EFICIÊNCIA RELATIVA DE ALGUNS PROCESSOS DE SELEÇÃO INTRAPOPULACIONAL NO MILHO BASEADOS EM FAMÍLIAS NÃO ENDÓGAMAS

MAGNO ANTONIO PATTO RAMALHO

Orientador : ROLAND VENCOVSKY

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

P I R A C I C A B A
Estado de São Paulo - Brasil
Novembro, 1977

DEDICO,

À minha esposa e filho;

À minha mãe e irmãos;

À memória de meu pai.

AGRADECIMENTOS

À Escola Superior de Agricultura de Lavras, à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, que tornaram possível a participação no curso pós-graduado;

Ao Prof. Dr. Roland Vencovsky, pela orientação e sobretudo pelo incentivo durante o decorrer do curso;

Ao Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho, pelas valiosas críticas e sugestões;

Ao Prof. Paulo César Lima, pela preciosa colaboração na elaboração de programas para computação dos dados;

Aos colegas, Antonio Rezende Soares, Cesar Augusto Brasil Pereira Pinto, Fabrizio d'Ayala Valva e Izaias Olívio Geraldi, pelas inúmeras sugestões sobre vários aspectos do trabalho;

Aos docentes do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" pelos estímulos, exemplos e ensinamentos;

Aos colegas do curso de pós-graduado pelo companheirismo;

Aos funcionários do Departamento de Genética pela atenção e colaboração, prestadas durante o período de estudo.

Í N D I C E

	Pág.
1. RESUMO	1
2. INTRODUÇÃO	4
3. REVISÃO DE LITERATURA	8
3.1 - Estimativas dos componentes da variância genética em populações de milho	8
3.2 - Efeito da seleção na variância genética	13
3.3 - Comparações entre métodos de seleção	16
4. MÉTODOS	23
4.1 - Levantamento das estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos obtidos utilizando famílias de meios irmãos	23
4.2 - Efeito das combinações de percentagens de seleção en- tre e dentro das famílias de meios irmãos	26
4.3 - Comparações entre processos de seleção para o melho- ramento intrapopulacional envolvendo famílias de ir- mãos germanos e de meios irmãos	29
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	37
5.1 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos u- tilizando famílias de meios irmãos	37
5.2 - Efeito das combinações de percentagens de seleção en- tre e dentro das famílias de meios irmãos	46
5.3 - Comparações entre processos de seleção para o melho- ramento intrapopulacional envolvendo famílias de ir- mãos germanos e de meios irmãos	61

	Pág.
6. CONCLUSÕES	91
7. SUMMARY	94
8. LITERATURA CITADA	96
9. APÊNDICE	108

LISTA DAS TABELAS

TABELA		Pág.
1	Estimativas da variância genética aditiva (σ_A^2) de dominância e da relação σ_D^2/σ_A^2 obtidas para a produção de grãos (kg/planta) em diferentes populações de milho	11
2	Estimativas da variância genética aditiva (σ_A^2), da variância do erro ambiental entre parcelas (σ_E^2), da média populacional ($\bar{X}$), da herdabilidade no sentido restrito (h^2), dos coeficientes de variação genética (CVG) e do experimento (CVE) e da relação CVG/CVE, obtidas para a produção de grãos ao nível de plantas individuais, para diferentes populações de milho no Departamento de Genética da ESALQ/USP, Piracicaba	38
3	Estimativas do ganho percentual ($\frac{GS}{\bar{X}} \times 100$) esperado com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos para diferentes percentagens de seleção na população Dente Paulista original (PATERNIANI, 1967)	47
4	Estimativas do ganho percentual ($\frac{GS}{\bar{X}} \times 100$) esperado com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos para diferentes percentagens de seleção na população ESALQ-HVI-MII-HSI (CUNHA, 1976)	48
5	Estimativas do ganho percentual ($\frac{GS}{\bar{X}} \times 100$) esperado com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, para diferentes percentagens de seleção na população Cateto (ZINSKY, 1969)	49

TABELA

Pág.

6	Tamanho efetivo populacional para as diferentes percentagens de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. Cálculos considerando uma população de tamanho 100 e sendo o número de plantas por família no lote de recombinação igual a 50	55
7	Valores percentuais do ganho esperado devido à seleção entre famílias de meios irmãos em relação ao ganho esperado total para as populações Cateto, ESALQ-HVI-MII-HSI e Dente Paulista original. Valores obtidos para os processos com e sem sementes remanescentes	60
8	Valores de d (relação σ_D^2/σ_A^2) calculados considerando que as frequências dos alelos na população ajustam-se a uma distribuição Beta	63
9	Valores de c (relação $\sigma_{DMI}^2/\sigma_E^2$) calculados para diferentes herdabilidades no sentido restrito ao nível de plantas e valores de d (relação σ_D^2/σ_A^2), considerando t = 5,0 (relação σ_W^2/σ_E^2)	66
10	Valores de c (relação $\sigma_{DMI}^2/\sigma_E^2$) calculados para diferentes herdabilidades no sentido restrito ao nível de plantas e valores de d (relação σ_D^2/σ_A^2), considerando t = 7,0 (relação σ_W^2/σ_E^2)	67
11	Valores de c (relação $\sigma_{DMI}^2/\sigma_E^2$) calculados para diferentes herdabilidades no sentido restrito ao nível de plantas e valores de d (relação σ_D^2/σ_A^2), considerando t = 9,0 (relação σ_W^2/σ_E^2)	68

TABELA

Pág.

12	Valores percentuais do coeficiente de variação do experimento (CVE) calculado para diferentes herdabilidades no sentido restrito ao nível de plantas e valores de d (relação $\overline{\sigma_D^2}/\overline{\sigma_A^2}$), considerando $t = 5,0$ (relação σ_W^2/σ_E^2)	71
13	Valores percentuais do coeficiente de variação do experimento (CVE) calculado para diferentes herdabilidades no sentido restrito ao nível de plantas e valores de d (relação $\overline{\sigma_D^2}/\overline{\sigma_A^2}$), considerando $t = 7,0$ (relação σ_W^2/σ_E^2)	72
14	Valores percentuais do coeficiente de variação do experimento (CVE) calculado para diferentes herdabilidades no sentido restrito ao nível de plantas e valores de d (relação $\overline{\sigma_D^2}/\overline{\sigma_A^2}$), considerando $t = 9,0$ (relação σ_W^2/σ_E^2)	73
15	Tamanho efetivo populacional (N_e), para as diferentes combinações das percentagens de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos (MI) e de irmãos germanos (IG) e cálculo das percentagens de seleção entre e dentro de IG que fornece o mesmo tamanho efetivo ao de MI. Cálculos considerando uma população de tamanho 100 e sendo o número de plantas por família no lote de recombinação igual a 50	74

LISTA DE FIGURAS

FIGURA		Pág.
1	Eficiência do ganho esperado na seleção, com as diferentes combinações das percentagens de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, em relação à seleção apenas dentro (2% de seleção dentro), considerando o processo sem sementes remanescentes nas populações. A) Cateto; B) ESALQ-HVI-MII-HSI; C) Dente Paulista original	51
2	Eficiência do ganho esperado na seleção, com as diferentes combinações das percentagens de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, em relação à seleção apenas dentro (2% de seleção dentro), considerando o processo com sementes remanescentes ganho anual, nas populações. A) Cateto, B) ESALQ-HVI-MII-HSI, C) Dente Paulista original	57
3	Eficiência da SEDIG em relação à SEDMISSR, para diferentes percentagens de seleção entre e dentro e herdabilidades, considerando $\sigma_W^2/\sigma_E^2 = 7,0$ e $\overline{\sigma_D^2/\sigma_A^2} = 0,375$	78
4	Eficiência da SEDIG em relação à SEDMICSr, para diferentes percentagens de seleção entre e dentro e herdabilidades, considerando $\sigma_W^2/\sigma_E^2 = 7,0$ e $\overline{\sigma_D^2/\sigma_A^2} = 0,375$	81
5	Eficiência da SEIG em relação à SEDMISSR, para diferentes percentagens de seleção entre e dentro e herdabilidades, considerando $\sigma_W^2/\sigma_E^2 = 7,0$ e $\overline{\sigma_D^2/\sigma_A^2} = 0,375$	84

FIGURA

Pág.

- 6 Eficiência da SEIG em relação à SEDMCSR, para diferentes percentagens de seleção entre e dentro e herdabilidades, considerando $\sigma_W^2/\sigma_E^2 = 7,0$ e $\overline{\sigma_D^2}/\overline{\sigma_A^2} = 0,375$ 86
- 7 Representação gráfica das frequências alélicas de acordo com a distribuição Beta 114

1. RESUMO

O presente trabalho teve por finalidade principal comparar processos de seleção para o melhoramento intrapopulacional baseado em famílias não endógamas (famílias de irmãos germanos em relação às de meios-irmãos) e, ao mesmo tempo, verificar, para os processos de seleção com famílias de meios-irmãos, a combinação das percentagens de seleção entre e dentro que proporciona maiores ganhos.

Para realizar as comparações entre os processos de seleção nas condições que normalmente ocorrem na prática foi feito, inicialmente, o levantamento das estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos obtidas com populações de milho do Departamento de Genética da ESALQ/USP, Piracicaba. As estimativas para as trinta populações consideradas foram, de um modo geral, de magnitude semelhante às citadas na literatura.

Visando verificar a melhor combinação das percentagens de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, foram estimados para a produção de grãos, os ganhos esperados com a seleção para diferentes combinações de percentagem de seleção entre e dentro. Para isto, foram escolhidas três populações que apresentavam valores diferentes, para a variância genética aditiva, porém, semelhantes para a variância do erro ambiental entre parcelas. Os resultados mostraram ser necessário aplicar uma menor percentagem de seleção entre as famílias que a normalmente utilizada, principalmente para populações com menor variância genética aditiva e para o processo de seleção com sementes remanescentes.

Para estimar a eficiência dos processos de seleção envolvendo famílias de irmãos germanos (seleção apenas entre e entre e dentro) em relação aos de famílias de meios irmãos (seleção entre e dentro com e sem sementes remanescentes), foram desenvolvidas expressões, a partir das fórmulas do ganho esperado com a seleção para os diferentes processos, em função da herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas e outras quantidades.

As eficiências relativas foram obtidas considerando uma mesma população submetida à seleção em diferentes condições experimentais. Os resultados mostraram que, independente das comparações consideradas, quanto maior o coeficiente de variação experimental (menor herdabilidade) e menor a percentagem de seleção entre as famílias tanto maior é a eficiência dos processos com as famílias de

irmãos germanos em relação aos de meios irmãos.

O ganho com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos sem sementes remanescentes com a combinação de percentagem de seleção usual, dificilmente será superado pelos processos de seleção com famílias de irmãos germanos em termos dos ganhos esperados anualmente. Porém, o ganho esperado com a seleção envolvendo famílias de irmãos germanos foi quase sempre superior ao obtido com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos com sementes remanescentes, não considerando o tamanho efetivo.

Utilizando os resultados apresentados e levando-se em consideração a precisão experimental prevalente nas suas condições e os recursos disponíveis, o melhorista poderá fazer uma escolha criteriosa na utilização de um dos dois tipos de famílias.

2. INTRODUÇÃO

Em um programa de melhoramento de populações, o principal problema é discernir, entre os métodos de seleção disponíveis, aquele que dará maior eficiência. Para solucionar este impasse, a comparação entre os vários métodos de seleção existentes é de suma importância. Basicamente, esta comparação pode ser feita através de três procedimentos. O primeiro seria a aplicação simultânea dos vários métodos de melhoramento, numa mesma população, em igualdade de condições experimentais. Esta é, sem dúvida, a metodologia ideal; no entanto, devido às dificuldades práticas, é muito pouco utilizada. Outro procedimento seria a comparação dos resultados obtidos, por diferentes pesquisadores, com os vários métodos de seleção. Isto também é inviável, na maioria dos casos, uma vez que nas informações disponíveis na literatura ocorrem variações na intensidade de seleção, na população básica, no tamanho da amostra e em outros fatores. Finalmente, o terceiro procedimento seria a utilização da Genética

Quantitativa, que tem fornecido as bases teóricas não só para a comparação dos vários métodos, mas também os diferentes modos pelos quais a eficiência de um método pode ser aumentada.

A Genética Quantitativa tem contribuído, também, para o estudo das propriedades das populações, o que tem permitido a criação de muitos métodos de melhoramento. Entre os métodos sugeridos para o melhoramento intrapopulacional, um dos mais empregados, especialmente no Brasil, envolve a utilização de famílias de meios-irmãos. Este método foi inicialmente denominado de "espiga-por-fil^{leira}-modificado" (LONNQUIST, 1964) e, posteriormente, "seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos" (PATERNIANI, 1967). O processo original era sem o uso de sementes remanescentes (uma geração por ciclo); ultimamente, devido às facilidades de condução, tem sido preferido o processo com sementes remanescentes (duas gerações por ciclo).

Outro tipo de família, também utilizado, é o de irmãos germanos. Seu emprego foi proposto por HARLAND (1946) e os primeiros resultados com este tipo de família, para o melhoramento intrapopulacional, foram apresentados por LONNQUIST (1961). Para a maioria dos trabalhos relatados com famílias de irmãos germanos foi realizada apenas a seleção entre as famílias, mas logicamente, como no caso das famílias de meios irmãos, há possibilidades de se proceder também à seleção dentro.

Embora seja ampla a utilização destes dois tipos de famílias (meios irmãos e irmãos germanos) no melhoramento intrapopulacional, as informações comparando a "sua" eficiência são escassas. O que tem sido obtido em algumas oportunidades é, a partir das estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos de uma dada população, o ganho esperado com estes tipos de famílias através das fórmulas de predição. Estas comparações, apesar de muito úteis, apresentam o inconveniente de só serem válidas nas condições em que as estimativas foram obtidas.

Além do problema da escolha do método a ser utilizado, os melhoristas têm também que conhecer os fatores que contribuem para a maior eficiência de cada método. Entre esses fatores, para qualquer método utilizado, está a intensidade de seleção. Assim, maior ganho pode ser alcançado pelo aumento do diferencial de seleção; entretanto, como o número de famílias a ser testado é limitado pelos recursos disponíveis, torna-se necessário um balanceamento perfeito entre a intensidade da seleção e o número de famílias a ser mantido (EBERHART, 1970).

Nos processos que envolvem a seleção entre e dentro das famílias, além da intensidade final de seleção, os melhoristas devem procurar a melhor combinação das percentagens de seleção entre e dentro para aumentar a eficiência. O programa de melhoramento de populações do Departamento de Genética tem utilizado amplamente a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. Porém, de um mo

do geral, uma única combinação de percentagens de seleção tem sido empregada, e uma avaliação do efeito de diversas combinações das percentagens de seleção entre e dentro das famílias não foi ainda objeto de pesquisa. Na realidade, não se conhece se a percentagem de seleção tradicional é a que fornece a melhor eficiência e se haveria diferença entre as combinações de percentagem de seleção com o uso ou não de sementes remanescentes.

Os principais objetivos do presente trabalho compreendem: a) Desenvolver as expressões que permitem avaliar a eficiência dos processos de seleção intrapopulacional baseado em famílias não endógamas (famílias de irmãos germanos e de meios irmãos); b) Comparar a eficiência dos processos de seleção envolvendo estes tipos de famílias, considerando uma mesma população que está sendo submetida à seleção em diferentes condições experimentais; c) Verificar se a combinação de percentagens de seleção, utilizadas nos processos de seleção entre e dentro das famílias de meios irmãos, realmente propiciam os maiores ganhos; d) Como subsídio para as comparações realizadas, fazer um levantamento das estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos que foram obtidos, utilizando famílias de meios irmãos, no Departamento de Genética, ESALQ, USP, Piracicaba.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1 - Estimativas dos Componentes da Variância Genética em Populações de Milho

A estimativa dos componentes da variância genotípica é de importância nos programas de melhoramento, visto que o método e a população a serem utilizadas no melhoramento dependem da variabilidade genética presente. Para a obtenção das estimativas desses componentes, no milho, vários métodos têm sido utilizados. De especial significado, pela grande contribuição que trouxeram, são os delineamentos I, II e III propostos por COMSTOCK e ROBINSON (1948 e 1952). Estes delineamentos envolvem diversos tipos de progênies, de modo que a variância genética aditiva, a variância de dominância e o grau médio de dominância podem ser estimados.

Utilizando principalmente os delineamentos de COMSTOCK e ROBINSON (1948 e 1952) várias estimativas dos componentes da variância genética tem sido obtidas para populações F_2 , variedades

de polinização livre e variedades sintéticas de milho (ROBINSON *et alii*, 1949; GARDNER *et alii*, 1953; ROBINSON *et alii*, 1955; LINDSEY *et alii*, 1962; SPRAGUE, 1964; MOLL *et alii*, 1964; GOODMAN, 1965; EBERHART *et alii* 1966; MOLL e ROBINSON, 1966; HALLAUER e WRIGHT, 1967; HALLAUER, 1970; MARQUES-SANCHEZ e HALLAUER, 1970; SENTZ, 1971; WRIGHT *et alii*, 1971; OBILANA e HALLAUER, 1974; SUBANDI e COMPTON, 1974; SILVA e HALLAUER, 1975; entre outros).

Os resultados obtidos para a produção de grãos e outras características no milho mostram que existe variância genética aditiva mesmo em variedades que estão em cultivo há longo tempo, o que evidencia a possibilidade do melhoramento intrapopulacional, desde que se utilize os métodos de melhoramento e de técnicas experimentais apropriadas. Um resumo de alguns resultados obtidos estão apresentados na tabela 1.

As estimativas do grau médio de dominância ($\bar{a}$) utilizando populações F_2 foram, em quase todos os casos, maiores que 1 para a produção de grãos, indicando a presença de sobredominância entre os alelos que controlam esta característica. Todavia é reconhecido que estas estimativas do grau médio de dominância, maiores que 1, foram em grande parte devidas a genes ligados em fase de repulsão. Evidências teóricas deste fato foram fornecidas por COMSTOCK e ROBINSON (1952). Experimentalmente, GARDNER e LONNQUIST (1959) mostraram que o grau médio de dominância na geração F_8 (0,72), foi inferior ao observado na geração F_2 (1,98). Assim sendo, pode-se dizer

que a maior variância genética aditiva na geração F_8 , comparada com a geração F_2 , é uma evidência da ligação entre os genes e que foi "quebrada" durante as gerações de recombinação, permitindo que recombinantes não presentes em F_2 ocorressem em F_8 . Resultados semelhantes foram relatados por MOLL *et alii*, 1964.

Para as variedades de polinização livre e variedades sintéticas, as estimativas do grau médio de dominância não podem ser obtidas diretamente, uma vez que não se conhece a frequência alélica da população. No entanto, evidências indiretas são fornecidas pela proporção σ_D^2/σ_A^2 . Como na maioria dos casos estimados, esta relação foi inferior a 1,0 e bem inferior à observada para as populações F_2 (tabela 1), pode-se concluir que os locos sobredominantes não são de grande importância para a variabilidade genética das populações estudadas (ROBINSON *et alii*, 1955; LINDSEY *et alii*, 1962; HALLAUER e WRIGHT, 1967; SENTZ, 1971; SILVA e HALLAUER, 1975, entre outros). Isto contradiz a hipótese formulada anteriormente por HULL (1945), o qual postulava que a ineficácia da seleção intrapopulacional, para o rendimento de grãos no milho, era devida ao fato que a maior parte da variância genética presente nas populações era do tipo não aditiva.

Alguns trabalhos, envolvendo principalmente comparações entre médias de híbridos simples e triplo, detectaram efeitos epistáticos significativos (BAUMAN, 1959; GORSLINE, 1961; SPRAGUE *et alii*, 1962; SPRAGUE e THOMAS, 1967 e STUBER e MOLL, 1969, entre ou-

Tabela 1 - Estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) de dominância ($\hat{\sigma}_D^2$) e da relação $\hat{\sigma}_D^2/\hat{\sigma}_A^2$ obtidas para a produção de grãos (kg/planta) em diferentes populações de milho.

POPULAÇÕES	Nº de expe- rimento	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_D^2$	$\frac{\hat{\sigma}_D^2}{\hat{\sigma}_A^2}$	Fonte
<hr/>					
Variedades					
Krug Yellow Dent	2	16,31	8,51	0,52	LINDSEY <i>et alii</i> , 1962
Jarvis	6	4,18	2,71	0,65	MOLL e ROBINSON, 1966
Indian Chief	5	2,22	0,49	0,22	MOLL e ROBINSON, 1966
Hays Golden	8	8,64	1,88	0,22	GARDNER, 1977
Compostos					
Corn Belt Composite	2*	7,80	2,36	0,30	GOODMAN, 1965
West Indian Composite	2*	18,26	2,25	0,12	GOODMAN, 1965
Stiff Stalk Synthetic	3	1,84	2,37	1,29	HALLAUER, 1970
Corn Borer Synthetic	3	1,43	0,53	0,46	HALLAUER, 1970
Minnesota Synthetic-3	I**4	2,89	2,43	0,84	SENTZ, 1971
" "	II**3	1,74	1,32	0,76	SENTZ, 1971
Gaspé x Colombian	a***2	1,71	0,56	0,33	SUBANDI e COMPTON, 1974
" "	b 2	29,32	12,76	0,44	SUBANDI e COMPTON, 1974
F****					
C 21 x NC7	9	5,74	6,98	1,21	
NC33 x K64	4	4,51	4,92	1,09	
M14 x 187-2	8	7,37	3,89	0,53	
NC34 x NC-45	4	6,36	16,21	2,55	

* Resultados referentes a média de dois locais

** Dados obtidos com o delineamento I e II respectivamente.

*** Ensaio com duas densidades populacionais a=68,888 plantas/ha e b=17.222 plantas/ha.

**** Dados médios obtidos a partir da revisão apresentada por GARDNER, 1963.

tros). Entretanto, a maioria dos estudos, envolvendo tanto componentes de variância e de covariância como de média e utilizando diferentes materiais em diferentes locais, evidenciou que os efeitos epistáticos são negligenciáveis (ROBINSON *et alii*, 1955; ROBINSON *et alii*, 1958; ROBINSON e COCKERHAM, 1961; COMPTON *et alii*, 1965; STUBER *et alii*, 1966; GARDNER e PATERNIANI, 1967; CHI *et alii*, 1969; WRIGHT *et alii*, 1971; OSÓRIO, 1972; SILVA e HALLAUER, 1975; entre outros). De um modo geral, pode-se dizer que as evidências concernentes à epistase sugerem que ela pode ser importante em algumas combinações genotípicas, mas que estas, aparentemente, não ocorrem com frequência e/ou com efeitos suficientes para serem detectados nos estudos dos componentes da variância das populações de cruzamento ao acaso.

Deve-se ressaltar que as estimativas dos parâmetros genéticos, baseados em experimentos conduzidos em um único ambiente, são superestimadas. Isto porque além do componente genético, há também o componente da interação genótipo por ambiente. Segundo GARDNER (1963), em certos casos o erro da estimativa é de quase 50%, mostrando que as estimativas baseadas em experimentos conduzidos em dois ou mais ambientes são mais realistas. O mesmo autor salienta que os dados da magnitude relativa dos efeitos genéticos aditivo por ambiente e efeitos genéticos não aditivos por ambiente são inconclusivos.

Comentando a respeito dos resultados de diferentes experimentos, em que foi estudada a interação genótipo por ambiente,

MOLL e ROBINSON (1967) concluem que diferentes regiões agrícolas apresentam diferentes padrões de interação genótipo por ambiente ou seja, em alguns experimentos foi verificado que a interação genótipo por ano por local foi maior que genótipo por ano e genótipo por local; em outros casos a interação genótipo por ano foi maior que as demais.

3.2 - Efeito da Seleção na Variância Genética

As alterações nos componentes da variância genética com os ciclos de seleção se revestem da maior importância para avaliar as possibilidades futuras de respostas à seleção nas populações em estudo. Segundo MOLL e STUBER (1974) há possibilidade de aumento na variância genética nos ciclos iniciais de seleção se a frequência inicial dos alelos favoráveis é baixa. Contudo, argumentam que a redução na variância genética é muito mais provável, limitando a seleção nos ciclos mais avançados.

Os resultados das alterações na variância genética com diferentes métodos de seleção em diferentes populações tem, até certo ponto, sido contraditórios. MOLL e ROBINSON (1966), por exemplo, obtiveram estimativas da variância genética aditiva em três populações de milho, após alguns ciclos de seleção; usando famílias de irmãos germanos observaram que as estimativas da variância genética nos ciclos avançados de seleção, aparentemente não diferiram da estimativa obtida para a população original em estudo. Os mesmos

autores observaram que as estimativas para o primeiro ciclo de seleção recorrente recíproca, nas variedades "Jarvis", "Indian Chief", sofreram um ligeiro aumento em relação à população original. No entanto, os três ciclos subsequentes de seleção recorrente recíproca não modificaram a variância genética aditiva.

Por sua vez, WEBEL e LONNQUIST (1967) comentando a respeito da variabilidade genética presente na variedade "Hays Golden" após 4 ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, mostraram que o coeficiente de variação genético caiu de 11,27% na população original para 4,23% após o primeiro ciclo de seleção, permanecendo relativamente constante nos demais ciclos de seleção. Isto foi confirmado por COMPTON e BAHADUR (1977) que relataram contínuos ganhos com a seleção nesta população, após 10 ciclos seletivos e ainda a presença de considerável variância genética aditiva.

A diminuição da variância genética aditiva, após um ciclo de seleção, foi observada também por SILVA e LONNQUIST (1968) na variedade "Krug Yellow Dent", nos dois métodos de seleção por eles avaliados: seleção entre famílias de irmãos germanos e de meios-irmãos (neste caso sendo recombinadas plantas S_1 das melhores famílias de meios irmãos).

Nos estudos de seleção massal para a produção de grãos, em Nebraska, nenhuma diminuição na variância genética aditiva foi detectada após os 6 primeiros ciclos de seleção (LONNQUIST

et alii, 1966); mas, após 9 gerações, os resultados parecem mostrar que a variância genética aditiva diminuiu (HARRIS *et alii*, 1972).

Trabalhando com duas variedades sintéticas e as populações derivadas após 4 ciclos de seleção recorrente recíproca, HALAUER (1970) observou que: para a variedade "Corn Borer Synthetic", as estimativas da variância aditiva da população original (C_0) e da população após 4 ciclos de seleção recorrente (C_4) não diferiram. Entretanto, para a variedade "Stiff Stalk Synthetic", ocorreu uma diminuição em torno de 41% da variância genética aditiva após a seleção. Houve, também, uma significativa redução na estimativa da variância aditiva para o híbrido das duas populações originais ($C_0 \times C_0$), quando comparado com o híbrido populacional ($C_4 \times C_4$). Observou, ainda, que em relação à variância de dominância não ocorreu nenhuma mudança significativa entre as populações estudadas.

DARRAH *et alii* (1972) não encontraram nenhuma indicação de diminuição na variância genética em seis populações, após seis ciclos de seleção, entre e dentro de famílias de meios-irmãos.

O experimento de seleção de maior duração está sendo conduzido na variedade "Butt White", que foi iniciado em 1896 e envolve seleção divergente para o teor de óleo e proteína. Estimativas da variância genética obtida após 70 gerações de seleção por DUDLEY (1973) mostraram a existência de variabilidade genética significativa.

3.3 - Comparações Entre Métodos de Seleção

Os métodos de seleção recorrente recaem basicamente em dois grandes grupos: a) seleção para o melhoramento do comportamento da população "per se" (melhoramento intrapopulacional); b) seleção para o melhoramento das populações em combinações híbridas(melhoramento interpopulacional). Principalmente depois que os estudos de genética quantitativa mostraram que grande parte da variância genética presente nas populações de milho era aditiva, inúmeros métodos de seleção têm sido propostos pelos melhoristas de milho. Revisões detalhadas sobre estes métodos são apresentadas por PENNY *et alii*(1963); LONNQUIST (1965) e PATERNIANI (1969), entre outros.

Nesta revisão será dada maior ênfase apenas às comparações envolvendo o melhoramento intrapopulacional que, basicamente, envolve quatro sistemas fundamentais de seleção, a saber: a) seleção massal; b) seleção baseada no comportamento de progênie de autofecundação, S_1 , S_2 , etc.; c) seleção baseada no comportamento de famílias de irmãos germanos; e d) seleção baseada no comportamento de famílias de meios irmãos. Estes dois últimos tipos de famílias é que estão mais diretamente relacionados com o objetivo do presente trabalho.

Na literatura encontramos um grande número de resultados obtidos com estes diferentes métodos, os quais apresentam na maioria dos casos resultados positivos. Todavia, escassos são os ca

sos em que foram realizadas comparações entre a eficiência relativa destes métodos. Para a obtenção destas comparações, o procedimento ideal seria a aplicação simultânea de vários métodos de melhoramento numa mesma população e em igualdade de condições experimentais. Este procedimento, no entanto, devido a sua grande dificuldade prática, tem sido pouco utilizado.

Um dos trabalhos com esta finalidade, foi realizado por SILVA e LONNQUIST (1968) que compararam o progresso obtido com a seleção, utilizando famílias de irmãos germanos e meios irmãos na variedade "Krug Yellow Dent", a partir do delineamento I, de COMSTOCK e ROBINSON (1948, 1952). Eles obtiveram duas populações melhoradas: uma obtida de intercruzamento das progênie S_1 dos progenitores masculinos das famílias selecionadas de meios irmãos, e a outra resultante do intercruzamento de plantas provenientes de sementes remanescentes das famílias de irmãos germanos selecionadas; as duas populações produziram significativamente mais do que a variedade original: 11% e 15% respectivamente. Segundo os autores a maior intensidade de seleção foi, em grande parte, responsável para o maior progresso observado na seleção de famílias de irmãos germanos.

Comparando a seleção massal estratificada com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos nas populações Dente Paulista, Cateto e Caingang, ZINSLEY (1969) observou que a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos foi duas vezes mais eficiente que a seleção massal. Uma das limitações desta comparação é

da apresentada anteriormente é que elas foram realizadas por apenas um ciclo de seleção. Outras comparações são relatadas na literatura, principalmente comparando a seleção intrapopulacional com interpopulacional, ou em relação ao tipo de testador utilizado (MOLL e STUBER, 1971; DARRAH *et alii*, 1972; HORNER *et alii*, 1973, entre outros).

Uma outra alternativa possível é comparar os resultados obtidos por diferentes pesquisadores na aplicação dos vários métodos de seleção. Entre os vários resultados relatados na literatura, um bom exemplo se refere aos métodos de seleção aplicados para o melhoramento da variedade "Hays Golden". Os resultados médios obtidos, por 10 ciclos com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, nesta variedade, por COMPTON e BAHADUR (1977) foi de 5,26%, portanto superior ao de 3,0% apresentado por GARDNER (1973) para a seleção massal estratificada por 17 ciclos, porém inferior ao ganho médio de 6,28% obtido por 5 ciclos, com a seleção massal com base na prolificidade das plantas (LONNQUIST, 1967a). Contudo, mesmo numa situação como esta, em que a população foi a mesma, o estudo comparativo dos métodos apresenta limitações muito sérias e, às vezes dificilmente contornáveis, visto que o número de ciclos seletivos, tamanho das populações e intensidade de seleção utilizados são diferentes; além disto, em muitos casos o método aplicado é radicalmente modificado durante o decorrer do processo seletivo, o que limita em muito as comparações a serem feitas.

Finalmente, deve-se considerar que o desenvolvimento da Genética Quantitativa tem fornecido as bases teóricas, que pro-

vavelmente permitem comparações, sob condições mais amplas, da eficiência relativa dos vários métodos de melhoramento existentes. Através das expressões desenvolvidas para o cálculo do progresso esperado com a seleção, COMSTOCK (1964) foi, possivelmente, o primeiro a sugerir uma análise comparativa da eficiência dos principais métodos de seleção. O mesmo tipo de procedimento foi utilizado por SPRAGUE (1967), EBERHART (1970) e EMPIG *et alii* (1972).

EBERHART (1970) apresenta uma expressão que permite não só comparar o progresso esperado com a seleção pelos diferentes métodos, mas também verificar quais são os fatores que afetam a eficiência dos métodos de seleção. A expressão básica apresentada por ele foi:

$$GS = \frac{1}{Y} (P H D) ,$$

onde, GS : progresso esperado com a seleção, por ano;

Y : número de anos necessários, por ciclo de seleção;

P : valor dependente do grau de controle parental exercido;

H : herdabilidade que é estimada por σ_g^2 / σ_F^2 , sendo σ_g^2 e σ_F^2 a variância genética aditiva e a variância fenotípica presente na unidade de seleção, respectivamente;

D : diferencial de seleção, que é igual a $(\bar{X}_s - \bar{X})$, sendo $\bar{X}_s$ a média dos indivíduos ou família selecionadas, $\bar{X}$ a média geral da população; para a seleção truncada $D = k \sigma_F$, sendo k o diferencial de seleção estandardizado e σ_F o desvio padrão fenotípico da unidade de seleção.

Através desta expressão EBERHART (1970) comparou os diversos métodos seletivos e discutiu os diferentes processos pelos qual a eficiência de um dado método pode ser melhorada.

A principal evidência da importância da aplicabilidade destas expressões, fornecidas pela genética quantitativa, é obtida pelas comparações entre a resposta observada e a esperada, com diferentes métodos de seleção; essas comparações, em geral, embora obtidas em poucas oportunidades, têm mostrado uma boa concordância entre a resposta esperada e a observada. GARDNER (1977) cita, por exemplo, que após 15 ciclos de seleção massal estratificada na variedade "Hays Golden" obteve um progresso médio por ano de 3,00%, sendo que o progresso esperado foi de 3,08%. VENCovsky (1968) comparou o progresso observado com o esperado após 4 ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos na variedade Dente Paulista, o progresso esperado foi estimado por dois métodos: a) com a variância genética aditiva estimada em cada ciclo seletivo; b) com uma variância genética aditiva média dos vários ciclos. Verificou que após os 4 ciclos de seleção a concordância entre a resposta esperada e observada foi boa, especialmente a estimativa obtida pelo segundo método.

Também MOLL e STUBER (1971) obtiveram, após 6 ciclos de seleção, tanto para a seleção de famílias de irmãos germanos como para a seleção recorrente recíproca, nas variedades "Jarwis" e "Indian Chief", uma boa concordância entre as respostas esperada e

observada. Contudo, para o composto varietal submetido à seleção de famílias de irmãos germanos a concordância, segundo eles, não foi muito boa.

Com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos na variedade "Hays Golden", WEBEL e LONNQUIST (1967) estimaram após 4 ciclos de seleção um ganho esperado de 8,39% ao passo que o observado foi de 9,44% (o ganho esperado foi de 88,88% do ganho observado). Mais recentemente, em continuação com o mesmo programa de seleção, após 10 ciclos seletivos, COMPTON e BAHADUR (1977) estimaram um ganho esperado de 4,87% ao passo que o ganho observado foi de 5,26% (neste caso o ganho esperado passou a ser 92,58% do ganho observado).

Embora não possuindo um critério para julgar as diferenças entre as respostas observada e esperada à seleção, para rendimento de grãos no milho, resultados semelhantes aos citados anteriormente, são considerados pelos autores como tendo uma concordância satisfatória (SILVA e LONNQUIST, 1968; PATERNIANI, 1968; DARRAH *et alii*, 1972; HORNER *et alii*, 1973; entre outros). Entretanto tem sido obtidos resultados, principalmente de seleção recorrente recíproca, cujas discrepâncias entre as respostas esperada e observada são bastante acentuadas (PENNY e EBERHART, 1971; BURTON *et alii*, 1971; EBERHART *et alii*, 1973). Nenhuma explicação para a discrepância nos ganhos observados e esperados a partir da seleção recorrente, em Iowa, foi encontrada por EBERHART *et alii* (1973). Segundo eles a in-

teração genótipo por ambiente pode ter sido apenas levemente subestimada nas localidades dentro de um mesmo ano, e apesar da epistase ter sido detectada nas variedades envolvidas na seleção, os componentes da variância epistática não diferiram significativamente de zero.

Um outro procedimento que tem sido utilizado para comparar métodos de seleção, a partir também dos conhecimentos teóricos fornecidos pela genética quantitativa, é através de simulações em computador. Neste caso, podem ser consideradas diferentes frequências alélicas da população, tipo de ação gênica predominante no controle do carácter sob seleção e até as diferentes influências do ambiente. Um dos exemplos é apresentado por JONES *et alii* (1971) comparando o método de seleção recorrente recíproca utilizando famílias de meios irmãos ou irmãos germanos. Baseado nos resultados obtidos com a simulação, eles concluíram que a seleção recorrente recíproca, usando famílias de irmãos germanos era mais eficiente quando a seleção era menos intensa e quando a variância ambiental era maior em relação à variância genética total.

4. MÉTODOS

4.1 - Levantamento das Estimativas dos Parâmetros Genéticos e Fenotípicos Obtidos Utilizando Famílias de Meios Irmãos

Inicialmente foi realizado o levantamento das estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância do efeito ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_E^2$) e da produção média ao nível de indivíduo ($\bar{X}$), para a produção de grãos, obtidas no programa de melhoramento de populações de milho do Departamento de Genética, da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", em Piracicaba, Estado de São Paulo.

As estimativas da variância genética aditiva e do erro ambiental entre parcelas foram obtidas a partir dos resultados das análises de variância combinadas, uma vez que, mais de um ensaio foi realizado na maioria dos casos, devido ao grande número de famílias testadas. Um modelo resumido da análise da variância com as respectivas esperanças dos quadrados médios, a nível de indivíduos, considerando um experimento com n plantas por parcela e r re-

petições é o seguinte:

Causas da variação	G.L.	Q.M.	E(Q.M.)
Entre famílias de meios irmãos	G_1	Q_1	$n\sigma_{dMI}^2 + n^2\sigma_E^2 + n^2r\sigma_{PMI}^2$
Erro	G_2	Q_2	$n\sigma_{dMI}^2 + n^2\sigma_E^2$

Sendo: σ_{dMI}^2 : variância fenotípica entre plantas dentro das famílias de meios irmãos que corresponde a: $(3/4) \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_W^2$, sendo σ_D^2 = variância de dominância e σ_W^2 = variância ambiental entre plantas dentro das parcelas;

σ_{PMI}^2 : variância genética entre famílias de meios irmãos que corresponde a: $(1/4) \sigma_A^2$ (adaptado de COMSTOCK e ROBINSON, 1948).

Como $\sigma_A^2 = 4 \sigma_{PMI}^2$, a partir das esperanças dos quadrados médios $[E(QM)]$ da análise da variância resulta que:

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4 \left(\frac{Q_1 - Q_2}{n^2 r} \right).$$

Uma vez que em alguns dos experimentos não foram obtidos dados por planta e somente os totais por parcela, para obter as estimativas do erro ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_E^2$), considerou-se para todos os casos, $\hat{\sigma}_{dMI}^2 = 10\hat{\sigma}_E^2$, como tem sido feito em várias oportunidades (WEBEL e LONNQUIST, 1967; PATERNIANI, 1967 e 1968; ZINSLY, 1969; TORRES SEGOVIA, 1976; entre outros). Sendo assim o componente $\hat{\sigma}_E^2$ foi obtido pela expressão:

$$\hat{\sigma}_E^2 = \frac{Q_2}{n(10+n)}$$

A partir destes dados foram obtidas para cada uma das populações as seguintes estimativas:

a) Erro da estimativa da variância genética aditiva, a qual foi fornecida pela seguinte expressão adaptada de VELLO e VENCovsky (1974)

$$s(\hat{\sigma}_A^2) = 4 \sqrt{\frac{2}{n^2 r^2} \left(\frac{Q_1^2}{G_1 + 2} + \frac{Q_2^2}{G_2 + 2} \right)}$$

onde, $s(\hat{\sigma}_A^2)$ é a estimativa do erro da estimativa da variância genética aditiva.

Os demais termos da expressão estão contidos no modelo da análise da variância apresentada anteriormente.

b) Herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas (h^2)

$$\hat{h}^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_{PMI}^2 + \hat{\sigma}_{dMI}^2 + \hat{\sigma}_E^2}$$

(conforme expressão apresentada por VENCovsky, 1969).

c) Coeficiente de variação genético (CVG), pela expressão:

$$CVG = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{PMI}^2}}{\bar{X}} \times 100$$

sendo que $\bar{X}$ estima a média geral do experimento.

d) Coeficiente de variação do experimento (CVE) pela expressão:

$$C.V.E. = \frac{\sqrt{n \hat{\sigma}_{dMI}^2 + n^2 \hat{\sigma}_E^2}}{n \bar{X}} \times 100 = \frac{\sqrt{Q_2}}{n \bar{X}} \times 100$$

e) Relação entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação do experimento (b_{MI})

$$b_{MI} = \frac{CVG}{CVE}$$

(segundo VENCOVSKY, 1975 ^{1/}).

4.2 - Efeito das Combinações de Percentagens de Seleção Entre e Dentro das Famílias de Meios Irmãos

Para verificar o efeito das diversas combinações das percentagens de seleção utilizada entre e dentro das famílias de meios irmãos, foram obtidas as estimativas percentuais do ganho esperado com a seleção para as populações Dente Paulista Original (PATERNIANI, 1968); ESALQ-HVI-MII-HSI (CUNHA, 1976) e Cateto (ZINSLY, 1969).

Utilizou-se da expressão apresentada por VENCOVSKY (1969) e COMPTON e COMSTOCK (1976) para as estimativas do ganho percentual esperado com a seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, com e sem sementes remanescentes, ou sejam:

$$GS_{EDMISSR} = \frac{K_1 (1/8) \sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{MI}^2}} + \frac{K_2 (3/8) \sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{dMI}^2}},$$

^{1/} VENCOVSKY, R., 1975. Relatório de viagem enviado à FAPESP.

sendo, $GS_{EDMISSR}$: ganho esperado com a seleção entre e dentro das famílias de meios irmãos sem sementes remanescentes, em kg/planta. Dividindo pela produção média ($\bar{X}$) e multiplicando por 100 obtém-se o ganho percentual esperado;

k_1 : diferencial de seleção estandardizado entre famílias. As tabelas apresentadas por FISHER e YATES (1971) permite^m calcular os valores de k_1 para diferentes percentagens de seleção aplicadas, sendo que $k_1 = z/L$, onde z é a ordenada na curva normal e L a proporção de famílias selecionadas;

σ_{MI}^2 : variância fenotípica entre médias de famílias de meios irmãos, a qual contém:

$$\sigma_{PMI}^2 + \frac{\sigma_E^2}{r} + \frac{\sigma_{dMI}^2}{nr} ;$$

k_2 : diferencial de seleção estandardizado dentro das famílias. Como as estimativas foram obtidas considerando o número de plantas por parcela (n) de 50, para o cálculo do k_2 foi usada a tabela XX fornecida por FISHER e YATES (1971) para os casos em que n é menor ou igual a 50.

Esta expressão, como já foi dito, fornece o ganho esperado com a seleção sem o uso de sementes remanescentes (uma geração por ciclo). Com sementes remanescentes (duas gerações por ciclo)

a única modificação é no numerador do primeiro termo, que ao invés de ser $(1/8) \sigma_A^2$, passa a ser $(1/4) \sigma_A^2$.

Para as três populações escolhidas foram obtidas estimativas do ganho percentual esperado com e sem o uso de sementes remanescentes, considerando $n = 50$, $r = 3$ e $\sigma_{DMI}^2 = 10 \sigma_E^2$. Também foram utilizadas duas intensidades finais de seleção, $P = 0,01$ e $P = 0,02$. Com estas intensidades de seleção, diferentes combinações das percentagens de seleção entre e dentro foram aplicadas. As diferentes percentagens de seleção utilizadas para os dois valores de P foram:

$P = 0,02$

Percentagem de seleção

Entre	Dentro
100,0	2,0
25,0	8,0
20,0	10,0
10,0	20,0
5,0	40,0
2,0	100,0

$P = 0,01$

Percentagem de seleção

Entre	Dentro
50,0	2,0
25,0	4,0
10,0	10,0
5,0	20,0
2,0	50,0
1,0	100,0

4.3 - Comparações Entre Processos de Seleção Para o Melhoramento Intrapopulacional Envolvendo Famílias de Irmãos Germanos e de Meios Irmãos

As comparações foram realizadas considerando-se uma mesma população (variância genética aditiva constante) sendo submetida à seleção em diferentes condições experimentais. Para isto foram desenvolvidas expressões que permitiram estabelecer a eficiência dos diferentes processos de seleção, envolvendo famílias de irmãos germanos em relação aos de meios irmãos, em função da herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas.

No desenvolvimento de todas as expressões desconsiderou-se a presença de efeitos epistáticos e considerou-se que os experimentos para a avaliação das famílias foram realizados em um único local e ano, sendo assim, as fórmulas envolvendo o ganho esperado com família de meios irmãos, que serviram de base para o desenvolvimento das expressões, foram as mesmas apresentadas anteriormente. Para o ganho esperado com família de irmãos germanos foi utilizada a seguinte fórmula básica:

$$GS_{EDIG} = \frac{k_1 (1/2) \sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{IG}^2}} + \frac{k_2 (1/4) \sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{DIG}^2}}$$

O primeiro termo desta fórmula fornece o ganho esperado com a seleção entre famílias e o segundo o ganho esperado dentro.

Sendo: GS_{EDIG} : ganho de seleção esperado entre e dentro de famílias de irmãos germanos;

σ_{IG}^2 : variância fenotípica entre médias de famílias de irmãos germanos, sendo

$$\sigma_{IG}^2 = \sigma_{PIG}^2 + \frac{\sigma_E^2}{r} + \frac{\sigma_{dIG}^2}{nr},$$

sendo σ_{PIG}^2 é a variância genética entre família de irmãos germanos, isto é, $\sigma_{PIG}^2 = (1/2) \sigma_A^2 + (1/4) \sigma_D^2$;

σ_{dIG}^2 : variância fenotípica entre plantas dentro das famílias de irmãos germanos que corresponde a:

$$(1/2) \sigma_A^2 + (3/4) \sigma_D^2 + \sigma_W^2;$$

Os demais parâmetros são os mesmos já definidos anteriormente.

Para o estabelecimento das expressões da eficiência dos métodos envolvendo estes dois tipos de famílias foi necessário conhecer a relação $\frac{\sigma_{IG}^2}{\sigma_{MI}^2}$. Esta relação foi obtida pela fórmula apresentada por VENCovsky (1975)^{1/}

$$\frac{\sigma_{IG}^2}{\sigma_{MI}^2} = \left[\frac{\sigma_{PIG}^2}{\sigma_{PMI}^2} \left(1 - \frac{1}{nr} \right) + \frac{1}{nr} + \frac{1}{rb_{MI}^2} \right] / \left(1 + \frac{1}{rb_{MI}^2} \right)$$

Para se conhecer a relação

$$\frac{\sigma_{PIG}^2}{\sigma_{PMI}^2} = \frac{(1/2) \sigma_A^2 + (1/4) \sigma_D^2}{(1/4) \sigma_A^2},$$

foi estabelecido que $\frac{\sigma_D^2}{\sigma_A^2} = d$.

^{1/} VENCovsky, R., 1975. Relatório de viagem enviado à FAPESP.

Este valor de d depende da frequência alélica da população e do tipo de interação alélica presente, uma vez que para um loco tem-se:

$$\sigma_D^2 = [2p(1-p)\delta]^2 \quad \text{e} \quad \sigma_A^2 = 2p(1-p) [\alpha + (1-2p)\delta]^2$$

(FALCONER, 1976),

onde: p : frequência do alelo favorável na população;

δ e α : contribuição dos heterozigotos e homozigotos em relação à média destes últimos, respectivamente, na manifestação do caracter.

É comum o cálculo do valor de σ_D^2/σ_A^2 para diferentes frequências do alelo favorável isoladamente, o que não permite uma perfeita visualização da população como um todo. Para contornar este aspecto, considerou-se o mesmo procedimento adotado por CURNOW e BAKER (1968) em que, as diferentes frequências alélicas de uma dada população se ajustam a uma distribuição Beta. Segundo SELBY e GIRLING (1965) uma variável aleatória p com distribuição Beta tem por função de densidade:

$$f(p) = \frac{\Gamma(x+z+2)}{\Gamma(x+1) \Gamma(z+1)} p^x (1-p)^z$$

onde: $0 < p < 1$;

x e z são parâmetros com $x > -1$ e $z > -1$;

Γ : função gama, sendo $\Gamma(x+1) = x \Gamma(x) = x!$

Nesta distribuição a média da variável p é fornecida pela fórmula

$$\bar{p} = \frac{x+1}{x+z+2} - \frac{\alpha}{\alpha+\beta}$$

Utilizando a distribuição Beta, três funções de distribuição foram obtidas: simulando uma população pouco melhorada, uma intermediária e uma melhorada. A partir destas funções de distribuição, utilizando-se de uma metodologia semelhante à proposta por WRIGHT (1931), obteve-se $\overline{\sigma_D^2}$ e $\overline{\sigma_A^2}$ (variância de dominância e aditivas médias, respectivamente), pela fórmula:

$$\overline{\sigma_D^2} = \int_0^1 [2p(1-p)\delta]^2 f(p) dp$$

$$\overline{\sigma_A^2} = \int_0^1 2p(1-p) [\alpha + (1-2p)\delta]^2 f(p) dp .$$

Para cada uma das distribuições de frequência alélica foram calculados os valores de δ , considerando $\delta = 0$ (ausência de dominância) $\delta = \frac{1}{2} \alpha$ (dominância parcial) $\delta = \alpha$ (dominância completa), $\delta = 1,5 \alpha$ (sobredominância).

Nas estimativas das eficiência relativas, além dos valores de δ e α já citados foram considerados valores da herdabilidade (h^2) variando de 5,0 a 30,0%, a relação do erro ambiental dentro das parcelas para o erro entre parcelas ($\frac{\sigma_W^2}{\sigma_E^2} = t$) de 5,0, 7,0 e 9,0 e diferentes combinações das percentagens de seleção entre e dentro para uma mesma intensidade final de seleção de 2% ($P = 0,02$). Para todos os casos considerou-se igual número de famílias sendo avalia-

das e o número de plantas por parcela (n) e de repetições (r) igual a 50 e 3, respectivamente.

É conveniente salientar que, como está sendo comparada a eficiência relativa dos métodos a partir de uma mesma população, isto é, considerando uma variância genética aditiva constante, as variações na herdabilidade são devidas a alterações nas condições ambientais (σ_E^2 e σ_W^2) e nos valores da variância de dominância.

Foram calculados também os valores da relação $\frac{\sigma_{dMI}^2}{\sigma_E^2} = c$ e do coeficiente de variação do experimento (CVE) para se ter indicações das condições em que uma determinada eficiência relativa foi obtida.

As comparações foram realizadas também considerando tamanho efetivo (N_e) iguais ou diferentes. As fórmulas utilizadas para o cálculo do tamanho efetivo foram desenvolvidas por VENCOVSKY (1977) ^{1/}:

$$N_{eIG} = \frac{4S}{2 - \frac{1}{F}} \quad \text{e} \quad N_{eMI} = \frac{16S}{4 + \frac{3}{M} - \frac{1}{F}} ;$$

como M (número de plantas masculinas no lote de recombinação) é normalmente grande pode-se escrever que:

$$N_{eMI} = \frac{16S}{4 - \frac{1}{F}} ,$$

^{1/} VENCOVSKY, R. 1977. Comunicação pessoal.

onde: N_{eIG} e N_{eMI} : tamanho efetivo populacional para famílias de irmãos germanos e meios irmãos respectivamente;

S : número de famílias selecionadas;

F : número de plantas femininas selecionadas dentro.

Quatro processos distintos de melhoramento intrapopulacional, utilizando estes dois tipos de família foram comparados, ou seja:

a) Seleção entre e dentro de famílias de irmãos germanos (SEDIG) com entre e dentro de famílias de meios irmãos sem sementes remanescentes (SEDMISSR).

b) Seleção entre e dentro de famílias de irmãos germanos (SEDIG) com entre e dentro de famílias de meios irmãos com sementes remanescentes (SEDMICSR).

c) Seleção entre famílias de irmãos germanos (SEIG) com SEDMISSR.

d) Seleção entre famílias de irmãos germanos (SEIG) com SEDMICSR.

Para a seleção entre e dentro de famílias de irmãos germanos o processo básico de condução considerado é o seguinte:

1º ano: Obtenção das famílias de irmãos germanos na população a ser melhorada. Isto é feito através do cruzamento manual das plantas aos pares.

2º ano: Ensaio de avaliação das famílias de irmãos germanos obtidas. Aqui pode ser adotado o mesmo procedimento que

está sendo mais recentemente utilizado no Departamento de Genética para a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos com sementes remanescentes (CUNHA, 1976 e SUAREZ LEZCANO, 1976) ou seja, ensaio em latice com 3 repetições e 50 plantas por parcela.

3º ano: Recombinação das melhores famílias, utilizando sementes remanescentes, e seleção massal dentro das famílias. Pode-se adotar também o mesmo procedimento que é feito com meios irmãos, sendo colocado no lote de recombinação 50 plantas de cada família.

Baseado na metodologia apresentada, cada ciclo demora três anos. Um procedimento que parece viável é a obtenção das famílias de irmãos germanos, realizando o "plantio de inverno" (fora da época normal). Tal prática parece ser perfeitamente possível na maior parte das nossas condições, desde que se proceda a irrigação. Isto não traz nenhuma consequência para o processo de seleção, já que não é feita nenhuma seleção, uma vez que o plantio fora de época é apenas para a obtenção dos pares de cruzamentos. Nas comparações realizadas envolvendo a seleção entre e dentro de famílias de irmãos germanos adotou-se este procedimento, de modo que para efeito de comparação, foi considerado um ciclo por dois anos.

Para a seleção apenas entre famílias de irmãos germanos considerou-se o mesmo procedimento apresentado anteriormente, exceto que, como não é feita a seleção dentro, já no lote de recom-

binação pode ser realizado o cruzamento das plantas aos pares. Convém ressaltar que tem sido mostrado que, na preservação de germoplasma o cruzamento manual planta a planta é o procedimento mais eficiente (VENCOVSKY, 1976). Utilizando este procedimento o melhorista deve tomar o cuidado de cruzar plantas de uma família com o maior número possível de plantas de outras famílias. Sendo assim, ao mesmo tempo em que é realizada a recombinação são obtidas as novas famílias de irmãos germanos a serem avaliadas. Com esta metodologia um ciclo demora dois anos, mesmo sem a realização do plantio fora de época.

Nas comparações envolvendo o método com seleção apenas entre famílias de irmãos germanos, a percentagem de seleção utilizada, considerando diferentes tamanhos efetivos, foi igual à percentagem entre das famílias de meios irmãos.

Com relação à seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, foi considerado o procedimento que é normal no Departamento de Genética, e tem sido relatado em várias oportunidades (PATERNIANI, 1968; ZINSKY, 1969; SILVA, 1969; TORRES SEGOVIA, 1976; CUNHA, 1976; SUÁREZ LEZCANO, 1976; entre outros).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 - Estimativas de Parâmetros Genéticos e Fenotípicos Utilizando Famílias de Meios Irmãos

O método de seleção intrapopulacional entre e dentro de famílias de meios irmãos vem sendo utilizado há alguns anos no Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", em Piracicaba. Concomitantemente têm sido obtidas estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos das populações em estudo. Um resumo destas estimativas está apresentado na Tabela 2. Como é utilizado apenas um tipo de família no método de meios irmãos, não é possível obter estimativas da variância de dominância ($\hat{\sigma}_D^2$). Mesmo assim, estas informações são de inestimável valor para o melhorista porque permitem, entre outras coisas, verificar quais são as possibilidades do êxito na seleção e as alterações na variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) com o decorrer dos ciclos de seleção.

Observa-se, pela tabela 2, que as maiores estimativas da variância genética aditiva foram obtidas para as populações

Tabela 2 - Estimativas de variância genética aditiva (σ_A^2), de variância do erro ambiental entre parcelas (σ_E^2), de média populacional ($\bar{X}$), de herdabilidade no sentido restrito (h^2), dos coeficientes de variação genética (CVG) e do experimento (CVE) e da relação CVG/CVE, obtidas para a produção de grãos ao nível de plantas individuais, para diferentes populações de milho do Departamento de Genética da ESALQ, USP, Piracicaba.

P o p u l a ç õ e s	Número de famílias testadas	σ_A^2 10 ⁻⁴	σ_E^2 10 ⁻⁴	$\bar{X}$ kg/planta	h^2 %	CVG %	CVE %	$\frac{CVG}{CVE}$	F o n t e
Dente Paulista original	227	7,53 ± 1,11*	(14,74)**	0,0896	26,22	15,31	19,10	0,80	PATERNIANI, 1967
Dente Paulista I	300	3,59 ± 0,70	(19,50)	0,1024	8,43	9,25	20,83	0,44	PATERNIANI, 1967
Dente Paulista II	231	2,12 ± 0,37	(17,45)	0,0799	12,69	9,11	16,62	0,55	PATERNIANI, 1967
Dente Paulista III	288	2,65 ± 0,56	(21,13)	0,1150	7,72	7,08	16,66	0,42	PATERNIANI, 1967
Piramex original	100	7,58 ± 1,47	(19,39)	0,1304	28,45	10,56	12,60	0,84	PATERNIANI, 1968
Piramex I	171	1,57 ± 0,41	(26,11)	0,1020	8,18	6,14	14,04	0,44	PATERNIANI, 1968
Piramex II	279	1,80 ± 0,40	(22,22)	0,1350	7,23	4,97	12,09	0,41	PATERNIANI, 1968
Piramex III	292	0,52 ± 0,29	(55,76)	0,1070	2,18	3,37	15,12	0,22	PATERNIANI, 1968
Piramex IV	294	1,75 ± 0,45	(25,71)	0,1020	7,80	6,48	15,19	0,43	PATERNIANI, 1968
Cateto	194	1,45 ± 0,45	(31,03)	0,0710	5,82	8,48	23,04	0,37	ZINSKY, 1969
Dente Paulista	194	5,52 ± 1,15	(20,83)	0,0992	10,99	11,84	23,27	0,51	ZINSKY, 1969
Cainçang	194	0,41 ± 0,20	(48,78)	0,0650	2,74	4,92	19,58	0,25	ZINSKY, 1969
C.Dentado A x C.Flint A (amarelas)	96	4,62 ± 1,67	(34,65)	0,1436	8,28	7,64	17,36	0,44	CARMO, 1969
C.Dentado A x C.Flint A (brancas)	96	4,71 ± 1,72	(36,52)	0,1390	7,64	7,81	18,48	0,42	CARMO, 1969
C.Dentado (amarelas)	96	4,07 ± 0,39	(9,56)	0,2012	17,35	5,01	7,78	0,64	QUEIROZ, 1969
C.Dentado (brancas)	96	3,27 ± 0,37	(11,31)	0,2006	13,93	4,51	7,84	0,58	QUEIROZ, 1969
Cateto Colombia original	188	4,58 ± 1,48	(32,31)	0,1163	7,76	9,20	21,60	0,42	SILVA, 1969
Cateto Colombia I	188	3,02 ± 0,59	(19,54)	0,0976	17,17	8,90	13,88	0,64	SILVA, 1969
Pentado	700	4,40 ± 0,59	(13,41)	0,1424	12,62	7,36	13,48	0,55	MIRANDA FILHO et alii, 1972
C.Flint	800	1,98 ± 0,40	(20,20)	0,1280	6,56	5,50	14,06	0,39	MIRANDA FILHO et alii, 1972
C.Flint (branco)	500	2,28 ± 0,43	(18,86)	0,1275	8,42	5,92	13,34	0,44	SUÁREZ LEZCANO, 1976
Centralex x original	285	1,12 ± 0,47	(41,96)	0,1176	3,02	4,50	17,05	0,26	TORRES SEGOVIA, 1976
Centralex I	291	2,52 ± 0,77	(30,56)	0,1113	4,48	7,13	22,12	0,32	TORRES SEGOVIA, 1976
Centralex II	291	1,16 ± 0,66	(56,90)	0,1221	2,09	4,41	20,10	0,22	TORRES SEGOVIA, 1978
Centralex III	284	1,87 ± 0,49	(29,34)	0,1185	5,00	5,45	16,01	0,34	TORRES SEGOVIA, 1978
Centralex IV	388	3,43 ± 1,26	(36,73)	0,1648	4,84	5,62	16,76	0,34	TORRES SEGOVIA, 1976
Centralex V	500	3,27 ± 0,99	(30,28)	0,1426	4,49	6,34	19,64	0,32	TORRES SEGOVIA, 1976
Centralex VI	500	3,89 ± 0,73	(16,77)	0,1429	8,46	6,90	15,50	0,44	TORRES SEGOVIA, 1976
SALQ-HVI-MII	700	6,06 ± 0,67	(11,06)	0,1322	17,50	9,31	14,38	0,65	CUNHA, 1976
SALQ-HVI-MII-HSI	500	3,37 ± 0,50	(14,84)	0,1266	12,12	7,25	13,54	0,53	CUNHA, 1976

* Erro da estimativa de variância genética aditiva: $s(\sigma_A^2)$.

Piramex original ($7,58 \times 10^{-4}$) e Dente Paulista original ($7,53 \times 10^{-4}$) e, as menores, para as populações Caingang ($0,41 \times 10^{-4}$) e Piramex III ($0,52 \times 10^{-4}$). A estimativa média das variâncias genética aditiva das trinta populações apresentadas, foi de $3,20 \times 10^{-4}$. O problema destas estimativas é que foram obtidas de experimentos conduzidos, na maioria dos casos, em apenas uma localidade e num único ano; assim, foram superestimadas devido ao componente de variação resultante da interação genótipo por ambiente (σ_{AE}^2) que não pôde ser isolado. Segundo GARDNER (1963) este componente da variância de interação pode atingir a mais de 50% do valor da estimativa da variância genética aditiva. MOLL e ROBINSON (1967), por outro lado, argumentam que para uma estimativa ter validade ela deve ser obtida em, pelo menos, dois locais ou dois anos.

× No presente caso, apesar de as estimativas da variância genética aditiva estarem superestimadas, os valores foram semelhantes aos encontrados para várias populações, cujas estimativas, na maioria dos casos foram obtidas em mais de um ambiente tendo sido, portanto, isolado o componente σ_{AE}^2 (MOLL *et alii*, 1966; HALLAUER e WRIGHT, 1967; HALLAUER, 1970; MARQUEZ-SANCHEZ e HALLAUER, 1970; SENTZ, 1971; SUBANDI e COMPTON, 1974; SILVA e HALLAUER, 1975; entre outros) e bem inferiores a outras (LINDSEY *et alii*, 1962; GOODMAN, 1965; entre outros). Utilizando algumas das populações indicadas na tabela 2, MIRANDA FILHO e VENCovsky (1972) chegaram à mesma conclusão.

Uma das razões para o fato de que as estimativas apresentadas na tabela 2 não estejam superestimadas, foi fornecida por COMSTOCK e MOLL (1963). Eles argumentam que os resultados mais críticos, da interação genótipo por ambiente, seriam obtidas usando tipos de famílias que exibem maior variância genética. Segundo eles, as famílias de meios irmãos liberam pouca variância genética aditiva e, conseqüentemente, é pequena a interação dos efeitos aditivos por ambiente neste tipo de família.

Um outro aspecto a considerar nas comparações entre estimativas de componentes genéticos é discutido por SUBANDI e COMPTON (1974). Para eles, quando se comparam estimativas obtidas em diferentes estudos, envolvendo diferentes densidades populacionais, elas devem ser expressas na mesma unidade de área a fim de reduzir os erros ao se fazer inferências. Como as estimativas aqui relatadas são obtidas com um maior número de plantas por área (50.000 plantas/ha, normalmente), comparadas com as fornecidas em outras condições (LINDSEY *et alii*, 1962, usaram 20.000 plantas/ha; SENTZ, 1971, 32.000 plantas/ha, por exemplo), possivelmente, por unidade de área as estimativas obtidas para as populações brasileiras seriam maiores. Isto invalidaria as observações feitas anteriormente. Entretanto, mais estudos a este respeito devem ser conduzidos, visando fornecer dados que permitam comparações mais precisas da variabilidade genética livre presente nas populações.

Para os casos apresentados, onde uma mesma população foi submetida a mais de um ciclo de seleção, apenas a população Centralmex (TORRES SEGOVIA, 1976) não mostrou redução na variância genética aditiva da população original para o ciclo I de seleção. Para a população Dente Paulista (PATERNIANI, 1967), a redução na variância genética aditiva da população original para o ciclo I foi de 52,5%; por outro lado, para a população Piramex (PATERNIANI, 1968) a redução foi mais acentuada, isto é, 79,3%. Para as populações Cateto Colombia (SILVA, 1969) e ESALQ-HVI-MII (CUNHA, 1976) as reduções observadas foram menores, isto é, 34,1% e 45,0% respectivamente. Nos demais ciclos seletivos a variância genética aditiva permaneceu mais ou menos constante e de um modo geral, as flutuações observadas estiveram dentro do erro das estimativas.

Este mesmo comportamento da variância genética aditiva, com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, foi também observado por WEBEL e LONNQUIST (1967) na variedade "Hays Golden", isto é, redução na variância genética aditiva da população original para o ciclo I de seleção, e não alteração durante as três gerações subsequentes.

Procurando explicar este comportamento da variância genética aditiva com os ciclos de seleção no método entre e dentro de famílias de meios irmãos, WEBEL e LONNQUIST (1967) e PATERNIANI (1968), baseados na sugestão de LERNER (1958), argumentam que "a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, no primeiro ciclo,

utiliza o máximo da variabilidade livre existente na população. Essa variabilidade corresponde a segregação entre blocos poligênicos. Do primeiro ciclo em diante é utilizada, em grande parte, a variabilidade genética latente presente dentro de blocos poligênicos e que vai sendo gradativamente libertada pela permuta genética". Para evitar uma redução drástica na variância genética aditiva, no início da seleção, PATERNIANI (1968) recomenda o uso de um maior número de famílias para ser avaliado.

Uma vez que o erro padrão das estimativas da variância genética aditiva é de grande importância ao se fazer inferências a respeito de uma dada estimativa, este foi estimado para todas as populações apresentadas na tabela 2. Pelo menos aparentemente, não ocorreu nenhuma relação entre o número de famílias testadas e o erro das estimativas obtidas. No entanto, pode ser observado que, proporcionalmente, as menores estimativas da variância genética aditiva apresentam maiores erros.

Deve ser ressaltado que os erros das estimativas obtidas no Departamento de Genética foram, de um modo geral, de uma magnitude semelhante aos relatados em outras condições, com outras populações. Por exemplo, GOODMAN (1965) obteve um erro da estimativa da variância genética aditiva de 40,48% desta, para a população "Corn Belt Composite" e de 32,72% para a "West Indian Composite" (média de dois locais). SENTZ (1971) por sua vez, encontrou 42,21% usando o delineamento I e 28,16% com o delineamento II para a população "Minnesota Synthetic - 3".

Os valores da herdabilidade (h^2) devem ser computados na base do tipo de unidade de seleção que é usada para estimar o progresso esperado (DUDLEY e MOLL, 1969). Entretanto, como os melhoristas utilizam-se normalmente de números diferentes de repetições, de locais de anos e de tipos de famílias nas unidades de seleção, torna-se difícil comparar os resultados obtidos. Em vista disto, neste estudo optou-se pelo uso da estimativa da herdabilidade no sentido restrito, ao nível de plantas, como o realizado por ROBINSON *et alii* (1949), que é comparável em um maior número de situações.

As estimativas da herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas, estão apresentadas na tabela 2. Observa-se que a maior estimativa foi para a população Piramex original (28,45%) e a menor para a população Piramex III (2,15%). A herdabilidade média das 30 populações consideradas foi de 9,67% e apenas duas populações apresentaram herdabilidade acima de 20,0%.

Com relação às estimativas do coeficiente de variação genético (CVG) observa-se, na tabela 2, que os valores obtidos variaram de 3,37% a 15,31% com uma média de 7,21%. De um modo geral não houve uma concordância perfeita entre estas estimativas e a da variância genética aditiva. Nota-se que a não concordância é devida a diferenças na produção média das populações. Deve-se salientar que as diferenças nas produções médias das populações podem prejudicar a utilização do coeficiente de variação genético para a comparação da

variabilidade genética livre presente, em diferentes populações ou em diferentes ciclos seletivos de uma mesma população.

Para atenuar o problema da utilização do coeficiente de variação genético, devido às diferenças nas médias populacionais, PATERNIANI (1968) recomenda o emprego da produção média das testemunhas, que são comuns no decorrer de todo o trabalho, ao invés da média populacional. Tal procedimento contudo, apesar de muito útil na comparação da variabilidade livre presente em diferentes ciclos seletivos de uma mesma população, não poderá ser usado quando envolver a comparação da variabilidade genética livre, medida pelo coeficiente de variação genético presente em populações distintas e cujas estimativas não foram obtidas em relação à mesma testemunha.

Uma vez que o progresso com a seleção está diretamente relacionado com a precisão com que as famílias foram avaliadas, a determinação do coeficiente de variação do experimento (CVE) é indispensável. O coeficiente de variação médio dos experimentos conduzidos em Piracicaba foi de 16,37%, podendo-se considerar como de precisão média (PIMENTEL GOMES, 1976). A menor estimativa foi de 7,7% para o Composto Dentado - progênie amarelas (QUEIROZ, 1969) e a maior 23,27% para o Dente Paulista (ZINSKY, 1969). Deve-se considerar que nos experimentos envolvendo o Composto Dentado, realizado por QUEIROZ (1969) foi avaliada a produção individual de 5 plantas por parcela ao invés da produção total, como ocorreu nos demais experimentos; talvez esta seja a causa de uma baixa estimativa do coeficiente de variação do experimento.

Para solucionar o problema de se comparar a variabilidade genética de populações, testadas em diferentes condições, poderia ser usado o coeficiente b proposto por VENCOVSKY (1975)^{1/}, o qual dá a proporção da variância genética entre as famílias de meios-irmãos em relação ao erro residual. Deve-se salientar que, neste caso, a média populacional não terá influência nas comparações a serem realizadas. Procedimento semelhante a este foi usado por SILVA e LONNQUIST (1969) para verificar as alterações na variância genética com os ciclos de seleção, uma vez que comparações diretas não poderiam ser feitas, pois eles não obtiveram as estimativas da variância genética para as populações, selecionadas e a original, nas mesmas condições de ambiente.

Observa-se na tabela 2, que os valores de b variam de 0,22 (populações Piramex III e Centralmex II) a 0,84 (população Piramex original), com uma estimativa média de 0,45.

Quando se compara a variabilidade genética livre de uma mesma população durante os ciclos seletivos, através das estimativas de b , nota-se que da população original para o ciclo I a redução foi de cerca de 45,0%, 47,0% e 18% respectivamente para as populações Dente Paulista, Piramex e ESALQ-HVI-MII. Como se observa, esta redução é de magnitude inferior àquela anteriormente discutida, utilizando a variância genética aditiva. Para a população Cateto Colombia (SILVA, 1969), contudo, observou-se o contrário ou seja, um

^{1/} VENCOVSKY, R., 1975. Relatório de viagem enviado à FAPESP.

aumento de 52% na estimativa de $\underline{b}$ para o ciclo I em relação à população original. Deve-se ressaltar que esta diferença de comportamento foi devida à grande diferença no valor da estimativa do erro ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_E^2$) da população original ($5,25 \times 10^{-4}$) e a do ciclo I ($1,53 \times 10^{-4}$).

5.2 - Efeito das Combinações de Percentagens de Seleção Entre e Dentro das Famílias de Meios Irmãos

Na seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos os melhoristas devem procurar a melhor combinação das percentagens de seleção entre e dentro das famílias, visando obter maiores ganhos. Para este propósito foram obtidas, a partir dos dados apresentados na tabela 2, estimativas do ganho percentual esperado para diferentes combinações das percentagens de seleção entre e dentro, com o uso ou não de sementes remanescentes, para as populações "Dente Paulista original, ESALQ-HVI-MII-HSI e Cateto; os resultados obtidos são apresentados nas tabelas 3, 4 e 5, respectivamente. A escolha destas três populações para a obtenção das estimativas do ganho esperado foi devido ao fato de apresentarem três níveis distintos da estimativa da variância genética aditiva e estimativas semelhantes do erro ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_E^2$).

Considerando o processo inicialmente sugerido por LONNQUIST (1964), isto é, sem o uso de sementes remanescentes (uma geração por ciclo) e considerando uma proporção final selecionada de

Tabela 3 - Estimativas do ganho percentual ($\frac{GS}{\bar{X}} \times 100$) esperado com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos para diferentes percentagens de seleção na população Dente Paulista original (PATERNIANI, 1967).

Proporção selecionada	% seleção		Sem sementes remanescentes			Com sementes remanescentes			
	Entre	Dentro	Entre	Dentro	Total	Entre	Dentro	Total	Anual
0,02	100,0	2,0	0,00*	14,36	14,36	0,00	14,36	14,36	14,36
	25,0	8,0	7,90	11,47	19,37	15,80	11,47	27,27	13,64
	20,0	10,0	8,70	10,87	19,57	17,40	10,87	28,27	14,14
	10,0	20,0	10,90	8,75	19,65	21,80	8,75	30,55	15,28
	5,0	40,0	12,82	6,06	18,88	25,64	6,06	31,70	15,85
	2,0	100,0	15,04	0,00	15,04	30,08	0,00	30,08	15,04
0,01	50,0	2,0	4,95	14,35	19,30	9,90	14,35	24,25	12,12
	25,0	4,0	7,90	13,08	20,98	15,80	13,08	28,88	14,44
	10,0	10,0	10,90	10,87	21,77	21,80	10,87	32,67	16,34
	5,0	20,0	12,82	8,75	21,57	25,64	8,75	34,39	17,20
	2,0	50,0	15,04	5,01	20,05	30,08	5,01	35,09	17,54
	1,0	100,0	16,56	0,00	16,56	33,12	0,00	33,12	16,56

* Estimativas obtidas a partir dos dados apresentados na tabela 2.

Tabela 4 - Estimativas do ganho percentual ($\frac{GS}{\bar{X}} \times 100$) esperado com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos para diferentes percentagens de seleção na população ESALQ-HVI-MII-HSI (CUNHA, 1976).

Proporção selecionada	% seleção		Sem sementes remanescentes			Com sementes remanescentes			
	Entre	Dentro	Entre	Dentro	Total	Entre	Dentro	Total	Anual
0,02	100,0	2,0	0,00*	4,54	4,54	0,00	4,54	4,54	4,54
	25,0	8,0	3,13	3,63	6,76	6,26	3,63	9,89	4,94
	20,0	10,0	3,45	3,44	6,89	6,90	3,44	10,34	5,17
	10,0	20,0	4,32	2,76	7,08	8,64	2,76	11,40	5,70
	5,0	40,0	5,08	1,92	7,00	10,16	1,92	12,08	6,04
	2,0	100,0	5,97	0,00	5,97	11,94	0,00	11,94	5,97
0,01	50,0	2,0	1,96	4,54	6,50	3,92	4,54	8,46	4,23
	25,0	4,0	3,13	4,13	7,26	6,26	4,13	10,39	5,20
	10,0	10,0	4,32	3,44	7,76	8,64	3,44	12,08	6,04
	5,0	20,0	5,08	2,76	7,84	10,16	2,76	12,92	6,46
	2,0	50,0	5,97	1,58	7,55	11,94	1,58	13,52	6,76
	1,0	100,0	6,57	0,00	6,57	13,14	0,00	13,14	6,57

* Estimativas obtidas a partir dos dados apresentados na tabela 2.

Tabela 5 - Estimativas do ganho percentual ($\frac{GS}{\bar{X}} \times 100$) esperado com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, para diferentes percentagens de seleção na população Cate-to (ZINSKY, 1969).

Proporção selecionada	% seleção		Sem sementes remanescentes			Com sementes remanescentes			
	Entre	Dentro	Entre	Dentro	Total	Entre	Dentro	Total	Anual
0,02	100,0	2,0	0,00*	3,65	3,65	0,00	3,65	3,65	3,65
	25,0	8,0	2,90	2,92	5,82	5,80	2,92	8,72	4,36
	20,0	10,0	3,19	2,76	5,95	6,38	2,76	9,14	4,57
	10,0	20,0	4,00	2,22	6,22	8,00	2,22	10,22	5,11
	5,0	40,0	4,70	1,54	6,24	9,40	1,51	10,94	5,47
	2,0	100,0	5,52	0,00	5,52	11,04	0,00	11,04	5,52
0,01	50,0	2,0	1,82	3,65	5,47	3,64	3,65	7,29	3,64
	25,0	4,0	2,90	3,32	6,22	5,80	3,32	9,12	4,56
	10,0	10,0	4,00	2,76	6,76	8,00	2,76	10,76	5,38
	5,0	20,0	4,70	2,22	6,92	9,40	2,22	11,62	5,81
	2,0	50,0	5,52	1,27	6,79	11,04	1,27	12,31	6,16
	1,0	100,0	6,07	0,00	6,07	12,14	0,00	12,14	6,07

* Estimativas obtidas a partir dos dados apresentados na tabela 2.

2% ($P = 0,02$) verifica-se para a população Dente paulista original (tabela 3) que o maior ganho esperado foi obtido com 10% de seleção entre e 20% dentro, o mesmo ocorrendo com a população ESALQ-HVI-MII-HSI (tabela 4). Para a população Cateto, a de menor variância genética aditiva entre as três, a maior estimativa do ganho esperado foi obtida com 5% de seleção entre e 40% dentro (tabela 5). Porém, estas estimativas são semelhantes àsquelas obtidas com 20% entre e 10% dentro, que são as percentagens normalmente utilizadas nos trabalhos de seleção com famílias de meios irmãos conduzidos em Piracicaba (PATERNIANI, 1967 e 1968; SILVA, 1969; ZINSLY, 1969; CUNHA, 1976; SUÁREZ LEZCANO, 1976; TORRES SEGOVIA, 1976; entre outros).

A figura 1 apresenta a proporção relativa do ganho esperado com seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em relação à seleção aplicada apenas dentro das famílias (um tipo de seleção massal estratificada dentro das famílias). Como era de se esperar, nota-se que quanto maior a variância genética aditiva presente, menor foi a vantagem de se utilizar o método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em relação à seleção apenas dentro. Por exemplo, com 20% de seleção entre e 10% dentro, obteve-se uma estimativa superior em 36,28% àquela da seleção apenas dentro para a população Dente Paulista original; ao passo que para a população Cateto nas mesmas condições, a estimativa foi 63,01% superior.

Verifica-se, assim, que a seleção entre e dentro das famílias de meios irmãos, sem sementes remanescentes, tende a ser

Figura 1 - Eficiência do ganho esperado na seleção, com as diferentes combinações de percentagens de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, em relação à seleção apenas dentro (2% de seleção dentro), considerando o processo sem sementes remanescentes nas populações: A) Cateto; B) ESALQ-HVI-MII-HSI; C) Dente Paulista original.

mais vantajosa que a seleção "massal estratificada", considerando a mesma proporção selecionada, mesmo para aquelas populações com herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas igual a 26,22%, como foi o caso da população Dente Paulista original. Na literatura, encontram-se resultados que confirmam este fato, embora as condições em que foram feitas as comparações não sejam as mesmas no que se refere à intensidade de seleção ou ao número de ciclos de seleção aplicado em cada uma das populações (ZINSKY, 1969; COMPTON e BAHADUR, 1977).

As tabelas 3, 4 e 5 apresentam, também, as estimativas considerando a proporção final selecionada de 1% ($P = 0,01$) que, dependendo do programa, podem ser perfeitamente utilizadas. Observa-se que para a população de maior variância genética aditiva, a maior estimativa foi obtida com 10% de seleção entre e 10% de seleção dentro (tabela 3). Contudo para as outras duas, as maiores estimativas foram obtidas com 5% entre e 20% dentro. Isto concorda plenamente com os resultados apresentados para $P = 0,02$ onde, para as populações com menor variância genética aditiva, maiores estimativas do ganho são esperadas para as combinações que utilizam de uma menor percentagem de seleção entre as famílias.

Quando se compara, por exemplo, o ganho estimado pela percentagem de seleção de 10% entre e 10% dentro ($P = 0,01$) com 20% entre e 10% dentro ($P = 0,02$), verifica-se que o primeiro caso é 13,61% e 11,24% superior, para as populações Cateto e Dente Pau-

lista respectivamente. Isto mostra que num programa de melhoramento com seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, principalmente se o objetivo é a obtenção de ganhos a curto prazo, deve-se utilizar de uma maior intensidade de seleção.

O problema advindo da utilização de uma maior intensidade de seleção está relacionado à diminuição do tamanho efetivo populacional. Pois, a menos que um adequado número de plantas seja retido para a recombinação em cada ciclo, há maior probabilidade que muitos alelos indesejáveis possam ser fixados, devido à oscilação genética, o que limitará os futuros progressos com a seleção nesta população.

Os trabalhos teóricos realizados por RAWLINGS(1970) mostraram contudo, que o tamanho efetivo populacional necessário para permitir a fixação dos alelos favoráveis, com a seleção recorrente, é relativamente baixo. Ele discute por exemplo, que um tamanho efetivo populacional de somente 22, considerando uma intensidade de seleção de 0,01, é suficiente para fornecer uma probabilidade de pelo menos 95% para, eventualmente, fixar o alelo favorável, mesmo se a frequência gênica inicial for tão baixa como 0,25. Porém, considerando a frequência do alelo favorável de 0,10 o tamanho efetivo necessário aumenta para 37. Resultados semelhantes a estes foram relatados por BAKER e CURNOW (1969). Tais estimativas são, como já foi dito, teóricas e necessitam de confirmação.

Apesar de não existirem resultados, sob condições de campo, que forneçam indicações no tocante ao tamanho efetivo populacional, ~~contudo~~, há resultados como os obtidos relatados por COMPTON E BAHADUR (1977), com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos na variedade "Hays Golden" por 10 ciclos seletivos, que oferecem uma boa indicação, já que, como dito anteriormente, foram obtidos progressos contínuos mantendo considerável variância genética aditiva na população. Neste programa estão sendo utilizadas 220 famílias com a seleção de 44 e de 5 plantas de cada família. Como o número de plantas por eles utilizado, por família, no lote de recombinação é de 25, a percentagem de seleção adotada é portanto de 20% entre e 20% dentro ($P = 0,04$). Nestas condições, pode-se estimar o tamanho efetivo populacional como sendo de 185.

A partir dos dados apresentados na tabela 6, pode-se calcular o número mínimo de famílias que deve ser testado para se obter o mesmo tamanho efetivo, como aquele da variedade "Hays Golden". No caso da combinação de percentagem de seleção, normalmente utilizada em Piracicaba (20% entre e 10% dentro, $P = 0,02$), seriam necessárias 219 famílias. Nota-se, pelos dados apresentados na tabela 2, que o número de famílias avaliadas em Piracicaba tem sido superior a este, na maioria dos casos. Para uma percentagem de seleção de 10% entre e 10% dentro ($P = 0,01$) seria necessário avaliar em cada ciclo, no mínimo 440 famílias. Deve-se considerar que tem sido utilizado, mais recentemente, um número de famílias superior a este,

o que mostra ser perfeitamente viável tentar incrementar os ganhos com a seleção entre e dentro das famílias através de uma maior intensidade de seleção.

Tabela 6 - Tamanho efetivo populacional (N_e) para as diferentes percentagens de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos. Cálculos considerando uma população de tamanho 100 e o número de plantas por família no lote de recombinação igual a 50.

Proporção selecionada	% Seleção		N_e
	Entre	Dentro	
0,02	100,0	2,0	533,33
	25,0	8,0	106,67
	20,0	10,0	84,21
	10,0	20,0	41,02
	5,0	40,0	20,25
	2,0	100,0	8,04
0,01	50,0	2,0	266,67
	25,0	4,0	114,28
	10,0	10,0	42,10
	5,0	20,0	20,51
	2,0	50,0	8,08
	1,0	100,0	4,02

Em relação ao uso de sementes remanescentes (duas gerações por ciclo) são apresentados os ganhos percentuais totais por ciclo e anuais. É conveniente salientar que, para o caso da seleção apenas dentro das famílias (2% de seleção dentro), não foi feita a divisão por dois para se obter o ganho anual. Isto, porque a seleção pode ser repetida todo ano e considerou-se como válida a estimativa da variância genética aditiva para os dois anos, uma vez que os trabalhos com seleção massal não têm mostrado redução na variância genética aditiva das populações, no decorrer dos ciclos de seleção (LONNQUIST *et alii*, 1966).

Pelas estimativas apresentadas nas tabelas 3, 4 e 5, constata-se que para a obtenção de maiores ganhos, quando se usa sementes remanescentes, para $P = 0,02$, deve-se utilizar de uma menor percentagem de seleção entre as famílias. Nota-se, por exemplo, na população Dente Paulista original, para a combinação de percentagens comumente em uso, que o ganho esperado por ano chega a ser inferior ao obtido praticando apenas seleção dentro (tabela 3, figura 2). Observa-se também, que com a diminuição da variância genética aditiva das populações, aumenta a vantagem de se aplicar menores percentagens de seleção entre.

Comparando o ganho anual esperado nos dois esquemas, com e sem sementes remanescentes, constata-se que a vantagem do processo sem sementes remanescentes é tanto maior quanto maior for a variância genética aditiva da população e maior a percentagem de se

Figura 2 - Eficiência do ganho esperado na seleção, com as diferentes combinações das percentagens entre e dentro de famílias de meios irmãos, em relação à seleção apenas dentro (2% de seleção dentro), considerando o processo com sementes remanescentes, ganho anual, nas populações: A) Cateto; B) ESALQ-HVI-MII-HSI; C) Dente Paulista original.

leção entre as famílias. Baseado nos resultados apresentados na literatura, que mostram uma contribuição igual da seleção entre e dentro das famílias de meios irmãos para o ganho total no processo sem sementes remanescentes, COMPTON e COMSTOCK (1976) predisseram que o processo de seleção envolvendo sementes remanescentes fornecerá cerca de 75% do ganho anual em relação ao obtido sem sementes remanescentes.

Tal previsão está de acordo com as estimativas obtidas no presente trabalho, para a percentagem de seleção de 20% entre e 10% dentro, que se comparam àquelas utilizadas nos trabalhos em que COMPTON e COMSTOCK (1976) se basearam. Para esta combinação de percentagem de seleção, as estimativas do ganho esperado anualmente, com sementes remanescentes em relação a sem sementes remanescentes foram de 76,81%, 75,04% e 72,25%, para as populações Cateto, ESALQ-HVI-MII-HSI e Dente Paulista original, respectivamente.

Apesar da redução de 25% a 30% no ganho esperado com o uso de sementes remanescentes, o processo pode ser justificado devido à facilidade de condução e custo reduzido (COMPTON e COMSTOCK, 1976). Isto porque, no primeiro ano, só é feita a avaliação das famílias e a seleção entre e, no segundo ano, a recombinação das melhores famílias e seleção dentro. Além disto, pelo fato da recombinação envolver só as melhores famílias, há uma redução no tamanho do campo de recombinação e, conseqüentemente, no número de progenitores utilizados como fêmeas, para ser despendoado. Estas vantagens

favorecem a avaliação de um maior número de famílias o que, conseqüentemente, permite que se aplique uma menor percentagem de seleção entre, aumentando assim a eficiência deste processo seletivo, sem prejuízo do tamanho efetivo populacional.

As percentagens do ganho devido à seleção entre as famílias em relação às estimativas do ganho total, com e sem o uso de sementes remanescentes, para $P = 0,02$, está apresentada na tabela 7. Nota-se, de início, que no processo de seleção usando sementes remanescentes é maior a contribuição da seleção entre as famílias para o ganho total, independente da população. Isto é fácil de ser explicado e, para isto, basta observar as expressões que fornecem o ganho esperado com a seleção, apresentadas por VENCovsky (1969) e COMPTON e COMSTOCK (1976). No processo sem sementes remanescente, pelo fato de haver seleção apenas do lado feminino, utiliza-se a metade da variância genética aditiva existente entre as famílias de meios irmãos; já com sementes remanescentes, como a seleção entre é feita em ambos os progenitores, utiliza-se toda a variância genética aditiva.

Tabela 7 - Valores percentuais do ganho esperado devido à seleção entre famílias de meios irmãos em relação ao ganho esperado total para as populações, Cateto, ESALQ-HVI-MII-HSI e Dente Paulista original. Valores obtidos para os processos com e sem sementes remanescentes.

Percentagem de seleção		POPULAÇÕES					
Entre	Dentro	Cateto		ESALQ-HVI-MII-HSI		Dente Paulista original	
		A*	B**	A	B	A	B
100	2	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
25	8	49,83	66,51	46,30	63,30	40,78	57,94
20	10	53,62	69,80	50,07	66,73	44,46	61,55
10	20	64,31	78,28	61,02	75,76	55,47	71,35
5	40	75,32	85,92	72,57	84,10	67,80	80,88
2	100	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00

*A = Sem sementes remanescentes;

**B = Com sementes remanescentes.

É evidente que quanto menor a percentagem de seleção entre as famílias tanto maior será a proporção do ganho em relação ao total (tabela 7). Também aqui, as expressões que fornecem as estimativas do ganho esperado, referidas anteriormente, permitem visualizar este fato. Quanto menor a percentagem de seleção entre as famílias, maior o valor do diferencial de seleção estandardizado(k_1)

entre as famílias e, conseqüentemente, maiores os ganhos. Além disto, como a intensidade final de seleção para a obtenção da estimativa foi sempre a mesma ($P = 0,02$), quanto maior o k_1 , menor o k_2 que entra na parte correspondente a estimativa do ganho de seleção dentro e, assim, menor será a contribuição da seleção dentro, para o ganho total.

Observa-se também na tabela 7, que é grande a influência da herdabilidade da população na proporção do ganho devido à seleção entre. Como a eficiência da seleção massal cresce com o aumento da herdabilidade, a contribuição da seleção entre foi menor na população com maior herdabilidade. Com a combinação da percentagem de seleção usual (20% entre e 10% dentro) e considerando o processo sem sementes remanescentes, observa-se que o ganho devido à seleção entre famílias é de 44,46% para a população com maior herdabilidade (Dente Paulista original); porém é de 53,62% para a população com menor herdabilidade (Cateto).

5.3 - Comparações Entre Processos de Seleção Para o Melhoramento Intrapopulacional Envolvendo Famílias de Irmãos Germanos e de Meios Irmãos

Para realizar as comparações entre os processos de seleção intrapopulacional, envolvendo a utilização de famílias de irmãos germanos e de meios irmãos, foram desenvolvidas expressões que permitem estabelecer a eficiência relativa dos métodos de melhoramento com estes dois tipos de famílias, quando aplicados a uma mes

ma população, em diferentes condições experimentais. O desenvolvimento destas expressões está apresentado no apêndice.

Antes de entrar nas comparações propriamente ditas é necessário discutir os aspectos relacionados com as condições em que elas foram feitas.

Inicialmente é preciso considerar que para se obter as expressões que permitem estabelecer a eficiência entre estes tipos de famílias, é necessário conhecer o valor da relação $\sigma_D^2/\sigma_A^2 = d$, como está mostrado no apêndice (expressões 1, 2 e 3). É conveniente salientar que nos trabalhos visando à comparação de processos de seleção, a relação σ_D^2/σ_A^2 é de grande importância, pois reflete o tipo de interação alélica predominante no controle do carácter e deste factor pode depender a maior ou menor eficiência de um dado método de seleção.

A magnitude do quociente σ_D^2/σ_A^2 depende também da frequência alélica. Assim sendo, para a obtenção dos valores de d , foi considerado que as frequências dos alelos favoráveis ajustam-se a uma distribuição Beta. O uso desta distribuição possui a vantagem de incluir todas as frequências possíveis dos alelos favoráveis envolvidos no controle do carácter permitindo assim a visualização da população como um todo.

Utilizando a função Beta foram simuladas três populações cujas representações gráficas estão mostradas na figura 7 (apêndice). A curva A, representa uma população pouco melhorada, em

que a frequência média dos alelos favoráveis ($\bar{p}$) é de 0,333. Para se ter uma melhor visualização desta população, é conveniente dizer que cerca de 66,3% dos alelos favoráveis possuem uma frequência alélica (p) inferior a 0,4. A representação gráfica da população com frequência alélica média de 0,500, está mostrada pela curva B. Neste caso cerca de 35,2% dos alelos favoráveis possuem uma frequência inferior a 0,4. A curva C, simula uma população melhorada ($\bar{p} = 0,667$), sendo que nesta situação, apenas 8,7% dos alelos favoráveis apresentam frequência alélica inferior a 0,4.

Com estas funções de distribuição das frequências alélicas foram calculados os valores de $\underline{d}$, estando os resultados apresentados na tabela 8. Com ausência de dominância ($\delta = 0$), não existe evidentemente variância de dominância e portanto $d = 0,00$ independente da frequência alélica da população. Observa-se também que com o aumento da frequência alélica média da população são maiores os valores de $\underline{d}$.

Tabela 8 - Valores de $\underline{d}$ (relação $\frac{\sigma_D^2}{\sigma_A^2}$) calculados considerando que as frequências dos alelos na população ajustam-se a uma distribuição Beta.

Interação alélica	Frequência alélica média ($\bar{p}$)		
	0,333	0,5000	0,6667
Ausência de dominância ($\delta = 0$)	0,000	0,000	0,000
Dominância parcial ($0,5\alpha = \delta$)	0,080	0,103	0,131
Dominância completa ($\alpha = \delta$)	0,250	0,375	0,625
Sobredominância ($1,5\alpha = \delta$)	0,441	0,729	1,500

Entre os vários genes que controlam um caracter, como a produção de grãos no milho, devem estar envolvidos vários tipos de interações alélicas. Devido a isto, os valores de $\underline{d}$ apresentados foram calculados considerando quatro tipos de interação alélica (tabela 8). Dependendo da situação pode-se associar os valores obtidos com o intuito de se visualizar a relação $\overline{\sigma_D^2}/\overline{\sigma_A^2}$ considerando proporções diferentes dos vários tipos de interações alélicas. É importante salientar, também, que os valores de $\underline{d}$ encontrados (variando de 0,00 a 1,50), estão dentro dos limites citados na literatura para esta relação obtida, para o rendimento de grãos de milho, em diferentes variedades e condições (ROBINSON *et alii*, 1955; LINDSEY *et alii*, 1962; GOODMAN, 1965; MOLL *et alii*, 1966; HALLAUER e WRIGHT, 1967; HALLAUER, 1970; SENTZ, 1971; SUBANDI e COMPTON, 1974; SILVA e HALLAUER, 1975; entre outros).

Normalmente nos experimentos de avaliação das famílias não são obtidas as produções por plantas individuais e sim os totais por parcela. Sendo assim, não é possível separar as estimativas da variância do erro ambiental entre parcelas (σ_E^2) e da variância fenotípica dentro das parcelas (σ_D^2), uma vez que o resíduo da análise da variância contém estes dois componentes. Em face deste problema, GARDNER (1961) baseado no trabalho de ROBINSON *et alii* (1949) adotou a relação $\sigma_D^2 = 10 \sigma_E^2$ para obtenção do ganho esperado com a seleção, sendo que o mesmo procedimento tem sido adotado em outras ocasiões (WEBEL e LONNQUIST, 1967; PATERNIANI, 1967; PATERNIANI, 1968; SILVA, 1969; TORRES SEGOVIA, 1976; entre outros).

Entretanto, em vários trabalhos conduzidos em Piracicaba, utilizando famílias de meios irmãos, as estimativas da relação $\sigma_{DMI}^2/\sigma_E^2 = c$ tem sido obtidas: QUEIROZ (1969) encontrou 4,2 para o Composto Dentado progênie amarelas e 5,0 para o mesmo Composto, porém, de progênie branca. MIRANDA FILHO *et alii* (1972) trabalhando com dois compostos, um dentado e outro flint, obtiveram 8,38 e 6,61, respectivamente. CARMO (1969) relatou 9,9 e 10,7 para o Composto Dentado e o Composto Dentado x Composto Flint, respectivamente. SUAREZ LEZCANO (1975) para o Composto Flint branco obteve 9,5 e finalmente CUNHA (1976) para a população ESALQ-HVI-MII-HSI, encontrou 10,3.

Nos Estados Unidos da América do Norte, estas estimativas também tem sido obtidas. Utilizando famílias de meios irmãos WEBEL (1967, apud WEBEL e LONNQUIST, 1967) cita valores de 12,2, 8,5 e 9,4, obtidos em três experimentos. Com o delineamento I, em que são avaliadas famílias de irmãos germanos, ROBINSON *et alii* (1949) obtiveram 9,98, SENTZ (1973) encontrou 7,83 e SILVA e HALLAUER (1975) encontraram 9,45.

Para permitir as comparações entre os processos de seleção em estudo, dentro das condições em que normalmente ocorrem os experimentos, foram calculados valores da relação $\sigma_{DMI}^2/\sigma_E^2 = c$, através da expressão 4 apresentada no apêndice. Os resultados obtidos considerando $t = \{\sigma_W^2/\sigma_E^2\} = 5,0, 7,0$ e $9,0$ estão apresentados nas tabelas 9, 10 e 11, respectivamente.

Tabela 9 - Valores de $\underline{c}$ (relação $\sigma_{DMI}^2/\sigma_E^2$) calculados para diferentes herdabilidades no sentido restrito ao nível de plantas e valores de $\underline{d}$ (relação σ_D^2/σ_A^2), considerando $t = 5,0$ (relação σ_W^2/σ_E^2).

$\bar{p}$	σ_D^2/σ_A^2	h^2 (%)					
		5	10	15	20	25	30
0,333	0,000	5,24	5,50	5,79	6,12	6,50	6,93
	0,080	5,26	5,56	5,89	6,27	6,70	7,21
	0,250	5,32	5,68	6,11	6,60	7,18	7,88
	0,441	5,38	5,83	6,37	7,01	7,79	8,78
0,500	0,103	5,27	5,58	5,92	6,31	6,77	7,29
	0,375	5,36	5,78	6,28	6,86	7,57	8,45
	0,729	5,46	6,07	6,80	7,71	8,91	10,53
0,666	0,131	5,28	5,60	5,95	6,37	6,84	7,40
	0,625	5,45	5,98	6,64	7,44	8,47	9,83
	1,500	5,77	6,80	8,24	10,40	14,00	21,20

Tabela 10 - Valores de $\underline{c}$ (relação $\sigma_{dMI}^2/\sigma_E^2$) calculados para diferentes herdabilidades no sentido restrito ao nível de plantas e valores de $\underline{d}$ (relação σ_D^2/σ_A^2), considerando $t = 7,0$ (relação σ_W^2/σ_E^2).

$\bar{p}$	σ_D^2/σ_A^2	h^2 (%)					
		5	10	15	20	25	30
0,333	0,000	7,32	7,67	8,06	8,50	9,00	9,57
	0,080	7,35	7,74	8,19	8,69	9,27	9,95
	0,250	7,43	7,91	8,48	9,13	9,91	10,84
	0,441	7,51	8,11	8,82	9,68	10,72	12,04
0,500	0,103	7,36	7,78	8,23	8,75	9,36	10,06
	0,375	7,48	8,04	8,70	9,48	10,43	11,60
	0,729	7,65	8,43	9,40	10,62	12,21	14,38
0,666	0,131	7,37	7,79	8,27	8,82	9,46	10,20
	0,625	7,60	8,31	9,18	10,26	11,63	13,44
	1,500	8,03	9,40	11,32	14,20	19,00	28,60

Tabela 11 - Valores de $\underline{c}$ (relação $\sigma_{DMI}^2/\sigma_E^2$) calculados para diferentes herdabilidades no sentido restrito ao nível de plantas e valores de $\underline{d}$ (relação σ_D^2/σ_A^2), considerando $t = 9,0$ (relação σ_W^2/σ_E^2).

$\bar{p}$	$\overline{\sigma_D^2/\sigma_A^2}$	h^2 (%)					
		5	10	15	20	25	30
0,333	0,000	9,39	9,83	10,32	10,88	11,50	12,21
	0,080	9,44	9,93	10,48	11,12	11,84	12,68
	0,250	9,53	10,14	10,85	11,67	12,64	13,80
	0,441	9,64	10,39	11,28	12,35	13,65	15,29
0,500	0,103	9,45	9,95	10,53	11,19	11,94	12,82
	0,375	9,60	10,30	11,12	12,10	13,28	14,74
	0,729	9,81	10,79	12,00	13,52	15,51	18,22
0,666	0,131	9,47	9,99	10,59	11,28	12,07	13,00
	0,625	9,75	10,64	11,73	13,07	14,79	17,05
	1,500	10,28	12,00	14,40	18,00	24,00	36,00

Para um mesmo valor de $\underline{d}$, os valores de $\underline{c}$ crescem com o aumento da herdabilidade. Por outro lado, considerando uma herdabilidade constante, os valores de $\underline{c}$ aumentam com o incremento dos valores de $\underline{d}$ (tabelas 9, 10 e 11).

Observa-se que para $t = 5,0$ os valores de $\underline{c}$ estão dentro dos limites que tem sido relatados na literatura, exceto no caso de $d = 1,5$ e assim mesmo somente para herdabilidade acima de 20% (tabela 9).

A mesma constatação anterior é válida para as tabelas 10 e 11, em que foi considerado $t = 7,0$ e $9,0$ respectivamente, exceto, que os valores de $\underline{c}$ encontrados são maiores evidentemente. De um modo geral, somente em presença de sobredominância ($\delta = 1,5\alpha$), principalmente para as frequências alélicas médias de $0,500$ ou $0,666$ e para herdabilidades mais altas é que os valores obtidos ultrapassaram os que tem sido observados na prática.

Foram também calculados os coeficientes de variação do experimento (CVE) para se ter uma medida mais apropriada da condição em que ocorre uma dada herdabilidade, já que os melhoristas estão mais acostumados a manusear este parâmetro do que os valores da relação $\sigma_{DMI}^2/\sigma_E^2$.

Para os cálculos do coeficiente de variação do experimento foi necessário utilizar uma estimativa da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) e também da produção média por planta ($\bar{x}$). Isto porque a expressão usada (expressão 5 do apêndice) necessita destes

dois valores. Para estimativa de $\hat{\sigma}_A^2$ e $\bar{x}$, foram escolhidos os valores médios encontrados para as trinta populações apresentadas na tabela 2, ou seja, $3,20 \times 10^{-4}$ e 0,1224, respectivamente.

Os valores do CVE para diferentes herdabilidades, valores de $\underline{d}$ e para $t = 5,0, 7,0$ e $9,0$ estão apresentados nas tabelas 12, 13 e 14, respectivamente. De início é fácil observar que ocorre exatamente o contrário do que foi discutido com relação aos valores de $\underline{c}$. Partindo do princípio que σ_A^2 é fixo, os aumentos da herdabilidade, como já foi dito, só podem ser obtidos pela diminuição da variância ambiental entre e dentro das parcelas, ou seja, melhorando a precisão experimental, o que concorda com os resultados obtidos.

Observe-se que para $t = 5,0$ (tabela 12) os valores do coeficiente de variação ambiental tendem a diferir daqueles normalmente encontrados apenas nas herdabilidades de 5% (valores elevados) e 30% (valores menores). Para $t = 7,0$ e $9,0$ constata-se o mesmo fato, exceto que a amplitude de variação dos valores do coeficiente de variação experimental são menores (tabelas 13 e 14).

Um fator muito importante que afeta as comparações entre os processos de seleção é a intensidade de seleção a ser aplicada em cada um dos processos, já que isto pode trazer consequências sérias nas comparações, principalmente quando se esperam resultados da seleção a longo prazo. Devido a isto, nas comparações apresentadas foram consideradas as percentagens de seleção utilizadas sendo

iguais e conseqüentemente considerando os processos de seleção com tamanho efetivo (N_e) diferentes e também com o mesmo tamanho efetivo.

Tabela 12 - Valores percentuais do coeficiente de variação do experimento (CVE) calculados para diferentes herdabilidades no sentido restrito ao nível de plantas e valores de $\underline{d}$ (relação σ_D^2/σ_A^2), considerando $t = 5,0$ (relação σ_W^2/σ_E^2).

p	σ_D^2/σ_A^2	h^2 (%)					
		5	10	15	20	25	30
0,333	0,000	27,34*	18,85	15,00	12,64	10,96	9,72
	0,080	27,28	18,78	14,91	12,53	10,86	9,58
	0,250	27,18	18,62	14,71	12,29	10,58	9,26
	0,441	27,05	18,44	14,48	12,02	10,26	8,89
0,500	0,103	27,27	18,76	14,88	12,50	10,82	9,54
	0,375	27,09	18,51	14,56	12,11	10,37	9,02
	0,729	26,86	18,17	14,13	11,59	9,76	8,32
0,666	0,131	27,25	18,74	14,85	12,46	10,77	9,49
	0,625	26,93	18,27	14,26	11,75	9,94	8,53
	1,500	26,36	17,42	13,86	10,37	8,27	6,50

* Considerando uma população com $\sigma_A^2 = 3,20 \times 10^{-4}$ e com uma produção média de 0,1224 kg/planta.

Tabela 13 - Valores percentuais do coeficiente de variação do experimento (CVE) calculados para diferentes herdabilidades no sentido restrito ao nível de plantas e valores de $\bar{d}$ (relação σ_D^2/σ_A^2), considerando $t = 7,0$ (relação σ_W^2/σ_E^2).

$\bar{p}$	σ_D^2/σ_A^2	h^2 (%)					
		5	10	15	20	25	30
0,333	0,000	24,11*	16,65	13,26	11,18	9,75	8,61
	0,080	24,07	16,58	13,17	11,08	9,61	8,49
	0,250	23,97	16,45	13,00	10,88	9,38	8,22
	0,441	23,87	16,30	12,81	10,65	9,11	7,91
0,500	0,103	24,06	16,56	13,15	11,06	9,58	8,46
	0,375	23,41	16,35	12,88	10,73	9,20	8,02
	0,729	23,72	16,06	12,51	10,29	8,68	7,42
0,666	0,131	24,04	16,54	13,12	11,02	9,54	8,41
	0,625	23,77	16,15	12,62	10,42	8,84	7,61
	1,500	23,29	15,42	11,68	9,26	7,43	5,91

* Considerando uma população com $\sigma_A^2 = 3,20 \times 10^{-4}$ e com uma produção média de 0,1224 kg/planta.

Tabela 14 - Valores percentuais do coeficiente de variação do experimento (CVE) calculados para diferentes herdabilidades no sentido restrito ao nível de plantas e valores de $\bar{d}$ (relação σ_D^2/σ_A^2), considerando $t = 9,0$ (relação σ_W^2/σ_E^2).

$\bar{p}$	σ_D^2/σ_A^2	h^2 (%)					
		5	10	15	20	25	30
0,333	0,000	21,96*	15,17	12,08	10,20	8,88	7,87
	0,080	21,92	15,11	12,01	10,11	8,78	7,77
	0,250	21,83	14,99	11,86	9,94	8,58	7,53
	0,441	21,74	14,86	11,70	9,74	8,34	7,26
0,500	0,103	21,90	15,10	11,90	10,09	8,76	7,74
	0,375	21,78	14,90	11,75	9,81	8,42	7,36
	0,724	21,60	14,65	11,43	9,42	7,97	6,84
0,666	0,131	21,89	15,08	11,97	10,06	8,72	7,69
	0,625	21,66	14,73	11,53	9,54	8,11	6,99
	1,500	21,23	14,09	10,70	8,52	6,89	5,53

* Considerando uma população com $\sigma_A^2 = 3,20 \times 10^{-4}$ e com uma produção média de 0,1224 kg/planta.

Com a finalidade de obter o mesmo tamanho efetivo nos diferentes processos de seleção foram calculadas, utilizando a expressão 6 do apêndice, as percentagens de seleção a serem utilizadas entre e dentro de famílias de irmãos germanos que forneceriam o mesmo tamanho efetivo para uma dada percentagem de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. Os resultados obtidos estão apresentados na tabela 15. Convém salientar que, para se ter o diferencial de seleção estandardizado (k) que entra nas expressões do ganho esperado com a seleção, foi necessário utilizar, para as famílias de irmãos germanos, valores aproximados das percentagens de seleção, os quais são muito semelhantes aos que foram calculados, o que não afetará em nada os resultados das comparações.

Tabela 15 - Tamanho efetivo populacional (N_e), para as diferentes combinações das percentagens de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos (MI) e de irmãos germanos (IG) e percentagens de seleção entre e dentro de IG que fornece igual tamanho efetivo ao de MI. Cálculos considerando uma população de tamanho 100 e o número de plantas por família no lote de recombinação igual a 50.

Percentagem de seleção		Tamanho efetivo		Percentagens de seleção aplicadas entre e dentro de IG que fornece igual tamanho efetivo ao de MI			
Entre	Dentro	MI	IG	Entre		Dentro	
				MI	IG	MI	IG
5	40	20,25	10,26	5	10	40	20
10	20	41,02	21,05	10	19	20	10
20	10	84,21	44,44	20	35	10	6
25	8	106,67	57,14	25	42	8	4

Para se ter uma comparação perfeita entre processos de seleção, estas devem ser baseadas no ganho por unidade de tempo e recursos empregados (DUDLEY e MOLL, 1969). Com relação ao fator tempo, as comparações que serão aqui apresentadas sempre irão se referir à mesma unidade. Entretanto, sabe-se de antemão que os processos de seleção envolvendo famílias de irmãos germanos são muito mais trabalhosos do que os de famílias de meios irmãos, o que torna o seu custo muito maior. Porém, dadas as dificuldades de se medir um parâmetro desta natureza, ele não será considerado nas discussões, cabendo ao melhorista, a partir dos resultados fornecidos, e de acordo com os seus recursos disponíveis, escolher o procedimento mais conveniente.

Resta ainda ressaltar que, devido à impossibilidade de se colocar todos os valores da eficiência dos processos de seleção envolvendo famílias de irmãos germanos em relação aos de meios irmãos obtidos, optou-se para a apresentação dos casos com frequência alélica média da população de 0,5, considerando dominância completa ($\delta = \alpha$) e a relação $\sigma_W^2/\sigma_E^2 = 7,0$.

Apesar de não se ter nenhuma indicação sobre as frequências alélicas das populações, a escolha da frequência alélica média de 0,5 e da presença de dominância completa para a apresentação dos resultados e discussões das comparações, foi baseado no fato de que, nesta condição, os valores da relação $\sigma_D^2/\sigma_A^2 = d = 0,375$ aproxima-se das estimativas médias para esta relação, citadas na li

teratura, envolvendo algumas variedades e compostos de milho (tabela 1).

Nos casos citados na literatura em que foi possível obter a estimativa da variância ambiental dentro da parcela (σ_w^2) esta foi cerca de sete vezes o valor encontrado para a variância ambiental entre as parcelas (σ_E^2). Por exemplo, a partir dos dados apresentados por ROBINSON *et alii* (1949) estimou-se o valor de t , para duas situações como sendo 6,45 e 6,97. Com os dados apresentados por SENTZ (1971) este valor foi de 7,09. No Brasil, infelizmente, ainda não existem dados que permitam estabelecer esta relação, mas provavelmente ela não diferirá muito destas estimativas apresentadas; por essa razão optou-se nas comparações para o valor de $t = 7,0$.

Contudo, é importante salientar que apesar de se ter escolhido apenas esta situação, para se comparar a eficiência relativa dos diferentes processos de seleção estudados, isto não limita em nada que inferências possam ser feitas para outras condições a partir dos valores do coeficiente de variação experimental apresentados nas tabelas 12, 13 e 14, como poderá ser visto posteriormente.

De posse destas informações, pode-se agora apresentar e discutir os resultados obtidos nas comparações dos diferentes processos seletivos. Inicialmente será abordada a eficiência do processo de seleção entre e dentro de famílias de irmãos germanos (SEDIG) em relação à seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos sem sementes remanescentes (SEDMISSR).

As eficiências entre o ganho esperado anualmente considerando a SEDIG em relação a SEDMISSR, para diferentes percentagens de seleção entre e dentro das famílias e considerando tamanho efetivo diferentes, estão apresentadas na figura 3A. Nota-se de início que quanto menor a percentagem de seleção entre as famílias, maior a vantagem da SEDIG em relação à SEDMISSR, o mesmo fato observa-se com o aumento do coeficiente de variação do experimento (menor herdabilidade).

A explicação para o fato de a eficiência com famílias de irmãos germanos aumentar à medida que se diminui a percentagem de seleção entre as famílias, é fácil de ser visualizada, bastando para isto observar o numerador da fórmula do ganho esperado nos dois processos. Na seleção dentro, com famílias de irmãos germanos, é utilizada $(1/4) \sigma_A^2$ (a seleção é praticada apenas do lado feminino) e com meios irmãos $(3/8) \sigma_A^2$, ou seja, 1,5 vezes mais. Na seleção entre por sua vez, com irmãos germanos é utilizada $(1/2) \sigma_A^2$ e com meios irmãos sem sementes remanescentes apenas $(1/8) \sigma_A^2$. Desse modo, como a intensidade final da seleção é fixa ($P = 0,02$), quando se reduz a percentagem de seleção entre as famílias, aumenta a percentagem dentro. Assim diminui-se a contribuição do ganho dentro e aumenta a entre as famílias, para o total, consequentemente, a eficiência das famílias de irmãos germanos em relação a de meios irmãos é aumentada.

Figura 3 - Eficiência da SEDIG em relação à SEDMISSR, para diferentes percentagens de seleção entre e dentro e herdabilidades, considerando $\sigma_W^2/\sigma_E^2 = 7,0$ e $\sigma_D^2/\sigma_A^2 = 0,375$. A) Tamanho efetivo diferentes. B) Mesmo tamanho efetivo.

* Percentagens de seleção entre (E) e dentro (D) utilizadas nas comparações. Os valores entre parênteses referem-se à seleção com famílias de irmãos germanos.

A razão do incremento da eficiência das famílias de irmãos germanos, em relação à de meios irmãos com o aumento dos coeficientes de variação dos experimentos, também pode ser obtida utilizando os mesmos argumentos anteriores. Por exemplo, como foi anteriormente discutido para o processo de seleção envolvendo famílias de meios irmãos, sem sementes remanescentes, a contribuição do ganho dentro é em torno de 50% do ganho total esperado (considerando 20% de seleção entre e 10% dentro), ao passo que a contribuição do ganho dentro de famílias de irmãos germanos, pode ser estimada em cerca de 20%. Então, como a seleção dentro é na realidade uma seleção massal, o aumento do coeficiente de variação do experimento, contribuindo para diminuir a herdabilidade, diminui a eficiência da seleção massal, o que é logicamente muito mais prejudicial para os processos de seleção com famílias de meios irmãos, já que neste tipo de família é muito maior a contribuição do ganho dentro para o ganho total esperado.

Tomando como exemplo a percentagem de seleção de 20% entre e 10% dentro, que como foi anteriormente comentada, é a combinação de percentagem de seleção mais utilizada em Piracicaba, constata-se que o processo SEDIG só foi superior para a condição de menor herdabilidade (CVE de 23,4%), e assim mesmo em apenas 6,95% (figura 3A). Observa-se também que com uma herdabilidade de 10%, o uso do processo SEDMISSR já supera em cerca de 2% o obtido com SEDIG, nesta condição. Com base nestes resultados, pode-se considerar que

difícilmente a SEDIG será vantajosa em relação à SEDMISSR nesta com
binação de percentagens de seleção.

Considerando a percentagem de 10% de seleção entre e 20% dentro a SEDIG superou, em termos do ganho anual esperado, a SEDMISSR, em condições cujo coeficiente de variação do experimento está acima de 10% (herdabilidade de 20%) (figura 3A).

Na figura 3B, está mostrada a eficiência da SEDIG em relação à SEDMISSR, considerando igual tamanho efetivo. Constatam-se os mesmos fatos já referidos na figura 3A. Como o tamanho efetivo utilizando famílias de irmãos germanos é cerca da metade do de meios irmãos, são maiores (quase o dobro) as percentagens de seleção entre as famílias de irmãos germanos, quando se iguala o tamanho efetivo ao de meios irmãos (tabela 15). Nesta condição, evidentemente, são bem menores os valores da eficiência obtidos em relação ao caso anterior. Considerando 20% de seleção entre e 10% den
tro (para meios irmãos), o processo de SEDMISSR é sempre superior à SEDIG, até mesmo para o maior coeficiente de variação do experimento, entre os estudados (23,41%). Observe-se que em experimentos com coeficiente de variação de 12% a 16%, que são comuns nas condições de Piracicaba (tabela 2), a SEDMISSR ultrapassa em cerca de 20% o ganho anual esperado com a SEDIG.

Na figura 4A, está apresentada a eficiência da sele
ção entre e dentro de famílias de irmãos germanos (SEDIG) em relação à seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos com semen-

Figura 4 - Eficiência da SEDIG em relação à SEDMICS, para diferentes percentagens de seleção entre e dentro e herdabilidades, considerando $\sigma_W^2/\sigma_E^2 = 7,0$ e $\sigma_D^2/\sigma_A^2 = 0,375$. A) Tamanho efetivo diferentes. B) Mesmo tamanho efetivo.

* Percentagens de seleção entre (E) e dentro (D) utilizadas nas comparações. Os valores entre parênteses referem-se à seleção com famílias de irmãos germanos.

tes remanescentes (SEDMICSR), considerando tamanho efetivo diferentes. Como atualmente tem havido uma tendência de se utilizar a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos com sementes remanescentes (duas gerações por ciclo), talvez seja esta comparação a mais útil dentre as que estão sendo apresentadas.

Como a SEDIG está sendo considerada um ciclo por dois anos, nesta comparação os dois processos seletivos demoram o mesmo tempo por ciclo. Em vista disto, nota-se na figura 4A, que são bem maiores os valores da eficiência relativa nesta situação em comparação com as anteriormente apresentadas (figura 3A).

Observa-se que, com a percentagem de 20% entre e 10% dentro, a SEDIG proporciona maiores ganhos do que a SEDMICSR, mesmo nos experimentos com boa precisão experimental. Ela foi cerca de 41,02% e 14,50% superior a SEDMICSR para experimentos com menor e maior coeficiente de variação respectivamente (figura 4A).

Para o processo de seleção envolvendo famílias de meios irmãos com sementes remanescentes (SEDMICSR) tornar-se mais eficiente, como já foi comentado anteriormente (item 5.2), deve-se usar uma menor percentagem de seleção entre as famílias que a usual, como por exemplo, 10% entre e 20% dentro. Com esta combinação de percentagem de seleção, é maior a eficiência da SEDIG, a qual passa a superar a SEDMICSR em cerca de 21% a 50% para experimentos com maior e menor precisão experimental, respectivamente.

A mesma comparação anterior (SEDIG em relação a SEDMICS), porém com igual tamanho efetivo está mostrada na figura 4B. Nota-se que com 20% de seleção entre e 10% dentro, para o processo SEDMICS, a SEDIG só foi desvantajosa para experimentos cujo coeficiente de variação foi inferior a 10% (herdabilidade acima de 20%). Considerando a SEDMICS com 10% de seleção entre e 20% dentro, em experimentos com coeficiente de variação em torno de 16%, constata-se que a SEDIG superou em cerca de 20% a SEDMICS. Com esta mesma percentagem de seleção a SEDIG ainda foi superior mesmo em experimentos com boa precisão (CVE = 8,02%).

As eficiências da SEDIG em relação à SEDMISS, desconsiderando o tamanho efetivo, estão apresentadas na figura 5A. Comparando estes resultados com os apresentados na figura 3A, observa-se que os valores calculados diminuem relativamente pouco, na maioria dos casos, comprovando o fato já discutido de que a seleção dentro das famílias de irmãos germanos contribui muito pouco para o ganho esperado total. As maiores reduções, como era de se esperar, ocorrem quando se toma as maiores percentagens de seleção entre as famílias e maiores herdabilidades (menores coeficientes de variação). Por exemplo, com 25% de seleção entre e 8% dentro e uma herdabilidade de 30% (CVE = 8,02%) o valor apresentado na figura 3A é cerca de 37,0% superior ao correspondente na figura 5A. Considerando contudo, 5% de seleção entre e 40% dentro na herdabilidade de 5%, a diferença é de apenas 6,79%.

Figura 5 - Eficiência da SEIG em relação à SEDMISSR, para diferentes percentagens de seleção entre e dentro e herdabilidades, considerando $\sigma_W^2/\sigma_E^2 = 7,0$ e $\sigma_D^2/\sigma_A^2 = 0,375$. A) Tamanho efetivo diferentes. B) Mesmo tamanho efetivo.

* Percentagens de seleção entre (E) e dentro (D) utilizadas nas comparações. Os valores entre parênteses referem-se à seleção com famílias de irmãos germanos.

Mesmo não considerando o tamanho efetivo, observa-se que a SEIG só é superior à SEDMISSR com percentagem de seleção entre as famílias muito baixas, como por exemplo, 5% de seleção entre as famílias e assim mesmo somente em experimentos com coeficiente de variação acima de 10% (figura 5A). No entanto, tal percentagem de seleção dificilmente pode ser aplicada na prática, já que o problema advindo do pequeno tamanho efetivo para esta condição (tabela 15) só poderia ser compensado avaliando-se um número relativamente grande de famílias de irmãos germanos, o que devido às dificuldades do processo, é uma limitação séria.

Comparando a SEIG com a SEDMISSR, com tamanho efetivo igual (figura 5B) obtiveram-se resultados semelhantes aos da figura 3B, sendo porém os valores obtidos inferiores. Nota-se por exemplo, que com 20% de seleção entre e 10% dentro a SEDMISSR proporciona um ganho anual cerca de 40% superior ao obtido com a SEIG, numa condição cujo coeficiente de variação do experimento está em torno de 16,3%. Constata-se também (figura 5B), que em apenas um caso, dentre os apresentados, a SEIG superou a SEDMISSR, ou seja, com 5% de seleção entre e 40% dentro (para o processo de SEDMISSR) na herdabilidade de 5% (CVE = 23,41).

Os resultados obtidos da eficiência da SEIG em relação à SEDMICSR, considerando tamanhos efetivos diferentes e iguais, estão apresentados na figura 6A e 6B, respectivamente. Constata-se de um modo geral, os mesmos fatos já relatados nos casos anterior

Figura 6 - Eficiência da SEIG em relação à SEDMICSR, para diferentes percentagens de seleção entre e dentro e herdabilidades, considerando $\sigma^2_W/\sigma^2_E = 7,0$ e $\sigma^2_D/\sigma^2_A = 0,375$.
 A) Tamanho efetivo diferentes. B) Mesmo tamanho efetivo.

* Percentagens de seleção entre (E) e dentro (D) utilizadas nas comparações. Os valores entre parênteses referem-se à seleção com famílias de irmãos geranos.

res. Não considerando o tamanho efetivo, na percentagem de 20% entre e 10% dentro a SEIG é superior apenas com coeficiente de variação acima de 16% (herdabilidade abaixo de 10%). Todavia, com 10% de seleção entre e 20% dentro a SEIG sempre proporciona maiores ganhos que a SEDMICSR (figura 6A). Considerando igual tamanho efetivo (figura 6B), os valores, como já foi discutido, são menores. Neste caso, mesmo utilizando 10% de seleção entre e 20% dentro (para a SEDMICSR) a SEIG só é superior para o maior coeficiente de variação do experimento estudado e assim mesmo em apenas 9,84%.

Pelos resultados apresentados, para todas as comparações realizadas, observou-se que quanto maior o coeficiente de variação experimental, maior a eficiência dos processos de seleção com famílias de irmãos germanos em relação aos meios irmãos. Isto está de acordo com os resultados apresentados por JONES *et alii* (1971) e VENCovsky (1975) ^{1/} em que foi comparada a seleção recorrente recíproca utilizando a seleção entre famílias de irmãos germanos em relação às de meios irmãos. Tal fato é de grande importância, uma vez que, dependendo da precisão experimental normalmente encontrada numa dada condição, o melhorista poderá optar para a utilização de um ou outro tipo de família. Sendo assim, o coeficiente de variação pode ser tomado como um indicador do procedimento a ser seguido em muitas situações.

^{1/} VENCovsky, R., 1975. Relatório de viagem enviado à FAPESP.

Deve ser ressaltado que a partir das tabelas 12, 13 e 14, onde estão apresentados os valores dos coeficientes de variação do experimento, podem ser feitas inferências a respeito do resultado esperado na seleção com os dois tipos de famílias, para outras condições que não aquelas apresentadas anteriormente. Assim por exemplo, considerando as mesmas condições em termos de frequência alélica média da população ($\bar{p} = 0,5$) e de interação alélica ($\alpha = \delta$), porém com $t = 5,0$, ao invés de $7,0$, constata-se para uma mesma herdabilidade que o coeficiente de variação do experimento é maior (tabelas 12 e 13). Portanto, maior deve ser a eficiência dos processos de seleção com irmãos germanos em relação aos de meios irmãos nesta condição. Para $t = 9,0$ em relação a $t = 7,0$, ocorre o inverso. Partindo-se do mesmo valor de t ($7,0$) e dominância completa, nota-se, também para uma mesma herdabilidade, que quanto maior a frequência alélica média da população, menor é o coeficiente de variação (tabela 13) e consequentemente menor deve ser a eficiência de irmãos germanos em relação a meios irmãos.

De um modo geral, nas comparações considerando o mesmo tamanho efetivo, a seleção com famílias de irmãos germanos dificilmente é superior a de meios irmãos, a não ser que utilize-se de uma menor percentagem de seleção entre do que a tradicionalmente empregada, assim mesmo somente com alto coeficiente de variação, na maioria das situações.

Não considerando o tamanho efetivo, os resultados apresentados com a utilização de irmãos germanos são muito mais pro-

missores. Os processos envolvendo este tipo de família apenas não são mais vantajosos, em termos do ganho esperado, nas comparações com a SEDMISSR, assim mesmo considerando 20% de seleção entre as famílias ou valores acima, ou então em outras situações, porém em experimentos com boa precisão.

Como foi mostrado, a utilização ou não do mesmo tamanho efetivo nas comparações reveste-se de grande importância na escolha do tipo de família a ser usado. É necessário, no entanto, estabelecer as condições em que um ou outro procedimento seria o mais correto. A este respeito existem principalmente duas situações para serem consideradas: a) Se um dado programa de melhoramento de populações visa ganhos a curto prazo, o fato de se usar o mesmo tamanho efetivo não tem muito significado. Todavia, se o programa destina-se a resultados a longo prazo, aí então é necessário levar em consideração este fator. É oportuno considerar que é perfeitamente possível conduzir um programa de melhoramento com múltiplos objetivos ao mesmo tempo, como por exemplo, visando progressos a curto e longo prazo. b) A utilização de um método de seleção, como de famílias de irmãos germanos, que exige polinizações controladas, tem sido aconselhado após a população ter sido submetida a outros métodos de seleção mais simples, como a massal por exemplo, e ter sido explorada uma parte da variância genética aditiva (LONNQUIST, 1967b). Numa situação como esta, já de final do processo seletivo, para as comparações, o tamanho efetivo populacional pode ser relaxado.

Resta ainda salientar que, baseado nas informações de RAWLINGS (1970) que argumenta ser o tamanho efetivo de magnitude 30 razoável para a maioria dos sistemas genéticos, o tamanho efetivo nas condições das comparações apresentadas aqui não teria grande importância. Isto porque, observando os resultados apresentados na tabela 15, constata-se que com um número de famílias relativamente pequeno sendo avaliadas, este valor, $N_e = 30$, será facilmente atingido. Tomando como exemplo 10% de seleção entre e 20% dentro, é necessário testar pouco menos de 150 famílias de irmãos germanos para atingir o objetivo, o que pode ser considerado um número relativamente pequeno.

Todavia, conforme o próprio RAWLINGS (1970) enfatiza, os dados obtidos são baseados em modelos extremamente simples em relação ao sistema biológico. São necessários resultados práticos que venham a confirmar o que foi encontrado na teoria. A confirmação destes resultados servirá para mostrar, entre outras coisas, que a maioria dos melhoristas, com receio de esgotar a variabilidade genética das populações, têm-se utilizado de baixa intensidade de seleção, não aproveitando assim devidamente o processo seletivo que está sendo utilizado.

6. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos nas condições do presente trabalho permitem apontar as seguintes conclusões:

a) Os ganhos esperados com a seleção para diferentes combinações de percentagens de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, evidenciaram a necessidade da utilização de uma percentagem de seleção entre as famílias menor do que a normalmente utilizada, principalmente para populações com pouca variância genética aditiva e para o processo com sementes remanescentes.

b) A seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos sem sementes remanescentes proporciona maiores ganhos anuais do que o processo com sementes remanescentes. Esta vantagem é tanto maior quanto maiores forem as percentagens de seleção utilizadas entre famílias e maior for a variância genética aditiva da população.

c) As expressões desenvolvidas em função do coeficiente de herdabilidade e outras quantidades para comparar os processos de sele-

ção envolvendo famílias de irmãos germanos e de meios irmãos, possuem a vantagem de incluir parâmetros que são facilmente manuseados pelos melhoristas. Os resultados obtidos, independentes do tipo de comparação realizada, mostraram que, quanto menor a herdabilidade (maior o coeficiente de variação experimental) e menor a percentagem de seleção entre as famílias, maior a eficiência dos processos de seleção com famílias de irmãos germanos em relação aos de meios irmãos.

d) A seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos com sementes remanescentes, na combinação de percentagem de seleção usual, dificilmente será superado pelos processos de seleção envolvendo famílias de irmãos germanos, em termos do ganho esperado anualmente, mesmo não considerando o tamanho efetivo.

e) Como atualmente tem havido a tendência de se utilizar a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos com sementes remanescentes, é conveniente salientar que, não considerando o tamanho efetivo, este processo foi quase sempre inferior aos processos de seleção envolvendo famílias de irmãos germanos.

f) Nas comparações apresentadas não foi considerado o fator custo do processo de seleção. Por isto, em função dos resultados obtidos da precisão experimental dos objetivos do programa em termos de ganho a curto ou a longo prazo e principalmente dos recursos disponíveis, competirá aos melhoristas a escolha criteriosa para um ou outro tipo de família.

g) As condições experimentais em que as comparações foram realizadas, são aquelas comuns no Departamento de Genética, em Piracicaba, como ficou evidenciado no levantamento das estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos. Estas estimativas também se revelaram de um modo geral, semelhantes às citadas na literatura.

7. SUMMARY

A comparison of intrapopulation selection procedures based on non inbred families (half sibs and full sibs) was made. In addition, for the half sib scheme, the best combination of the among and within progenies selection percentages was verified.

In order to permit comparisons under realistic circumstances, a review was initially made covering estimation of genetic and phenotypic parameters with maize populations at the Department of Genetics, ESALQ, USP, Piracicaba. Estimates involving thirty populations were, in general, in the same range as those reported in the literature.

To investigate the optimum combination of among and within half sib families selection pressures, the expected progress for grain yield was computed for different selection percentages. This was done taking three populations with different amounts of additive genetic variance, but under the assumption of same experi-

mental condition. Results indicated that pressure for selecting among progenies should be higher than is normally used in local breeding programs. This was particularly true for populations with less additive genetic variance and when selection is based on remnant seeds.

To evaluate the efficiency of the full sib procedure (among progenies, and among plus within progenies) relative to the half sib scheme (among progenies plus within progenies, with and without remnant seeds), expressions were derived, based on the expected progress and as functions of the coefficient of heritability in the narrow sense, taken on a plant basis, and other quantities.

Relative efficiencies were obtained considering a given population under different experimental conditions. Results indicated that the efficiency of the full sib family selection increases as the experimental coefficient of variation becomes larger (lower heritability) and when the among family selection pressure is reduced.

The procedure involving selection among and within half sib families without remnant seeds, with selection intensities usually adopted is not easily surpassed by the full sib method, when progress is considered per generation or year. However, ignoring effective population size differences, the full sib scheme was generally superior in relation to half sib selection with remnant seeds.

Results presented can be helpful to corn breeders for an objective choice among these selection procedures. Their decision however, will depend greatly upon the prevailing experimental precision of yield trials and general facilities.

8. LITERATURA CITADA

- BAKER, L.H. e R.N. CURNOW, 1969. Choice of populations size and use of variation between replicate populations in plant breeding selections programs. Crop Sci. Madison, 9: 555-560.
- BAUMAN, L.F., 1959. Evidence of non - allelic gene interaction in determining yield, ear height and Kernel row number in corn. Agron. J. Madison, 51: 531-534.
- BURTON, J.W.; L.H. PENNY; A.R. HALLAUER e S.A. EBERHART, 1971. Evaluation of synthetic population developed from a maize variety (BSK) by two methods of recurrent selection. Crop.Sci. Madison, 11: 361-365.
- CARMO, C.M., 1969. Avaliação de progeñie de meios irmãos em populações heterogêneas de milho (Zea mays, L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 48 p. (Dissertação de Mestrado).
- CHI, R.K.; S.A. EBERHART e L.H. PENNY, 1969. Covariances among relatives in a maize variety (Zea mays L.). Genetics. Austin, 63: 511-520.

COMPTON, W.A.; C.O. GARDNER e J.H. LONNQUIST, 1965. Genetic variability in two open-pollinated varieties of corn (Zea mays L.) and their F_1 progenies. Crop. Sci. Madison, 5: 505-508.

COMPTON, W.A. e R.E. COMSTOCK, 1976. More on modified ear-to-row selection in corn. Crop. Sci. Madison, 16: 122.

COMPTON, W.A. e K. BAHADUR, 1977. Ten cycles of progress from modified ear-to-row selection in corn. Crop Sci. Madison, 17: 378-380.

COMSTOCK, R.E. e H.F. ROBINSON, 1948. The components of genetic variance in populations. Biometrics, Raleigh, 4: 254-256.

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

COMSTOCK, R.E. e R.H. MOLL, 1963. Genotype - environment interactions. In: HANSON, W.D. e H.F. ROBINSON. Ed. Statistical genetics and plant breeding. Washington. National Academy of Sciences - National Research Council, nº 82, p. 164-196.

COMSTOCK, R.E., 1964. Selection procedures in corn improvement. Proc. of the 19th Annual Hybrid Corn Industry Research Conference. Washington, 19: 87-94.

CUNHA, M.A.P., 1976. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (Zea mays L.) ESALQ-HV-1. Piracicaba, ESALQ/USP, 84 p. (Tese de Doutorado).

CURNOW, R.N. e L.H. BAKER, 1968. The effect of repeated cycles of selection and regeneration in populations of finite size. Genet. Res. Cambridge, 11: 105-112.

- DARRAH, L.L., S.A. EBERHART e L.H. PENNY, 1972. A maize breeding methods study in Kenya. Crop. Sci. Madison, 12: 605-608.
- DUDLEY, J.W. e R.H. MOLL, 1969. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variances in plant breeding. Crop. Sci. Madison, 9: 257-262.
- DUDLEY, J.W., 1973. Seventy generation of selection for oil and protein in the corn kernel. Proc. 28th Annual Corn and Sorghum Research Conference. Washington, 28: 123-136.
- EBERHART, S.A.; R.H. MOLL; H.F. ROBINSON e C.C. COCKERHAM, 1966. Epistatic and other genetic variances in two varieties of maize. Crop. Sci. Madison, 6: 275-280.
- EBERHART, S.A., 1970. Factors effecting efficiencies of breeding methods. African. Soils/sols Africans. 15: 669-680.
- EBERHART, S.A.; S. DEBELA e A.R. HALLAUER, 1973. Reciprocal recurrent selection in the BSSS and SSCB1 maize population and half-sib selection in BSSS. Crop. Sci. Madison, 13: 451-456.
- EMPIG, L.T.; O. GARDNER e W.A. COMPTON, 1972. Theoretical gains for different populations improvement procedures. Nebraska Agr. Exp. Sta. Bul. MP 26. 21 p.
- FALCONER, D.S., 1976. Introduction to Quantitative Genetics. 6a. imp. London, Logman. 365 p.
- FISHER, R.A. e F. YATES, 1971. Tabelas estatísticas para pesquisa em biologia, medicina e agricultura. São Paulo, Editora Polígono S/A. 150 p. (Tradução do idioma inglês para o português por S.L. HAIM).

GARDNER, C.O.; P.H. HARVEY; R.E. COMSTOCK e H.F. ROBINSON, 1953. Dominance of genes controlling quantitative characters in maize. Agron. J. Madison, 45: 186-191.

GARDNER, C.O. e J.H. LONNQUIST, 1959. Linkage and the degree of dominance of genes controlling quantitative characters in maize. Agron. J. Madison, 51: 524-528.

GARDNER, C.O., 1961. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. Crop. Sci. Madison, 1: 241-245.

GARDNER, C.O., 1963. Estimates of genetic parameters in cross-fertilizing plant and their implications in plant breeding: In: HANSON, W.D. e H.F. ROBINSON, Ed. Statistical genetics and plant breeding. Washington. National Academy of Sciences - National Research Council, nº 82, p. 225-252.

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

GARDNER, C.O., 1973. Evaluation of mass selection and of seed irradiation with mass selection for population improvement in maize. Genetics. Austin, 74: S88-S89 (Proceedings of the thirteenth International Congress of Genetics-Abstracts).

GARDNER, C.O., 1977. Quantitative genetic studies and population improvement in maize and sorghum. Nebraska Agric.Expt.Sta.Bull. nº 5262. 15 p.

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

- GORSLINE, G.W., 1961. Phenotypic epistasis for ten quantitative characters in maize. Crop. Sci. Madison, 1: 55-58.
- * HALLAUER, A.R. e J.A. WRIGHT, 1967. Genetics variances in the open-pollinated variety of maize. Iowa Ideal. Der Zuchter. Berlin, 37: 178-185.
- * HALLAUER, A.R., 1970. Genetic variability for yield after four cycles of reciprocal recurrent selections in maize. Crop. Sci. Madison, 10: 482-485.
- HARLAND, S.C., 1946. A new method of maize improvement. Tropical Agriculture, Saint Augustine, 23: 114.
- HARRIS, R.E.; C.O. GARDNER e W.A. COMPTON, 1972. Effects of mass selection and irradiation in corn measured by random S_1 lines and their test crosses. Crop. Sci. Madison, 12: 594-598.
- HORNER, E.S.; H.W. LUNDY; M.C. LUTRICK e W.H. CHAPMAN, 1973. Comparison of three methods of recurrent selection in maize. Crop. Sci. Madison, 13: 485-489.
- HULL, F.H., 1945. Recurrent selection for specific combining ability in corn. J. Amer. Soc. Agron. Madison, 37: 134-145.
- * JONES, L.P.; W.A. COMPTON e C.O. GARDNER, 1971. Comparissons of full and half-sib reciprocal recurrent selection. Theoretical and Applied Genetics, Berlin, 41: 36-39.
- * LINDSEY, M.F.; J.H. LONNQUIST e C.O. GARDNER, 1962. Estimates of genetic variance in open-pollinated varieties of corn belt corn. Crop. Sci. Madison 2: 105-108.

- LONNQUIST, J.H., 1961. Progress from recurrent selection procedures for the improvement of corn populations. Nebraska. Agric. Expt. Sta. Res. Bull. 197. 33 p.
- LONNQUIST, J.H., 1964. A modification of the ear-to-row procedure for the improvement of maize population. Crop. Sci. Madison, 4: 227-228.
- LONNQUIST, J.H., 1965. Métodos de seleccion útiles para mejoramiento dentro de poblaciones. Fitotecnia Latino-americana. São José, Costa Rica, 2: 1-10.
- LONNQUIST, J.H.; O.A. COTA e C.O. GARDNER, 1966. Effect of mass selection and thermal neutrons irradiation on genetic variances in a variety of corn (Zea mays L.). Crop. Sci. Madison, 6: 330-332.
- LONNQUIST, J.H., 1967a. Mass selection for prolificacy in maize. Der Züchter. Berlin, 37: 185-188.
- LONNQUIST, J.H., 1967b. Genetic variability in maize and indicated procedures for its maximum utilization. Ciência e Cultura, São Paulo, 19: 135-144.
- MARQUEZ-SANCHEZ, F. e A.R. HALLAUER, 1970. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I. Grain yield. Crop. Sci. Madison, 10: 357-361.
- MIRANDA FILHO, J.B. e R. VENCovsky, 1972. Estimativas da variância genética aditiva de diversas populações locais. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética. ESALQ/USP, Piracicaba, nº 6, p. 61-66.

- MIRANDA FILHO, J.B.; R. VENCovsky e E. PATERNIANI, 1972. Variância genética aditiva da produção de grãos em dois compostos de milho e sua implicação no melhoramento. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 6, p. 67-73.
- MOLL, R.H.; M.F. LINDSEY e H.F. ROBINSON, 1964. Estimates of genetic variances and level of dominance in maize. Genetics. Austin 49: 411-423.
- MOLL, R.H. e H.F. ROBINSON, 1966. Observed and expected response in four selection experiments in maize. Crop. Sci. Madison, 6: 319-324.
- MOLL, R.H. e H.R. ROBINSON, 1967. Quantitative genetic investigations of yield of maize. Der Zuchter. Berlin, 37: 192-199.
- MOLL, R.H. e C.W. STUBER, 1971. Comparisons of response to alternative selection procedures initiated with two populations of maize (Zea mays L.). Crop. Sci. Madison, 11: 706-710.
- MOLL, R.H. e C.W. STUBER, 1974. Quantitative genetics-empirical results relevant to plant breeding. Advances in Agronomy. New York, 26: 277-313.
- OBILANA, A.T. e A.R. HALLAUER, 1974. Estimation of variability of quantitative traits in BSSS by using unselected maize inbred lines. Crop. Sci. Madison, 14: 99-103.
- OSÓRIO, E.A., 1972. Heterose e influência da ação gênica epistática em cruzamentos interracialis de Milho (Zea mays L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 40 p. (Dissertação de Mestrado).

- PATERNIANI, E., 1967. Selection among and within half-sib families in a Brazilian populations of maize (Zea mays L.). Crop. Sci. Madison, 7: 212-216.
- PATERNIANI, E., 1968. Avaliação do método de seleção entre e dentro de família de meios irmãos no melhoramento do milho (Zea mays L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 92 p. (Tese para cargo de Professor Catedrático).
- PATERNIANI, E., 1969. Melhoramento genético de populações de milho. In: KERR, W.E. org. Melhoramento e genética. São Paulo. Edições Melhoramento, p. 39-57.
- PENNY, L.H.; W.A. RUSSEL; G.F. SPRAGUE e A.R. HALLAUER, 1963. Recurrent selection. In: HANSON, W.D. e H.F. ROBINSON ed. Statistical genetics and plant breeding. Washington. National Academy of Sciences - National Research Council, nº 82 p. 352-367.
- PENNY, L.H. e S.A. EBERHART, 1971. Twenty years of reciprocal recurrent selection with two synthetic varieties of maize (Zea mays L.). Crop. Sci. Madison, 11: 900-903.
- PIMENTEL GOMES, F., 1976. Curso de Estatística Experimental. 6a.ed. São Paulo. Livraria Nobel, 430 p.
- QUEIROZ, M.A., 1969. Correlações genéticas e fenotípicas em progênies de meios irmãos de milho (Zea mays L.) e suas implicações no melhoramento. Piracicaba, ESALQ/USP, 71 p. (Dissertação de Mestrado).
- RAWLINGS, J.O., 1970. Present status of research on long and short-term recurrent selection in finite populations-choice of popula-

tions size. In: Paper presented at 2nd Meeting of Working Group on Quantitative Genetics. USDA-SFES, New Orleans, p. 1-15.

ROBINSON, H.F.; R.E. COMSTOCK e P.H. HARVEY, 1949. Estimates of heritability and the degree of dominance in corn. Agron. J. Madison, 41: 353-359.

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

ROBINSON, H.F.; A. KHALIL; R.E. COMSTOCK e C.C. COCKERHAM, 1958. Joint interpretation of heterosis and genetic variances in two open-pollinated varieties of corn and their cross. Genetics, Austin, 67: 137-149.

ROBINSON, H.F. e C.C. COCKERHAM, 1961. Heterosis and inbreeding depression in population involving two open-pollinated varieties of maize. Crop. Sci. Madison, 1: 68-71.

SELBY, S.M. e B. GIRLING, 1965. Standard mathematical tables. 4a. edição, Cleveland, The Chemical Rubber Co. 632 p.

SENTZ, J.C., 1971. Genetic variances in a synthetic variety of maize estimated by two mating designs. Crop. Sci. Madison, 11: 234-238.

SILVA, W.J. e J.H. LONNQUIST, 1968. Genetic variances in populations developed from full-sib and S_1 test cross progeny selection in an open-pollinated variety of maize. Crop. Sci. Madison, 8: 201-204.

SILVA, J., 1969. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho Cateto Colombia Composto. Piracicaba, ESALQ/USP, 74 p. (Dissertação de Mestrado).

- SILVA, J.C. e A.R. HALLAUER, 1975. Estimation of epistatic variance in Iowa Stiff Stalk Synthetic maize. The Journal of Heredity. Washington, 66: 290-296.
- SPRAGUE, G.F.; W.A. RUSSEL; L.H. PENNY, T.W. HORNER e W.D. HANSON, 1962. Effect of epistasis on grain yield in maize. Crop. Sci. Madison, 2: 205-208.
- SPRAGUE, G.F., 1964. Estimates of genetic variations in two open-pollinated varieties of maize and their reciprocal F_1 híbridos. Crop. Sci. Madison, 4: 332-334.
- SPRAGUE, G.F., 1967. Quantitative genetics in plant improvement. In: K.J. FREY. Plant Breeding: A Symposium Held at Iowa State University. 2a. edição. Ames. The Iowa State University Press. 315-354.
- SPRAGUE, G.F. e W.I. THOMAS, 1967. Further evidence of epistasis in single and three - way cross yields of maize (Zea mays L.). Crop. Sci. Madison, 7: 355-356.
- STUBER, C.W.; R.H. MOLL e W.D. HANSON, 1966. Genetic variances and interrelationships of six traits in a hybrid population of Zea mays L. Crop. Sci. Madison, 6: 455-458.
- STUBER, C.W. e R.H. MOLL, 1969. Epistasis in maize (Zea mays L.). I: F_1 híbridos and their S_1 progeny. Crop. Sci. Madison, 9: 124-127.
- SUAREZ LEZCANO, R., 1976. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (Zea mays L.) Composto Flint Branco. Piracicaba, ESALQ/USP, 52 p. (Dissertação de Mestrado).

- SUBANDI e W. A. COMPTON, 1974. Genetic studies in a exotic population of corn (Zea mays L.), grown under two plant densities. I. Estimates of genetics parameters. Theoretical and Applied Genetics, Berlin, 44: ~~145-148.~~ 153 - 159.
- TORRES SEGOVIA, R., 1976. Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (Zea mays L.) Centralmex. Piracicaba, ESALQ/USP, 98 p. (Tese de Doutorado).
- VELLO, N.A. e R. VENCOVSKY, 1974. Variâncias associadas às estimativas de variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética. ESALQ/USP, Piracicaba, nº 8, p. 238-248.
- VENCOVSKY, R., 1968. Estimativas de parâmetros genéticos em três ciclos de seleção em milho. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética. ESALQ/USP, Piracicaba, nº 2, p. 88-90.
- VENCOVSKY, R., 1969. Genética quantitativa. In: KERR, W.E. org. Melhoramento e genética. São Paulo. Edições Melhoramentos, p.17-37.
- VENCOVSKY, R., 1976. Extensão do conceito de tamanho efetivo e populações submetidas à seleção. I. Espécie monóicas. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 10, 223-227.
- WEBEL, O.O. e J.H. LONNQUIST, 1967. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (Zea mays L.). Crop.Sci. Madison, 7: 651-655.

WRIGHT, S., 1931. Evolution in mendelian populations. Genetics. Austin, 16: 97-159.

WRIGHT, J.A.; A.R. HALLAUER; L.H. PENNY e S.A. EBERHART, 1971. Estimating genetic variance in maize by use of single and three-way crosses among unselected inbred line. Crop. Sci. Madison, 11: 690-695.

ZINSLY, J.R., 1969. Estudo comparativo entre a seleção massal e a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em milho (Zea mays L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 89 p. (Tese de Doutorado).

9. APÊNDICE

Antes de apresentar o desenvolvimento das expressões utilizadas para o cálculo da eficiência relativa dos diferentes métodos de seleção é conveniente colocar a simbologia utilizada:

n : número de plantas por parcela;

r : número de repetições;

$\bar{x}$: média da população ao nível de plantas;

N_e : tamanho efetivo populacional;

S_{IG} e S_{MI} : número de famílias selecionadas para irmãos germanos e meios irmãos, respectivamente;

F_{IG} e F_{MI} : número de plantas femininas selecionadas dentro de irmãos germanos e meios irmãos, respectivamente;

T : número total de plantas selecionadas;

P_{MI} e P_{IG} : intensidade de seleção entre famílias de meios irmãos e irmãos germanos, respectivamente;

Γ : função gama;

- σ_A^2 : variância genética aditiva;
 σ_D^2 : variância de dominância;
 σ_{PMI}^2 : variância genética entre famílias de meios irmãos;
 σ_{PIG}^2 : variância genética entre famílias de irmãos germanos;
 σ_E^2 : variância ambiental entre parcelas;
 σ_W^2 : variância ambiental entre plantas dentro das parcelas;
 σ_{dMI}^2 : variância fenotípica dentro das famílias de meios irmãos;
 σ_{dIG}^2 : variância fenotípica dentro das famílias de irmãos germanos;
 σ_{MI}^2 : variância fenotípica entre médias de famílias de meios irmãos;
 σ_{IG}^2 : variância fenotípica entre médias de famílias de irmãos germanos;
 CVE : coeficiente de variação do experimento;
 CVG : coeficiente de variação genético;
 h^2 : herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas individuais;
 p : frequência gênica do alelo favorável para um dado loco;
 $\bar{p}$: frequência gênica média dos alelos favoráveis na população;
 α : contribuição dos homozigotos em relação à sua média na manifestação do caráter;
 δ : contribuição do heterozigoto em relação à média dos homozigotos na manifestação do caráter;

k_{11} e k_{21} : diferencial de seleção estandardizado entre famílias de irmãos germanos e de meios irmãos, respectivamente;

k_{12} e k_{22} : diferencial de seleção estandardizado dentro das famílias de irmãos germanos e de meios irmãos, respectivamente;

GS_{EDIG} : ganho esperado com a seleção entre e dentro das famílias de irmãos germanos;

GS_{EIG} : ganho esperado com a seleção entre famílias de irmãos germanos;

$GS_{EDMISSR}$: ganho esperado com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos sem sementes remanescentes (uma geração por ciclo);

$GS_{EDMICSR}$: ganho esperado com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos com sementes remanescentes (duas gerações por ciclo);

d : relação σ_D^2/σ_A^2 ;

b_{MI} : relação CVG/CVE ;

t : relação σ_W^2/σ_E^2 ;

c : relação $\sigma_{dMI}^2/\sigma_E^2$;

g : relação $\sigma_{IG}^2/\sigma_{MI}^2$;

y : relação $\sigma_{dIG}^2/\sigma_{dMI}^2$;

m : relação $\sigma_{MI}^2/\sigma_{dMI}^2$.

1) Desenvolvimento das expressões que permitem o cálculo da relação

$$\overline{\sigma_D^2} / \overline{\sigma_A^2} = d.$$

Considerando apenas um loco, segundo FALCONER (1976) tem-se

$$\sigma_D^2 = [2p(1-p)\delta]^2$$

$$\sigma_A^2 = 2p(1-p) [\alpha + (1-2p)\delta]^2$$

Para a obtenção dos valores da frequência alélica (p), foram consideradas três distribuições de frequências alélicas representando uma população pouco melhorada, uma com frequência intermediária e outra melhorada. Estas funções de distribuição da frequência alélica foram obtidas considerando que a frequência dos diferentes alelos favoráveis de uma população se ajustam a uma distribuição Beta. Segundo SELBY e GIRLING (1965) uma variável aleatória p com distribuição Beta tem por função de densidade:

$$f(p) = \frac{\Gamma(x+z+2)}{\Gamma(x+1) \Gamma(z+1)} p^x (1-p)^z,$$

onde $0 < p < 1$ e x e z são parâmetros com $x > -1$ e $z > -1$. Nesta distribuição a média da variável p é fornecida por:

$$\bar{p} = \frac{x+1}{x+z+2}.$$

As três funções de distribuição consideradas foram:

a) População pouco melhorada, considerou-se $x=1$ e $z=3$. Substituindo nas expressões anteriores teremos:

$$\bar{p} = 0,333 \quad \text{e} \quad f(p) = 20p(1-p)^3.$$

A representação gráfica desta função de distribuição está mostrada na figura 7, curva A.

O valor de $\overline{\sigma_D^2}$ levando em consideração esta função de distribuição é dado por:

$$\overline{\sigma_D^2} = \int_0^1 [2p(1-p)\delta]^2 20p(1-p)^3 dp.$$

Desenvolvendo teremos:

$$\overline{\sigma_D^2} = \frac{10\delta^2}{63}.$$

Por outro lado, $\overline{\sigma_A^2}$ é fornecido por:

$$\overline{\sigma_A^2} = \int_0^1 2p(1-p) [\alpha + (1-2p)\delta]^2 20p(1-p)^3 dp,$$

desenvolvendo, obtém-se:

$$\overline{\sigma_A^2} = \frac{24\alpha^2 + 12\alpha\delta + 4\delta^2}{63}$$

Assim sendo,

$$d = \frac{\overline{\sigma_D^2}}{\overline{\sigma_A^2}} = \frac{2,5\delta^2}{6\alpha^2 + 3\alpha\delta + \delta^2} \quad (1)$$

b) População com frequência alélica intermediária. Nesta situação $x=1$ e $z=1$. Sendo assim:

$$\bar{p} = 0,500 \quad \text{e} \quad f(p) = 6p(1-p).$$

A representação gráfica desta função de distribuição está representada na figura 7, curva B. Usando o mesmo raciocínio anterior, tem-se:

$$\overline{\sigma_D^2} = \int_0^1 [2p(1-p)\delta]^2 6p(1-p) dp ,$$

desenvolvendo teremos:

$$\overline{\sigma_D^2} = \frac{6\delta^2}{35} .$$

Por outro lado, $\overline{\sigma_A^2}$ é fornecido por:

$$\overline{\sigma_A^2} = \int_0^1 2p(1-p) [\alpha + (1-2p)\delta]^2 6p(1-p) dp ,$$

desenvolvendo:

$$\overline{\sigma_A^2} = \frac{14\alpha^2 + 2\delta^2}{35}$$

Assim sendo:

$$d = \frac{\overline{\sigma_D^2}}{\overline{\sigma_A^2}} = \frac{3\delta^2}{7\alpha^2 + \delta^2} \quad (2)$$

c) População melhorada. Considerou-se $x=3$ e $z=1$. Nesta situação obtém-se:

$$\bar{p} = 0,667 \quad \text{e} \quad f(p) = 20p^3(1-p)$$

A representação gráfica desta função de distribuição está mostrada na figura 7, curva C.

Figura 7 - Representação gráfica das frequências alélicas de acordo com a distribuição Beta. A) População pouco melhorada ($\bar{p}=0,333$); B) População intermediária ($\bar{p}=0,500$) e C) População melhorada ($\bar{p}=0,667$).

Como nos casos anteriores, tem-se:

$$\overline{\sigma_D^2} = \int_0^1 [2p(1-p)\delta]^2 20p^3(1-p) dp ,$$

desenvolvendo obtém-se:

$$\overline{\sigma_D^2} = \frac{10\delta^2}{63}$$

e

$$\overline{\sigma_A^2} = \int_0^1 2p(1-p) [\alpha + (1-2p)\delta]^2 20p^3(1-p) dp ,$$

desenvolvendo tem-se:

$$\overline{\sigma_A^2} = \frac{24\alpha^2 + 4\delta^2 - 12\alpha\delta}{63} .$$

Assim sendo:

$$d = \frac{\overline{\sigma_D^2}}{\overline{\sigma_A^2}} = \frac{2,5\delta^2}{6\alpha^2 + \delta^2 - 3\alpha\delta} \quad (3)$$

2) Desenvolvimento das expressões que permitem o cálculo da relação

$\sigma_{dMI}^2 / \sigma_E^2 = c$, e do coeficiente de variação do experimento em função da herdabilidade (h^2).

Sabe-se que:

$$c = \frac{\sigma_{dMI}^2}{\sigma_E^2} = \frac{(3/4)\sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_W^2}{\sigma_E^2} .$$

Considerando que:

$$d = \frac{\sigma_D^2}{\sigma_A^2} ;$$

$$t = \frac{\sigma_W^2}{\sigma_E^2} ;$$

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_{PMI}^2 + \sigma_{dMI}^2 + \sigma_E^2}$$

e desenvolvendo teremos:

$$c = \frac{(4-h^2)(t+1)}{4 - 4h^2(d+1)} - 1 \quad (4)$$

Para o coeficiente de variação experimental (CVE)

tem-se:

$$CVE = \frac{\sqrt{\sigma_E^2 + \frac{\sigma_{dMI}^2}{n}}}{\bar{x}} ,$$

utilizando as relações anteriores e desenvolvendo, obtem-se a expressão:

$$CVE = \frac{\sigma_A}{\bar{x}} \sqrt{\frac{(4-h^2)(n+c)}{4h^2n(1+c)}} \quad (5)$$

- 3) Desenvolvimento da expressão que permite o cálculo da percentagem de seleção entre e dentro de famílias de irmãos germanos, que fornece o mesmo tamanho efetivo, para uma dada percentagem de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos.

Pelas fórmulas desenvolvidas por VENCovsky (1977)^{1/}

tem-se:

$$N_{e_{MI}} = \frac{16S_{MI}}{4 - \frac{1}{F_{MI}}} \quad e \quad N_{e_{IG}} = \frac{4S_{IG}}{2 - \frac{1}{F_{IG}}}$$

Pode-se escrever também que:

$$P_{MI} = \frac{S_{MI}}{T} = \frac{S_{MI}}{F_{MI} S_{MI}} = \frac{1}{F_{MI}},$$

$$P_{IG} = \frac{S_{IG}}{T} = \frac{S_{IG}}{F_{IG} S_{IG}} = \frac{1}{F_{IG}}.$$

Considerando os tamanhos efetivos iguais pode-se escrever também que:

$$\frac{16S_{MI}}{4 - \frac{1}{F_{MI}}} = \frac{4S_{IG}}{2 - \frac{1}{F_{IG}}}.$$

Substituindo nas relações acima obtém-se:

$$P_{IG} = \frac{8P_{MI}}{4 + 3P_{MI}} \quad (6)$$

^{1/} VENCovsky, R., 1977. Comunicação pessoal.

- 4) Obtenção das expressões que fornecem a eficiência dos processos envolvendo famílias de irmãos germanos em relação aos de famílias de meios irmãos, em função da herdabilidade.

4.1) Eficiência da seleção entre e dentro de famílias de irmãos germanos (SEDIG) em relação à seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos sem sementes remanescentes (SEDMISSR).

Pelas expressões que fornecem o ganho esperado com a seleção nos dois métodos, pode-se escrever que:

$$\frac{GS_{EDIG}}{GS_{EDMISSR}} = \frac{\frac{k_{11}(1/2)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{IG}^2}} + \frac{k_{12}(1/4)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{dIG}^2}}}{\frac{k_{21}(1/8)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{MI}^2}} + \frac{k_{22}(3/8)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{dMI}^2}}} \quad (7)$$

Para obter esta expressão em função da herdabilidade, foi necessário estabelecer as relações:

$$a) \frac{\sigma_{IG}^2}{\sigma_{MI}^2} = \left[\frac{\sigma_{PIG}^2}{\sigma_{PMI}^2} \left(1 - \frac{1}{nr}\right) + \frac{1}{nr} + \frac{1}{rb_{MI}^2} \right] / \left(1 + \frac{1}{rb_{MI}^2}\right) \quad (8)$$

Nesta fórmula:

$$\frac{\sigma_{PIG}^2}{\sigma_{PMI}^2} = \frac{(1/2)\sigma_A^2 + (1/4)\sigma_D^2}{(1/4)\sigma_A^2} = 2 + d \quad (9)$$

e

$$b_{MI} = \frac{CVG}{CVE} = \sqrt{\frac{\sigma_{PMI}^2}{\sigma_E^2 + \frac{\sigma_{dMI}^2}{n}}}$$

Desenvolvendo em função da herdabilidade e utilizando as relações anteriormente apresentadas, obtém-se:

$$b_{MI} = \sqrt{\frac{h^2 n (1+c)}{(4-h^2)(n+c)}} \quad (10)$$

Substituindo (9) e (10) em (8) obtém-se:

$$\frac{\sigma_{IG}^2}{\sigma_{MI}^2} = g = \frac{(2nr + nr d - d - 1) h^2 (1+c) + (4-h^2)(n+c)}{nr h^2 (1+c) + (4-h^2)(n+c)} \quad (11)$$

$$b) \text{ Relação } \frac{\sigma_{dIG}^2}{\sigma_{dMI}^2} = y = \frac{(1/2)\sigma_A^2 + (3/4)\sigma_D^2 + \sigma_W^2}{(3/4)\sigma_A^2 + (1/4)\sigma_D^2 + \sigma_W^2}$$

Considerando a variância ambiental dentro das parcelas igual nos dois processos e desenvolvendo, pode-se escrever que:

$$\frac{\sigma_{dIG}^2}{\sigma_{dMI}^2} = y = \left[1 - \frac{h^2 (1+c) (d+1)}{c(4-h^2)} \right] \quad (12)$$

$$c) \text{ Relação } \frac{\sigma_{MI}^2}{\sigma_{dMI}^2} = m = \frac{(1/4)\sigma_A^2 + \frac{\sigma_E^2}{r} + \frac{\sigma_{dMI}^2}{nr}}{\sigma_{dMI}^2}$$

Desenvolvendo teremos:

$$\frac{\sigma_{MI}^2}{\sigma_{dMI}^2} = m = \frac{nrh^2(1+c) + (h+c)(4-h^2)}{nrc(4-h^2)} \quad (13)$$

Substituindo (11), (12) e (13) em (7) obtém-se:

$$\frac{GS_{EDIG}}{GS_{EDMISSR}} = \frac{4 k_{11} \sqrt{y} + 2 k_{12} \sqrt{mg}}{(k_{21} + 3 k_{22} \sqrt{m}) \sqrt{yg}}$$

Para se obter a eficiência relativa anual, deve-se dividir por 2, desde que foi considerado a seleção entre e dentro de irmãos germanos, um ciclo/2 anos e a seleção entre e dentro de meios irmãos sem sementes remanescentes e um ciclo/ano. Sendo assim:

$$\frac{GS_{EDIG}}{GS_{EDMISSR}} = \frac{4 k_{11} \sqrt{y} + 2 k_{12} \sqrt{mg}}{(k_{21} + 3 k_{22} \sqrt{m}) 2\sqrt{yg}} \quad (14)$$

4.2 - Eficiência da seleção entre e dentro de famílias de irmãos germanos (SEDIG) em relação à seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos com sementes remanescentes (SEDMICSR).

$$\frac{GS_{EDIG}}{GS_{EDMICSR}} = \frac{\frac{k_{11}(1/2)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{IG}^2}} + \frac{k_{12}(1/4)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{dIG}^2}}}{\frac{k_{21}(1/4)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{MI}^2}} + \frac{k_{22}(3/8)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{dMI}^2}}}$$

Comparando esta expressão com a (7), observa-se que apenas ocorreu mudança no primeiro termo do denominador, que ao invés de ser $(1/8)\sigma_A^2$ passou a ser $(1/4)\sigma_A^2$.

Usando as mesmas relações e desenvolvimento anteriores, pode-se escrever que:

$$\frac{GS_{EDIG}}{GS_{EDMISR}} = \frac{4 k_{11} \sqrt{y} + 2 k_{12} \sqrt{mg}}{(2 k_{21} + 3 k_{22} \sqrt{m}) \sqrt{yg}} \quad (15)$$

4.3 - Eficiência da seleção entre família de irmãos germanos (SEIG) em relação à seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos sem sementes remanescentes (SEDMISR)

$$\frac{GS_{EIG}}{GS_{EDMISR}} = \frac{\frac{k_{11} (1/2) \sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{IG}^2}}}{\frac{k_{21} (1/8) \sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{MI}^2}} + \frac{k_{22} (3/8) \sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{dMI}^2}}}$$

Usando as mesmas expressões anteriores e desenvolvendo obtém-se a expressão da eficiência relativa anual destes dois processos.

$$\frac{GS_{EIG}}{GS_{EDMISR}} = \frac{16 k_{11}}{\sqrt{g} (8 k_{21} + 24 k_{22} \sqrt{m})} \quad (16)$$

4.4 - Eficiência da seleção entre famílias de irmãos germanos (SEIG) em relação à seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos com sementes remanescentes (SEDMICSR)

$$\frac{GS_{EIG}}{GS_{EDMICSR}} = \frac{\frac{k_{11} (1/2) \sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{IG}^2}}}{\frac{k_{21} (1/4) \sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{MI}^2}} + \frac{k_{22} (3/8) \sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_{dMI}^2}}}$$

Desenvolvendo obtem-se:

$$\frac{GS_{EIG}}{GS_{EDMICSR}} = \frac{16 k_{11}}{\sqrt{g} (8 k_{21} + 12 k_{22} \sqrt{m})}$$