleção. Entretanto, os resultados de Genter (1973) indicam que o comportamento das progênes S_1 apresentou consistentemente menor efeito ambiental que os "testcrosses", evidenciando uma resposta alta e significativa das progênes S_1 , para os caracteres estudados, com alta correlação das progênes S_1 sob diferentes ambientes. Não obstante, Carangal et al. (1971) concluíram que embora os "testcrosses" tenham maior estabilidade ambiental, a maior interação genótipo por ambiente das progênes S_1 foi de pouca importância ao se estimar suas variâncias genéticas que resultaram numa estimativa alta de herdabilidade para a produção de grãos.

4.4 Avaliação das progênies selecionadas: médias de parcelas

Os valores médios obtidos ao nível de parcela (S_i + "testcross")/2 para os caracteres PE, P, ES, AP, AE e R, nas duas populações, encontram-se nas Tabelas 22 e 23, junto às médias de ambas as populações e dos híbridos usados como testemunhas. Verifica-se na Tabela 22 que em ambas as populações os caracteres associados diretamente com produtividade (PE, P) não diferiram significativamente entre os esquemas de seleção (S_i , MI intra e MI inter), sendo os valores de PE e P, respectivamente, de 90,52 , 86,76 e 93,45 (g/pl), equivalentes a 4,53 , 4,39 e 4,67 (t/ha) e 0,91 , 0,86 e 0,91 (espigas/planta) para a população BR-105. Em relação à população parental (BR-105) estes valores correspondem a 101,5% , 97,3% e 104,7% para PE e 102,2% , 96,6% e 102,2% para P. Para a população BR-106 estes valores foram 104,81 , 101,91 e 106,63 (g/pl) equivalentes a produtividades de 5,24 , 5,10 e 5,33 (t/ha) e 0,86 , 0,83 e 0,85 (espigas por planta), em relação à população parental (BR-106), estes valores correspondem a 112,2% , 109,1% e 114,1% para PE e 102,4% , 98,8% e 101,2% para P, para os tipos de seleção S_i , MI intra e MI inter, respectivamente.

Embora não sejam significativos, estes valores médios, observa-se em ambas as populações uma leve tendência, de a seleção MI inter ser superior à seleção S_i , e esta superior à seleção MI intra, note-se que os esquemas de maior PE acompanham os maiores índices P. Estes resultados, consistentes nas duas populações, sugerem que, quando avaliamos o efeito de genótipo envolvendo conjuntamente progênies S_i e "testcross", como acontece na análise em faixas, independentemente do grupo de progênies selecionadas por meio de cada processo seletivo, o efeito médio foi similar pelo menos nos caracteres PE e P. Um fato a levar em consideração para explicar o comportamento observado, é que sendo os testadores empregados linhagens endógamas elites, estas possivelmente não permitiram a discriminação das progênies que foram selecionadas pelos três tipos de seleção. Neste sentido, Marquez (1988b) explica

que o testador contribuiu com a metade do conteúdo genotípico de cada "testcross" e quanto melhor for o testador os "testcrosses" refletem mais o potencial destes do que das linhagens que estão sendo avaliadas. Isto é, o testador pode mascarar os valores genotípicos das linhagens, não permitindo a sua discriminação (Smith, 1986).

Também é importante salientar que, os valores médios para o caráter prolificidade foram inferiores a uma espiga por planta. Sendo a prolificidade um dos componentes da produção observou-se que os tipos de seleção com maior produção foram, em certo grau, aqueles que tiveram os maiores índices de espiga (P). Por outro lado, constatou-se que a população "flint" (BR-105) apresentou maior índice de prolificidade que a população dentada (BR-106). Resultados similares foram observados nos trabalhos de Ajudarte Neto (1978), Resende (1984) e Zanette (1985), em outras populações "flint" e dentadas.

Os valores médios obtidos para os caracteres estande (ES), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e posição relativa da espiga (R), referentes aos três tipos de seleção empregados, são apresentados nas Tabelas 22 e 23. Para a população BR-105, as médias dos tipos de seleção foram 17,13 , 16,29 e 16,15 (plantas/parcela) para o caráter ES para seleção S_1 , MI intra e MI inter, respectivamente, correspondendo na mesma ordem, a 101,8% , 96,8% e 96,0% da média apresentada pela população parental (BR-105). Na população BR-106, as médias das seleções S_1 , MI intra e MI inter foram 17,54 , 17,75 e 17,42 (plantas/parcela), correspondendo a 99,8% , 101,0% e 99,1% em relação a média da população parental BR-106. Considerando que o estande ideal é de 20 plantas por parcela. Nota-se que as médias das progênies selecionadas da população BR-106 foram equivalentes à média da população parental e que nas progênies BR-105 esse valor não foi muito inferior ao observado na população parental (BR-105).

Quanto à altura de planta (AP), as médias obtidas em foram de 200,66 para S_1 204,18 para MI intra e 208,58 para MI inter, na população BR-105. O teste t detectou significâncias ($P < 0,05$) entre estas médias. Em relação as médias da

população parental, os respectivos valores corresponderam a 96,2% , 97,9% e 100,0%. Na população BR-106, essas médias foram 212,09 , 219,93 e 214,92 correspondendo a 103,7% , 107,5% e 105,1% da média da população parental (BR-106).

Para o caráter AE, na população BR-105, as médias para os processos seletivos S_1 , MI intra e MI inter, foram 110,64 , 111 ,71 e 115,59 (cm/planta), valores estes próximos a média da população parental, isto é, 96,9% , 97,8% e 101,2%, respectivamente. Na população BR-106 observou-se a mesma tendência com médias de 114,65 para S_1 , 120,38 para MI intra e 115,02 (cm/pl) para MI inter, sendo 1,0% , 6,4% e 1,7% superiores em relação a média da BR-106 parental, respectivamente.

A altura da planta e espiga são caracteres considerados de alta herdabilidade, sendo caracteres de grande importância econômica, a tendência dos melhoristas é a produção de materiais genéticos de porte baixo, que permitam uma maior densidade de plantio e uma menor perda ocasionada pelo acamamento de colmo e raízes. Neste sentido, Johnson et al. (1986) ao reduzir a AP de 282 para 179 (cm/planta) aumentaram a densidade de plantio em 33%, obtendo um incremento de 4,4%/ciclo, para a produção de grãos.

Por outro lado, avaliando as mesmas populações (BR-105 e BR-106), porém com outros tipos de progênies e em ambientes diferentes Souza Jr. et al. (1993) obtiveram valores de AP e AE, respectivamente de 192,71 e 114,86 (cm/pl) para a população BR-105 e de 204,46 e 114,46 (cm/pl) para a BR-106. Arias (1995) obteve valores de 193,62 (cm/pl) para AP e 100,56 (cm/pl) para AE na população BR-105 e de 200,37 e 101,37 (cm/planta) para AP e AE na BR-106, respectivamente, confirmando a consistência de nossos resultados, no sentido de que a população BR-105 em geral apresenta menor altura da planta e da espiga que a população BR-106, quando são avaliadas no mesmo ambiente.

Na população BR-105, o índice de espiga (R) apresentou coincidentemente a mesma média neste caráter com 0,55 na seleção S_1 , MI intra e MI inter, sendo que esse valor corresponde ao valor médio registrado na testemunha.

Entretanto, valores apresentando diferenças significativas entre a seleção S_1 , MI intra e MI inter foram constatadas para a população BR-106, sendo de 0,54 , 0,55 e 0,53 os índices de espiga (AE/AP), respectivamente, os quais correspondem, na mesma ordem a 98,2% , 100% e 96,0% em relação aos valores médios da testemunha parental. Os resultados indicam que, para este caráter houve maior variabilidade na população BR-106, do que na BR-105, onde praticamente este caráter parece ter sido fixado pela seleção. Em geral, em ambas as populações verifica-se que as espigas estão localizadas na posição média da planta o que é recomendável em cultivares comerciais.

As Tabelas 22 e 23 permitem comparar os valores médios das progênies selecionadas, das progênies das populações parentais e dos híbridos usados como testemunhas, os diferenciais observados entre a população original (P_o) e a média das progênies selecionadas (P_s); em ambas as populações ($P_s - P_o$) indicam que a seleção foi eficiente apenas para o caráter peso de espiga, com acréscimos de 1,2% e 11,8% para as populações BR-105 e BR-106, respectivamente. Verificou-se que não houve alteração nos valores médios dos caracteres prolificidade, estande e posição relativa da espiga, em ambas as populações. Entretanto, na população BR-105, para os caracteres AP e AE, houve uma leve diminuição em relação à população parental BR-105, entretanto, para a população BR-106, a resposta nas progênies selecionadas se refletiu num aumento de ambos os caracteres (AP e AE).

Quanto à comparação da média das progênies selecionadas com as médias dos híbridos, verificou-se em ambas as populações que as progênies selecionadas apresentaram valores inferiores para todos os caracteres, com exceção de PE e ES para a população BR-106. Estas comparações entre P_s e P_o permitem inferir que, em ambas as populações, considerando os valores médios dos três processos seletivos, estes foram eficientes para aumentar o caráter peso de espigas, que é o de maior importância econômica.

4.5 Avaliação das progênes selecionadas: médias de subparcelas

Os valores médios dos caracteres peso de espigas (PE), prolificidade (P), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e posição relativa da espiga (R), apresentados nas Tabelas 24 a 29, correspondem a estimativas de médias ao nível de subparcelas, uma vez que nesta análise foram separados os efeitos das progênes do tipo S_1 dos efeitos das progênes do tipo "testcross".

Para o caráter peso de espigas (PE), em ambas as populações foram detectadas significâncias entre as progênes S_1 , derivadas dos três processos seletivos, os valores médios obtidos na população BR-105, foram de 67,36 , 61,97 e 69,04 (g/pl), que equivalem a 3,37 , 3,10 e 3,45 (t/ha), para a seleção S_1 , MI intra e MI inter, respectivamente. Estes valores correspondem a 108,2% , 99,6% e 110,9%, respectivamente, em relação a média da população parental BR-105 - S_1 .

Na população BR-106, as médias das progênes S_1 foram de 74,16 , 70,55 e 77,52 (g/pl), que equivalem a uma produtividade de 3,71 , 3,53 e 3,88 (t/ha), para as seleções S_1 , MI intra e MI inter, respectivamente. Estes valores corresponderam a 108,4% , 103,2% e 113,3% da média da BR-106 parental - S_1 . Em ambas as populações verificou-se que para o caráter PE as progênes tipo S_1 conseguiram discriminar efetivamente os processos seletivos, ao se detectar significâncias entre elas. Assim, com as progênes do tipo S_1 , foi possível detectar que as progênes selecionadas por meio da seleção S_1 e MI inter, foram em média similares, e ambas estatisticamente superiores às progênes selecionadas através de meios irmãos intrapopulacionais. Inferência esta, que não foi possível ser feita com os dados de parcelas, onde estavam embutidos os efeitos das progênes S_1 e dos "testcrosses". Para o caráter PE, observou-se, em ambas as populações, que o comportamento médio das progênes S_1 , selecionadas pelos três processos seletivos, foram superiores à média observada na progênie S_1 das respectivas populações parentais. A mesma tendência das populações apresentarem, sob efeito da seleção recorrente, uma maior média de progênes S_1 em relação à média das

progênes S_1 de populações não selecionadas, foi verificada por Burton et al. (1971), Harris et al. (1972) e Zanotto (1986).

Em relação as progênes "testcrosses" (Tabela 24), verifica-se que para o caráter PE não houve diferenças estatísticas no comportamento médio entre os três grupos de progênes selecionadas por diferentes processos seletivos, resultado que foi consistente em ambas as populações. Assim, na população BR-105 para o caráter PE, foram observados valores de 113,68 , 111,55 e 117,86 (g/pl), equivalentes a uma produtividade de 5,68 , 5,58 e 5,89 (t/ha), para a seleção S_1 , MI intra e MI inter, respectivamente. Em relação ao comportamento médio dos híbridos usados como testemunha (Z-8452 e C-805) os "testcrosses" produziram na ordem respectiva 97,9% , 96,1% e 101,6%. Entretanto, na população BR-106 as médias dos "testcrosses" foram 135,46 , 133,26 e 135,73 (g/pl), sendo equivalentes a 6,77 , 6,66 e 6,79 (t/ha). Estes valores foram superiores em 16,7% , 14,8% e 16,9% da média dos híbridos usados como testemunhas, expressando elevados potenciais de produção e consequentemente, indicando a existência de divergência genética entre os materiais cruzados.

Trabalhando com as mesmas populações, Pellicano (1990) e Souza Jr. et al. (1993) reportaram no híbrido interpopulacional valores de heterose em relação à média dos pais (hmp), de magnitude muito elevada para o caráter peso de espigas com valores de 23,55% e 19,23%, respectivamente, enquanto que Arias (1995) obteve valores de 6,48% de hmp.

Estes resultados permitem inferir que nos "testcrosses", considerando ambas as populações, houve uma expressão heterótica média considerável (embora, não estimada), entre as progênes selecionadas por meio dos três processos seletivos com os testadores endógamos empregados; sendo esta expressão maior no cruzamento (S_1 BR-106♀ x 23-2B♂) que no cruzamento (S_1 BR-105♀ x 14-4B♂), ou seja, as progênes selecionadas por quaisquer dos tipos de seleção oferecem a mesma oportunidade de selecionar híbridos superiores, embora, diferentes genótipos com diferentes frequências gênicas sejam selecionados com cada tipo de seleção. Isto é consequência da alta

frequência de alelos favoráveis presentes em ambas as populações, que permitiram boa capacidade de combinação entre estes genótipos. O que indica que a seleção recorrente intra e interpopulacional previamente efetuadas nestas populações foi eficiente nos dois aspectos: no melhoramento das populações *per se*, já que as médias das progênes S_1 , selecionadas em ambas as populações foram superiores às médias das progênes S_1 das populações parentais usadas como testemunhas, e no melhoramento do inter cruzamento, visando a obtenção de híbridos. Mostrando assim, possibilidades concretas de obtenção de híbridos comerciais altamente produtivos a partir das linhagens endogâmicas que venham a ser desenvolvidas a partir deste grupo de linhagens S_1 selecionadas, em cada população. Um aspecto positivo à utilização do método de seleção com progênes endogâmicas é a possibilidade de se selecionar contra alelos letais e deletérios presentes na população, reduzindo sua carga genética e possibilitando assim, a extração de linhagens mais vigorosas (Hallauer, 1980; Hallauer & Miranda F^o, 1988). Segundo Jenkins (1935) a capacidade de combinação das linhagens endogâmicas pode ser individualizada nas gerações iniciais de endogamia, mantendo-se relativamente estável nas gerações seguintes. Bernardo (1991) verificou que a correlação genética esperada entre "testcross" de linhagens com n e n' gerações de autofecundação ($r_{Gn, Gn'}$), variavam de 0,71 a 1,00, sendo que esta correlação aumentou, quando as diferenças entre seus coeficientes de endogamia diminuíram.

Nas progênes "testcrosses", para o caráter PE, os testadores endogâmicos usados não conseguiram discriminar satisfatoriamente as progênes selecionadas pelos três processos seletivos, que pode ser atribuído ao fato de serem linhagens elites e que mascaram o valor genético das linhagens. Toda vez que na avaliação das progênes S_1 foi possível discriminar o comportamento médio das progênes selecionadas pelos diferentes processos seletivos (S_1 , MI intra e MI inter), indicando que realmente existe diferenças no comportamento médio destes grupos de progênes, estas diferenças foram mascaradas pelo testador nos "testcrosses". Assim, uma das explicações apresentadas por Genter & Alexander (1962), Smith (1986) e Hallauer et al. (1988), seria a maior

importância dos efeitos aditivos com dominância completa e parcial em relação aos outros tipos de efeitos gênicos nas duas linhagens endógamas (elites) usadas como testadores. Os resultados de Burton et al. (1971) sugerem que a avaliação de linhagens S_1 *per se* identifica genótipos superiores mais rapidamente que a avaliação de "testcross". Uma explicação pode ser que os alelos desfavoráveis podem ser mascarados pelo genótipo do testador, na avaliação dos "testcrosses". Por outro lado, os resultados de Horner et al. (1969) indicam que o método das progênies autofecundadas (S_1), evidentemente é superior à seleção baseada no comportamento dos "testcrosses", para incrementar a frequência de alelos favoráveis cuja contribuição maior se dá na forma de homozigotos. Entretanto, Horner et al. (1973) sugerem que os testadores endogâmicos podem ser mais efetivos na seleção de genes com efeitos aditivos, quando as linhagens utilizadas como testadoras apresentarem baixas concentrações de alelos favoráveis, o que permitiria a discriminação efetiva das linhagens em avaliação.

Se observamos as médias das progênies S_1 vs as médias das progênies "testcross" para o caráter PE (Tabela 24), em função da relação percentual entre ambas médias (S_1/Tc) $\times$ 100, considerando cada processo seletivo, verifica-se que estas proporções foram 59,25% , 55,55% e 58,58% para a população BR-105 e para BR-106 foram de 54,75% , 52,94% e 57,11% , para a seleção S_1 , MI intra e MI inter, respectivamente. Confirmando assim que as médias das progênies "testcrosses" foram sempre superiores (acima de 50%) sobre as médias das progênies S_1 , fato que simplesmente reflete os efeitos da endogamia nas progênies S_1 , uma vez que a consequência imediata da endogamia é a redução dos valores fenotípicos, mostrados pelos caracteres envolvidos com a capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica (Falconer, 1986).

O uso de progênies S_1 e "testcross" para discriminar genótipos baseados em seu desempenho *per-se* e em combinação híbrida, têm sido de uso normal no melhoramento de milho como o indicam os trabalhos de Lonnquist & Lindsey (1964), Duclos & Crane (1968), Genter & Alexander (1962, 1966), Genter (1973), Carangal et al. (1971), Honer et al. (1989), Burgess & West (1993), entre outros, que mostraram

resultados que justificam seu uso em programas de melhoramento. Porém, as correlações entre progênies S_1 vs "testcrosses" embora significativos em alguns casos, tem sido de baixo valor preditivo, conforme os resultados de Koble & Rinke (1963), Lonnquist & Lindsey (1964), Genter & Alexander (1966), Duclos & Crane (1968), Arias (1994), entre outros.

Para o caráter prolificidade (P) na população BR-105, detectaram-se diferenças significativas entre as progênies S_1 correspondentes à seleção S_1 , MI intra e MI inter que apresentaram em média 0,87 , 0,80 e 0,86 (espigas/planta) e as progênies "testcross" 0,96 , 0,91 e 0,96 (espigas/planta). Para as progênies S_1 estes valores corresponderam, respectivamente a 100,0% , 92,0% e 99,0%. Já para os "testcrosses" foram 103,2% , 97,8% e 103,2% da média apresentada pela testemunha, a população parental BR-105. Entretanto, na população BR-106, as médias das progênies S_1 , para a seleção S_1 , MI intra e MI inter foram de 0,80 , 0,77 e 0,78 (espigas/planta), correspondente respectivamente a 98,8% , 95,1% e 96,3% da média constatada na testemunha parental. Para as progênies "testcross" os valores de P foram 0,92 , 0,89 e 0,92 (espigas/ planta), correspondendo a 107,0% , 103,5% e 107,0% superiores à média registrada pela testemunha parental (BR-106) (Tabela 25).

Os resultados obtidos para prolificidade na população BR-105 mantiveram as mesmas tendências observadas previamente para o caráter PE, denotando a superioridade das progênies obtidas através da seleção S_1 e MI inter sobre a seleção baseada em MI intra. Enquanto que, na população BR-106, a ausência de significância entre os processos seletivos dentro das progênies S_1 pode ser atribuído a uma maior coincidência entre as progênies selecionadas com cada tipo de seleção. Assim sendo, para a Seleção S_1 , houve seis linhagens repetidas, sete na MI intra e sete entre as MI inter, o que com certeza reduziu a variabilidade genética dentro deste grupo de progênies devido à maior semelhança entre os genótipos, o que deve refletir-se em estimativas menores da variância e até em ausência de significância para alguns caracteres na população BR-106, quando comparada com BR-105, onde espera-se maior

variabilidade genética. Verifica-se nesta análise que as progênes S_1 e "testcross" da população BR-105 apresentaram índices P superiores aos observados na população BR-106, sendo que em ambas as populações estes índices foram inferiores a uma espiga por planta. Como a prolificidade é afetada pelo ambiente, principalmente fertilidade e densidade de plantio, os índices de prolificidade inferiores a uma espiga por planta apresentados pelas progênes avaliadas (S_1 e "testcross") nestas populações que foram cultivadas sob condições normais (densidade de plantio e outras práticas culturais), refletem a necessidade de dar maior ênfase na seleção para este caráter, conjuntamente com a seleção para outros caracteres, considerando que estes valores de P em ambas as populações foram sempre inferiores aos apresentados pelos híbridos usados como testemunhas. Esta poderá ser uma via para aumentar a produtividade, já que a prolificidade tende a aumentar a produção, fato este comprovado por inúmeros autores, entre os quais Lonnquist (1966), Gardner (1969), Paterniani (1980) e Segovia (1983).

Quanto a altura da planta (AP), as médias da seleção S_1 , MI intra e MI inter foram respectivamente de 180,68 , 185,45 e 191,65 (cm/pl) para as progênes S_1 e de 220,65 , 222,90 e 225,51 (cm/pl) para os "testcrosses" na população BR-105. Em relação a média da testemunha, os respectivos valores corresponderam a 98,6% , 101,2% e 104,6% nas progênes S_1 e 101,4% , 102,4% e 103,6% nas progênes "testcross". Na população BR-106, essas médias foram 189,46 , 197,58 e 198,19 (cm/pl) para as progênes S_1 e de 234,73 , 242,28 e 231,65 (cm/pl) nos "testcrosses". Correspondendo nas S_1 a 105,0% , 109,5% e 109,8% e nos "testcross", 105,4% , 108,8% e 104,0% da média da testemunha parental, respectivamente para a seleção S_1 , MI intra e MI inter (Tabela 26).

Os valores médios para o caráter AE, para a população BR-105, nas progênes S_1 foram 98,88 , 99,04 e 104,21 (cm/pl) e de 122,40 , 124,39 e 126,96 cm/pl nos "testcrosses", respectivamente para a seleção S_1 , MI intra e MI inter; em relação à média da testemunha estes valores correspondem a 98,1% , 98,4% e 103,5% nas

progênes S_1 e nos "testcrosses" de 98,5% , 100,1% e 102,2%. A população BR-106 apresentou para o caráter AE médias nas progênes S_1 , de 103,45 , 108,69 e 104,53 (cm/pl) e 125,51 , 132,08 e 125,85 (cm/pl) nos "testcrosses", para a seleção S_1 , MI intra e MI inter, respectivamente. Estes valores foram mais elevados que a média da testemunha em 8,0% , 13,5% e 9,2% nas progênes S_1 e nos "testcrosses" correspondem a 96,3% , 101,4% e 96,6% da média da testemunha parental (BR-106) (Tabela 27).

Para os caracteres altura da planta e espiga (AP e AE) a variabilidade nas médias das progênes tipo S_1 , em ambas as populações indicam que cada processo seletivo foi capaz de amostrar diferentes proporções de alelos que controlam estes caracteres, puxando desta maneira, a média para baixo na seleção S_1 e para cima na seleção de meios irmãos. Entretanto, com seleção MI intra e MI inter, esta tendência parece não ser clara. A redução da altura da planta e espiga é um dos objetivos dos melhoristas de milho devido as vantagens que o milho de porte baixo apresenta. Os valores médios para AP e AE observados nas progênes selecionadas podem ser consideradas adequadas em milho tropical e favoreceram o não acamamento no campo das plantas. Neste sentido, Bandel (1987) menciona que as plantas altas de milho estão mais sujeitas ao acamamento do colmo e da raiz pela ação dos ventos em relação às plantas de porte baixo. Outra vantagem das plantas de milho de porte baixo esta relacionada com a colheita desta cultura, pois a colheita mecânica adapta-se melhor às plantas de porte baixo. Deste modo, a obtenção de milho adaptado com espigas mais baixas é um objetivo de importância prática muito grande. Por isso, atualmente, entre os pesquisadores existe a tendência de se desenvolver plantas de milho de porte baixo mantendo-se uma alta produtividade, o que é necessário para atender a alta demanda tecnológica exigida nesta cultura.

Existe uma forte correlação entre altura da planta e produtividade (Hallauer et al., 1988; Hallauer & Miranda F^o, 1988), neste sentido, observa-se neste estudo esta tendência, já que, as progênes S_1 e "testcross" da população BR-106

apresentaram em média maior produtividade e maior altura da planta e espiga, quando comparada com as progênies da população BR-105, que tiveram menor produção e menor porte de planta.

Para o caráter estande (ES) na população BR-105, as progênies S_1 , correspondente a seleção S_1 , MI intra e MI inter apresentaram estande médio de 15,91, 14,63 e 14,76 (plantas/parcela) e os "testcrosses" 18,17 , 17,94 e 17,53 (plantas/parcela). Isto correspondeu, respectivamente a 104,3% , 95,9% e 96,8% nas S_1 e 98,6% , 97,4% e 95,2% nos "testcrosses", em relação a média da testemunha parental. Na população BR-106 as médias correspondentes às progênies S_1 , para a seleção S_1 , MI intra e MI inter foram respectivamente, de 16,78 , 17,13 e 16,77 (plantas/parcela), sendo 2,8% , 4,9% e 2,7% superiores ao estande médio registrado na testemunha. Nas progênies "testcross" estes valores foram de 18,31 , 18,37 e 18,07 (plantas/parcela), correspondendo a 97,7%, 98,0% e 96,4% da média constatada na testemunha. Os estandes médios entre as progênies S_1 foram sempre inferiores aos observados nos "testcrosses", em ambas as populações; este resultado era previsto pois a homozigose nas progênies S_1 reduz seu vigor e suas chances de desenvolvimento no campo, especialmente sob condições de estresses ambientais bióticos e abióticos. Por outro lado, os "testcrosses" que são na realidade híbridos, onde a heterose ou vigor híbrido expressa nos indivíduos representa uma vantagem para o estabelecimento inicial e posterior desenvolvimento do material que pode tolerar melhor as condições adversas do ambiente, originam em consequência um maior estande (Tabela 28).

Verifica-se ainda, que as progênies S_1 e "testcrosses" da população BR-106 apresentaram em média maior número de plantas por parcela que a população BR-105, esta diferença no caráter estande possivelmente é de natureza genética e pode estar associada a fatores como uma maior tolerância à deterioração da semente durante o armazenamento ou maior tolerância às variações ambientais (bióticas e abióticas) na etapa inicial de desenvolvimento no campo.

Quanto ao caráter posição relativa da espiga (R), verifica-se que nas progênies S_1 , as médias da seleção S_1 , MI intra e MI inter foram respectivamente de 0,55, 0,53 e 0,54 (AE/AP) e de 0,55, 0,56 e 0,56 (AE/AP) nos "testcrosses" para a população BR-105. Em relação à média das testemunhas, os respectivos valores corresponderam a 100,0%, 96,4% e 98,2% nas S_1 e 96,5%, 98,2% e 98,2% nos "testcrosses", na mesma ordem para os processos seletivos S_1 , MI intra e MI inter. Na população BR-106, essas médias foram 0,55, 0,55 e 0,53 (AE/AP) para as progênies S_1 , e 0,54, 0,55 e 0,54 (AE/AP) nos "testcrosses". Estes valores correspondem na S_1 , a 103,8%, 103,8% e 100,0% e nos "testcrosses" a 91,5%, 93,2% e 91,5%, para a seleção S_1 , MI intra e MI inter, respectivamente, em relação à média das respectivas progênies parentais (Tabela 29).

Como o índice R é uma relação entre AE/AP, a não significância para este caráter entre os três tipos de seleção e em ambas as populações, nas progênies S_1 e nos "testcrosses", não eram de se esperar, pois houve diferenças acentuadas entre as médias dentro dos caracteres AP e AE nos três tipos de seleção e estes dois caracteres são altamente correlacionados, como demonstraram Lonnquist & Castro (1967), Miranda F^o et al. (1974), Lima & Paterniani (1977), Crisóstomo (1978), Rissi (1980), Lordelo (1982) e Sampaio (1986), entre outros.

De modo geral, a posição relativa da espiga ou índice de espiga nas progênies avaliadas foi em torno de 0,54 indicando que as espigas se situaram na zona mediana das plantas, o que representa uma condição desejável para este caráter. A posição relativa das espigas pode ter efeitos negativos na produção e na aceitação dos produtores dos novos materiais genéticos quando sua localização fica muito acima da zona média da planta, já que pode condicionar as plantas para uma maior suscetibilidade ao acamamento do colmo e raiz. Entretanto, se consideramos apenas os caracteres associados com o porte das plantas (AP, AE e R), segundo os resultados de Zanette (1985) parece ser mais vantajoso para o melhoramento da produtividade de milho selecionar o material pelo porte da planta que pela altura da espiga ou pelo índice AE/AP.

Entretanto, correlações positivas e significativas entre AE e AE/AP foram obtidas por Souza Jr. et al. (1980), Andrade & Miranda F^o (1980) e Lordelo & Miranda F^o (1981).

Em termos gerais, comparando as médias dos caracteres PE, P, ES, AP, AE e R das progênies S₁ com as progênies "testcross" (Tabelas 24 a 29) verifica-se, como indicado previamente, que os "testcrosses" apresentam maiores valores médios, em decorrência dos efeitos de endogamia das progênies S₁ que reduzem a expressão dos caracteres, enquanto que nos "testcrosses" por serem híbridos, há uma expressão mais vigorosa dos caracteres, devido à divergência genética já conhecida entre os materiais cruzados (Pellicano, 1990; Souza Jr. et al., 1993; Arias, 1995)

Nas Tabelas 30 e 31 são apresentadas as estimativas de depressão por endogamia (DE) em porcentagem, em relação a população não endógama. Para o caráter PE, nota-se que as populações foram afetadas pela depressão endogâmica, sendo em média, mais acentuada na BR-105 que na BR-106. Em ambas as populações verifica-se que a seleção MI inter apresentou as menores porcentagens de DE com 38,6% na BR-105 e 34,6% na BR-106, enquanto que, as DE maiores foram observadas na seleção MI intra com 44,9% e 40,4% para a BR-105 e BR-106, respectivamente. Geraldi & Vencovsky (1980) obtiveram valores de 36,7% e 54,8%; Lima et al. (1984) encontraram valores variando de 27,0% a 57,9% entre as populações. Miranda F^o & Meirelles (1986) obtiveram valores médios de 46,3% e 45,5% para ESALQ-PB-2 e ESALQ-PB-3 respectivamente, não obstante, o intervalo de variação destes valores estiveram em 18,9% a 75,8% para ESALQ-PB-2 e de 16,7% a 71,7% para ESALQ-PB-3. Segundo Hallauer & Miranda F^o (1988) a depressão por endogamia para produção de grãos com 50% de homozigotes variam de 42,2 a 71,9 (g/pl). Os valores médios de DE obtidos neste estudo de 46,4 e 44,4 (g/pl) nas populações BR-105 e BR-106, respectivamente, estão próximos do limite inferior dos intervalos de variação citados para milho tropical o que sugere a existência de bom potencial, em ambas as populações, para a extração de linhagens endógamas mais vigorosas dentro das progênies que apresentarem os menores efeitos de depressão por endogamia.

A depressão por endogamia para os caracteres AP e AE foi, em média, 14,6% e 12,4% para AP, respectivamente, para BR-105 e BR-106, e aproximadamente 19,0% em ambas populações para AE. Nas duas populações a depressão endogâmica foi maior nas progênies da seleção S_1 , que nas progênies derivadas dos outros tipos de seleção; entretanto, os efeitos da endogamia nesses caracteres encontram-se dentro dos intervalos estimados por outros pesquisadores. Lima et al. (1984) encontraram valores de 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. Hallauer & Miranda F^o (1988) indicam para estes caracteres intervalos de variação que variam de 7,8 a 33,4 e de 10,4 a 29,6 cm para AP e AE, respectivamente. Os maiores valores de depressão por endogamia (%) obtidos para peso de espigas, do que para altura de planta e espiga, se devem ao elevado grau de dominância que possui este caráter (Hallauer & Miranda F^o, 1988).

Em ambas as populações para os caracteres PE, AP e AE verificou-se, que os valores médios da DE (%) foram inferiores nas progênies S_1 selecionadas, que nas progênies S_1 das respectivas populações parentais.

No caráter ES a depressão por endogamia foi sensivelmente maior na população BR-105 do que na BR-106 com 18,03% e 9,9%, respectivamente. Nas duas populações observa-se que as menores porcentagens de DE estão nas progênies da seleção S_1 . Enquanto que na população BR-105, os valores de DE foram de 13,6%, 20,6% e 19,9%, para a BR-106 foi de 10,5%, 8,6% e 10,6%, respectivamente, para a seleção S_1 , MI intra e MI inter. A depressão endogâmica para P apresenta a mesma tendência observada para o caráter ES, a população BR-105 com 9,3% foi ligeiramente mais influenciada pela autofecundação que a BR-106 com 8,9%, sendo a DE para BR-105 de 6,5%, 14,0% e 7,5% e na BR-106 de 7,0%, 10,5% e 9,3%, respectivamente, para a seleção S_1 , MI intra e MI Inter. O caráter R apresentou a menor depressão por endogamia após uma geração de autofecundação, sendo de 5,3% na BR-105 e de 7,9% na BR-106. Os valores de DE foram de 3,5%, 7,0% e 5,3% na BR-105 e na BR-106

de 6,8% , 6,8% e 10,2%, respectivamente, para os processos seletivos S_1 , MI intra e MI inter.

Hallauer & Miranda F^o (1988) relatam que diferentes populações exibem diferentes níveis de depressão por endogamia para o mesmo caráter, assim a depressão endogâmica foi mais pronunciada nos caracteres da população BR-105 quando comparada com a BR-106, a exceção do caráter R. As diferenças nas taxas de depressão endogâmica entre populações deveriam ser esperadas devido: a diferenças nas frequências gênicas, nível de dominância e amostragens dentro de cada população.

A menor depressão endogâmica observada em ambas as populações, nas progênies de seleção MI inter para os caracteres PE, AP e AE pode atribuir-se a este tipo de seleção que foi eficiente na identificação de genótipos com cargas genéticas inferiores às progênies selecionadas com a seleção S_1 e MI intra. Entretanto, a maior tolerância das progênies S_1 *per se* à depressão por endogamia para os caracteres P, ES e R pode ser explicado pela autofecundação, que elimina os alelos deletérios que causam grande depressão endogâmica.

A importância do estudo da depressão por endogamia em programas de melhoramento é que permite a rápida avaliação do potencial dessas populações para extração de linhagens através da comparação entre o desempenho das progênies com uma geração de autofecundação e a população original (Lima et al., 1984). Outro aspecto importante da depressão endogâmica é que esta sofre alterações devido à seleção nas populações como o indicam os trabalhos de Genter (1973), Goulas & Lonnquist (1976) e Odhiambo & Compton (1989), sendo esta depressão endogâmica mais forte nas primeiras gerações de autofecundação com tendência a estabilizar-se posteriormente.

4.6 Considerações finais

Em ambas as populações, as magnitudes da variância genética entre progênies e estimativas dos coeficientes de herdabilidade e correlação genética, sugerem que nestas populações existe uma considerável proporção da variância genética especialmente do tipo aditiva para os caracteres estudados (PE, AP e AE), que pode ser aproveitada nos futuros ciclos de seleção, o que implica na existência de elevado potencial genético para se constituírem em fontes de híbridos de linhagens, explorando, assim, a presença da divergência genética que existe entre ambas as populações.

Por outro lado, em função das frequências gênicas das populações serem diferentes, os coeficientes de correlação genética entre progênies mostraram uma maior associação entre as progênies da população BR-106 em relação às progênies da BR-105. Entretanto, em ambas as populações para o caráter PE, houve maior associação entre as progênies não endógamas (MI intra, MI inter), que entre as progênies endógamas e não endógamas (S_1 , MI intra e S_1 , MI inter).

De maneira geral os resultados obtidos no presente estudo atenderam aos objetivos propostos, assim foi possível confirmar a potencialidade para fins de melhoramento genético baseado em seleção recorrente (intra e interpopulacional) das populações BR-105 e BR-106, bem como obter um indicativo claro do comportamento do híbrido interpopulacional entre elas, avaliados por meio das progênies "testcross". Verificou-se que a obtenção de três tipos de progênies (S_1 , MI intra e MI inter), a partir da mesma planta S_0 , permitiu que diferentes progênies (genótipos) fossem selecionadas com cada processo seletivo, provocando uma comparação direta destes processos seletivos, quanto à sua eficiência de amostrar linhagens S_1 com alta frequência de alelos favoráveis, alta capacidade de combinação e consequentemente superiores em combinações híbridas.

Por outro lado, a avaliação conjunta de dois tipos de progênies, isto é, S_1 's que enfatizam os efeitos aditivos e, os "testcrosses" que enfatizam efeitos aditivos

e não aditivos, mostrou-se vantajosa pela possibilidade de visualização da depressão por endogamia comparando as progênes S_1 com suas respectivas populações parentais S_0 , permitem também a visualização da capacidade de combinação e expressão heterótica destas linhagens S_1 , quando cruzadas com um testador endógamo (linhagens elite), constituindo-se em um teste precoce para a identificação eficiente e rápida das linhagens superiores pela sua performance *per se* e em cruzamentos híbridos, fatores estes que dão o verdadeiro valor às linhagens.

Os tipos de seleção avaliados (S_1 , MI intra e MI inter) conseguiram amostrar ou identificar diferentes progênes que, embora não apresentem muita coincidência entre elas especialmente na BR-105, em geral apresentaram um comportamento médio similar para caracteres de importância como peso de espigas e prolificidade. O que pode estar indicando que os trabalhos prévios de melhoramento que têm sofrido ambas as populações, foram eficientes em concentrar genes favoráveis nos indivíduos que compõem as populações. Assim sendo, o uso de qualquer uns destes tipos de seleção (S_1 , MI intra e MI inter) que seja empregado consegue amostrar bem as populações, identificando progênes com bom desempenho *per se* e em combinações híbridas. Por outro lado, nas progênes S_1 , notou-se uma tendência clara especialmente para peso de espiga e prolificidade no sentido de que as progênes S_1 obtidas por seleção MI inter serem superiores ou iguais às progênes S_1 obtidas da seleção S_1 e esta superior às progênes S_1 da seleção MI intra, isto é, $MI\ inter > S_1 > MI\ intra$.

Em seu conjunto, estes resultados confirmam que estas populações possuem estruturas genéticas divergentes como demonstrado em estudos prévios, definindo desta forma, que existe um elevado potencial na exploração destes padrões heteróticos "flint", representado pela população BR-105 e "dentado" representado pela população BR-106, para a obtenção de híbridos tropicais superiores aos que atualmente estão sendo plantados.

5. CONCLUSÕES

As interpretações dos resultados obtidos nas condições do presente trabalho permitem concluir:

- a) As magnitudes das estimativas dos parâmetros genéticos mostraram que as populações apresentam estruturas genéticas diferentes para os três caracteres estudados, indicando que possuem potencial para serem usadas em programas de melhoramento de populações e para a obtenção de híbridos de linhagens com elevada produtividade.
- b) Para o caráter peso de espigas (PE), em ambas as populações, o comportamento médio das progênies S_1 , selecionadas pelos três processos seletivos, foram superiores à média observada nas progênies S_1 das respectivas populações parentais. Entretanto, a seleção não foi efetiva para os caracteres prolificidade (P), estande (ES) e posição relativa da espiga (R). Quanto à altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), a seleção aumentou o valor médio em ambas as populações, sendo este, maior na BR-106.
- c) Para o caráter PE em ambas as populações, diferenças estatísticas foram observadas entre os processos seletivos, assim, as progênies S_1 selecionadas através do esquema de meios irmãos interpoblacionais foram superiores às S_1 *per se* e estas superiores a meios irmãos intrapoblacionais. As progênies "testcrosses" em ambas as populações, acompanham esta tendência, embora as diferenças não sejam significativas.

- d) Observaram-se respostas diferentes à depressão por endogamia para os diferentes caracteres e processos seletivos, sendo estes efeitos, maiores para peso de espigas do que para os outros caracteres. Entretanto, os valores destas estimativas sugerem que ambas as populações apresentam potencial para a extração de linhagens superiores.
- e) A seleção de linhagens baseadas em progênies selecionadas via progênies meios irmãos interpopulacionais e S_1 *per se* permitiram identificar as linhagem S_1 superiores, quanto ao seu desempenho *per se* e por sua capacidade de combinação evidenciada pelos "testcrosses".

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AJUDARTE NETO, F. Avaliação de progênies de irmãos germanos interpopulacionais obtidos de compostos de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1978. 93p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- ALLARD, R.W.; BRADSHAW, A.D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, v.4, p.503-508, Sep./Oct. 1964.
- ANDRADE, J.A.C.; MIRANDA FILHO, J.B. Correlações genéticas e fenotípicas envolvendo caracteres da planta e do pendão de milho. **Relatório Científico do Departamento de Genética**, n.14, p.5-10, 1980.
- ARIAS, C.A. Componentes de variância e covariância genética relacionados à seleção recorrente intra e interpopulacional no milho (*Zea mays* L.) Piracicaba, 1995. 139p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- ARIAS, C.A.; TAKEDA, C.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Correlações fenotípicas das linhas S₁ e seus testcrosses nas populações de milho BR-105 e BR-106. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 20., Goiânia, 1994. **Resumos**. Goiânia, ABMS, ENGOPA, CNPMS/EMBRAPA, UFG, EMATER-GO, 1994. p.73.

- BANDEL, G. Genética. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. ed. **Melhoramento e produção do milho**. 2.ed., Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1, p.111-133.
- BARBIN, D. Componentes de variância. Piracicaba, ESALQ/USP - Departamento de Matemática e Estatística, 1993. 108p.
- BERNARDO, R. Correlation between "testcross" performance of lines at early and late selfing generations. **Theoretical and Applied Genetics**, v.82, p.17-21, 1991.
- BURGESS, J.C.; WEST, D.R. Selection for yield following selection for ear height in maize. **Crop Science**, v.33, p.679-682, July/Ago. 1993.
- BURTON, J.W.; PENNY, L.H.; HALLAUER, A.R.; EBERHART, S.A. Evaluation of synthetic populations developed from a maize variety (BSK) by two methods of recurrent selection. **Crop Science**, v.11, p.361-365, May/June 1971.
- CARANGAL, V.R.; ALI, S.M.; KOBLE, A.F.; RINKE, E.H.; SENTZ, J.C. Comparison of S_1 with "testcross" evaluation for recurrent selection in maize. **Crop Science**, v.11, p.658-661, Sep./Oct. 1971.
- CARSON, M.L.; WICKS III, Z.W. Response of a maize synthetic to S_1 recurrent selection for grain yield in a disease-stress environment. **Maydica**, v.38, p.193-199, 1993.
- CHOO, T.M.; KANNENBERG, L.W. Relative efficiencies of population improvement methods in corn: a simulation study. **Crop Science**, v.19, p.178-185, Mar./Apr. 1979.

- COCKERHAM, C.C.; MATZINGER, D.E. Selection response based on selfed progenies. **Crop Science**, v.25, p.483-488, May/June 1985.
- COMPTON, W.A.; LONNQUIST, J.H.; GARDNER, C.O. Predicted response to recurrent selection with intra- and intervarietal testers in corn (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v.4, p.146-148, Mar./Apr. 1964.
- COMSTOCK, R.E. Selection procedures in corn improvement. In: ANNUAL CORN SORGHUM INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 19., Chicago, 1964. **Proceeding**. Washington: American Seed Trade Association, 1964. p.87-94.
- 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**, v.41, n.8, p.360-367, Ago. 1949.
- COORS, J.G. Response to four cycles of combined half-sib and S₁ family selection in maize. **Crop Science**, v.28, p.891-896, Nov./Dec. 1988.
- CRISÓSTOMO, J.R. Estimaco de parmetros genticos visando a seleo em dois compostos de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1978. 71p. Dissertao (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de So Paulo.
- DARRAH, L.L.; EBERHART, S.A.; PENNY, L.H. A maize breeding methods study in Kenia. **Crop Science**, v.12, p.605-608, Sep./Oct. 1972.
- DHILLON, B.S.; KHEHRA, A.S. Modified S₁ recurrent selection in maize improvement. **Crop Science**, v.29, p.226-228, Jan./Feb. 1989.

- DUCLOS, L.A.; CRANE P.L. Comparative performance of top crosses and S₁ progeny for improving populations of corn (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v.8, p.191-194, Mar./Abr. 1968.
- EBERHART, S.A. Techniques and methods for more efficient populations improvement in Sorghum. In: RAO, N.G.R.; HOUSE, L.R., ed. **Sorghum in the seventies**. Oxford: JBH Publishing, 1972. p.197-213.
- EBERHART, S.A.; DEBELA, S.; HALLAUER, A.R. Reciprocal recurrent selection in the BSSS and BSCB1 maize populations and half-sib selection in BSSS. **Crop Science**, v.13, p.451-456, July/Ago. 1973.
- EHDAIE, B.; CRESS, C.E. Simulation of single-cross selection. In: ANNUAL MEETING, 62., Tucson, 1970. **Agronomy Abstracts**. Madison: American Society of Agronomy, 1970. p.8.
- EL-ROUBY, M.M.; KHAMIS, M.N.; KORAIEM, Y.S. On evaluation of modified mass and ear-to-row selection in an open-pollinated variety of maize. **Alex. Journal Agriculture Research**, v.19, p.41-47, 1971.
- EMPIG, L.T.; C.O. GARDNER; W.A. COMPTON. Theoretical gains for different population improvement procedures, Nebraska Agriculture Experimental Station Bulletin Publishid 26 (revised) 1972.
- EYHERABIDE, G.H.; HALLAUER, A.R. Reciprocal full-sib recurrent selection in maize: I. Direct and Indirect responses. **Crop Science**, v.31, p.952-959, July/Ago. 1991.

FALCONER, D.S. **Introduccion a La genetica cuantitativa**. 2.ed. Mexico: CECSA, 1986. 383p.

FEHR, W.R. **Principles of cultivar development: theory and technique**. New York: Mac Millan Publishing Company, 1987. v.1, 536p.

FERNANDES, J.S.C. Progreso esperado em linhagens de milho (*Zea mays* L.) via seleção recorrente intra e interpopulacional. Piracicaba, 1990. 233p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

GARDNER, C.O. Genetic variation in irradiated and control populations of corn after ten cycles of mass selection for high grain yield. Induced mutation in plants. In: **International Atomic Energy Agency**. Viena, 1969. p.469-477.

GARDNER, C.O. Population improvement in maize. In: D.B. WALDEN, ed. **Maize breeding and genetics**. New York: John Wiley & Sons, 1978. p.207-228.

GENTER, C.F.; ALEXANDER, M.W. Comparative performance of S₁ progenies and test-crosses of corn. **Crop Science**, v.2, p.516-519, Nov./Dec. 1962.

GENTER, C.F.; ALEXANDER, M.W. Development and selection of productive S₁ inbred lines of corn (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v.6, p.429-431, Sep/Oct. 1966.

GENTER, C.F. Comparison of S₁ and "testcross" evaluation after two cycles of recurrent selection in maize. **Crop Science**, v.13, p.524-527, Sep/Oct. 1973.

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

GOUESNARD, B.; GALLAIS, A.; LEFORT-BUSON, M.; SAMPOUX, J.P. Comparison of direct and correlated expected responses to intrapopulation and interpopulation selections for two forage maize populations. **Maydica**, v.36, n.1, p.49-56, 1991.

GOULAS, CH.K.; LONNQUIST, J.H. Combined half-*sib* and S₁ family selection in a maize composite population. **Crop Science**, v.16, p.461-464, July/Ago. 1976.

GRACEN, V.E. Source of temperate maize germoplasm and potential usefulness in tropical and subtropical environments. **Advances in Agronomy**, v.39, p.127-173, 1986.

GROMBACHER, A.W.; RUSSELL, W.A.; GUTHRIE, W.D. Effects of recurrent selection in two maize synthetics on agronomic traits of S₁ lines. **Maydica**, v.34, p.343-352, 1989.

GUO, Y.H. Study on half-*sib* and full-*sib* recurrent selection in maize population. **Journal of Shenyang Agricultural University**, v.20, n.4, p.399-406, 1989. Resumo 3331 em Maize Abstracts, v.7, n.6, p.427, Nov. 1991.

HALLAUER, A.R. Relation of quantitative genetics to applied maize breeding. **Revista Brasileira de Genética**, v.3, n.3, p.207-233, 1980.

HALLAUER, A.R. Reciprocal full-*sib* selection in maize. **Crop Science**, v.24, p.755-759, July/Ago. 1984.

HALLAUER, A.R. Compendium of recurrent selection methods and their application. **Critical Reviews Plant Sciences**, v.3, p.1-34, 1985.

HALLAUER, A.R.; EBERHART, S.A. Reciprocal full-*sib* selection. **Crop Science**, v.10, p.315-316, May/June 1970.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468p.

HALLAUER, A.R.; RUSSELL, W.A.; LAMKEY, K.R. Corn Breeding. In: SPRAGUE, G.F.; DUDLEY, J.W., ed. **Corn and corn improvement**. Madison: A.S.A., 1988. p.463-565.

HARRIS, R.E.; GARDNER, C.O.; COMPTON, W.A. Effects of mass selections and irradiation in corn measured by random S_1 Lines and their test crosses. **Crop Science**, v.12, n.5, p.594-598, Sep./Oct. 1972.

HOARD, K.G.; CROSBIE, T.M. S_1 line recurrent selection for cold tolerance in two maize populations. **Crop Science**, v.25, p.1041-1045, Nov./Dec. 1985.

HORNER, E.S.; MAGLOIRE, E.; MORERA, J.A. Comparison of selection for S_2 vs. "testcross" performance for population improvement in maize. **Crop Science**, v.29, p.868-874, July/Ago. 1989.

HORNER, E.S.; CHAPMAN, W.H.; LUTRICK, M.C.; LUNDY, H.W. Comparison of selection based on yield of topcross progenies and of S₂ in maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v.9, p.539-543, Sep./Oct. 1969.

HORNER, E.S.; LUNDY, H.W.; LUTRICK, M.C.; CHAPMAN, W.A. Comparison of three methods of recurrent selection in maize. **Crop Science**, v.13, p.485-489, July/Ago. 1973.

HULL, F.H. Recurrent selection and specific combining ability in corn. **Journal American Society of Agronomy**, v.37, n.2, p.134-145, Feb. 1945.

ILLG, R.D. Estudo comparativo entre progênies de meios irmãos de milho e seus respectivos cruzamentos com um testador. Piracicaba, 1969. 32p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

JENKINS, M.T. The effect of inbreeding and of selection within inbred lines of maize upon hybrids made after successive generations of selfing. **Iowa State College Journal Science**, v.9, p.429-450, 1935.

JENKINS, M.T. The effect of inbreeding and of selection within inbred lines of maize upon hybrids made after successive generations of selfing. **Journal Science**, v.9, p.429-450, 1940a.

JENKINS, M.T. The segregation of genes affecting yield of grain in maize. **Journal American Society of Agronomy**, v.32, n.1, p.55-63, Jan. 1940b.

- JIANG, CH.; COCKERHAM, C.C.; MOLL, R.H. Inter- and intracultivar effects of selection on heterosis. **Crop Science**, v.30, p.44-49, Jan./Feb. 1990.
- JOBET, C.; BARRIGA, P. Variabilidad genética del rendimiento y otros caracteres cuantitativos en una población de maíz: II. Estimación del progreso genético esperado con dos procesos de selección. **Agro sur**, v.16, n.2, p.84-93, 1988.
- JOHNSON, E.C.; FISCHER, K.S.; EDMEADES, G.O.; PALMER, A.F.E. Recurrent selection for reduced plant height in lowland tropical maize. **Crop Science**, v.26, p.253-260, mar./abr. 1986.
- JONES, L.P.; COMPTON, W.A.; GARDNER, C.O. Comparison of full and half-sib reciprocal recurrent selection. **Theoretical and applied Genetics**, v.41, p.36-39, Mar. 1971.
- KEERATINIJAKAL, V.; LAMKEY, K.R. Genetic effects associated with reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. **Crop Science**, v.33, p.78-82, Jan./Feb. 1993a.
- KEERATINIJAKAL, V.; LAMKEY, K.R. Responses to reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. **Crop Science**, v.33, p.73-77, 1993b.
- KEMPTHORNE, O. **The design and analysis of experiments**. New York: John Wiley & Sons, 1952. 631p.
- KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics**. New York: John Wiley & Sons, 1966. 545p.

KLENKE, J.R.; RUSSELL, W.A.; GUTHRIE, W.D. Recurrent selection for resistance to European corn borer in a corn synthetic and correlated effects on agronomic traits. **Crop Science**, v.26, p.864-868, Sep./Oct. 1986.

KOBLE, A.F.; RINKE, E.H. Comparative S₁ line and topcross performance in maize. In: ANNUAL MEETING, 55., Denver, 1963. **Agronomy Abstracts**. Madison: American Society of Agronomy, 1963. p.83.

LAMKEY, K.R. Fifty years of recurrent selection in the Iowa stiff stalk synthetic maize population. **Maydica**, v.37, p.19-28, 1992.

LIMA, M. Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho ESALQ VD 2. Piracicaba, 1977. 71p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

LIMA, M.; PATERNIANI, E. Estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos em progênes de meios irmãos de milho (*Zea mays* L.) ESALQ-VD2, MI-HSII e suas implicações com melhoramento. **Relatorio Científico do Instituto de Genética**, n.11, p.84-89, 1977.

LIMA, M.; MIRANDA FILHO, J.B.; GALLO, P.B. Inbreeding depression in brazilian populations of maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, v.29, p.203-215, 1984.

LIVINI, C.; PIROVANO, L.; BRANDOLINI, A.; LORENZONI, C.; MOTTO, M. Evaluation of three cycles of recurrent selection for yield in an opaque-2 variety of maize. **Maydica**, v.37, p.89-93, 1992.

LONNQUIST, J.H. Mass selection for prolificacy in maize. **Der Zuchter**, v.37, n.4, p.185-188, 1966.

LONNQUIST, J.H. Further evidence on "testcross" versus line performance in maize. **Crop Science**, v.8, p.50-53, Jan./Feb. 1968.

LONNQUIST, J.H.; LINDSEY, M.F. Topcross versus S_1 line performance in corn (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v.4, p.580-584, Nov./Dec. 1964.

LONNQUIST, J.H.; CASTRO, M. Relation of intra-population genetic effects to performance of S_1 lines of maize. **Crop Science**, v.7, p.361-364, July/Ago. 1967.

LORDELO, J.A.C. Parâmetros genéticos nas populações de milho Piranão VD-2 e Piranão VF-1. Piracicaba, 1982. 63p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

LORDELO, J.A.C.; MIRANDA FILHO, J.B. Correlações genéticas e fenotípicas entre caracteres em duas populações de milho braquítico. **Relatório Científico do Departamento de Genética**, n.15, p.104-108, 1981.

MAHDY, E.E.; BAKHEIT, B.R.; EL-HINNAWY, H.H.; EASA, A.M. S_1 and half-sib reciprocal recurrent selection in two maize populations. **Assiut Journal of Agricultural Science**, v.18, n.2, p.119-30, 1981. / **Resumo 2869 Maize Abstracts**, v.4, n.6, p.348, Nov. 1988.

MÁRQUEZ, F. **Genotecnia vegetal: métodos, teoría, resultados**. Mexico: AGT, 1988a. v.1, 357p.

- MÁRQUEZ, F. **Genotecnia vegetal: métodos, teoría, resultados**. Mexico: AGT, 1988b. v.2, 665p.
- MARTIN, J.M.; HALLAUER, A.R. Seven cycles of reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. **Crop Science**, v.20, p.599-603, 1980.
- 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.; PATERNIANI, E. Intra- and interpopulation genetic parameter estimates and implications in selection. **Revista Brasileira de Genética**, v.6, n.1, p.15-27, março 1983.
- MIRANDA FILHO, J.B.; MIERELLES, W.F. Depressão por endogamia em progênes S₁ de duas populações de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., Belo Horizonte, 1986. **Anais**, Sete Lagoas: CNPMS/EMBRAPA, 1988. p.320-327.
- MIRANDA FILHO, J.B.; PATERNIANI, E.; VENCOVSKY, R. Variância genética aditiva da altura da planta e da espiga em dois compostos de milho e sua implicação no melhoramento. **Relatório Científico do Departamento de Genética**, v.8, p.104-108, 1974.
- MOLL, R.H.; ROBINSON, H.F. Observed and expected responses in four selection experiments in maize. **Crop Science**, v.6, p.319-323, July/Ago. 1966.

- MOLL, R.H.; STUBER, C.W. Comparisons of response to alternative selection procedures initiated with two populations of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v.11, p.706-711, Sep./Oct. 1971.
- MOLL, R.H.; STUBER, C.W. Quantitative genetics: empirical results relevant to plant breeding. **Advances in Agronomy**, v.26, p.277-313, 1974.
- MOLL, R.H.; HANSON, W.D. Comparisons of effects of intrapopulation vs. interpopulation selection in maize. **Crop Science**, v.24, p.1047-1052, Nov./Dec. 1984.
- MOLL, R.H.; COCKERHAM, C.C.; STUBER, C.W.; WILLIAMS, W.P. Selection responses, genetic-environmental interactions, and heterosis with recurrent selection for yield in maize. **Crop Science**, v.18, p.641-645, July/Ago. 1978.
- MORERA, J.A. Comparison of two breeding methods in corn. I. Effect of breeding method on combining ability of third-cycle lines. **Turrialba**, v.39, n.1, p.63-68, Jan./Mar. 1989.
- NYHUS, K.A.; RUSSELL, W.A.; GUTHRIE, W.D. Changes in agronomic traits associated with recurrent selection in two maize synthetics. **Crop Science**, v.29, p.269-275, Mar./Apr. 1989.
- ODHIAMBO, M.O.; COMPTON, W.A. Five cycles of replicated S_1 vs. reciprocal full-sib index selection in maize. **Crop Science**, v.29, p.314-319, Mar./Apr. 1989.
- PANDEY, S.; GARDNER, C.O. Recurrent selection for population, variety, and hybrid improvement tropical maize. **Advances in Agronomy**, v.48, p.1-87, 1992.

PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in Brazilian population of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v.7, p.212-216, May/June 1967.

PATERNIANI, E. Seleção massal com controle biparental para prolificidade em milho. **Relatório Científico do Departamento de Genética**, v.14, p.69-76, 1980.

PATERNIANI, E. Maize breeding in the tropics. **Critical Reviews Plant Sciences**, v.9, p.125-154, 1990.

PATERNIANI, E. Métodos tradicionais de melhoramento do milho. In: BÜLL, T.; CANTARELLA, H., ed. **Cultura de Milho** - fatores que afetam sua produtividade. Piracicaba: POTAFOS, 1993 p.23-43.

PATERNIANI, E.; VENCOSKY, R. Reciprocal recurrent selection based on half *sib* progenies and prolific plant in maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, v.23, p.209-219, 1978.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P., ed. **Melhoramento e produção de milho**, 2.ed. Campinas: Fundação Cargill. 1987. v.1, p.217-274.

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

PENNY, L.H.; EBERHART, S.A. Twenty years of reciprocal recurrent selection with two synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v.11, p.900-903, Nov./Dec. 1971.

PIEDADE, S.M.S. Análise de grupos de experimentos em faixas. Piracicaba, 1987. 148p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. Piracicaba, 1977. 122p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

REEDER JÚNIOR, L.R.; HALLAUER, A.R.; LAMKEY, K.R. Estimation of genetic variability in two maize populations. **The Journal of Heredity**, v.78, p.372-376, Nov./Dec. 1987.

REIS, F.P. Herdabilidade, correlações e índices de seleção em Milho (*Zea mays* L.). Viçosa, 1981. 65p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

RESENDE, M.A.V. de. Avaliação de compostos de milho (*Zea mays* L.) "Duro" resultantes de seleção recorrente recíproca baseada em famílias de irmãos completos entre os compostos originais "Dentado e Duro". Viçosa, 1984. 79p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

RISSI, R. Estimação de parâmetros genéticos em duas subpopulações de variedade de milho (*Zea mays* L.) Piranão. Piracicaba, 1980. 87p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

- RODRIGUEZ, O.A.; HALLAUER, A.R. Effects of recurrent selection in corn populations. **Crop Science**, v.28, p.796-800, Sep./Oct. 1988.
- RUSSELL, W.A.; VEGA, V.A. Genetic stability of quantitative characters in successive generations in maize inbred lines. **Euphytica**, v.22, p.172-180, 1973.
- RUSSELL, W.A.; BLACKBURN, D.J.; LAMKEY, K.R. Evaluation of a modified reciprocal recurrent selection procedure for maize improvement. **Maydica**, v.37, p.61-67, 1992.
- SAMPAIO, N.F. Propriedades genéticas e potencial para o melhoramento dos compostos de milho (*Zea mays* L.) ESALQ PB-4 e ESALQ PB-5. Piracicaba, 1986. 105p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- SANTOS, M.X.; GERALDI, I.O.; SOUZA JUNIOR, C.L. Avaliação de dois ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos em duas populações de milho no Nordeste Brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.23, n.5, p.519-523, maio 1988.
- SCHNICKER, B.J.; LAMKEY, K.R. Interpopulation genetic variance after reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. **Crop Science**, v.33, p.90-95, Jan./Feb. 1993.
- SEGOVIA-SEGOVIA, V.F. Avaliação da seleção massal em ambos os sexos para prolificidade em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1983. 91p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

SMITH, O.S. Evaluation of recurrent selection in BSSS, BSCB1, and BS13 maize populations. **Crop Science**, v.23, p.35-40, Jan./Feb. 1983.

SMITH, O.S. Covariance between line *per se* and "testcross" performance. **Crop Science**, v.26, p.540-543, May/June 1986.

SOUZA JÚNIOR, C.L. Variabilidade genética em milho (*Zea mays* L.) e relações com a seleção recorrente intra e interpopulacional. Piracicaba, 1983. 151p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

SOUZA JÚNIOR, C.L. Reciprocal recurrent selection with half-*sib* progenies obtained alternately from non-inbred (S_0) and inbred (S_1) plants in maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, v.32, p.19-31, 1987.

SOUZA JÚNIOR, C.L. Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal. Piracicaba: **FEALQ**, 1989. 134p.

SOUZA JÚNIOR, C.L. Comparisons of intra-interpopulation, and modified recurrent selection methods. **Revista Brasileira de Genética**, v.16, n.1, p.91-105, 1993.

SOUZA JÚNIOR, C.L.; MIRANDA FILHO, J.B. Alterações na heterose via seleção intra e interpopulacional. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.20, n.10, p.1197-1201, Oct. 1985.

SOUZA JÚNIOR, C.L.; MIRANDA FILHO, J.B. Genetic variability in two maize (*Zea mays* L.) populations and its relationship with intra and interpopulation recurrent selection. **Revista Brasileira de Genética**, v.12, n.2, p.271-285, jun. 1989.

selection. **Revista Brasileira de Genética**, v.12, n.2, p.271-285, jun. 1989.

SOUZA JÚNIOR, C.L.; GERALDI, I.O.; ZINSLY, J.R. Estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos de algumas características na população de milho (*Zea mays* L.) Suwan. **Relatório Científico do Instituto de Genética**, n.14, p.139-145, 1980.

SOUZA JÚNIOR, C.L.; SANTOS, M.X.; MAGNAVACA, R.; GAMA, E.E. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho BR-105 x BR-106 e suas implicações no melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.28, n.4, p.473-479, Apr. 1993.

SPRAGUE, G.F.; EBERHART, S.A. Corn breeding. In: _____. **Corn and corn improvement**. 2.ed. Madison: American Society of Agronomy, 1977. p.305-362, 1977.

ST. MARTIN, S.K. Comparison of selection methods for improvement of the population hybrid. **Theoretical and Applied Genetics**, v.72, p.682-678, Ago. 1986.

STELL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics**. New York: Mc Graw-Hill, 1960. 481p.

STOJSIN, D.; KANNENBERG, L.W. Genetic changes associated with different methods of recurrent selection in five maize populations: I. Directly selected traits. **Crop Science**, v.34, p.1466-1472, Nov./Dec. 1994a.

STOJSIN, D.; KANNENBERG, L.W. Genetic changes associated with different methods of recurrent selection in five maize populations: II. Indirectly selected traits. **Crop Science**, v.34, p.1473-1479, Nov./Dec. 1994b.

STROMBERG, L.D.; COMPTON, W.A. Ten cycles of full-sib selection in maize. **Crop Science**, v.29, p.1170-1172, Sep./Oct. 1989.

SULLIVAN, J.A.; KANNENBERG, L.W. Comparison of S_1 and modified ear-to-row recurrent selection in four maize populations. I. Effects on population means and variances. **Crop Science**, v.27, p.1161-1166, Nov./Dec. 1987.

TANNER, A.H.; SMITH, O.S. Comparison of half-sib and S_1 recurrent selection in the Krug Yellow Dent maize populations. **Crop Science**, v.27, p.509-513, May/June 1987.

TORRES, L.A. Variâncias, covariâncias e correlações genéticas, fenotípicas e de ambiente no composto Flint B de milho (*Zea mays* L.). Viçosa, 1987. 45p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

TOSELLO, G.A.; GERALDI, I.O. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para caracteres da planta e da qualidade do grão na população de milho ESALQ-VD opaco. **Relatório Científico do Instituto de Genética**, n.14, p.183-90, 1980.

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

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 Associates, 1988. p.465-477.

- VERMA, M.M.; CHAHAL, G.S.; MURTY, B.R. Limitation of conventional regression analysis: proposed modification. **Theoretical and Applied Genetics**, v.53, p.89-91, 1978.
- WEBEL, O.D.; LONNQUIST, J.H. An evaluation of modified ear-to-row selection a population of corn (*Zea Mays L.*). **Crop Science**, v.7, p.651-655, Nov./Dec. 1967.
- ZAMBESI, B.T.; HORNER, E.S.; MARTIN, F.G. Inbred lines as testers for general combining ability in maize. **Crop Science**, v.26, p.908-910, Sep./Oct. 1986.
- ZANETTE, V.A. Avaliação da produtividade de cultivares de milho (*Zea mays L.*) Braquítico. Piracicaba, 1985. 119p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- ZANOTTO, M.D. Variabilidade genética e endogamia em duas populações de milho (*Zea mays L.*) contrastantes para teor de óleo. Piracicaba, 1986. 62p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.

TABELAS

Tabela 6 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos do peso de espigas despalhadas (gramas/planta) das progênes S_i, meios irmãos intrapopulacionais e meios irmãos interpulacionais, das populações BR-105 e BR-106.

Progênes	σ_p^2		σ_F^2		h^2	
	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106
S _i	314,73 (237,31-437,38)	283,24 (211,09-400,15)	359,67 (277,27-485,37)	347,10 (267,58-468,41)	0,88 (0,83-0,90)	0,82 (0,76-0,86)
MI intra	110,58 (80,16-162,39)	94,02 (65,68-145,79)	158,77 (122,39-214,26)	165,07 (127,25-222,76)	0,70 (0,60-0,77)	0,57 (0,43-0,67)
MI inter	130,59 (93,68-194,70)	70,35 (47,43-115,14)	198,76 (153,22-268,22)	148,00 (114,09-199,72)	0,66 (0,55-0,74)	0,48 (0,30-0,60)

Valores entre parênteses indicam intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade.

Tabela 7 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos da altura da planta (cm/planta) das progênes S_i, meios irmãos intrapopulacionais e meios irmãos interpulacionais, das populações BR-105 e BR-106.

Progênes	σ_p^2		σ_F^2		h^2	
	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106
S _i	100,35 (75,61-139,66)	73,60 (54,22-105,64)	115,29 (88,88-155,58)	96,39 (74,31-130,08)	0,87 (0,83 - 0,90)	0,76 (0,69 - 0,82)
MI intra	46,44 (34,33-66,36)	27,33 (19,49-41,12)	59,70 (46,02-80,56)	43,01 (33,16-58,04)	0,78 (0,71 - 0,83)	0,64 (0,52 - 0,72)
MI inter	42,83 (31,88-60,62)	23,07 (16,02-36,09)	52,91 (40,79-71,14)	41,77 (32,20-56,37)	0,81 (0,75 - 0,85)	0,55 (0,41 - 0,65)

Valores entre parênteses indicam intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade.

σ_p^2 = variâncias genéticas entre progênes
 σ_F^2 = variância fenotípica entre médias de parcela
 h^2 = herdabilidade ao nível de progênes

Tabela 8 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos da altura da espiga (cm/planta) das progêneses S₁, meios irmãos intrapopulacionais e meios irmãos interpopulacionais, das populações BR-105 e BR-106.

Progêneses	σ_p^2			σ_F^2			h^2	
	BR-105	BR-106		BR-105	BR-106		BR-105	BR-106
S ₁	59,81 (45,21-82,86)	27,86 (20,37-40,43)		67,34 (51,91-90,87)	38,15 (29,41-51,48)		0,89 (0,85-0,91)	0,73 (0,64-0,79)
MI intra	31,86 (23,73-45,06)	18,51 (13,32-27,46)		39,22 (30,23-52,93)	27,64 (21,31-37,30)		0,81 (0,75-0,86)	0,67 (0,56-0,75)
MI inter	27,40 (20,26-39,12)	12,21 (8,75-24,16)		35,11 (27,07-47,38)	21,14 (16,30-28,53)		0,78 (0,71-0,83)	0,58 (0,44-0,67)

Valores entre parênteses indicam intervalo de confiança ao nível de 95% de probabilidade.

σ_p^2 = variâncias genéticas entre progêneses

σ_F^2 = variância fenotípica entre médias de parcela

h^2 = herdabilidade ao nível de progêneses

Tabela 9 - Estimativa do Coeficiente de Correlação Genética entre progêneses (r_G), para os caracteres peso de espigas despalhadas (gramas/planta), altura da planta (cm/pl) e altura da espiga (cm/pl) para as populações BR-105 e BR-106.

Correlação	Peso de espigas		Altura da planta		Altura da espiga	
	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106
r_G (S ₁ , MI intra)	0,18 ^{ns}	0,56*	0,56**	0,74**	0,50**	0,65**
r_G (S ₁ , MI inter)	0,24 ^{ns}	0,57*	0,24 ^{ns}	0,79**	0,62**	0,69**
r_G (MI intra, MI inter)	0,55 ^{ns}	0,90*	0,37*	0,91**	0,54**	1,04**

** P < 0,01 ; * P < 0,05 ; ^{ns} P > 0,05

Tabela 10 - Resumo das análises conjuntas da variância, ao nível de médias de parcelas, de peso de espigas despalhadas (gramas/planta), prolificidade (espigas/planta), estande (planta/parcela), altura da planta (cm/planta), altura da espiga (cm/planta) e posição relativa da espiga (AE/AP); nas populações BR-105 e BR-106.

Q M								
F.V.	G.L.	Peso espiga despalhada	Prolificidade¹	Estande	G.L.	Altura da planta	Altura da espiga	Posic. rel. espiga¹
Ambiente (A)	2	216.541,77 ^{NS}	10.833,87 ^{ns}	4937,86 ^{**}	1	8602,56 ^{ns}	32930,91 ^{ns}	3972,94 ^{**}
Repetição / A	9	5.919,77*	687,18 ^{ns}	19,24 ^{ns}	6	1618,14 ^{ns}	829,53 ^{ns}	30,12 ^{ns}
Genótipo (G)	63	3.709,23 ^{**}	1.035,09 ^{**}	22,00 ^{**}	63	3099,30 ^{**}	1209,46 ^{**}	68,71 ^{**}
Progenies (P)	59	3.734,76 ^{**}	1.090,48 ^{**}	23,01 ^{**}	59	3188,74 ^{**}	1180,12 ^{**}	62,48 ^{**}
P vs Test	1	4.212,67 ^{ns}	110,14 ^{ns}	4,56 ^{**}	1	4873,51 ^{**}	3201,96 ^{**}	82,98 ^{ns}
Testemunha (Test)	3	2.221,77 ^{**}	254,12 ^{ns}	8,07 ^{ns}	3	748,81 ^{ns}	1122,27 ^{**}	186,52 ^{**}
P(105) vs P(106)	1	87.331,94 ^{**}	7.535,50 ^{**}	394,80 ^{**}	1	29960,18 ^{**}	3912,34 ^{**}	168,34 ^{**}
G x A	126	1.153,09 ^{ns}	415,16 ^{ns}	7,78 ^{ns}	63	262,77 ^{ns}	115,79 ^{ns}	7,53 ^{ns}
P x A	118	1.166,94 ^{ns}	428,06 ^{ns}	7,74 ^{ns}	59	259,84 ^{ns}	117,60 ^{ns}	7,58 ^{ns}
(P vs test) x A	2	3.090,51 ^{**}	598,44 ^{ns}	0,04 ^{ns}	1	0,50 ^{ns}	45,18 ^{ns}	22,74 ^{ns}
Test x A	6	267,30 ^{ns}	100,35 ^{ns}	11,23 ^{ns}	3	407,93 ^{ns}	103,85 ^{ns}	1,52 ^{ns}
[P(105) _{vs} P(106)] x A	2	18.047,15 ^{**}	3.518,46*	46,76*	1	219,46 ^{ns}	91,27 ^{ns}	0,50 ^{ns}
Erro (a)	567	478,73	244,89	6,14	378	231,42	126,94	6,94
Tipo (T)	1	831.737,24 ^{ns}	48.678,78 ^{ns}	1596,59*	1	374467,50 ^{ns}	130795,24 ^{ns}	195,13*
T x A	2	237.836,22 ^{**}	12.661,39 ^{**}	46,93 ^{ns}	1	4008,47*	2022,19*	1,64 ^{ns}
Erro (b)	9	1.610,61	398,52	14,06	6	547,49	168,87	11,02

** P < 0,01 ; * P < 0,05 ; ns P > 0,05

¹QM(10⁴)

Tabela 10 - (Continuação) ... Resumo das análises conjuntas da variância, ao nível de médias de parcelas, de peso de espigas despalhadas (gramas/planta), prolificidade (espigas/plantas), estande (plantas/parcela), altura da planta (cm/planta), altura da espiga (cm/planta) e posição relativa da espiga (AE/AP), nas populações BR-105 e BR-106.

F.V.	Q.M.							
	G.L.	Peso de espigas	Prolifi- cidade¹	Estande	G.L.	Altura da planta	Altura da espiga	Pos. relativa da espiga²
G x T	63	2.452,50 ^{ns}	249,06 ^{ns}	9,39 ^{ns}	63	1299,41 ^{**}	464,20 ^{**}	32,27 ^{**}
P x T	59	2.449,73 ^{ns}	252,97 ^{ns}	9,72 ^{ns}	59	1325,61 ^{**}	480,09 ^{**}	32,30 ^{**}
(P vs Test) x T	1	6.882,96 ^{ns}	554,71 ^{ns}	0,05 ^{ns}	1	786,63 ^{**}	71,10 ^{ns}	20,49 ^{ns}
Test x T	3	1.047,06 ^{ns}	70,29 ^{ns}	6,14 ^{ns}	3	242,56 [*]	31,81 ^{ns}	42,14 ^{**}
[P(105) vs P(106)] x T	1	8.120,39 ^{ns}	937,67 ^{ns}	166,74 ^{**}	1	501,70 [*]	220,42 ^{ns}	119,71 ^{**}
G x A x T	126	2.509,29 ^{**}	764,73 ^{**}	9,83 ^{**}	63	72,75 ^{ns}	56,11 ^{ns}	6,19 ^{ns}
P x A x T	118	2.553,83 ^{**}	797,24 ^{**}	9,74 ^{**}	59	74,00 ^{ns}	54,82 ^{ns}	6,08 ^{ns}
(P vs Test) x A x T	2	4.093,40 ^{**}	396,92 ^{ns}	6,54 ^{ns}	1	146,09 ^{ns}	197,79 ^{ns}	13,48 ^{ns}
Test x A x T	6	1.105,45 ^{**}	248,06 ^{ns}	12,80 [*]	3	23,60 ^{ns}	34,06 ^{ns}	5,81 ^{ns}
[P(105) vs P(106)] x A x T	2	122,43 ^{ns}	7.012,13 ^{**}	27,58 ^{**}	1	30,46 ^{ns}	23,44 ^{ns}	11,70 ^{ns}
Erro (c)	567	345,48	227,53	5,42	378	93,69	58,03	6,24
média		98,56	0,87	17,06		209,50	114,21	0,54
CV (a) (%)		15.70	12.72	10.27		5.13	6.98	3.42
CV (b) (%)		5.09	2.87	2.75		1.40	1.42	0.76
CV (c) (%)		18.86	17.34	13.64		4.62	6.67	4.59

** P < 0,01 ; * P < 0,05 ; ns P > 0,05

¹QM(10⁴)

Tabela 11 - Resumo das análises conjuntas de variância (parcial), correspondente ao desdobramento da F.V. progênicas, ao nível de médias de parcela, de peso de espigas despalhadas (gramas/planta), prolificidade (espigas/planta) e estande (plantas/parcela) nas populações BR-105 e BR-106.

Q.M.							
F.V.	G.L.	Peso de espigas despalhadas		Prolificidade ¹		Estande	
		BR-105	BR-106	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106
Progenies	29	2.099,65*	2.508,94**	1.345,48**	613,25 ^{ns}	22,98**	10,21 ^{ns}
Seleção S ₁	9	1.689,17 ^{ns}	2.454,26**	1.488,17**	840,21*	16,33 ^{ns}	10,19 ^{ns}
Seleção MI intra	9	2.392,86*	3.227,03**	1.275,13**	498,60 ^{ns}	25,69**	14,14*
Seleção MI inter	9	2.244,38**	2.052,54 ^{ns}	1.030,99**	498,49 ^{ns}	16,83 ^{ns}	7,06*
MI vs S ₁	1	357,75 ^{ns}	1.603,18 ^{ns}	1.625,63 ^{ns}	632,03 ^{ns}	134,44*	0,28 ^{ns}
MI intra vs MI inter	1	3.594,57 ^{ns}	1.551,52 ^{ns}	3.244,80*	616,53 ^{ns}	2,41 ^{ns}	13,33 ^{ns}

¹QM(10⁴)

** P < 0,01 ; * P < 0,05 ; ns P > 0,05

Tabela 12 - Resumo das análises conjuntas de variância (parcial), correspondente ao desdobramento da F.V. progênies, ao nível de médias de parcela da altura da planta (cm/planta), altura da espiga (cm/planta) e posição relativa da espiga (AE/AP), nas populações BR-105 e BR-106.

Q.M.							
F.V.	G.L.	Altura da planta		Altura da espiga		Posição relat. da espiga ¹	
		BR-105	BR-106	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106
Progênie	29	2836,09**	2618,24**	1345,87**	920,15**	63,34**	57,97**
Seleção S _i	9	2336,04**	3127,24**	1489,79**	864,27**	56,27**	28,09 ^{ns}
Seleção MI Intra	9	2528,43**	1768,36**	899,82**	530,73**	92,59**	51,25**
Seleção MI Inter	9	3714,28**	2981,71**	1706,06**	1204,07**	50,36**	91,40**
S _i vs MI	1	3484,63 ^{ns}	3028,15 ^{ns}	968,02 ^{ns}	992,27*	1,00 ^{ns}	0,05 ^{ns}
(Intra vs Inter)	1	1553,20 ^{ns}	2005,00 ^{ns}	1201,25 ^{ns}	2300,51**	42,78 ^{ns}	144,45 ^{ns}

¹QM(10⁴)

** P < 0,01 ; * P < 0,05 ; ns P > 0,05

Tabela 13 - Resumo das análises conjuntas de variância (parcial), correspondente ao desdobramento da interação progênes x ambiente, ao nível de médias de parcela do peso de espigas despalhadas (gramas/planta), prolificidade (espigas/planta) e estande (plantas/parcela), nas populações BR-105 e BR-106.

Q.M.						
F.V.	G.L.	Peso de espigas despalhadas		Prolificidade ¹		Estande
		BR-105	BR-106	BR-105	BR-106	BR-105 BR-106
Progênes x A	58	733,10 ^{ns}	1.020,51 ^{ns}	342,13 ^{ns}	410,02 ^{ns}	9,20 ^{ns} 4,93 ^{ns}
Seleção S ₁ x A	18	855,41 ^{ns}	62,52 ^{ns}	482,12 ^{ns}	286,02 ^{ns}	10,19 ^{ns} 6,02 ^{ns}
Seleção MI Intra x A	18	751,05 ^{ns}	575,58 ^{ns}	327,80 ^{ns}	504,01 ^{ns}	6,34 ^{ns} 5,14 ^{ns}
Seleção MI Inter x A	18	545,58 ^{ns}	1.012,88 ^{ns}	223,25 ^{ns}	584,23 ^{ns}	11,88 ^{ns} 2,65 ^{ns}
(S ₁ vs MI) x A	2	1.103,52 ^{ns}	1.907,31 ^{ns}	553,35 ^{ns}	430,75 ^{ns}	8,29 ^{ns} 1,89 ^{ns}
(Intra vs Inter) x A	2	876,79 ^{ns}	2.028,67 ^{ns}	69,94 ^{ns}	244,89 ^{ns}	2,89 ^{ns} 16,85 ^{ns}

¹QM(10⁴)

** P < 0,01 ; * P < 0,05 ; ns P > 0,05

Tabela 14 - Resumo das análises conjuntas de variância (parcial), correspondente ao desdobramento da interação progênes x ambiente, ao nível de médias da parcela, da altura da planta (cm/planta), altura da espiga (cm/planta) e posição relativa da espiga (AE/AP), nas populações BR-105 e BR-106.

Q.M.						
F.V.	G.L.	Altura da planta		Altura da espiga		Posição relativa da espiga ¹
		BR-105	BR-106	BR-105	BR-106	BR-105 BR-106
Progênes x A	29	253,26 ^{ns}	267,81 ^{ns}	130,88 ^{ns}	105,22 ^{ns}	6,83 ^{ns} 8,56 ^{ns}
Seleção S ₁ x A	9	142,04 ^{ns}	300,97 ^{ns}	112,67 ^{ns}	188,16 ^{ns}	7,07 ^{ns} 18,31 *
Seleção MI Intra x A	9	330,87 ^{ns}	259,98 ^{ns}	125,53 ^{ns}	78,10 ^{ns}	8,59 ^{ns} 3,59 ^{ns}
Seleção MI Inter x A	9	167,63 ^{ns}	259,15 ^{ns}	75,22 ^{ns}	69,96 ^{ns}	3,85 ^{ns} 4,79 ^{ns}
(S ₁ vs MI) x A	1	468,03 ^{ns}	259,38 ^{ns}	806,67 *	25,35 ^{ns}	19,55 ^{ns} 6,18 ^{ns}
(Intra vs Inter) x A	1	1.111,55 *	126,25 ^{ns}	168,20 ^{ns}	0,01 ^{ns}	3,00 ^{ns} 1,95 ^{ns}

¹QM(10⁴)

** P < 0,01 ; * P < 0,05 ; ns P > 0,05

Tabela 15 - Resumo das análises conjuntas de variância (parcial), correspondente ao desdobramento da interação progênie x tipo de progênie, ao nível de médias de parcela do peso de espigas despalhadas (gramas/planta), prolificidade (espigas/planta) e estande (plantas/parcela), nas populações BR-105 e BR-106.

Q.M.						
F.V.	G.L.	Peso de espigas despalhadas		Prolificidade ¹		Estande
		BR-105	BR-106	BR-105	BR-106	BR-105 BR-106
Progênie x T	29	819,66 ^{ns}	3.884,26 ^{ns}	318,77 ^{ns}	163,56 ^{ns}	10,34 ^{ns} 3,68 ^{ns}
Seleção S _i x T	9	1.399,32 ^{ns}	1.171,75 ^{ns}	643,78 ^{ns}	125,68 ^{ns}	8,54 ^{ns} 5,97 ^{ns}
Seleção MI Intra x T	9	826,62 ^{ns}	1.517,49 ^{ns}	189,20 ^{ns}	271,18 ^{ns}	12,15 ^{ns} 3,04 ^{ns}
Seleção MI Inter x T	9	336,79 ^{ns}	8.714,31 ^{ns}	167,77 ^{ns}	119,32 ^{ns}	7,46 ^{ns} 2,52 ^{ns}
(S _i vs MI) x T	1	666,32 ^{ns}	2.030,83 ^{ns}	237,63 ^{ns}	11,03 ^{ns}	38,03 ^{ns} 2,84 ^{ns}
(Intra vs Inter) x T	1	48,35 ^{ns}	7.980,66 ^{ns}	05,63 ^{ns}	86,70 ^{ns}	8,53 ^{ns} 0,13 ^{ns}

¹QM(10⁴)

** P < 0,01 ; * P < 0,05 ; ns P > 0,05

Tabela 16 - Resumo das análises conjuntas de variância (parcial), correspondente ao desdobramento da interação progênie x tipo de progênie, ao nível de médias de parcela da altura da planta (cm/planta), altura da espiga (cm/planta) e posição relativa da espiga (AE/AP), nas populações BR-105 e BR-106.

Q.M.							
F.V.	G.L.	Altura da planta		Altura da espiga		Posição relativa da espiga¹	
		BR-105	BR-106	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106
Progenies x T	29	1.192,45**	1.470,61**	494,35**	476,97**	274,72**	327,87**
Seleção S ₁ x T	9	1.125,40**	569,76**	627,40**	223,87*	318,54*	184,73 ^{ns}
Seleção MI Intra x T	9	1.124,35**	384,78 ^{ns}	428,89**	312,45 ^{ns}	288,90**	315,42 ^{ns}
Seleção MI Inter x T	9	1.508,73**	3.390,26**	520,78**	987,66**	220,00*	387,47 ^{ns}
(S ₁ vs MI) x T	1	2.636,75**	1.128,83 ^{ns}	73,15 ^{ns}	645,18 ^{ns}	570,40**	55,51 ^{ns}
(Intra vs Inter) x T	1	1.260,08 ^{ns}	128,78 ^{ns}	0,08 ^{ns}	482,65**	630,10 ^{ns}	163,88 ^{ns}

¹QM(10⁴)

** P < 0,01 ; * P < 0,05 ; ns P > 0,05

Tabela 17 - Resumo das análises conjuntas de variância (parcial), correspondente ao desdobramento da interação progênes x ambiente x tipo, ao nível de médias de parcela do peso de espigas despalhadas (gramas/planta), prolificidade (espigas/planta) e estande (plantas/parcela), nas populações BR-105 e BR-106.

Q.M.								
F.V.	G.L.	Peso de espigas despalhadas		Prolificidade ¹		Estande		
		BR-105	BR-106	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106	
P x A x T	58	793,89**	4.397,60**	578,96**	801,21**	11,36**	7,50*	
Seleção S ₁ x A x T	18	397,55 ^{ns}	1.330,60**	293,61 ^{ns}	462,41**	9,31*	10,26**	
Seleção MI Intra x A x T	18	1.790,60**	2.026,56**	1.182,32**	464,06**	13,89**	3,03 ^{ns}	
Seleção MI Inter x A x T	18	320,90 ^{ns}	9.072,22**	171,32 ^{ns}	1.449,51**	6,89 ^{ns}	9,64*	
(S ₁ vs MI) x A x T	2	329,95 ^{ns}	5.683,74**	449,70 ^{ns}	252,73 ^{ns}	40,79**	5,11 ^{ns}	
(Intra vs Inter) x A x T	2	111,52 ^{ns}	9.982,21**	1.514,84**	1.598,67**	17,66*	6,00 ^{ns}	

¹QM(10⁴)

** P < 0,01 ; * P < 0,05 ; ns P > 0,05

Tabela 18 - Resumo das análises conjuntas de variância (parcial), correspondente ao desdobramento da interação progênies x ambiente x tipo, ao nível de médias de parcela da altura da planta (cm/planta), altura da espiga (cm/planta) e posição relativa da espiga (AE/AP), nas populações BR-105 e BR-106.

Q.M.							
F.V.	G.L.	Altura da planta		Altura da espiga		Posição relativa da espiga¹	
		BR-105	BR-106	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106
P x A x T	58	56,46 ^{2a}	93,06 ^{2a}	45,64 ^{2a}	65,09 ^{2a}	38,73 ^{2a}	80,99 ^{2a}
Seleção S _i x A x T	18	65,14 ^{2a}	51,61 ^{2a}	78,29 ^{2a}	34,57 ^{2a}	59,37 ^{2a}	54,79 ^{2a}
Seleção MI Intra x A x T	18	76,29 ^{2a}	96,65 ^{2a}	31,37 ^{2a}	91,39 ^{2a}	14,73 ^{2a}	102,09 ^{2a}
Seleção MI Inter x A x T	18	27,32 ^{2a}	75,13 ^{2a}	24,56 ^{2a}	76,33 ^{2a}	42,94 ^{2a}	97,25 ^{2a}
(S _i vs MI) x A x T	2	27,00 ^{2a}	622,43 ^{**}	43,35 ^{2a}	63,04 ^{2a}	27,09 ^{2a}	38,76 ^{2a}
(Intra vs Inter) x A x T	2	91,38 ^{2a}	65,70 ^{2a}	72,20 ^{2a}	4,05 ^{2a}	42,78 ^{2a}	22,78 ^{2a}

¹QM(10⁴)

** P < 0,01 ; * P < 0,05 ; ns P > 0,05

Tabela 19 - Resumo das análises conjuntas de variância, ao nível de médias de subparcelas, do peso de espigas despalhadas (gramas/planta) e prolificidade (espigas/planta); das progênes S_1 e "testcross", nas populações BR-105 e BR-106.

Q.M.									
Peso de espigas despalhadas				Prolificidade ¹					
F.V.	G.L.	BR-105		BR-106		BR-105		BR-106	
		S_1	"testcross"	S_1	"testcross"	S_1	"testcross"	S_1	"testcross"
Ambiente (A)	2	4.688,82*	100.983,31**	23.455,49**	161.582,40**	27.635,62**	1.190,49 ^{ns}	3.653,63*	311,70 ^{ns}
REP / A	9	912,90**	2.602,76**	1.325,41**	3.892,70**	393,34 ^{ns}	473,18*	646,93**	138,32 ^{ns}
Progênes (P)	29	2.204,36**	1.121,84*	4.404,72**	1.755,71 ^{ns}	1.152,04**	512,22 ^{ns}	458,13 ^{ns}	318,68 ^{ns}
Seleção S_1	9	2.252,10*	1.246,96 ^{ns}	2.529,10 ^{ns}	1.122,41 ^{ns}	1.591,77**	540,17 ^{ns}	609,24 ^{ns}	356,64 ^{ns}
Seleção MI Intra	9	2.484,86 ^{ns}	1.186,70 ^{ns}	3.715,46*	955,36 ^{ns}	1.033,52 ^{ns}	430,82 ^{ns}	523,06 ^{ns}	246,73 ^{ns}
Seleção MI Inter	9	1.928,80*	993,77 ^{ns}	6.904,18 ^{ns}	3.346,30 ^{ns}	719,80*	478,97*	285,52 ^{ns}	332,29 ^{ns}
S_1 vs MI	1	906,99 ^{ns}	0,00 ^{ns}	532,85 ^{ns}	1.244,55 ^{ns}	1.542,94 ^{ns}	314,69 ^{ns}	405,00 ^{ns}	238,05 ^{ns}
Intra vs Inter	1	3.027,51 ^{ns}	1.686,57 ^{ns}	8.865,36 ^{ns}	854,34 ^{ns}	1.760,42 ^{ns}	1.490,02 ^{ns}	120,42 ^{ns}	582,82 ^{ns}
P x A	58	1.030,68**	663,68**	2.182,98**	2.756,57**	535,23**	385,87**	878,92**	329,72**
Seleção S_1 x A	18	708,47**	652,78**	1.720,10**	681,08 ^{ns}	322,07 ^{ns}	453,67**	622,94**	249,49**
Seleção MI Intra x A	18	2.007,68**	876,80**	1.147,10**	1.153,99**	994,84**	515,27**	575,60**	174,48 ^{ns}
Seleção MI Inter x A	18	505,05*	441,83 ^{ns}	3.866,60**	5.444,99**	246,45 ^{ns}	148,12 ^{ns}	1.476,46**	477,06**
(S_1 vs MI) x A	2	382,91 ^{ns}	1.140,81*	1.021,44 ^{ns}	5.735,95**	719,67 ^{ns}	283,38 ^{ns}	792,07*	44,89 ^{ns}
(Intra vs Inter) x A	2	1.414,83*	327,31 ^{ns}	1.680,87**	8.683,98**	731,63 ^{ns}	853,15*	621,67 ^{ns}	1.407,75**
Erro Médio	261	310,05	362,87	340,59	543,58	331,54	224,07	258,34	139,39
CV (%)		26,62	16,66	24,33	17,53	21,61	15,89	20,59	12,94

¹QM(10⁴)

** P < 0,01 ; * P < 0,05 ; ns P > 0,05

Tabela 20 - Resumo das análises conjuntas de variância, ao nível de médias de subparcelas, do estande (plantas/parcela) e posição

relativa da espiga (AE/AP) das progênes S_1 e "testcross", nas populações BR-105 e BR-106.

		Q.M.					
		Estande			posição relativa da espiga ²		
		BR-105		BR-106		BR-105	BR-106
F.V.	G.L.	S_1	"testcross"	S_1	"testcross"	S_1	"testcross"
Ambiente (A)	2	819,08*	1446,20**	1136,11**	1.353,05**	8.251,04**	10.127,04**
REP / A	9	16,22 ^{ns}	9,08*	10,11 ^{ns}	4,71 ^{ns}	82,71 ^{ns}	72,32 ^{ns}
Progênes (P)	29	28,27**	5,06 ^{ns}	8,78 ^{ns}	5,12*	672,30**	235,78**
Seleção S_1	9	22,35 ^{ns}	2,52 ^{ns}	9,35 ^{ns}	6,82*	656,89**	224,29*
Seleção MI Intra	9	34,13 ^{ns}	3,70 ^{ns}	11,24 ^{ns}	5,93*	7.967,00**	339,57**
Seleção MI Inter	9	16,97 ^{ns}	7,32 ^{ns}	6,51 ^{ns}	3,07 ^{ns}	555,57**	168,07**
S_1 vs MI	1	157,73 ^{ns}	14,73 ^{ns}	2,45 ^{ns}	0,67 ^{ns}	266,02 ^{ns}	140,08 ^{ns}
Intra vs Inter	1	0,94 ^{ns}	10,00 ^{ns}	8,07 ^{ns}	5,40 ^{ns}	351,56 ^{ns}	110,25 ^{ns}
P x A	58	14,23*	6,33**	9,22**	3,21 ^{ns}	54,75 ^{ns}	52,30 ^{ns}
Seleção S_1 x A	18	12,02 ^{ns}	7,49**	13,49**	2,79 ^{ns}	64,78 ^{ns}	65,29 ^{ns}
Seleção MI Intra x A	18	16,34**	3,89 ^{ns}	5,96 ^{ns}	2,20 ^{ns}	575,50**	36,68 ^{ns}
Seleção MI Inter x A	18	12,18 ^{ns}	6,58**	7,53*	4,76 ^{ns}	43,35 ^{ns}	38,07 ^{ns}
(S_1 vs MI) x A	2	42,68*	6,41 ^{ns}	5,63 ^{ns}	1,37 ^{ns}	9,19 ^{ns}	408,33**
(Intra vs Inter) x A	2	5,04 ^{ns}	15,52*	18,90*	3,95 ^{ns}	7,56 ^{ns}	56,25 ^{ns}
Erro Médio	261	9,38	3,92	5,26	4,67	83,63	45,97
CV (%)		20,19	11,08	13,57	11,85	5,35	3,85
						5,41	4,06

²QM(10⁴)

** P < 0,01 ; * P < 0,05 ; ns P > 0,05

Tabela 21 - Resumo das análises conjuntas de variância, ao nível de médias de subparcelas, da altura da planta (cm/planta) e altura da espiga (cm/planta); das progênes S₁ e "testercross", nas populações BR-105 e BR-106.

Q.M.									
Altura da planta				Altura da espiga					
F.V.	G.L.	BR-105		BR-106		BR-105		BR-106	
		S ₁	"testercross"	S ₁	"testercross"	S ₁	"testercross"	S ₁	"testercross"
Ambiente (A)	1	64,07 ^{ns}	4.463,44 ^{ns}	299,27 ^{ns}	7.593,75 ^{ns}	3.168,27 ^{**}	11.704,07 ^{**}	4.995,94 [*]	12.745,84 ^{**}
REP / A	6	228,14 ^{ns}	921,09 ^{**}	1.036,97 ^{**}	1.642,74 ^{**}	74,59 ^{ns}	448,33 ^{**}	626,64 ^{**}	641,25 ^{**}
Progenies (P)	29	2.937,08 ^{**}	1.091,46 ^{**}	2.455,73 ^{**}	1.633,12 ^{**}	1.210,14 ^{**}	630,08 ^{**}	942,97 ^{**}	454,15 ^{**}
Seleção S ₁	9	1.946,31 ^{**}	1.515,13 ^{**}	2.861,28 ^{**}	835,72 ^{**}	1.226,89 ^{**}	890,30 ^{**}	802,64 ^{**}	285,49 ^{**}
Seleção MI Intra	9	3.252,39 ^{**}	400,38 [*]	1.693,62 ^{**}	459,52 ^{ns}	1.010,14 ^{**}	318,57 ^{**}	771,01 ^{**}	72,17 ^{ns}
Seleção MI Inter	9	3.726,88 ^{**}	1.496,12 ^{**}	2.936,34 ^{**}	3.435,63 ^{**}	1.498,48 ^{**}	728,36 ^{**}	1.328,78 ^{**}	862,96 ^{**}
S ₁ vs MI	1	3.307,50 ^{ns}	674,50 ^{ns}	3.780,02 ^{ns}	267,01 ^{ns}	403,33 ^{ns}	572,03 ^{ns}	531,30 ^{ns}	462,17 ^{ns}
Intra vs Inter	1	1.537,60 ^{ns}	273,01 ^{ns}	15,01 ^{ns}	4.515,63 ^{ns}	1.071,23 ^{ns}	265,23 ^{ns}	693,06 ^{ns}	1.722,66 ^{ns}
P x A	29	141,44 ^{ns}	168,27 ^{ns}	156,92 ^{ns}	203,95 ^{ns}	72,71 ^{ns}	103,81 ^{ns}	88,48 ^{ns}	81,83 ^{ns}
Seleção S ₁ x A	9	64,17 ^{ns}	143,01 ^{ns}	235,65 [*]	116,94 ^{ns}	72,47 ^{ns}	118,49 ^{ns}	157,11 ^{ns}	65,62 ^{ns}
Seleção MI Intra x A	9	268,22 ^{ns}	138,95 ^{ns}	80,67 ^{ns}	275,97 ^{ns}	89,75 ^{ns}	67,15 ^{ns}	69,99 ^{ns}	99,51 ^{ns}
seleção MI Inter x A	9	71,25 ^{ns}	123,70 ^{ns}	164,20 ^{ns}	170,01 ^{ns}	44,53 ^{ns}	55,25 ^{ns}	57,34 ^{ns}	88,95 ^{ns}
(S ₁ vs MI) x A	1	563,33 ^{ns}	651,00 [*]	803,42 [*]	185,01 ^{ns}	246,53 ^{ns}	853,33 ^{**}	176,42 ^{ns}	109,25 ^{ns}
(Intra vs Inter) x A	1	547,60 ^{ns}	135,06 ^{ns}	500,56 [*]	126,03 ^{ns}	115,60 ^{ns}	136,90 ^{ns}	135,06 ^{ns}	33,31 ^{ns}
Erro Médio	174	147,07	141,37	121,18	176,12	83,04	81,20	89,97	92,48
CV (%)		6,52	5,33	5,64	5,61	9,05	7,23	8,99	7,52

** P < 0,01 ; * P < 0,05 ; ns P > 0,05

Tabela 22 - Valores médios obtidos ao nível de parcela dos caracteres peso de espigas despalhadas (gramas/planta), prolificidade (espigas/planta) e estande (plantas/parcela) nas progênies das populações BR-105 e BR-106, para os esquemas de seleção S₁, MI intra e MI inter.

Seleção	Peso de espigas despalhadas			Prolificidade		Estande	
	BR-105	BR-106		BR-105	BR-106	BR-105	BR-106
S ₁	90,52 ^a ± 3,28	104,81 ^a ± 4,25		0,91 ^a ± 0,013	0,86 ^a ± 0,011	17,13 ^a ± 0,26	17,54 ^a ± 0,24
MI Intra	86,76 ^a ± 3,75	101,91 ^a ± 4,12		0,86 ^a ± 0,015	0,83 ^a ± 0,011	16,29 ^b ± 0,27	17,75 ^a ± 0,22
MI Inter	93,45 ^a ± 3,65	106,63 ^a ± 3,98		0,91 ^a ± 0,013	0,85 ^a ± 0,013	16,15 ^b ± 0,25	17,42 ^a ± 0,23
Média progênies	90,24 ± 3,56	104,45 ± 4,12		0,89 ± 0,014	0,85 ± 0,011	16,52 ± 0,26	17,57 ± 0,23
Média populações	89,17 ± 4,05	93,44 ± 2,32		0,89 ± 0,020	0,84 ± 0,027	16,83 ± 0,27	17,58 ± 0,36
Média híbridos	99,02 ± 2,03			0,90 ± 0,023		17,36 ± 0,33	

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes (P < 0,05).

Tabela 23 - Valores médios obtidos ao nível de parcela dos caracteres altura da planta (cm/planta), altura da espiga (cm/planta) e posição relativa da espiga (AE/AP), nas progênies das populações BR-105 e BR-106, para os esquemas de seleção S₁, MI intra e MI inter.

Seleção	Altura da planta		Altura da espiga		Posição relativa das espigas	
	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106
S ₁	200,66 ^b ± 2,14	212,09 ^b ± 2,33	110,64 ^b ± 1,48	114,65 ^b ± 1,36	0,55 ^a ± 0,003	0,54 ^a ± 0,003
MI Intra	204,18 ^{ab} ± 2,12	219,93 ^a ± 2,31	111,71 ^{ab} ± 1,54	120,38 ^a ± 1,48	0,55 ^a ± 0,004	0,55 ^a ± 0,003
MI Inter	208,58 ^a ± 2,14	214,92 ^{ab} ± 2,54	115,59 ^a ± 1,48	115,02 ^b ± 1,47	0,55 ^a ± 0,003	0,53 ^b ± 0,003
Média progênies	204,47 ± 2,13	215,65 ± 2,39	112,65 ± 1,50	116,68 ± 1,44	0,55 ± 0,003	0,54 ± 0,003
Média populações	208,50 ± 2,90	204,50 ± 2,94	114,18 ± 1,97	113,13 ± 1,97	0,55 ± 0,006	0,55 ± 0,005
Média híbridos	195,60 ± 2,51		101,07 ± 1,68		0,52 ± 0,004	

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes (P < 0,05).

Tabela 24 - Valores médios obtidos ao nível de subparcela para o caráter peso de espigas despalhadas (gramas/planta) nas progênes do tipo S₁ e "testcross" das populações BR-105 e BR-106, para os esquemas de seleção S₁, MI intra e MI inter.

Seleção	Peso de espigas despalhadas			
	População BR-105		População BR-106	
	S ₁	Test cross	S ₁	"testcross"
S ₁	67,36 ^a ± 2,37	113,68 ^a ± 4,58	74,16 ^{ab} ± 3,22	135,46 ^a ± 6,21
MI Intra	61,97 ^b ± 2,73	111,55 ^a ± 5,09	70,55 ^b ± 3,09	133,26 ^a ± 6,03
MI Inter	69,04 ^a ± 2,61	117,86 ^a ± 5,05	77,52 ^a ± 4,43	135,73 ^a ± 5,49
Média progênes	66,12 ± 2,57	114,36 ± 4,91	74,08 ± 3,58	134,82 ± 5,91
Média populações	62,33 ± 4,31	112,51 ± 5,46	68,39 ± 3,08	118,48 ± 3,82
Média híbridos	82,22 ± 4,06	116,06 ± 4,64	82,22 ± 4,06	116,06 ± 4,64

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes (P < 0,05).

Tabela 25 - Valores médios obtidos ao nível de subparcela para o caráter prolificidade (espigas/planta) nas progênes do tipo S₁ e "testcross" das populações BR-105 e BR-106, para os esquemas de seleção S₁, MI intra e MI inter.

Seleção	Prolificidade			
	População BR-105		População BR-106	
	S ₁	"testcross"	S ₁	"testcross"
S ₁	0,87 ^a ± 0,020	0,96 ^a ± 0,015	0,80 ^a ± 0,017	0,92 ^a ± 0,012
MI Intra	0,80 ^b ± 0,024	0,91 ^b ± 0,016	0,77 ^a ± 0,018	0,89 ^a ± 0,011
MI Inter	0,86 ^{ab} ± 0,020	0,96 ^a ± 0,015	0,78 ^a ± 0,020	0,92 ^a ± 0,013
Média progênes	0,84 ± 0,021	0,94 ± 0,016	0,78 ± 0,018	0,91 ± 0,012
Média populações	0,85 ± 0,039	0,93 ± 0,029	0,81 ± 0,030	0,86 ± 0,023
Média híbridos	0,87 ± 0,034	0,94 ± 0,026	0,87 ± 0,034	0,94 ± 0,026

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes (P < 0,05).

Tabela 26 - Valores médios obtidos ao nível de subparcela para o caráter altura da planta (cm/planta) nas progênes do tipo S_1 e "testcross" das populações BR-105 e BR-106, para os esquemas de seleção S_1 , MI intra e MI inter.

Seleção	Altura da planta			
	População BR-105		População BR-106	
	S_1	"testcross"	S_1	"testcross"
S_1	180,68 ^b ± 2,11	220,65 ^a ± 1,98	189,46 ^b ± 2,37	234,73 ^b ± 1,79
MI Intra	185,45 ^{ab} ± 2,50	222,90 ^a ± 1,74	197,58 ^a ± 2,10	242,28 ^a ± 2,10
MI Inter	191,65 ^a ± 2,64	225,51 ^a ± 2,04	198,19 ^a ± 2,39	231,65 ^b ± 2,77
Média progênes	185,93 ± 2,42	223,02 ± 1,92	195,08 ± 2,29	236,22 ± 2,22
Média populações	183,17 ± 4,50	217,67 ± 4,60	180,50 ± 3,20	222,75 ± 3,26
Média híbridos	175,71 ± 3,91	209,54 ± 3,95	175,71 ± 3,91	209,54 ± 3,95

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes ($P < 0,05$).

Tabela 27 - Valores médios obtidos ao nível de subparcela para o caráter altura da espiga (cm/planta) nas progênes do tipo S_1 e "testcross" das populações BR-105 e BR-106, para os esquemas de seleção S_1 , MI intra e MI inter.

Seleção	Altura da espiga			
	População BR-105		População BR-106	
	S_1	"testcross"	S_1	"testcross"
S_1	98,88 ^b ± 1,65	122,40 ^b ± 1,60	103,45 ^b ± 1,53	125,51 ^b ± 1,38
MI Intra	99,04 ^b ± 1,71	124,39 ^{ab} ± 1,60	108,69 ^a ± 1,74	132,08 ^a ± 1,53
MI Inter	104,21 ^a ± 1,70	126,96 ^a ± 1,62	104,53 ^{ab} ± 1,75	125,85 ^b ± 1,75
Média progênes	100,71 ± 1,69	124,58 ± 1,61	105,55 ± 1,67	127,81 ± 1,55
Média populações	100,67 ± 3,45	124,25 ± 2,91	95,75 ± 2,37	130,25 ± 2,04
Média híbridos	87,54 ± 2,88	108,92 ± 2,47	87,54 ± 2,88	108,92 ± 2,47

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes ($P < 0,05$).

Tabela 28 - Valores médios obtidos ao nível de subparcela, para o caráter estande (plantas/parcela) nas progênes do tipo S_i e "testcross" das populações BR-105 e BR-106, para os esquemas de seleção S_i , M_i intra e M_i inter.

Seleção	Estande		
	População BR-105		População BR-106
	S_i	"testcross"	S_i
S_i	15,91 ^a ± 0,37	18,17 ^a ± 0,31	16,78 ^a ± 0,34
M_i Intra	14,63 ^b ± 0,35	17,94 ^a ± 0,35	17,13 ^a ± 0,31
M_i Inter	14,76 ^b ± 0,35	17,53 ^a ± 0,31	16,77 ^a ± 0,32
Média progênes	15,10 ± 0,36	17,88 ± 0,32	16,89 ± 0,32
Média populações	15,25 ± 0,61	18,42 ± 0,61	16,33 ± 0,53
Média híbridos	16,67 ± 0,61	18,04 ± 0,47	16,67 ± 0,61

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes ($P < 0,05$).

Tabela 29 - Valores médios obtidos ao nível de subparcela, para o caráter posição relativa de espiga (AE/AP) nas progênes do tipo S_i e "testcross" das populações BR-105 e BR-106, para os esquemas de seleção S_i , M_i intra e M_i inter.

Seleção	Posição relativa das espigas		
	População BR-105		População BR-106
	S_i	"testcross"	S_i
S_i	0,55 ^a ± 0,005	0,55 ^a ± 0,003	0,55 ^a ± 0,004
M_i Intra	0,53 ^a ± 0,006	0,56 ^a ± 0,004	0,55 ^a ± 0,005
M_i Inter	0,54 ^a ± 0,004	0,56 ^a ± 0,004	0,53 ^a ± 0,005
Média progênes	0,54 ± 0,005	0,56 ± 0,004	0,54 ± 0,005
Média populações	0,55 ± 0,010	0,57 ± 0,008	0,53 ± 0,007
Média híbridos	0,50 ± 0,009	0,52 ± 0,006	0,50 ± 0,009

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes ($P < 0,05$).

Tabela 30 - Estimativa de depressão por endogamia, porcentagem em relação à população não endógama, para os caracteres peso de espigas despalhadas, altura da planta e altura da espiga para as populações BR-105 e BR-106.

Seleção	Peso de espigas		Altura da planta		Altura da espiga	
	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106
S _i	40,1	37,4	17,0	15,0	20,4	20,6
MI intra	44,9	40,4	14,8	11,3	20,3	16,6
MI inter	38,6	34,6	12,0	11,0	16,1	19,8
Média Seleção	41,2	37,5	14,6	12,4	18,9	19,0
Média População	44,7	42,3	15,8	19,0	19,0	26,5

Tabela 31 - Estimativa de depressão por endogamia, porcentagem em relação à população não endógama, para os caracteres estande, prolificidade e posição relativa da espiga, nas populações BR-105 e BR-106.

Seleção	Estande		Prolificidade		Posição relativa da espiga	
	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106	BR-105	BR-106
S _i	13,6	10,5	6,5	7,0	3,5	6,8
MI intra	20,6	8,6	14,0	10,5	7,0	6,8
MI inter	19,9	10,6	7,5	9,3	5,3	10,2
Média Seleção	18,0	9,9	9,3	8,9	5,3	7,9
Média População	17,2	12,9	8,6	5,8	3,5	10,2

APÊNDICE

Apêndice 1 - Comparação dos valores médios obtidos aos níveis de parcela ($S_1 + \text{"testcross"}\)/2, e subparcelas S_1 e "testcross" (T_c), dos caracteres peso de espigas despalhadas (gramas/planta), prolificidade (espigas/planta) e estande (plantas/parcela) entre as 10 progênes S_1 selecionadas da população BR-10.$

Progenies	Weight of threshed spikes			Fertility			Stand			
	Origin 93/94	(S ₁ + T _c)/2	S ₁	T _c	(S ₁ + T _c)/2	S ₁	T _c	(S ₁ + T _c)/2	S ₁	T _c
05 - 22		92,69 ^{ab}	62,92 ^{bc}	122,45 ^{abc}	0,95 ^{ab}	0,89 ^{abc}	1,01 ^{ab}	16,71 ^{ab}	14,83 ^a	18,58 ^a
05 - 27		96,73 ^a	84,04 ^{ab}	109,41 ^{bc}	1,03 ^a	1,07 ^a	1,00 ^{ab}	17,28 ^{ab}	16,58 ^a	17,83 ^a
05 - 56		100,10 ^a	89,57 ^a	110,62 ^{abc}	0,91 ^{bc}	0,90 ^{abc}	0,91 ^{abc}	17,33 ^{ab}	17,00 ^a	17,67 ^a
05 - 58		96,75 ^a	60,59 ^{bc}	132,91 ^a	0,95 ^{ab}	0,84 ^{bcd}	1,05 ^a	15,83 ^b	14,08 ^a	17,58 ^a
05 - 67		74,50 ^c	48,27 ^c	100,72 ^c	0,85 ^{bc}	0,84 ^{bcd}	0,86 ^b	16,29 ^{ab}	14,58 ^a	18,00 ^a
05 - 76		97,57 ^a	80,89 ^{ab}	114,25 ^{abc}	1,04 ^a	1,02 ^{ab}	1,05 ^a	16,71 ^{ab}	15,42 ^a	18,00 ^a
05 - 84		90,97 ^{ab}	69,83 ^{abc}	112,11 ^{abc}	0,85 ^{bc}	0,80 ^{cd}	0,90 ^{ab}	18,04 ^{ab}	17,58 ^a	18,50 ^a
05 - 87r		86,53 ^{abc}	65,62 ^{bc}	107,43 ^{bc}	0,92 ^b	0,90 ^{abc}	0,94 ^{ab}	17,50 ^{ab}	16,75 ^a	18,25 ^a
05 - 90		78,77 ^{bc}	55,00 ^c	102,53 ^{bc}	0,85 ^{bc}	0,81 ^{ab}	0,89 ^{ab}	17,04 ^{ab}	15,92 ^a	18,17 ^a
05 - 98r		90,60 ^{ab}	56,82 ^c	124,38 ^{ab}	0,80 ^c	0,66 ^d	0,95 ^{ab}	18,67 ^a	18,25 ^a	19,08 ^a

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes Tukey ($P < 0,05$).

Apêndice 2 - Comparação dos valores médios obtidos aos níveis de parcela (S_1 + "testcross")/2, e subparcelas S_1 e "testcross" (T_c), dos caracteres altura da planta (cm/planta), altura da espiga (cm/planta) e posição relativa da espiga (AE/AP), entre as 10 progênies S_1 selecionadas da população BR-105.

Progênies	Altura da planta			Altura da espiga			Posição relativa da espiga		
	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c
Origem 93/94									
05 - 22	195,56 ^{bode}	173,75 ^{ode}	217,38 ^b	109,88 ^{bode}	99,00 ^b	120,75 ^b	0,56 ^{abc}	0,57 ^{ab}	0,56 ^{abc}
05 - 27	200,88 ^{bod}	190,13 ^{bc}	211,63 ^b	108,50 ^{odef}	99,13 ^b	117,88 ^b	0,54 ^{cd}	0,52 ^{cd}	0,56 ^{abc}
05 - 56	203,94 ^{bc}	195,88 ^{ab}	212,00 ^b	117,88 ^b	110,13 ^a	120,63 ^b	0,58 ^{ab}	0,59 ^a	0,57 ^{ab}
05 - 58	229,56 ^a	213,38 ^a	245,75 ^a	133,06 ^a	110,75 ^a	141,38 ^a	0,58 ^a	0,58 ^a	0,58 ^a
05 - 67	191,44 ^{de}	168,75 ^{de}	214,13 ^b	104,31 ^{def}	93,00 ^{bc}	115,63 ^b	0,55 ^{cd}	0,55 ^{abcd}	0,54 ^{bc}
05 - 76	205,50 ^b	186,75 ^{bod}	224,25 ^b	111,19 ^{bod}	98,13 ^{bc}	124,25 ^b	0,54 ^{cd}	0,52 ^{cd}	0,55 ^{abc}
05 - 84	186,25 ^c	164,00 ^e	208,50 ^b	100,06 ^f	84,63 ^c	115,50 ^b	0,54 ^{cd}	0,52 ^d	0,56 ^{abc}
05 - 87r	192,50 ^{ode}	172,88 ^{ode}	212,13 ^b	105,38 ^{def}	97,50 ^{bc}	113,25 ^b	0,55 ^c	0,56 ^{abc}	0,53 ^c
05 - 90	195,06 ^{bode}	174,63 ^{ode}	215,50 ^b	101,56 ^{ef}	89,63 ^{bc}	113,50 ^b	0,52 ^d	0,51 ^d	0,53 ^c
05 - 98r	205,94 ^b	166,63 ^c	245,25 ^a	114,56 ^{bc}	87,88 ^{bc}	141,25 ^a	0,55 ^{bc}	0,53 ^{bod}	0,58 ^a

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes Tukey ($P < 0,05$).

Apêndice 3 - Comparação dos valores médios obtidos aos níveis de parcela ($S_1 + \text{"testcross"}\text{"}/2$, e subparcelas S_1 e "testcross" (T_c), dos caracteres peso de espigas despalhadas (gramas/planta), prolificidade (espigas/planta) e estande (plantas/parcela) entre as 10 progênes de meios irmãos intrapopulacionais e selecionadas da população BR-105.

Progênes	Peso de espigas despalhadas				Prolificidade				Estande		
	$(S_1 + T_c)/2$		S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$		S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$		T_c
Origem 93/94											
05 - 05r	80,01 ^{bcd}	42,52 ^d		117,50 ^a	0,78 ^b	0,69 ^b		0,88 ^a	15,75 ^{ab}	13,83 ^{ab}	17,67 ^a
05 - 08	90,73 ^{bc}	59,67 ^{bcd}		121,79 ^a	0,87 ^{ab}	0,81 ^{ab}		0,94 ^a	16,96 ^a	15,42 ^a	18,50 ^a
05 - 10	75,33 ^{cd}	60,36 ^{bcd}		90,30 ^b	0,78 ^b	0,72 ^{ab}		0,83 ^a	16,75 ^a	15,83 ^a	17,67 ^a
05 - 15	88,70 ^{bcd}	69,31 ^{bc}		108,08 ^{ab}	0,86 ^{ab}	0,85 ^{ab}		0,87 ^a	17,00 ^a	16,08 ^a	17,92 ^a
05 - 42	82,29 ^{bcd}	55,43 ^{cd}		109,14 ^{ab}	0,81 ^{ab}	0,75 ^{ab}		0,88 ^a	15,96 ^{ab}	14,33 ^{ab}	17,58 ^a
05 - 45	73,14 ^d	42,38 ^d		103,90 ^{ab}	0,77 ^b	0,68 ^b		0,87 ^a	15,71 ^{ab}	13,33 ^{ab}	18,08 ^a
05 - 69	76,99 ^{cd}	48,74 ^d		105,24 ^{ab}	0,97 ^a	0,95 ^a		1,00 ^a	13,96 ^b	11,08 ^b	16,83 ^a
05 - 83	98,71 ^{ab}	78,13 ^{ab}		119,29 ^a	0,85 ^{ab}	0,82 ^{ab}		0,89 ^a	17,67 ^a	16,67 ^a	18,67 ^a
05 - 92	113,63 ^a	100,55 ^a		126,70 ^a	0,96 ^a	0,92 ^{ab}		1,01 ^a	16,92 ^a	15,92 ^a	17,92 ^a
05 - 95	88,11 ^{bcd}	62,61 ^{bcd}		113,60 ^{ab}	0,90 ^{ab}	0,85 ^{ab}		0,95 ^a	16,21 ^a	13,83 ^{ab}	18,58 ^a

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes Tukey ($P < 0,05$).

Apêndice 4 - Comparação dos valores médios obtidos aos níveis de parcela (S_1 + "testcross")/2, e subparcelas S_1 e "testcross" (T_c), dos caracteres altura da planta (cm/planta), altura da espiga (cm/planta) e posição relativa da espiga (AE/AP), entre as 10 progênie de meios irmãos intrapopulacionais e selecionadas da população BR-105.

Progênie	Altura da planta			Altura da espiga			Posição relativa da espiga		
	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c
Origem 93/94									
05 - 05r	232,75 ^a	225,00 ^a	240,50 ^a	122,56 ^a	112,75 ^{ab}	132,38 ^{ab}	0,52 ^d	0,50 ^{bc}	0,55 ^{bc}
05 - 08	206,81 ^{bc}	189,75 ^{bcd}	223,88 ^{ab}	111,00 ^{bc}	104,13 ^{abc}	117,88 ^c	0,54 ^{bcd}	0,55 ^{ab}	0,52 ^c
05 - 10	192,19 ^{de}	165,75 ^{ef}	218,63 ^b	110,13 ^{bc}	95,88 ^{cde}	124,38 ^{abc}	0,57 ^a	0,58 ^a	0,57 ^{ab}
05 - 15	189,75 ^e	160,00 ^f	219,50 ^b	99,38 ^d	79,13 ^e	119,63 ^{bc}	0,52 ^d	0,49 ^c	0,55 ^{bc}
05 - 42	199,94 ^{cde}	179,50 ^{cde}	220,38 ^b	112,31 ^{bc}	98,88 ^{bcd}	125,75 ^{abc}	0,56 ^{abc}	0,55 ^{abc}	0,57 ^{ab}
05 - 45	194,56 ^{de}	168,25 ^{ef}	220,88 ^b	104,19 ^{cd}	86,38 ^{de}	122,00 ^{bc}	0,53 ^{cd}	0,51 ^{bc}	0,55 ^{bc}
05 - 69	200,63 ^{cde}	173,75 ^{def}	227,50 ^{ab}	118,44 ^{ab}	99,88 ^{bcd}	137,00 ^a	0,59 ^a	0,57 ^a	0,60 ^a
05 - 83	214,63 ^b	206,88 ^b	222,38 ^b	122,06 ^a	117,75 ^a	126,38 ^{abc}	0,57 ^{ab}	0,57 ^a	0,57 ^{ab}
05 - 92	207,75 ^{bc}	194,38 ^{bc}	221,13 ^b	109,88 ^{bc}	98,75 ^{bcd}	121,00 ^{bc}	0,53 ^d	0,51 ^{bc}	0,55 ^{bc}
05 - 95	202,75 ^{cd}	191,25 ^{bcd}	214,25 ^b	107,19 ^{cd}	96,88 ^{bcd}	117,50 ^c	0,53 ^d	0,51 ^{bc}	0,55 ^{bc}

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes Tukey ($P < 0,05$).

Apêndice 5 - Comparação dos valores médios obtidos aos níveis de parcela (S_1 + "testcross")/2, e subparcelas S_1 e "testcross" (T_c), dos caracteres altura da planta (cm/planta), altura da espiga (cm/planta) e posição relativa da espiga (AE/AP), entre as 10 progênies de meios irmãos interpopulacionais selecionadas da população BR-105.

Progênies	Altura da planta			Altura da espiga			Posição relativa da espiga		
	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c
Origem 93/94									
05 - 04	215,06 ^{bc}	202,38 ^{bc}	227,75 ^{bc}	117,50 ^b	106,25 ^{cd}	128,75 ^{abcd}	0,55 ^{bc}	0,53 ^{bcd}	0,57 ^{bc}
05 - 05r	235,38 ^a	226,38 ^a	244,38 ^a	128,81 ^a	120,13 ^{ab}	137,50 ^a	0,55 ^{bc}	0,53 ^{bcd}	0,56 ^{abc}
05 - 09	192,75 ^{ef}	169,38 ^f	216,13 ^{bcd}	103,88 ^{cd}	87,88 ^f	119,88 ^{cde}	0,54 ^{bc}	0,52 ^{cd}	0,55 ^{abc}
05 - 17	204,63 ^{cd}	195,50 ^{cd}	213,75 ^{cd}	107,69 ^{cd}	100,25 ^{de}	115,13 ^{de}	0,52 ^c	0,51 ^d	0,54 ^c
05 - 39	210,56 ^c	190,00 ^{cde}	231,13 ^{abc}	118,06 ^b	101,38 ^{cd}	134,75 ^{abc}	0,56 ^b	0,53 ^{bcd}	0,59 ^a
05 - 51	199,06 ^{de}	174,75 ^{ef}	223,38 ^{bcd}	111,81 ^{bc}	97,13 ^{def}	126,50 ^{abcde}	0,56 ^b	0,56 ^b	0,56 ^{abc}
05 - 54	226,13 ^{ab}	217,25 ^{ab}	235,00 ^{ab}	133,69 ^a	131,38 ^a	136,00 ^{ab}	0,59 ^a	0,61 ^a	0,58 ^{ab}
05 - 72	209,00 ^{de}	205,13 ^{bc}	212,88 ^{cd}	116,94 ^b	112,13 ^{bc}	121,75 ^{bode}	0,56 ^b	0,55 ^{bc}	0,57 ^{abc}
05 - 87r	182,94 ^f	160,63 ^f	205,25 ^d	100,44 ^d	89,13 ^{ef}	111,75 ^c	0,55 ^{bc}	0,55 ^{bc}	0,55 ^{abc}
05 - 98r	210,31 ^{cd}	175,13 ^{def}	245,50 ^a	117,06 ^b	96,50 ^{def}	137,63 ^a	0,55 ^{bc}	0,55 ^{bc}	0,56 ^{abc}

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes Tukey ($P < 0,05$).

Apêndice 6 - Comparação dos valores médios obtidos aos níveis de parcela ($S_1 + \text{"testcross"}/2$, e subparcelas S_1 e "testcross" (T_c), dos caracteres peso de espigas despalhadas (gramas/planta), prolificidade (espigas/planta) e estande (plantas/parcela) entre as 10 progênes de meios irmãos interpolacionais selecionadas da população BR-105.

Progênes	Peso de espigas despalhadas				Prolificidade				Estande	
	Origem 93/94	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c
05 - 04		97,94 ^{abc}	70,66 ^{bc}	125,21 ^a	0,93 ^{ab}	0,88 ^a	0,98 ^a	16,08 ^{ab}	14,00 ^a	18,17 ^{ab}
05 - 05r		91,14 ^{bcd}	60,43 ^{bc}	121,85 ^a	0,85 ^b	0,77 ^a	0,92 ^a	15,75 ^{ab}	14,00 ^a	17,50 ^{ab}
05 - 09		83,11 ^d	56,91 ^c	109,30 ^a	0,88 ^{ab}	0,83 ^a	0,92 ^a	16,38 ^{ab}	15,58 ^a	17,17 ^{ab}
05 - 17		84,01 ^d	62,53 ^{bc}	105,48 ^a	0,81 ^b	0,75 ^a	0,88 ^a	17,29 ^a	16,58 ^a	18,00 ^{ab}
05 - 39		104,35 ^{ab}	78,46 ^{abc}	130,23 ^a	0,97 ^{ab}	0,91 ^a	1,04 ^a	17,47 ^a	16,75 ^a	18,08 ^{ab}
05 - 51		102,18 ^{abc}	83,94 ^b	120,42 ^a	0,92 ^{ab}	0,92 ^a	0,91 ^a	16,58 ^{ab}	14,83 ^a	18,33 ^a
05 - 54		112,04 ^a	95,33 ^a	128,75 ^a	1,02 ^a	1,00 ^a	1,05 ^a	15,71 ^{ab}	14,50 ^a	16,92 ^{ab}
05 - 72		85,14 ^{cd}	57,66 ^c	112,61 ^a	0,84 ^b	0,78 ^a	0,89 ^a	15,38 ^{ab}	13,33 ^a	17,42 ^{ab}
05 - 87r		83,39 ^d	58,27 ^c	108,50 ^a	0,94 ^{ab}	0,87 ^a	1,00 ^a	16,21 ^{ab}	14,42 ^a	18,00 ^{ab}
05 - 98r		91,23 ^{bcd}	66,19 ^{bc}	116,26 ^a	0,93 ^{ab}	0,85 ^a	1,02 ^a	14,67 ^b	13,58 ^a	15,75 ^b

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes Tukey ($P < 0,05$).

Apêndice 7 - Comparação dos valores médios obtidos aos níveis de parcela (S_1 + "testcross")/2, e subparcelas S_1 e "testcross" (T_c), dos caracteres peso de espigas despalhadas (gramas/planta), prolificidade (espigas/planta) e estande (plantas/parcela) entre as 10 progêneses S_1 selecionadas da população BR-106.

Progenies	Peso de espigas despalhadas			Prolificidade			Estande		
	(S_1 + T_c)/2	S_1	T_c	(S_1 + T_c)/2	S_1	T_c	(S_1 + T_c)/2	S_1	T_c
Origem 93/94									
06 - 03r	114,28 ^{ab}	79,02 ^{abc}	149,54 ^a	0,91 ^{ab}	0,85 ^a	0,97 ^{ab}	17,29 ^a	16,58 ^a	18,00 ^a
06 - 16	117,35 ^a	87,01 ^{ab}	147,68 ^a	0,95 ^a	0,89 ^a	1,01 ^a	17,75 ^a	16,42 ^a	19,08 ^a
06 - 22r	88,25 ^d	50,77 ^d	125,72 ^a	0,76 ^c	0,71 ^a	0,84 ^b	17,96 ^a	17,50 ^a	18,42 ^a
06 - 24r	104,58 ^{abcd}	66,33 ^{bcd}	142,82 ^a	0,87 ^{abc}	0,78 ^a	0,96 ^{ab}	17,83 ^a	17,33 ^a	18,33 ^a
06 - 32r	95,13 ^{dc}	70,92 ^{bcd}	119,33 ^a	0,79 ^{bc}	0,69 ^a	0,86 ^{ab}	17,88 ^a	17,67 ^a	18,08 ^a
06 - 50r	104,83 ^{abcd}	78,96 ^{abc}	130,69 ^a	0,90 ^{abc}	0,86 ^a	0,93 ^{ab}	16,17 ^a	15,00 ^a	17,33 ^a
06 - 55r	114,76 ^{ab}	99,70 ^a	129,82 ^a	0,87 ^{abc}	0,85 ^a	0,88 ^{ab}	17,83 ^a	17,75 ^a	17,92 ^a
06 - 66	111,28 ^{abc}	83,02 ^{abc}	139,54 ^a	0,90 ^{ab}	0,84 ^a	0,96 ^{ab}	17,92 ^a	17,17 ^a	18,67 ^a
06 - 88r	100,45 ^{abcd}	64,96 ^{bcd}	135,94 ^a	0,81 ^{abc}	0,73 ^a	0,89 ^{ab}	16,63 ^a	15,83 ^a	17,42 ^a
06 - 97r	97,20 ^{bcd}	60,91 ^{cd}	133,48 ^a	0,85 ^{abc}	0,75 ^a	0,94 ^{ab}	18,17 ^a	16,50 ^a	19,83 ^a

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes Tukey ($P < 0,05$).

Apêndice 8 - Comparação dos valores médios obtidos aos níveis de parcela ($S_1 + \text{"testcross"}/2$, e subparcelas S_1 e "testcross" (T_c), dos caracteres altura da planta (cm/planta), altura da espiga (cm/planta) e posição relativa da espiga (AE/AP), entre as 10 progênies S_1 selecionadas da população BR-106.

Progênes	altura da planta			altura da espiga			Posição relativa da espiga		
	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c
Origem 93/94									
06 - 03r	198,50 ^{de}	175,63 ^{cd}	221,38 ^{bc}	112,38 ^{cd}	103,38 ^{bc}	121,38 ^{ab}	0,57 ^a	0,59 ^a	0,55 ^a
06 - 16	227,75 ^a	208,13 ^a	247,38 ^a	126,13 ^a	116,00 ^a	136,25 ^a	0,55 ^{ab}	0,56 ^{ab}	0,55 ^a
06 - 22r	188,81 ^c	160,88 ^d	216,75 ^c	100,69 ^c	86,13 ^d	115,25 ^b	0,53 ^{bc}	0,54 ^{bc}	0,53 ^a
06 - 24r	223,56 ^{ab}	202,25 ^{ab}	244,88 ^a	118,25 ^{bc}	107,75 ^{abc}	128,75 ^{ab}	0,53 ^{bc}	0,53 ^{bc}	0,53 ^a
06 - 32r	215,25 ^{bc}	190,88 ^{bc}	239,63 ^{ab}	115,38 ^{bc}	103,25 ^{bc}	127,50 ^{ab}	0,54 ^{bc}	0,54 ^{bc}	0,53 ^a
06 - 50r	208,44 ^{cd}	187,00 ^{bc}	229,88 ^{bc}	115,56 ^{bc}	106,50 ^{abc}	124,63 ^{ab}	0,55 ^{ab}	0,57 ^{ab}	0,54 ^a
06 - 55r	223,31 ^{ab}	209,00 ^a	237,63 ^b	119,44 ^{abc}	114,63 ^{ab}	124,25 ^{ab}	0,54 ^{bc}	0,55 ^b	0,52 ^a
06 - 66	210,13 ^c	188,13 ^{bc}	232,13 ^{abc}	113,00 ^{bc}	103,00 ^c	123,00 ^{ab}	0,54 ^{bc}	0,55 ^b	0,53 ^a
06 - 88	228,44 ^a	211,75 ^a	245,13 ^a	120,19 ^{ab}	107,13 ^{abc}	133,25 ^a	0,52 ^c	0,51 ^c	0,54 ^a
06 - 97	196,75 ^e	161,00 ^d	232,50 ^{abc}	105,50 ^{de}	86,75 ^d	124,25 ^{ab}	0,54 ^{bc}	0,54 ^{bc}	0,53 ^a

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes Tukey ($P < 0,05$).

Apêndice 9 - Comparação dos valores médios obtidos aos níveis de parcela (S_1 + "testcross")/2, e subparcelas S_1 e "testcross" (T_c), dos caracteres peso de espigas despalhadas (gramas/planta), prolificidade (espigas/planta) e estande (plantas/parcela) entre as 10 progênes de meios irmãos intrapopulacionais selecionadas da população BR-106.

Progênes	Peso de espigas despalhadas			Prolificidade			Estande		
	(S_1 + T_c)/2	S_1	T_c	(S_1 + T_c)/2	S_1	T_c	(S_1 + T_c)/2	S_1	T_c
Origem 93/94									
06 - 03r	107,66 ^{bc}	77,70 ^{bc}	137,62 ^a	0,88 ^a	0,79 ^a	0,97 ^a	17,96 ^{abc}	17,67 ^a	18,25 ^a
06 - 13r	106,22 ^{bc}	76,99 ^{bcd}	135,44 ^a	0,81 ^a	0,72 ^a	0,91 ^a	18,04 ^{abc}	17,75 ^a	18,33 ^a
06 - 22r	93,87 ^{bcd}	57,85 ^{cd}	129,89 ^a	0,83 ^a	0,76 ^a	0,89 ^a	18,88 ^a	18,33 ^a	19,42 ^a
06 - 24r	104,24 ^{bc}	68,36 ^{bcd}	140,12 ^a	0,83 ^a	0,80 ^a	0,86 ^a	18,50 ^{abc}	18,33 ^a	18,67 ^a
06 - 32r	89,31 ^{cd}	51,78 ^d	126,84 ^a	0,76 ^a	0,70 ^a	0,83 ^a	17,17 ^{bc}	16,50 ^a	17,83 ^a
06 - 35r	108,52 ^{ab}	78,11 ^{bc}	138,92 ^a	0,90 ^a	0,84 ^a	0,96 ^a	16,96 ^{bc}	15,92 ^a	18,00 ^a
06 - 44	102,64 ^{bcd}	84,00 ^{ab}	121,28 ^a	0,85 ^a	0,84 ^a	0,87 ^a	18,58 ^{ab}	17,58 ^a	19,58 ^a
06 - 55r	95,05 ^{bcd}	51,49 ^d	138,60 ^a	0,80 ^a	0,70 ^a	0,90 ^a	16,88 ^{bc}	15,67 ^a	18,08 ^a
06 - 63	126,05 ^a	107,41 ^a	144,69 ^a	0,86 ^a	0,85 ^a	0,87 ^a	17,75 ^{abc}	17,25 ^a	18,25 ^a
06 - 76	85,50 ^d	51,84 ^d	119,16 ^a	0,76 ^a	0,68 ^a	0,85 ^a	16,79 ^c	16,33 ^a	17,25 ^a

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes Tukey ($P < 0,05$).

Apêndice 10 - Comparação dos valores médios obtidos aos níveis de parcela (S_1 + "testcross")/2, e subparcelas S_1 e "testcross" (T_c), dos caracteres altura da planta (cm/planta), altura da espiga (cm/planta) e posição relativa da espiga (AE/AP), entre as 10 progênies de meios irmãos intrapopulacionais selecionadas da população BR-106.

Progênies	Altura da planta			Altura da espiga			Posição relativa da espiga		
	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c
Origem 93/94									
06 - 03r	203,81 ^f	174,88 ^e	232,75 ^a	113,25 ^{cd}	95,50 ^e	131,00 ^a	0,55 ^{abc}	0,54 ^{ab}	0,56 ^{ab}
06 - 13r	232,44 ^{ab}	212,63 ^{ab}	252,25 ^a	120,38 ^{abcd}	108,75 ^{abc}	132,00 ^a	0,52 ^c	0,51 ^b	0,52 ^c
06 - 22r	206,69 ^{ef}	175,13 ^c	238,25 ^a	111,00 ^d	95,00 ^e	127,00 ^a	0,54 ^{bc}	0,54 ^{ab}	0,53 ^{bc}
06 - 24r	219,69 ^{cd}	197,13 ^b	242,25 ^a	118,81 ^{bcd}	101,25 ^{bc}	136,38 ^a	0,54 ^{bc}	0,51 ^b	0,56 ^{ab}
06 - 32r	227,88 ^{abc}	206,38 ^{ab}	249,38 ^a	122,38 ^{abc}	113,00 ^{abc}	131,75 ^a	0,54 ^{bc}	0,55 ^{ab}	0,53 ^{bc}
06 - 35r	214,38 ^{def}	195,63 ^{bc}	233,13 ^a	121,19 ^{abcd}	110,25 ^{abc}	132,13 ^a	0,57 ^{ab}	0,56 ^{ab}	0,57 ^a
06 - 44	216,50 ^{de}	195,63 ^{bc}	237,38 ^a	125,31 ^{ab}	115,63 ^{ab}	135,00 ^a	0,58 ^a	0,59 ^a	0,57 ^a
06 - 55r	218,13 ^{cd}	198,88 ^b	237,38 ^a	116,75 ^{bcd}	105,88 ^{bc}	127,63 ^a	0,54 ^{bc}	0,53 ^{ab}	0,54 ^{abc}
06 - 63	236,81 ^a	221,50 ^a	252,13 ^a	130,31 ^a	127,13 ^a	133,50 ^a	0,55 ^{abc}	0,57 ^a	0,53 ^{bc}
06 - 76r	222,94 ^{bcd}	198,00 ^b	247,88 ^a	124,44 ^{ab}	114,50 ^{abc}	134,38 ^a	0,56 ^{ab}	0,58 ^a	0,54 ^{abc}

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes Tukey ($P < 0,05$).

Apêndice 11 - Comparação dos valores médios obtidos aos níveis de parcela (S_1 + "testcross")/2, e subparcelas S_1 e "testcross" (T_c), dos caracteres peso de espigas despalhadas (gramas/planta), prolificidade (espigas/planta) e estande (plantas/parcela) entre as 10 progênes de meios irmãos interpopulacionais selecionadas da população BR-106.

Progênes	Peso de espigas despalhadas				Prolificidade				Estande			
	Origem 93/94	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$	T_c
06 - 13r		109,55 ^{abcd}	82,41 ^b	136,69 ^{abc}	0,84 ^{ab}	0,79 ^a	0,88 ^b	17,50 ^a	16,83 ^a	18,17 ^a	17,50 ^a	18,17 ^a
06 - 20		93,27 ^d	65,18 ^b	121,36 ^{bcd}	0,83 ^b	0,76 ^a	0,91 ^{ab}	17,04 ^a	16,25 ^a	17,83 ^a	17,04 ^a	17,83 ^a
06 - 35		100,89 ^{bcd}	65,59 ^b	136,19 ^{abc}	0,88 ^{ab}	0,80 ^a	0,96 ^{ab}	18,08 ^a	17,58 ^a	18,58 ^a	18,08 ^a	18,58 ^a
06 - 50r		107,49 ^{abcd}	81,28 ^b	133,70 ^{abc}	0,96 ^a	0,88 ^a	1,05 ^a	17,29 ^a	16,50 ^a	18,08 ^a	17,29 ^a	18,08 ^a
06 - 55r		119,25 ^{ab}	85,21 ^b	153,29 ^a	0,88 ^{ab}	0,82 ^a	0,94 ^{ab}	17,46 ^a	16,25 ^a	18,67 ^a	17,46 ^a	18,67 ^a
06 - 76r		98,01 ^{cd}	68,34 ^b	127,67 ^{abcd}	0,83 ^b	0,74 ^a	0,93 ^{ab}	16,92 ^a	16,75 ^a	17,08 ^a	16,92 ^a	17,08 ^a
06 - 79		114,67 ^{abc}	86,29 ^b	143,05 ^{ab}	0,81 ^b	0,72 ^a	0,91 ^{ab}	18,29 ^a	18,08 ^b	18,50 ^a	18,29 ^a	18,50 ^a
06 - 85		93,45 ^d	77,82 ^b	109,08 ^{cd}	0,83 ^b	0,80 ^a	0,85 ^b	16,79 ^a	15,83 ^a	17,75 ^a	16,79 ^a	17,75 ^a
06 - 88r		105,67 ^{abcd}	66,07 ^b	145,27 ^{ab}	0,81 ^b	0,73 ^a	0,90 ^{ab}	16,83 ^a	16,08 ^a	17,58 ^a	16,83 ^a	17,58 ^a
06 - 97r		124,00 ^a	97,01 ^a	150,98 ^a	0,84 ^{ab}	0,78 ^a	0,89 ^{ab}	17,96 ^a	17,50 ^a	18,41 ^a	17,96 ^a	18,41 ^a

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes Tukey ($P < 0,05$).

Apêndice 12 - Comparação dos valores médios obtidos aos níveis de parcela (S_1 + "testcross")/2, e subparcelas S_1 e "testcross" (T_c), dos caracteres altura da planta (cm/planta), altura da espiga (cm/planta) e posição relativa da espiga (AE/AP), entre as 10 progênies de meios irmãos interpolacionais selecionadas da população BR-106.

Progênes	Altura de planta			Altura de espiga			Posição relativa da espiga		
	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c	$(S_1 + T_c)/2$	S_1	T_c
Origem 93/94									
06 - 13r	226,13 ^b	206,88 ^{bc}	245,38 ^{abc}	118,56 ^{abcd}	110,13 ^{ab}	127,00 ^{abcd}	0,52 ^{bc}	0,53 ^{abc}	0,52 ^c
06 - 20	195,81 ^d	166,75 ^f	224,88 ^{cde}	95,56 ^e	74,50 ^d	116,63 ^d	0,48 ^d	0,45 ^d	0,52 ^c
06 - 35r	206,56 ^c	183,75 ^{def}	229,38 ^{bcde}	114,19 ^{cd}	99,63 ^{bc}	128,75 ^{abcd}	0,55 ^{ab}	0,54 ^{ab}	0,56 ^{ab}
06 - 50r	201,25 ^{cd}	180,63 ^{ef}	221,88 ^{de}	112,13 ^d	102,88 ^{bc}	121,38 ^{bcd}	0,56 ^a	0,57 ^a	0,55 ^{abc}
06 - 55r	226,63 ^b	202,50 ^c	250,75 ^{ab}	121,00 ^{abc}	106,88 ^{abc}	135,13 ^{ab}	0,53 ^{abc}	0,53 ^{abc}	0,54 ^{abc}
06 - 76r	223,50 ^b	201,75 ^{cd}	245,25 ^{abc}	122,44 ^{ab}	112,63 ^a	132,25 ^{abc}	0,55 ^{ab}	0,56 ^{ab}	0,54 ^{abc}
06 - 79	219,75 ^b	197,00 ^{cde}	242,50 ^{abcd}	112,31 ^d	96,63 ^c	128,00 ^{abcd}	0,51 ^{cd}	0,49 ^{cd}	0,53 ^{bc}
06 - 85	203,44 ^{cd}	190,13 ^{cde}	216,75 ^e	112,50 ^d	105,63 ^{bc}	119,38 ^{cd}	0,55 ^{ab}	0,56 ^{ab}	0,55 ^{abc}
06 - 88r	237,75 ^a	221,25 ^a	254,25 ^a	128,06 ^a	114,50 ^a	141,63 ^a	0,54 ^{ab}	0,52 ^{bc}	0,56 ^{ab}
06 - 97r	208,38 ^c	185,50 ^{def}	231,25 ^{bcd}	113,44 ^d	105,00 ^{bc}	121,88 ^{bcd}	0,55 ^{ab}	0,53 ^{abc}	0,57 ^a

Médias com as mesmas letras não são significativamente diferentes Tukey ($P < 0,05$).