POTENCIALIDADE DE UM NOVO SISTEMA DE CRUZAMENTO A NÍVEL INTERPOPULACIONAL, COM PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS DE MILHO (*Zea mays*, L.)

MILTON GUILHERME DA COSTA MOTA

Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

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

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Outubro, 1984

*"Um verdadeiro sábio não se sente superior aos outros homens,
mas servidor da verdade. É cheio de humildade na pesquisa.
Se não fosse, não descobriria nada jamais".*

João Paulo II

"Amazônia, dádiva de Deus, para nós e nossos filhos".

A minha esposa

e aos nossos:

Adriano, Rogerio,

Tiago, Danilo,

Marcio e Rafael.

AGRADECIMENTOS

- Ao Professor e amigo Dr. José Branco de Miranda Filho, pela orientação;
- a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), em particular ao CPATU, DRH e DMQ, pela oportunidade de realização do curso e conclusão deste trabalho;
- ao Departamento de Genética da ESALQ/USP, através de seus chefes, docentes, funcionários e colegas de curso, pela oportunidade, ensinamento, colaboração e convivência;
- a todos que direta ou indiretamente contribuíram para o êxito deste trabalho.

os meus agradecimentos.

*"Qualquer obra representa um esforço conjunto,
e a sua grandeza, a participação dos elementos"*

"CURRICULUM VITAE"

MILTON GUILHERME DA COSTA MOTA, filho de Anísio dos Santos Mota e Maria da Costa Mota, nasceu a 10 de novembro de 1946 em Vigia, Pará. Em 1967 ingressou na Escola de Agronomia da Amazônia em Belém, Pará, graduando-se em Engenharia Agrônômica em 1970. Neste período desenvolveu atividades de pesquisa no Instituto de Pesquisa Agropecuária do Norte (IPEAN), como estagiário. Em março de 1971, foi contratado pelo Ministério da Agricultura para trabalhar em Pesquisa e Experimentação Agropecuária. Neste ano realizou estágio de iniciação científica em instituições oficiais sediadas no Rio de Janeiro e Minas Gerais, tendo sido posteriormente lotado no IPEAN. Neste período desenvolveu pesquisas de melhoramento de mandioca e milho. Em março de 1972, iniciou curso de pós-graduação, a nível de mestrado, em Genética e Melhoramento de Plantas, na ESALQ/USP, tendo em 1974 defendido o trabalho de dissertação: "Comportamento de progênies de meios irmãos e S_1 na variedade de milho (*Zea mays*, L.) Centralmex". Em 1974, foi contratado pela EMBRAPA, tendo sido lotado no Centro de Pesquisa Agropecuária do Trópico Úmido, remanescente do antigo IPEAN. Neste período foi coordenador dos programas de melhoramento de milho, malva e juta, para a região Amazônica, os quais possibilitaram o lançamento de novas cultivares de milho e malva e deram origem aos programas de produção de sementes destas culturas. Em agosto de 1980 iniciou curso de pós-graduação, a nível de doutorado, em Genética e Melhoramento de Plantas, na ESALQ/USP. Possui trabalhos publicados e já exerceu atividades de ensino e proferiu palestras e seminários dentro do seu ramo de pesquisa.

ÍNDICE

	Página
RESUMO	vii
SUMMARY	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Cruzamentos a Nível Interpopulacional	4
2.1.1. Capacidade de combinação	4
2.1.2. Heterose	9
2.1.3. Variação genética	11
2.2. Efeito da Seleção Antes do Cruzamento	15
2.3. Seleção Recorrente Recíproca	24
2.4. Hibridação Cíclica	32
3. MATERIAIS	36
4. METODOLOGIA	38
4.1. Obtenção das progênies MI x MI	38
4.2. Ensaio de avaliação	43
4.3. Análise estatística dos experimentos	44
4.4. Determinação dos componentes da variância genética ...	50
4.5. Estimativas da variabilidade genética	54
4.5.1. Para seleção de híbridos MI x MI	54
4.5.2. Para seleção recorrente recíproca	55
4.6. Estimativas do progresso esperado por seleção	55
4.6.1. Para seleção de híbridos MI x MI	56
4.6.2. Para seleção recorrente recíproca	57
4.7. Análise da capacidade de combinação	57

5. RESULTADOS	60
5.1. Arranjos de cruzamento e seleção prévia	60
5.1.1. Análise da variância	60
5.1.2. Médias	61
5.1.3. Variabilidade genética	67
5.2. Progresso genético esperado	67
5.3. Capacidade de combinação	68
6. DISCUSSÃO	72
6.1. Arranjos de cruzamento e seleção prévia	72
6.2. Ganho de seleção	86
6.2.1. Por seleção de híbridos MI x MI	86
6.2.2. Por seleção recorrente recíproca	92
6.3. Capacidade de combinação	95
7. CONCLUSÃO	105
BIBLIOGRAFIA	112
TABELAS	123
FIGURAS	148

POTENCIALIDADE DE UM NOVO SISTEMA DE CRUZAMENTO A NÍVEL
INTERPOPULACIONAL, COM PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS
DE MILHO (*Zea mays*, L.)

Milton Guilherme da Costa Mota

Orientador: Prof. José Branco de Miranda Filho

RESUMO

Com este trabalho pretende-se propor um novo sistema de cruzamento a nível interpopulacional e ao mesmo tempo contribuir com algumas respostas a problemas de natureza prática que estão afetando a eficiência de seleção de híbridos nas condições brasileiras. Para tanto, avaliaram-se 300 híbridos de progênes de meios-irmãos (MI) produzidos de 50 progênes previamente selecionadas (C_1) e 50 progênes não selecionadas (C_2), de cada uma das populações, Piranão-VD2 e Piranão-VF1, respectivamente. As progênes foram cruzadas aos pares segundo três arranjos de cruzamento: decrescente (A_1), inverso (A_2) e aleatório (A_3). Em cada par de progênie foram realizados vários cruzamentos planta a planta, sendo o par de progênie representado por uma mistura de sementes de cada cruzamento. Os ensaios foram conduzidos em Piracicaba no ano de 1981/82, de acordo com o delineamento em látice. Cada arranjo se constituiu num experimento com 100 híbridos MI x MI, sendo 50 de progênes C_1 e 50 de progênes C_2 .

Diferenças significativas foram observadas entre as mêdias dos híbridos quanto ao efeito da seleção prévia, do arranjo de cruzamento e da interação de ambos. Com relação ao efeito da seleção prêvia, os híbridos de C_1 foram, em média, 360 Kg/ha (4,9%) superiores aos híbridos de C_2 . Quanto ao efeito de arranjo não se verificou diferença

significativa entre A_1 e A_2 , sendo estes diferentes à A_3 ; observou-se uma tendência de produção para $A_1 > A_2 > A_3$. De modo geral os efeitos heteróticos mostraram-se imprevisíveis, mas tratando-se de progênies C_1 , estes efeitos foram melhor explorados no arranjo A_1 e A_2 , e de progênies C_2 , no arranjo A_1 .

Os 300 híbridos avaliados, produziram em média 12,8% mais que a testemunha (Piranão-VD2), sendo 87% desses híbridos superiores a esta variedade. Se forem selecionados os dez melhores híbridos dos 300 (intensidade de seleção de 3,3%), cinco pertencerão ao arranjo A_1 , quatro à A_2 e um à A_3 ; sete serão de progênies C_1 e três de progênies C_2 . Se forem consideradas apenas as progênies C_1 , dos dez melhores híbridos (intensidade de seleção de 6,6%), seis pertencerão à A_1 , três à A_2 e um à A_3 . O progresso genético médio esperado por seleção de híbridos MI x MI, com intensidade de seleção de 20%, foi de 13,2%.

O esquema de cruzamento produziu dois tipos de progênies, irmãos germanos (IG) e meios primos duplos (MPD), e os híbridos MI x MI expressam $0,1786 \sigma_{A(12)}^2 + 0,0624 \sigma_{D(12)}^2$. Estimou-se, com uma intensidade de seleção de 20%, um progresso genético esperado por seleção recorrente recíproca nos limites 11,5% até 15,6%.

Obtiveram-se estimativas de capacidade de combinação (c.c.) das progênies e estabeleceu-se um método de previsão do comportamento de híbridos MI x MI. Encontrou-se que com base na c.c. melhores híbridos deverão ser produzidos quando cruzam-se progênies C_2 de Piranão-VD2 com progênies C_1 de Piranão-VF1. Quando selecionou-se os dez melhores híbridos MI x MI potenciais de 10.000 (intensidade de seleção de 0,1%) eles produziram, em média, 85% mais que Piranão-VD2.

Foram dadas evidências: de que a divergência genética é um fator importante para produção de híbridos MI x MI superiores entre as duas populações; de que o sistema de cruzamento tem potencialidade

para ser adaptado, com vantagem, aos métodos de melhoramento e obtenção de híbridos de milho e outras culturas; e, de que é importante desenvolver experimentos exploratórios como este. Com base neste sistema, propõe-se vários procedimentos de melhoramento a nível interpopulacional.

POTENTIALITY OF A NEW MATING SYSTEM AT THE INTERPOPULATION LEVEL, WITH HALF SIB PROGENIES OF MAIZE (*Zea mays* L.)

Author: Milton Guilherme da Costa Mota

Adviser: Prof. José Branco de Miranda Fº

SUMMARY

This research was developed in order to evaluate a new mating system at the interpopulation level for the obtention of hybrids between half sib families. Thus, 300 hybrids obtained from 50 progenies previously selected (C_1) and 50 progenies unselected (C_2), for each of the base populations, Piranão-VD2 and Piranão-VF1, respectively, were evaluated. The half sib progenies were crossed in pairs by using three breeding arrangements: decreasing (A_1), inverse (A_2) and at random (A_3). Each progeny pair was represented by a mixture of seeds from the several crosses within each pair. The trials were carried out at Piracicaba, in the year 1981/82. A lattice design was used and each arrangement was represented by one experiment with 100 hybrids MI x MI, 50 from progenies C_1 and 50 from progenies C_2 .

Hybrids of C_1 averaged 360 Kg/ha (4,9%) greater yields than hybrids of C_2 . However, both progeny sets produced hybrids MI x MI that yielded more than the variety Piranão-VD2. On the average, a tendency of production for $A_1 > A_2 > A_3$ was verified. The effect of the interaction between previous selection and arrangement was significant. On the average, the hybrids C_1 yielded more in the arrangement A_2 than in the arrangement A_1 and A_3 ; the hybrids C_2 yielded more in the arrangement A_1 than in the arrangement A_2 and A_3 .

Generally, the heterotic effects were unpredictable, but such effects were more explored in the arrangement A_1 and A_2 with selected progenies, and in the arrangement A_1 , with unselected progenies. But, for any condition the selection of outstanding MI x MI hybrids was possible. From 300 hybrids evaluated, 81.7% yielded more than the check variety Piranão-VD2. If the ten best hybrids of the 300 were selected (3.3% selection intensity), five were from arrangement A_1 , four from A_2 and one from A_3 ; seven were from C_1 progenies and three from C_2 progenies. If only C_1 progenies were grown, then from the ten best hybrids (6.6% selection intensity), six were from A_1 , three from A_2 and one from A_3 . On the average, the ten selected hybrids yielded 3.158 Kg/ha (143%) more than the variety check. With 20% selection intensity, a genetic progress of 13.2% through selection of hybrids MI x MI, was expected.

The mating design produced two types of progenies, full sib and half double first cousins, and the hybrids MI x MI explored $0.1768 \sigma_{A(12)}^2 + 0.0624 \sigma_{D(12)}^2$. The expected progress through SRR, with 20% selection intensity, was between 11.4% and 15.5%.

The combining ability (c.c.) of the progenies was estimated and a new method for the prediction of hybrids was settled. Prediction on the basis of c.c. estimates showed that the best hybrids should be produced from crosses between C_2 progeny of Piranão-VD2 and C_1 progeny of Piranão-VF1. When the ten MI x MI best potential hybrids were selected from 10,000 (0.1% selection intensity), the average yield was 84.8% higher than variety check.

The evidences showed that: the genetic divergence is an important factor for the production of hybrids between the two populations; the production MI x MI hybrids seems to be quite feasible for the Brazilian conditions; the mating system can be adapted to other methodologies for the development of hybrids of maize and other crops; also for the development of hybrids as proposed in this project, the conduction of exploratory experiments seems to be important as the first stage in a hybrid breeding program.

1. INTRODUÇÃO

Uma das consequências genéticas mais espetaculares do cruzamento de germoplasmas de milho é a manifestação do vigor híbrido ou heterose. Isto, tem-se constituído no objetivo máximo do melhoramento da cultura.

Realizando um rápido retrospecto sobre a história da evolução do melhoramento de milho, verifica-se que, provavelmente o interesse sobre a heterose teve início com os trabalhos de autofecundação e cruzamento realizados por Darwin em 1877, conduzindo Beal em 1888, a propor a utilização de cruzamentos intervarietais na produção comercial de milho (SPRAGUE e EBERHART, 1977). Porém, com os trabalhos básicos de autofecundação e cruzamentos realizados por SHULL (1908 e 1909) e EAST (1908), e a consequente proposta de JONES (1918) para utilização comercial dos híbridos duplos, a produção dos híbridos de linhagens tornou-se uma realidade.

A superioridade destes híbridos provocou grande impacto na produção de milho e fizeram com que o interesse sobre os híbridos intervarietais fossem negligenciados. Apesar disto, dois pontos críticos tem sido apontados na geração dos híbridos de linhagens: o primeiro, é o aparente "plateau" de produção, atingido pelos híbridos duplos comerciais, por volta de 1950, tendo como causa, a baixa frequência

de genes favoráveis nas populações básicas; e o segundo, o modo aleatório com que o vigor de híbrido é obtido. Muito esforço tem sido desenvolvido para eliminar estes pontos críticos, o que tem conduzido a uma constante evolução do método.

O avanço da genética quantitativa e sua aplicação no melhoramento, além de contribuir para este esforço, fez voltar o interesse sobre cruzamentos intervarietais. Ao mesmo tempo, novos métodos estatísticos-genéticos tornaram-se disponíveis permitindo, assim, avaliar com mais eficiência as populações e seus cruzamentos.

Como consequência disto, vários métodos de seleção recorrente foram desenvolvidos, para aumentar a frequência gênica dos alelos favoráveis nas populações básicas. Entre outros, COMSTOCK *et alii* (1949) propuseram o método de seleção recorrente recíproca (SRR), com o objetivo de tirar o máximo proveito da ação gênica envolvida na capacidade geral e específica de combinação, e assim, maximizar a heterose. Na esteira da SRR, foi desenvolvido um novo método de obtenção de híbridos, visando eliminar o aspecto aleatório do método clássico e as desvantagens decorrentes da intensa endogamia (HALLAUER, 1967; LONNQUIST e WILLIAMS, 1967). Este método tem sido conhecido como "técnica de irmãos germanos", "híbrido críptico" e de maneira mais generalizada como "hibridação cíclica".

Apesar destes métodos de melhoramento serem, do ponto de vista genético, tecnicamente completos, não têm sido intensamente usados, principalmente, por motivos de ordem prática. Em virtude disto, várias modificações foram propostas para torná-los mais eficientes e satisfazerem as condições existentes nos locais onde foram aplicados. Por outro lado, a continuação de estudos sobre genética-estatística poderão, ainda, fornecer respostas a problemas de natureza prática, que afetam a eficiência destes métodos, e assim contribuir para a evolução do melhoramento genético.

Neste trabalho, propomos um novo sistema de cruzamento a nível interpopulacional, envolvendo um delineamento que denominou-se de "cruzamentos biparentais entre progênies de meios irmãos". Estamos interessados em avaliar a potencialidade deste sistema como método de melhoramento e ao mesmo tempo buscar respostas a problemas de natureza prática que estão afetando o melhoramento interpopulacional de milho. Para tanto, pretendemos:

- a) verificar o efeito da seleção de progênies de meios irmãos (MI) antes do cruzamento e a melhor ordem com que estes poderão ser realizados;
- b) selecionar híbridos interpopulacionais de progênies de MI;
- c) estimar e interpretar variâncias genéticas entre progênies do esquema de cruzamento proposto, considerando o efeito da seleção prévia e a ordem dos cruzamentos das progênies;
- d) avaliar a possibilidade do esquema proposto em programas de melhoramento de híbridos e SRR; e
- e) desenvolver um método para previsão do comportamento de híbridos com base na capacidade de combinação (c.c.) das progênies de MI.

2. REVISÃO DE LITERATURA

Para atender aos objetivos deste trabalho, faremos, tanto quanto possível, um relato sucinto dos aspectos básicos e aplicados, relacionados com os seguintes assuntos: cruzamentos a nível interpopulacional, seleção recorrente recíproca e hibridação cíclica.

2.1. Cruzamentos a Nível Intergupulacional

Neste item, trataremos de assuntos que dizem respeito a capacidade de combinação, a heterose e a variação genética, manifestadas em cruzamentos interpopulacionais.

2.1.1. Capacidade de combinação

A capacidade de combinação foi definida por FALCONER (1960) como o valor médio dos F_1 's dos cruzamentos de uma progênie com várias outras. Porém, normalmente, quando fala-se em capacidade de combinação, pensa-se nas expressões, c.g.c.¹ e c.e.c.², criadas por SPRAGUE e TATUM (1942). De acordo com estes autores, a c.g.c. expressa o desempenho médio de uma linhagem em combinações híbridas; e a c.e.c. expressa o comportamento de combinações híbridas específicas, independente do que se poderia esperar com base na c.g.c. das linhagens envolvidas. Segundo interpretações destes e outros pesquisadores, como

1 : capacidade geral de combinação

2 : capacidade específica de combinação

MATZINGER e KEMPTHORNE (1956) e GRIFFING (1956), para a c.g.c. estão contribuindo, principalmente, efeitos gênicos aditivos e alguma epístase do tipo aditivo x aditivo. Para a c.e.c., predominam genes de efeitos de dominância e epistáticos. Estudos realizados por RUSSELL e EBERHART (1975) e HOEGEMEYER e HALLAUER (1976), evidenciaram que a c.g.c. é mais importante que a c.e.c.; porém, esta última pode ser muito importante em combinações híbridas simples, como indicado por SPRAGUE e TATUM (1942).

Nas situações, onde cruzam-se n populações com outras m populações num esquema dialélico, estamos diante de dois testadores, onde cada conjunto de populações é testador do outro. Para estes casos, VENCovsky (1978) apresentou as seguintes expressões genéticas para a c.g.c. e c.e.c.:

para a população i ($i = 1, 2, \dots, n$),

$$c.g.c. = (p_i - \bar{p}) [a + (1 - 2\bar{r}) d] \quad (2.1.)$$

para a população j ($j = 1, 2, \dots, m$)

$$c.g.c. = (r_j - \bar{p}) [a + (1 - 2\bar{p}) d] \quad (2.2.)$$

onde $\bar{r}$ e $\bar{p}$ representam as frequências gênicas médias dos p_i e r_j das i e j populações, respectivamente; a e d representam os efeitos de homozigotos e heterozigotos, respectivamente (FALCONER, 1960).

$$c.e.c. = 2[(\bar{p} - p_i)(r_j - \bar{r})] d \quad (2.3.)$$

De acordo com as expressões 2.1 e 2.2, verifica-se que a c.g.c. depende das diferenças nas frequências gênicas ($p_i - \bar{p}$), da constituição genética do testador e da ação gênica envolvida. Segundo VENCovsky (1978), terão alta c.g.c., os germoplasmas cuja frequência de alelos favoráveis seja alta, em relação a sua população, ou seja $p_i - \bar{p} > 0$. Quanto a constituição genética do testador, as melhores

situações serão quando a frequência gênica do alelo favorável no testador for menor que 0,5, pois, neste caso, os efeitos de dominância também passarão a auxiliar na seleção. Quando $r = 0,5$ ou $d = 0$, a c.g.c. não dependerá dos efeitos de dominância. Isto, também, seria uma boa situação, porém, poderá não ocorrer na prática, pois, sempre teremos locos com $r \neq 0,5$, mesmo com um testador de base genética ampla. Desta forma, a c.g.c. estará sempre, positiva ou negativamente, influenciada pela dominância gênica.

Conforme expressão 2.3, verifica-se que a c.e.c. depende dos efeitos de dominância e das frequências gênicas nas duas populações. Na ausência de dominância ($d = 0$) o efeito da c.e.c. na média do cruzamento será nulo. A c.e.c. será alta quando uma das populações do cruzamento $i \times j$, tiver alta frequência de alelos favoráveis e a outra baixa frequência de alelos favoráveis, ou seja, $r_j - \bar{r} > 0$ e $\bar{p} - p_i > 0$. Isto ocorrerá em situações, onde as duas populações tenham suficiente divergência genética (VENCOVSKY, 1978; HALLAUER e MIRANDA FQ, 1981). A c.e.c. assim formulada equivale a heterose entre médias de cruzamentos interpopulacionais.

Em "testcross" torna-se difícil a distinção entre c.g.c. e c.e.c.. Para este caso a capacidade de combinação foi definida por VENCOVSKY (1978) como:

$$c_i = \bar{T}_i - \bar{T}. = (p_i - \bar{p}.) [a + (1 - 2r) d] \quad (2.4.)$$

onde,

$\bar{T}_i$: média de cada "testcross",

$\bar{T}. :$ média de todos os "testcrosses",

p_i : frequência do alelo favorável no germoplasma i ,

r : frequência do alelo favorável no testador,

$\bar{p}. :$ frequência média do alelo favorável na população.

Para esta situação, também, são válidas as mesmas conclusões tirada anteriormente para c.g.c.. A influência da constituição genética do testador e da ação gênica envolvida na variância de "testcrosses", foram estudadas por RAWLINGS e THOMPSON (1962). Segundo estes autores considerando um modelo com ausência de epístase, um loco e um testador particular:

$$\sigma_t^2 = \sigma_c^2 = [p(1-p)/2] (1+F) [a + (1-2r)d]^2 \quad (2.5.)$$

Numa população onde os valores de p , F e a sejam fixos, a variância de "testcross" (σ_t^2) dependerá da frequência gênica no testador (r) e do nível de dominância da população (d). Em qualquer nível de dominância ($d > 0$) e com frequência gênica no testador baixa ($r < 0,5$), teremos as melhores situações para a σ_t^2 . Quando $r = 0$ e $d > 1$, ou seja na presença de sobredominância, a σ_t^2 deverá alcançar o seu máximo valor. A σ_t^2 não deverá sofrer alterações quando não existir dominância gênica ($d = 0$) ou quando $r = 0,5$. As piores situações serão quando as frequências gênicas no testador forem altas ($r > 0,5$). A σ_t^2 será zero quando $r = 1$ e $d = 0$, ou seja na ausência de dominância.

Do exposto verifica-se que uma baixa frequência gênica no testador só dará maior variância, se o nível de dominância variar de parcial a sobredominância. Por outro lado, testadores com frequências gênicas altas só darão maior variância se a sobredominância for de considerável importância.

Segundo a hipótese lançada por HULL (1945), o testador mais eficiente deveria ser aquele com baixa frequência de alelos favoráveis. As idéias expressas por RAWLINGS e THOMPSON (1962) e VENCOSKY (1978), as quais já foram anteriormente descritas, mais as evidências apresentadas por COMSTOCK (1964), HALLAUER e LOPEZ-PEREZ (1979) e ALLISON e CURNOW (1966), dão suporte a esta hipótese. Com base nestas idéias e evidências HALLAUER e MIRANDA Fº (1981) concluíram que tanto linhagens homozigotas recessivas, como populações com baixa frequência de

alelos favoráveis nos locos importantes, são bons testadores para discriminar linhagens num programa de melhoramento de híbridos ou para melhorar a população num esquema de seleção recorrente.

A capacidade de combinação pode ser utilizada num programa de melhoramento para medir o desempenho de híbridos e para determinar o seu potencial num programa de melhoramento de híbridos. Neste sentido, um dos aspectos diz respeito a predição do comportamento de progênies em cruzamentos. De acordo com GILBERT (1958), estimativas da c.g.c., obtidas através de cruzamentos dialélicos incompletos, podem ser utilizadas para predizer o comportamento dos cruzamentos não realizados. Para este autor, isto representa uma solução racional, em programas de cruzamentos exploratórios, quando não se tem todos os cruzamentos possíveis dentro de um grupo de germoplasmas. Com isso, se poderia realizar uma triagem nestes germoplasmas e concentrar maiores esforços numa etapa posterior, com um número mais reduzido de germoplasmas.

Geralmente, no final de programas de melhoramento de milho híbrido, tem-se um grande número de linhagens a serem testadas em cruzamentos. A produção de todas as combinações de cruzamentos simples e duplos, entre um número elevado de linhagens, torna-se impraticável, pois, o número de combinações cresce rapidamente com o aumento do número de linhagens. Para facilitar a triagem das linhagens antes dos cruzamentos simples, DAVIS (1927) introduziu o teste de "topcross". A eficiência deste método foi demonstrada por JENKINS e BRUNSON (1932), JENKINS (1934) e JOHNSON e HAYES (1936). Eles encontraram correlações significativas entre as médias de produção dos "topcrosses" e os cruzamentos simples.

Como alternativa, para realizar o descarte das linhagens numa etapa mais precoce do processo de obtenção das linhagens, JENKINS (1935) e SPRAGUE (1939), sugeriram o "teste precoce" para avaliar a capacidade de combinação através de "topcrosses". Desta forma, um descarte

antecipado dos germoplasmas, permitiria um esforço mais concentrado sobre os germoplasmas mais promissores, nas etapas seguintes de autofecundação. Comprovações experimentais da eficiência do referido teste, foram dadas por SPRAGUE (1946 e 1952), LONNQUIST (1950) e HALLAUER e LOPEZ-PEREZ (1979). Segundo SPRAGUE (1946) a capacidade de combinação é uma característica herdável. HALLAUER e LOPEZ-PEREZ (1979) deram suporte a esta conclusão, quando verificaram que os "testcrosses" S_1 de mais alta produção, geralmente, davam as maiores produções em "testcrosses" S_8 . Contudo, este assunto tem sido muito discutido na literatura e as objeções dizem respeito principalmente a considerações de ordem econômica e sobre a presumível eficiência da seleção fenotípica durante a autofecundação (RICHEY, 1947 e RUSSELL, 1976).

Outros procedimentos de previsão de híbridos tem sido utilizados em milho (MIRANDA Fº, 1974). Em todos os casos as interações genótipo x ambiente e a presença de efeitos epistáticos podem reduzir a eficiência desses procedimentos. Porém, segundo STUBER e MOLL (1974), a não ser que as avaliações sejam feitas em vários ambientes, os efeitos da interação genótipo x ambiente tendem a causar maiores erros na predição de milho híbrido, do que os efeitos epistáticos.

2.1.2. Heterose

A heterose que se manifesta nas gerações F_1 ou F_2 do cruzamento de duas populações é representada pelos desvios da média dos pais ou seja, corresponde a diferença entre as médias dos F_1 ou F_2 e a média dos pais. Exprimindo a heterose em termos de frequências gênicas e efeitos genotípicos, temos que: $h = (p - r)^2 d$, onde p e r são as frequências gênicas do alelo favorável nas duas populações, respectivamente, e d o efeito de dominância. Pelo exposto verifica-se que a heterose só se expressa quando existem as seguintes condições: presença de algum nível de dominância e diferenças entre as frequências gênicas nas duas populações ($p \neq r$) (FALCONER, 1960).

Um dos aspectos relacionados a heterose, o qual tem sido muito discutido, diz respeito à ação gênica envolvida (PATERNIANI, 1974; HALLAUER e MIRANDA Fº, 1981). Duas teorias têm sido propostas para explicar a heterose: sobredominância e dominância. Embora, as evidências apresentadas não excluam uma ou outra teoria, dados de SPRAGUE *et alii* (1959) e PENNY *et alii* (1962), indicaram que genes dominantes ou parcialmente dominantes têm maior importância na heterose. Por outro lado, conforme GARDNER (1963) as evidências com relação a sobredominância, são poucas e inconsistentes. Existem evidências da presença de efeitos epistáticos, porém, as mesmas foram consideradas de pouca importância e restritas a cruzamentos específicos (HALLAUER, 1975). Porém, segundo DARRAH e HALLAUER (1972) um procedimento que detectasse e selecionasse efeitos gênicos não aditivos favoráveis, na presença de plantas altamente heterozigotas, deveria resultar em melhores híbridos.

Diferenças de frequências gênicas entre duas populações, implicam em divergência genética (FALCONER, 1960). Em milho, é sabido que cruzamentos de populações divergentes, do tipo Flint x Dente, manifestam um elevado nível de heterose. PATERNIANI e LONNQUIST (1963) mostraram que até em populações do mesmo tipo de endosperma, também, é possível obter-se o mesmo nível de heterose, desde que exista ampla diversidade genética entre elas. Porém, a diversidade genética tem um limite, além do qual não é importante para a heterose (FALCONER, 1960; MOLL *et alii*, 1965).

HALLAUER e MIRANDA Fº (1981), fizeram um resumo da manifestação da heterose em cruzamentos varietais desde 1863 até 1979. Verificaram que num total de 611 variedades usadas, correspondentes a

1394 cruzamentos intervarietais, a heterose média, em relação a média dos pais, foi 19,5%, com amplitude de -3,6% a 72%; e 8,2%, em relação ao pai superior, com amplitude de -9.9% a 43%. A heterose média em relação ao pai superior, antes de 1930, era de 0,0%, passando para 10,0% após 1955. Este significativo aumento da heterose a partir de 1955 foi atribuído, em grande parte, a utilização de cruzamentos dialélicos, que permitiram selecionar cruzamentos dirigidos para expressar a heterose. Constatou-se que, embora a heterose tenha aumentado cerca de 3% com os programas de seleção recorrente, isso não foi considerado significativo. Os maiores valores de heterose corresponderam aos trabalhos que envolveram cruzamentos interracialis, enquanto que os valores médios e baixos, corresponderam a cruzamentos intervarietais.

2.1.3. Variação genética

A base teórica da covariância entre parentes e da decomposição da variância genética foram desenvolvidas por FISHER (1918). Este autor decompõe a variância genética de uma população panmítica em: variância genética aditiva, que está associada aos efeitos médios dos genes; variância genética dominante, devida aos desvios associados às interações alélicas e variância genética epistática, devida aos desvios associados as interações não alélicas. Demonstrou que a covariância entre parentes é função dos diferentes componentes da variância genética. Segundo, COCKERHAM (1963) os componentes da variância genética podem ser expressos como funções lineares das covariâncias entre parentes resultantes de cada esquema de cruzamento.

Apesar de que, os F_1 dos cruzamentos a nível interpopulacional não estarem em equilíbrio e a sua variância genética não estar linearmente relacionada a qualquer uma das populações, a variância genética pode ser dividida em componentes genéticos aditivos, dominantes e epistáticos, de acordo com a caracterização feita por STUBER (1965). Segundo HALLAUER e MIRANDA Fº (1981), quando a população cruzada está

numa estrutura de famílias de meios irmãos temos que:

usando apenas um dos pais como fêmea,

$$\sigma_{MI_{12}}^2 = (1/4) \sigma_{A_{12}}^2 \quad \text{ou} \quad \sigma_{MI_{21}}^2 = (1/4) \sigma_{A_{21}}^2$$

e ambos os pais reciprocamente,

$$\sigma_{MI_{12}}^2 = (1/8) \sigma_{A_{12}}^2 + (1/8) \sigma_{A_{21}}^2 \quad \text{ou}$$

para $p = r$,

$$\sigma_{MI_{12}}^2 = (1/4) \sigma_{A_{12}}^2.$$

Quando a população cruzada está numa estrutura de famílias de irmãos germanos temos que:

$$\sigma_{IG_{12}}^2 = (1/2) \sigma_{A_{12}}^2 + (1/4) \sigma_{D_{12}}^2.$$

Estes dois componentes da variância genética a nível interpopulacional, foram considerados homólogos das variâncias aditiva e dominante, como definidas para uma população. Eles tornam-se as mesmas quando as frequências gênicas nas duas populações são iguais (HALLAUER e MIRANDA Fº, 1981).

Os delineamentos genéticos-estatísticos sugeridos por COMSTOCK e ROBINSON (1948 e 1952) para estimar componentes da variância genética em populações, tem sido utilizados para estimar estes componentes a nível interpopulacional (STUBER *et alii*, 1966, GOODRICH *et alii*, 1975 e OBILANA *et alii*, 1979). De modo geral, estes autores mostraram evidências de que para características importantes em milho, o controle genético é devido principalmente a efeitos aditivos, enquanto que, os efeitos de dominância variam de parcial a completa. A epistasia foi considerada de pouca importância para a produção de grãos,

muito embora, em vários casos (STUBER e MOL, 1971), fosse estatisticamente significativa. Também, foi reconhecido que ela pode confundir completamente os resultados esperados, com base unicamente num modelo aditivo - dominante. Contudo, apesar de muitos métodos de predição de resposta a seleção ignorarem os tipos de variância epistática, tem-se verificado uma boa concordância entre a resposta esperada e observada.

A proporção das estimativas das variâncias, aditiva e dominante, para produção, em cruzamentos interpopulacionais, tem variado de acordo com as populações utilizadas. STUBER *et alii* (1966) obtiveram valores semelhantes para estimativas das variâncias aditiva e dominante. GOODRICH *et alii* (1975) encontraram estimativas maiores para a variância dominante do que para variância aditiva. OBILANA *et alii* (1979) estimaram que a variância de dominância era cerca da metade da variância aditiva.

PATERNIANI e VENCOVSKY (1977 e 1978) apresentaram dois esquemas de cruzamento com progênes de meios irmãos, como alternativa para o método de seleção recorrente recíproca de COMSTOCK, ROBINSON e HARVEY (1949). Através destes esquemas, foram obtidas estimativas de variância aditiva, a nível interpopulacional, como pode ser visto na Tabela 1, adaptada de SOUZA JR. (1983). As populações ESALQ-VD2 e ESALQ-VF1, mostradas nesta tabela deram origem as populações Piranão-VD-2 e Piranão-VF1, respectivamente, as quais fazem parte deste trabalho.

MIRANDA Fº (1982) propôs dois esquemas de cruzamento denominados por Delineamento (a) e Delineamento (b), os quais são semelhantes àquêles descritos por PATERNIANI e VENCOVSKY (1977 e 1978). Estes esquemas envolvem dois tipos de progênes, sendo um intrapopulacional e o outro interpopulacional. MIRANDA Fº e PATERNIANI (1983) e SOUZA JR. (1983), obtiveram estimativas da variância aditiva pelos delineamentos acima mencionados. Os primeiros autores utilizaram o

Tabela 1. Estimativas das variâncias genéticas aditivas a nível interpopulacional

Populações	$\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$	$\hat{\sigma}_{A_{21}}^2$	$\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$	Referências
ESALQ- VF1 x ESALQ - VD2*	258,56	205,12	231,84	PATERNIANI e VENCOVSKY (1978)
Pirã~o-VF1 x Pirã~o-VD2*	-	-	331,40 a 497,12§	MIRANDA Fº (1979)
ESALQ - VF1 x ESALQ - VD2*	-	-	184,92 a 277,36§	SOUZA JR. <i>et alii</i> (1980)
Piramex x Cateto*	236,14	79,90	158,02	MIRANDA Fº e PATERNIANI (1983)
ESALQ - PB1 x Br.105**	370,45	150,55	260,50	SOUZA JR. (1983)

$$\hat{\sigma}_{A_{12}}^2 = 1/2 (\hat{\sigma}_{A_{12}}^2 + \hat{\sigma}_{A_{21}}^2);$$

*, ** : produção de grãos e espigas, respectivamente (g/planta)²;

§ : limites de $\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$, considerando $\hat{\sigma}_{D_{12}}^2 = \hat{\sigma}_{A_{12}}^2$ e $\hat{\sigma}_{D_{12}}^2 = 0$.

delineamento (a) e as populações Piramex e Cateto, enquanto que o segundo usou o delineamento (b) e as populações ESALQ - PB1 e Br.105 (Tabela 1). Os resultados indicaram que as populações em cruzamento diferem consideravelmente quanto a variância aditiva para a produção. MIRANDA FQ (1979) e SOUZA JR. *et alii* (1980) estimaram a variância aditiva a nível interpopulacional usando progênies de irmãos germanos e considerando dois valores para a variância de dominância, um no limite máximo ($\sigma_{D_{12}}^2 = \sigma_{A_{12}}^2$) e outro no limite mínimo ($\sigma_{D_{12}}^2 = 0$). Os valores de variância σ_A^2 estão apresentados na Tabela 1.

Em um sistema de cruzamentos como o do presente estudo, há que se considerar ainda que uma parte da variabilidade total é devida à ordem dos cruzamentos entre progênies; deste modo, um ganho adicional na seleção pode ser conseguido a priori pela escolha correta da ordem dos cruzamentos. COCKERHAM (1961) discutiu este aspecto ao analisar a variabilidade entre híbridos duplos, triplos e simples, mostrando que parte da variabilidade total é devida a ordem dos cruzamentos. O autor considera ainda que na presença de considerável variância genética não aditiva, e particularmente, com considerável variância epistática, torna-se muito importante a ordem com que as linhagens parentais são combinadas.

2.2. Efeito da Seleção Antes do Cruzamento

A seleção, quando praticada sobre populações com suficiente variabilidade genética, é eficiente para aumentar a frequência de genes favoráveis para produção e outras características, e deve afetar a capacidade de combinação destas populações em cruzamento. Porém, a forma pela qual a seleção pode afetar a capacidade de combinação, ainda é muito discutida.

Um procedimento usual no processo de obtenção de híbridos de linhagens, consiste em fazer seleção visual entre as linhagens

submetidas a endogamia, antes de realizar os cruzamentos. Vários autores tem discutido a eficiência dessa seleção para a capacidade de combinação, entre os quais NILSON-LEISSNER (1927); JOHNSON e HAYES (1936); BROWN (1967); RUSSELL e TEICH (1967); e GAMA e HALLAUER (1977).

NILSSON-LEISSNER (1927) obteve correlações positivas significativas para produção e outros caracteres, entre as linhagens e seus híbridos simples. Concluiu ser útil fazer seleção para caracteres desejáveis entre as linhagens pois, linhagens mais vigorosas produzirão, em média, mais do que as menos vigorosas. Por outro lado, JOHNSON e HAYES (1936) encontraram que a produção das linhagens não estava correlacionada significativamente com a capacidade de combinação em "topcrosses". Mostraram que linhagens de alta produção em "topcrosses, provavelmente, produzirão melhores cruzamentos, que as linhagens de baixa produção. Obtiveram bons cruzamentos entre linhagens de alta e baixa produção em "topcrosses".

BROWN (1967) selecionou visualmente vinte linhagens desejáveis e vinte não desejáveis, de quatro variedades de polinização livre, e testou-as em "topcrosses". A seleção, como praticada desta maneira, não teve qualquer efeito adverso sobre a produção e nem contribuiu para melhorar a produção, pois, os dois grupos de "topcrosses" tiveram produções idênticas. Com isso, demonstrou que a seleção visual praticada durante a autofecundação, tem pouco efeito sobre a capacidade de combinação, para produção. Contudo, encontrou que, para acamamento de raiz e colmo, os "topcrosses" das linhagens visualmente desejáveis eram superiores aos das linhagens não desejáveis.

RUSSELL e TEICH (1967) fizeram comparações entre grupos de linhagens, desenvolvidas por seleção visual e por seleção em "test-cross". As avaliações foram feitas através do desempenho das linhagens e pela sua capacidade de combinação, para produção em diferentes densidades de semeadura. Eles concluíram que, com relação a capacidade de combinação, a seleção visual em altas densidades de semeadura era tão

eficiente quanto a seleção baseada em "testcross".

GAMA e HALLAUER (1977) realizaram um estudo de correlação entre as características de linhagens não selecionadas e seus híbridos simples. Encontraram valores de correlação muito baixos para produção e outras características, levando os autores a concluir que a seleção visual de caracteres morfológicos entre linhagens endôgamas não assegura o desenvolvimento de combinações híbridas superiores em produção. Semelhante estudo já havia sido realizado por JENKINS (1929), tendo o mesmo encontrado valores de correlação positivos, porém, baixos como os de GAMA e HALLAUER (1977).

De modo geral, estes trabalhos mostraram algumas evidências de que a seleção visual afeta a capacidade de combinação. Porém, a forma como isto está ocorrendo não foi determinado. Por outro lado, as discordâncias entre os trabalhos apresentados e a inconsistência dos seus dados, não autorizam o uso definitivo da seleção visual na predição de híbridos. Todos os autores estão de acordo que em última análise, as linhagens devem ser testadas em combinações híbridas. Contudo, algumas vantagens podem ser tiradas da seleção visual, pois, para algumas características, como acamamento, existe forte correlação entre as linhagens e seus híbridos.

Alguns autores tem feito comparações sobre a importância dos efeitos aditivos em contraste com os efeitos de dominância e epistáticos, em cruzamentos de linhagens previamente selecionadas e não selecionadas (SPRAGUE e TATUM, 1942; STUBER e MOLL, 1971 e 1974; DARRAH e HALLAUER, 1972). Sobre este assunto SPRAGUE e TATUM (1942) concluíram que numa população de linhagens não selecionadas, os efeitos aditivos são mais comuns e produzem maior efeito do que os efeitos de dominância ou epistáticos. Por outro lado, em germoplasmas previamente selecionados, os efeitos de dominância ou epistáticos são mais importantes do que os efeitos aditivos. Segundo o autor, isto decorre do fato que linhagens selecionadas em prévios ensaios tem um maior grau de semelhança no

desempenho do que a população original. Desde que as diferenças em efeitos aditivos (capacidade de combinação média) tenham sido largamente eliminados, os efeitos de dominância e epistáticos tornam-se relativamente mais importantes.

STUBER e MOLL (1971 e 1974) fizeram cruzamentos entre populações de linhagens selecionadas e entre não selecionadas, obtidas de diferentes maneiras. Encontraram valores altamente significativos para efeitos aditivos médios (c.g.c.) e para efeitos de interação entre alelos (c.e.c.), para produção e outras características, em ambos os tipos de populações. Mostraram evidências, estatisticamente significativas, da presença de efeitos epistáticos, embora que em STUBER e MOLL (1974), estas não tenham sido expressivas, limitando-se a três conjuntos de cruzamentos entre os dezoito realizados. STUBER e MOLL (1971) verificaram que as populações não selecionadas apresentavam maior frequência de conjuntos de cruzamentos com epístase significativa do que as selecionadas. Segundo os autores, podem ocorrer algumas diferenças no tipo da ação gênica entre as populações selecionadas e não selecionadas; entretanto, não existe um padrão consistente de mudança que possa ser atribuído a seleção.

DARRAH e HALLAUER (1972) tomaram linhagens de variedades de polinização livre e as classificaram em melhores e piores, de acordo com suas características agrônômicas e capacidade de combinação. Realizaram cruzamentos dentro dos tipos de classificação. Fizeram comparações entre os tipos de linhagens através de avaliações dos F_1 , F_2 , F_3 e retrocruzamentos. Chegaram aos seguintes resultados: a média de produção dos F_1 das linhagens melhores, era estatisticamente superior a média das linhagens piores, sendo a diferença entre ambas de 725 Kg/ha; a frequência de apístase significativa, para produção, era igual para ambos os tipos; porém, considerando os demais caracteres estudados, a frequência de apístase significativa era mais alta para os tipos piores; a frequência de interações significativas de fatores epistáticos por ambiente,

era ligeiramente superior para os tipos piores. Os autores, comparando o desempenho das linhagens piores em combinações específicas versus o desempenho geral das linhagens melhores, indicaram que as linhagens piores expressavam mais efeitos não aditivos específicos. Concluíram que para as linhagens piores faltava, evidentemente, os efeitos aditivos das linhagens melhores, porém, elas respondiam fortemente a heterozigosidade na forma de efeitos não aditivos. Contudo, o autor ressalta que a classificação das linhagens em melhores e piores foi subjetiva, indicando que a mesma poderia variar de acordo com os pesquisadores e a época da colheita.

Desde que a seleção pode produzir aumento substancial na frequência de genes favoráveis, espera-se que linhagens ou progênies, selecionadas de populações melhoradas, exibam maior desempenho e superior capacidade de combinação em cruzamentos do que as não selecionadas. Alguns resultados, neste sentido, foram obtidos por RAWLINGS e THOMPSON (1962); LONNQUIST e LINDSEY (1964); LONNQUIST (1968) HOEGEMEYER e HALLAUER (1976).

RAWLINGS e THOMPSON (1962) classificaram seis linhagens endógamas, de acordo com sua capacidade de combinação para produção, em altas, intermediárias e baixas. Isto foi realizado tendo como base o desempenho médio destas linhagens em programas anteriores de melhoramento. Produziram outro grupo de dez linhagens heterozigotas, sendo cinco formadas por intercruzamento de seleções de alta produção e cinco por intercruzamento de seleção de baixa produção. Por sua vez estas seleções originaram-se, respectivamente, de quatro ciclos de seleção recorrente divergente para alta e baixa capacidade de combinação para produção. As cinco seleções de alta e baixa produção, respectivamente, foram avaliadas de "per se" e em "testcrosses" para um híbrido simples e um híbrido duplo. As seis linhagens endógamas e as dez linhagens heterozigotas, formadas pelas seleções de alta e baixa produção, foram avaliadas em "testcross", tendo cada uma servido de testador para a outra.

Estes autores verificaram que, em média, as seleções de alta produção e seus respectivos inter cruzamentos superavam as seleções de baixa produção e seus respectivos inter cruzamentos, tanto quanto avaliadas de "per se" como em "testcross". Contudo, em ambas avaliações, haviam inter cruzamentos de linhagens de baixa produção que eram superiores à alguns de alta produção. Por outro lado, foi detectada uma tendência, para em média, testadores de baixa produção apresentarem maior variância genética entre "testcross" do que os de alta produção. Isto, segundo os autores, de certa forma, evidencia que genes com efeitos de dominância são mais importantes que os de sobredominância. Se fosse o contrário, "testcross" com testadores de alta produção deveriam apresentar maior variância. Eles concluíram que os dados sugerem a existência de diferenças entre os testadores, as quais favorecem os pobres testadores para selecionar para capacidade de combinação.

LONNQUIST e LINDSEY (1964) e LONNQUIST (1968) avaliaram 169 linhagens S_1 , selecionadas de uma variedade melhorada para c.g.c. através de linhagens de "per se", em "testcross" para um testador sintético não relacionado de alta produção e em "testcross" para a população parental. De cada uma dessas séries de avaliações, tomaram três linhagens de mais alta produção (A) e três linhagens de mais baixa produção (B). Foram avaliados todos os possíveis inter cruzamentos entre estas dezoito linhagens. Os inter cruzamentos das linhagens (AA, AB e BB) comportaram-se de maneira diferente, nos três tipos de avaliações. Os inter cruzamentos das linhagens selecionadas de "per se" apresentaram uma tendência linear para produção, na seguinte ordem: $AA > AB > BB$. Nos inter cruzamentos das linhagens selecionadas com base no testador não relacionado, os inter cruzamentos AB eram iguais ou superiores à AA. Finalmente, os inter cruzamentos de linhagens selecionadas com base na população parental como testador, apresentaram uma tendência linear para produção, mas, com evidências de dominância parcial para AA.

Segundo LONNQUIST e LINDSEY (1964) os inter cruzamentos das linhagens selecionadas com base em "per se", mostraram uma tendência

esperada, quando a ação gênica aditiva é predominante. Intercruzamentos das seleções baseadas no testador não relacionado resultaram numa tendência sugerindo sobredominância. Para LONNQUIST (1968) o uso de qualquer testador não relacionado resultaria em seleção baseada sobre confundimento de efeitos não aditivos, como resultado da diversidade genética envolvida. Em ambos os trabalhos, as avaliações feitas com base nos "testcrosses" resultaram em linhagens mostrando resposta heterótica. LONNQUIST e LINDSEY (1964) encontraram correlações baixas, embora altamente significativas, entre as linhagens incluídas nas três séries de avaliações. De cada série de avaliação, selecionaram as linhagens que superavam a média, por um ou mais desvios padrões fenotípicos. Desta forma, obtiveram, 19, 25 e 22 linhagens, respectivamente, para cada uma das séries de avaliações. Porém, somente duas linhagens eram comuns a estes três grupos de linhagens selecionadas.

HARRIS *et alii* (1972) produziram progênes S_1 de populações submetidas a nove ciclos de seleção massal e progênes S_1 da população original não selecionada. Compararam estas progênes de "per se" e em "testcross" com testadores não relacionados. Encontraram que as médias das progênes S_1 das populações selecionadas, em ambos tipos de avaliações, eram significativamente superiores, em produção, do que as progênes S_1 da população original. Havia indicações que a seleção reduziu a variabilidade genética para a capacidade de combinação para produção. As progênes S_1 das populações selecionadas eram menos correlacionadas com seus "testcross" do que as progênes S_1 da população original. Finalmente, concluíram que a seleção está aumentando a produção das progênes, tanto de "per se" como em "testcross", porém, ao mesmo tempo, está reduzindo a correlação entre S_1 e "testcross".

HOEGEMEYER e HALLAUER (1976) fizeram cruzamentos intra e interpopulacionais entre linhagens selecionadas e entre linhagens não selecionadas desenvolvidas de duas populações. As linhagens selecionadas foram obtidas da quarta geração de cruzamentos interpopulacionais, pela técnica de irmãos germanos. As linhagens não selecionadas representavam

um grupo tomado ao acaso, sendo que muitas delas haviam sido descartadas em subseqüentes gerações de endogamia e teste. Segundo os autores, os cruzamentos das linhagens selecionadas produziram em média, 11,2% mais do que os cruzamentos das linhagens não selecionadas, em ambos os cruzamentos, intra e interpopulacional. Os híbridos simples produzidos de linhagens não selecionadas apresentavam maior amplitude de variação que os produzidos de linhagens selecionadas, principalmente porque o grupo de linhagens selecionadas não possuía cruzamentos de baixa produção. Com relação a capacidade de combinação, os autores concluíram que a c.e.c. era pequena, em relação a c.g.c., mesmo entre as linhagens selecionadas, ou então, quando maiores, eram pouco frequentes.

Os cruzamentos interpopulacionais dentro de linhagens selecionadas e não selecionadas, realizados por HOEGEMEYER e HALLAUER (1976), geraram dois tipos de pares de cruzamentos. Os que já haviam sido produzidos e testados na etapa anterior, pela técnica de irmãos germanos, e os não previamente testados, ou seja, os pares de cruzamentos novos produzidos pelo intercruzamento destes grupos de linhagens. Encontraram que para o grupo de linhagens selecionadas os cruzamentos previamente testados, produziam em média, 3,7 q/ha (4,2%) mais que os cruzamentos não testados e apresentavam uma tendência para os efeitos da c.e.c. serem mais positivos e expressivos. No grupo de linhagens não selecionadas, ocorreu o inverso, os cruzamentos não testados produziam, em média, 1,4q/ha (1,6%) mais do que os cruzamentos previamente testados.

Segundo estes autores, os efeitos positivos e significativos encontrados para c.e.c. eram devidos, provavelmente, a seleção e fixação de genes das linhagens opostas, resultando em efeitos dominantes e epistáticos positivos, nos cruzamentos. As produções significativas obtidas nos cruzamentos novos de linhagens selecionadas, demonstraram que essas linhagens também expressam alta c.g.c. com outras linhagens selecionadas. Os cruzamentos não testados possuíam uma amplitude de variação maior com uma distribuição próxima da normal. Os cruzamentos previamente testados tinham uma amplitude de variação menor, com uma

alta frequência de cruzamentos nas classes de maior produção. Verificaram que selecionando os 30 (9%) melhores cruzamentos simples, do total de 336 realizados, 23 deles pertenciam a cruzamentos interpopulacionais de linhagens selecionadas, sendo que destes, 11 pertenciam aos pares de linhagens previamente testadas.

De alguma forma, o efeito da seleção antes do cruzamento poderá afetar a heterose. Evidências desta natureza, tem sido dadas por vários trabalhos envolvendo cruzamentos intervarietais (LONNQUIST e GARDNER, 1961; PATERNIANI e LONNQUIST, 1963 e MIRANDA F^o, 1974). Estes autores demonstraram que a heterose entre variedades classificadas como de alta produção é menor do que aquela verificada entre variedades de baixa produção, sendo que, os cruzamentos de variedades de alta e baixa produção apresentavam valores intermediários de heterose. Contudo, os cruzamentos de variedades mais produtivas tendem a dar híbridos mais produtivos. Segundo PATERNIANI e LONNQUIST (1963) valores muito altos de heterose indicam ação gênica complementar. Os autores concluíram, que a magnitude da resposta heterótica, por si mesma, tem pouco significado prático. Desta forma, deve-se procurar pais que sejam satisfatórios em produção e que manifestem um nível considerável de heterose em cruzamento.

A seleção também, poderá causar modificações na heterose. VENCOVSKY (1970), fazendo citações de outros autores, relatou aumento sucessivo da heterose no cruzamento de variedades em diversos estágios de seleção. Segundo ele, as modificações causadas pela seleção, na frequência dos genes dominantes, foram no sentido de aumentar a diversidade genética entre as populações melhoradas. Do mesmo modo, LONNQUIST e LINDSEY (1964) e LONNQUIST (1968) encontraram linhagens mostrando resposta heterótica, através de avaliações com base em "testcrosses". HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981), analisando os resultados de diversos autores sobre o efeito da seleção intrapopulacional nos cruzamentos intervarietais, concluíram que não existe uma tendência clara sobre as alterações na heterose, sendo que estas são em grande parte aleatórias.

Nos esquemas de SRR é teoricamente esperado alterações na heterose. MARTIN e HALLAUER (1980) analisando vários trabalhos de SRR, verificaram que a seleção produziu um aumento na heterose (Tabela 2, item 2.3). SOUZA JR. (1983); MIRANDA FILHO e PATERNIANI (1983) mostraram resultados indicando que se pode esperar alterações significativas na heterose através de seleção interpopulacional.

Apesar destas evidências, segundo CRESS (1966), a menos que os indivíduos selecionados sejam usados imediatamente em combinações híbridas com o testador, a ênfase sobre resposta heterótica não deverá ter valor.

2.3. Seleção Recorrente Recíproca

Como consequência direta dos estudos sobre avaliação precoce das linhagens, COMSTOCK, ROBINSON e HARVEY (1949) propuseram o método de seleção recorrente recíproca (SRR). Segundo os autores, através do cruzamento de duas populações, seria possível selecionar simultaneamente, para a c.g.c. e c.e.c.. A interpretação de tal esquema de seleção foi sintetizada por VENCOSKY (1978) da seguinte forma: nos locos sem dominância ou naqueles em que as duas populações tem frequências alélicas semelhantes, a seleção explora basicamente a c.g.c.; nos locos com alguma dominância ou sobredominância, nos quais as populações tem frequências alélicas contrastantes a seleção explora também a c.e.c.. Uma seleção desta natureza, deveria conduzir ao melhoramento em ambas as populações e no nível de heterose manifestada no cruzamento entre elas. As populações melhoradas poderiam ser utilizadas como variedades comerciais por si mesmas, como híbridos intervarietais ou serem fontes para extração de linhagens na produção de híbridos.

O esquema original consiste em: autofecundar plantas tomadas de cada uma das populações básicas e cruzá-las com uma amostra de pólen de 4 a 5 plantas da outra população; avaliar em ensaios as progênes

obtidas nos cruzamentos; e recombinar isoladamente as melhores progênies S_1 de cada população. Este esquema, tem sido considerado geneticamente completo e teoricamente mais eficiente que os demais esquemas de seleção recorrente, principalmente quando estão operando locos com diferentes níveis de dominância. Apesar disto, foram apontadas várias limitações, de ordem prática (PATERNIANI e VENCovsky, 1977). As principais são: autofecundações e cruzamentos ao mesmo tempo envolvendo muito trabalho e reduzindo o número de genótipos a serem testados; representatividade inadequada do testador, pois, são usadas apenas 4 ou 5 plantas de uma população heterogênea; grande intervalo de tempo entre ciclos, resultando num ganho baixo por ano e maior influência da interação genótipo x ambiente, com a seleção sendo feita com base em apenas um ano; uso reduzido do tamanho da população; e apenas uma geração de recombinação das progênies S_1 selecionadas.

Tendo em vista estas limitações, algumas modificações foram apresentadas ao esquema original. HALLAUER e EBERHART (1970) propuseram um esquema que usa famílias de irmãos germanos como unidade de seleção e famílias S_1 como unidade de recombinação. Para tanto, deve-se tomar pares de plantas prolíficas das duas populações. As progênies de irmãos germanos serão produzidas pelo cruzamento recíproco das espigas superiores dos pares de plantas e as progênies S_1 pela autofecundação das espigas inferiores. Este método tem recebido o nome de "seleção recíproca de irmãos germanos" (SRIG) ou "seleção recorrente recíproca de irmãos germanos" (SRRIG). De acordo com HOEGEMEYER e HALLAUER (1976) tal esquema de seleção seria efetivo para acumular alelos favoráveis e aumentar a heterose entre as duas populações. Para EBERHART *et alii* (1973) SRIG tem as mesmas vantagens que a SRR e requer apenas metade das progênies para uma mesma intensidade de seleção. O autor recomenda fazer seleção em S_1 ou S_2 nas duas populações, para outras características que não seja produção, antes de realizar SRIG.

PATERNIANI (1967) propôs uma modificação para SRR, na qual são avaliadas famílias de MI em cruzamentos, em vez de plantas S_0 ,

e são utilizadas progênies de MI para recombinar, em vez de S_1 . Este esquema tem sido conhecido como "seleção recorrente recíproca de famílias de meios irmãos" (SRRMI-1 ou SRR-1). O esquema consiste no seguinte: tomar progênies de MI de uma população A e cultivá-las como fêmeas despendoadas, em fileiras pareadas com plantas de população B, como macho; fazer um outro lote isolado semelhante, usando progênies de MI de população B, como fêmea; avaliar os "testcrosses" de progênies de MI em ensaios com repetição; recombinar, através de sementes remanescentes, as melhores progênies de MI de cada população, em lotes isolados. Este esquema deve completar um ciclo em três anos ou três gerações.

Outra modificação da SRR utilizando progênies de MI, foi sugerida por PATERNIANI (1973), incluindo plantas prolíficas e reduzindo o tempo de um ciclo para dois anos ou duas gerações. Este esquema foi denominado de "seleção recorrente recíproca de famílias de MI com plantas prolíficas" (SRRMI-2 ou SRR-2). Os passos a serem seguidos neste esquema são os seguintes: instalar dois lotes isolados com despendoamento, onde, num a população A é cultivada como fêmea e a população B como macho e no outro o inverso, a população B como fêmea e a população A como macho; obter as progênies de MI (interpopulacional) a partir das primeiras espigas polinizadas naturalmente com mistura de pólen de outra população; obter as progênies de MI recombinadas (intrapopulacional), a partir das segundas espigas polinizadas artificialmente com mistura de pólen das plantas da mesma população; avaliar as progênies de MI interpopulacionais (1^a espiga); selecionar as melhores progênies oriundas da avaliação e recommençar o ciclo com as progênies de MI recombinadas (2^a espiga).

Alguns trabalhos com SRR tem sido desenvolvidos em diferentes populações. Os principais resultados obtidos nestes trabalhos, estão resumidos na Tabela 2. A maioria dos trabalhos seguiram o esquema delineado por COMSTOCK *et alii* (1949), com pequenas modificações. Exceção deve ser feita à PATERNIANI e VENCovsky (1977 e 1978) e OBILANA *et alii* (1979) que apresentaram resultados das modificações, SRR-1, SRR-2 e

Tabela 2. Efeito da seleção recorrente recíproca em diferentes populações e seus respectivos cruzamentos

Referência	Populações	Ciclos de seleção	Progenies de seleção	Resposta a seleção		Heterose		Endogamia esperada
				Populações	Cruzamentos	Co x Co	Cn x Cn	
		nº	nº	— %/ciclo —	— % —	— % —	— % —	— % —
MOLL e STUBER (1971)	"Jarvis"	6	20	2,3	3,5	19,2	30,2	13,8
	"Indian Chief"		20	1,2				13,8
EBERHART <i>et alii</i> (1973)	BSSS	5	10	0,4	4,5	14,4	35,0	22,0
	BSCB1		10	0,9				22,0
GEVERS (1975)	"Teko Yellow"	3	10	6,0	6,0	6,0	3,3	14,0
	"Natal Yellow Horsetooth"		10	7,9				14,0
PATERNIANI e VENCovsky (1977)	Piramex	1	36	6,9	7,5	19,3	22,0	-
	Cateto		51	4,8				-
DARRAH <i>et alii</i> (1978)	K II	3	10	0,0	7,0	39,2	58,1	14,0
	Ec 573		10	2,4				14,0
PATERNIANI e VENCovsky (1978)	Composto Flint	3	166§	- §§	3,5	-	-	<0,1
	Composto Dentado		91	-				<0,1
OBILANA <i>et alii</i> (1979)	BS - 10	3	20§	5,5	6,3	10,8	16,5	-
	B - 11		20	6,0				-
MARTIN e HALLAUER (1980)	BSSS	7	10	0,7	3,0	14,9	41,7	29,0
	BSCB1		10	-1,2				29,0

§ : média nos ciclos

§§ : dados não disponíveis para determinar os valores

SRIG, respectivamente, conforme anteriormente já descrito.

MOLL e STUBER (1971) dobraram o número de linhagens selecionadas, o que pode ter contribuído para reduzir o efeito de endogamia esperada. Eles fizeram comparações entre SRR e seleção intrapopulacional com progênies de IG, nas variedades "Jarvis" e "Indian-Chief". O cruzamento das populações oriundas de SRR foi ligeiramente superior (1,3 vezes) ao cruzamento das populações originadas da seleção intrapopulacional. Porém, a resposta da seleção nas populações de "per se" foi 2,1 maior para seleção intrapopulacional do que para SRR. De acordo com MOLL *et alii* (1978) a heterose aumentava após SRR e diminuía ligeiramente após seleção intrapopulacional de progênies de IG.

EBERHART *et alii* (1973) e MARTIN e HALLAUER (1980) fizeram relatos dos resultados de SRR sobre as mesmas populações. Porém, a avaliação de MARTIN e HALLAUER (1980) envolve duas modificações feitas a partir do quinto ciclo, quais sejam: mudança de colheita manual para colheita mecânica e uma geração de autofecundação e seleção antes dos cruzamentos. Segundo os autores, a elevada endogamia esperada deve ser atribuída ao pequeno número de linhagens selecionadas e recombinadas. Isto contribuiu para reduzir o progresso nas populações parentais. Porém, apesar das populações não terem apresentado ganho de produção, o efeito da seleção para alelos favoráveis em alguns locos devem ter sido suficientes para superar a depressão causada pela endogamia. Como a resposta a SRR era principalmente no cruzamento interpopulacional, isso reforçou a idéia de que SRR seleciona combinações alélicas, tal como sobredominância e certos tipos de epístase, as quais afetam favoravelmente o desempenho dos híbridos. A contribuição de cada população para o aumento de produção nos cruzamentos foi semelhante durante os ciclos.

MARTIN e HALLAUER (1980) mostraram que a variabilidade perda a partir do segundo ciclo, foi recuperada e mantida do quinto ciclo em diante. Segundo eles, isto ocorreu provavelmente, em virtude das modificações praticadas e serviram para ressaltar uma das características

da seleção recorrente, que é a manutenção da variabilidade genética através dos ciclos de seleção. Os dados apresentados por SMITH (1983) estão de acordo com as justificativas apresentadas por MARTIN e HALLAUER (1980), no que diz respeito a redução de variabilidade nos primeiros ciclos de seleção. SMITH (1983), estimou que a resposta da população cruzada era, na média de todos os ciclos, 4,3% por ciclo. A média de produção da população C7 x C7 era de 87% em relação a um híbrido simples comercial (B73 x Mo17). Concluiu que: a SRR era efetiva para melhorar a produção de grãos e outras características agronômicas do cruzamento interpopulacional; e que o efeito de oscilação, devido ao tamanho pequeno da população, afetava as populações como tais. Indicou também, que, as razões para a falta de resposta nas populações como tais, apresentadas neste estudo, podem não ser as mesmas das havidas nas populações "Jarvis" e "Indian Chief" (MOLL *et alii*, 1978).

GEVERS (1975) promoveu mudanças no procedimento de "test-cross", usando dois métodos para amostrar o pai macho antes do cruzamento: machos tomados ao acaso e machos selecionados visualmente para características agronômicas. Concluiu que: amostrando pais ao acaso antes dos "testcrosses" obtém-se maior progresso nas populações como tais e nos cruzamentos, do que quando os pais eram selecionados para características agronômicas; e os aumentos de heterose eram semelhantes para ambos os métodos. Como visto na Tabela 2, este autor encontrou aumentos significativos para a seleção intrapopulacional, provavelmente, devido às mudanças operadas no procedimento de "testcrosses". Ele encontrou indicações de que a seleção visual dos pais, pode provocar rápida redução da variabilidade genética e consequentemente uma diminuição no progresso de seleção. Isto poderia ser agravado, por problemas de tamanho populacional, que contribuiu para um nível de endogamia esperada de 14%.

De acordo com DARRAH *et alii* (1978) os ganhos de produção estavam associados com o aumento do número de espigas por cem plantas. Por outro lado, atribuíram à diversidade genética entre as populações, os elevados níveis de heterose alcançados. Lançaram a idéia de que seleção

intensiva com inadequada recombinação entre ciclos pode tender à manutenção de grandes blocos ligados e mascarar o progresso de seleção. Isto pode ser mais grave nas gerações avançadas de cruzamentos de populações divergentes. Recomendaram aumentar o número de linhagens avaliadas e selecionadas, para reduzir o efeito de endogamia nas populações parentais e produzir maiores ganhos. Isto se refletiria no melhoramento dos cruzamentos das gerações avançadas dos híbridos intervarietais resultantes da SRR.

OBILANA *et alii* (1979) encontraram que, após três ciclos de SRIG, a população cruzada (C3 x C3) produzia 17,5% a mais que a população cruzada original (Co x Co). Atribuíram grande parte deste ganho ao melhoramento nas populações parentais, devido, principalmente, ao aumento da prolificidade, uma das exigências do método de SRIG.

PATERNIANI e VENCovsky (1977 e 1978) avaliaram os esquemas modificados, SRR-1 e SRR-2, respectivamente. Em relação aos demais esquemas de SRR descritos, estes esquemas permitem a obtenção de um maior número de progênes para avaliação, maior intensidade de seleção e a manutenção de um tamanho efetivo populacional alto. Com isso, reduzem-se o efeito de endogamia devida ao tamanho populacional, e mantém-se a variabilidade genética disponível nos ciclos de seleção. O esquema SRR-1 é mais simples e não apresenta complicações quanto a disponibilidade de sementes para os ensaios de avaliação. O esquema SRR-2 reduz a interação genótipo x ambiente, por ter intervalos de ciclos mais curtos, e permite a seleção para a prolificidade. Segundo os autores estes esquemas são apropriados para programas de melhoramento a longo prazo.

De modo geral, pode-se tirar as seguintes conclusões dos resultados apresentados por estes trabalhos:

- a) em todos os casos, a SRR foi eficiente para melhorar as produções dos cruzamentos interpopulacionais; porém, o mesmo não ocorreu com as populações de "per se",

com exceção dos trabalhos apresentados por GEVERS (1975); PATERNIANI e VENCovsky (1977) e OBILANA *et alii* (1979).

- b) considerando-se todos os trabalhos, verificou-se um aumento na heterose, provavelmente, devido a seleção para melhorar a população híbrida;
- c) com exceção dos resultados de PATERNIANI e VENCovsky (1978) a totalidade dos trabalhos apresentaram porcentagens altas de endogamia esperada, o que pode ser decorrente do reduzido número de linhagens utilizadas na recombinação;
- d) as modificações no esquema original de SRR, visando adaptá-lo a diferentes situações encontradas, aumentaram a eficiência de seleção.

Algumas comparações teóricas tem sido realizadas entre diferentes métodos de seleção recorrente recíproca. JONES *et alii* (1971) compararam SRR e SRRIG, através de simulação por computador, com base nas alterações das frequências gênicas com a seleção. Em muitos dos casos estudados foi encontrado que SRRIG apresenta maior resposta que SRR, principalmente, em intensidades de seleção mais baixas e quando a variância ambiental é maior do que a variância genética total. VENCovsky (1975) comparou SRRIG e SRR-2, encontrando que mantendo o mesmo tamanho efetivo populacional o progresso esperado em SRR-2 foi 13,7% maior que SRRIG; por outro lado, com a mesma intensidade de seleção, o progresso esperado em SRRIG foi 11,5% superior a SRR-2, para as condições consideradas.

Uma das vantagens que tem sido apontadas para SRRIG sobre a SRR é a possibilidade de avaliar um maior número de plantas. Se 100 plantas de cada população forem avaliadas por SRR, então 200 plantas de cada população podem ser avaliadas por SRRIG para o mesmo número de parcelas testadas (HALLAUER, 1973).

2.4. Hibridação Cíclica

O método clássico de obtenção de híbridos proposto por JONES (1918) consiste de duas fases: autofecundação de plantas, de uma variedade de polinização aberta ou da geração F_2 de cruzamentos planejados, por várias gerações, com seleção para características agrônômicas favoráveis; e avaliação das linhagens autofecundadas, para produção, em cruzamentos com outras linhagens. Esta fase pode ou não ser precedida por "topcross".

Com este método torna-se difícil acumular alelos favoráveis para produção e a reciclagem do germoplasma selecionado é lenta. As linhagens são submetidas a uma intensa endogamia, com pouca ou nenhuma seleção para produção. Isso, poderá conduzir à oscilação, ao acaso, dos genes responsáveis pela produção. Em vista disto, HALLAUER (1967) e LONNQUIST e WILLIAMS (1967) propuseram, independentemente, um método de hibridação cíclica, para desenvolver e testar híbridos simples de milho, através do uso de plantas prolíficas.

Este método consiste em selecionar duas plantas de duas espigas, uma de cada população, autofecundar a primeira espiga de cada planta e cruzar reciprocamente as segundas espigas de cada planta. Tomar os cruzamentos $S_o \times S_o$ e avaliá-los para produção e outras características agrônômicas. Para avaliação deverão ser tomadas uma mistura de sementes das duas espigas $S_o \times S_o$. As sementes autofecundadas de cada planta se constituirão na primeira geração de autofecundação (S_1) para obtenção das linhagens e poderão, simultaneamente aos ensaios, serem avaliadas para resistência a moléstias e pragas. Selecionar os melhores cruzamentos $S_o \times S_o$, e semear os seus respectivos progenitores S_1 em linhas pareadas. Autofecundar e cruzar novamente três a seis pares de plantas, entre cada par de linhas S_1 , mantendo as sementes híbridas dos pares em separado. Por ocasião da colheita poderá ser feita seleção dentro de cada par das linhas S_1 . De novo os cruzamentos são avaliados em ensaios com repetições e as sementes S_2 dos híbridos selecionados são

semeados em fileiras pareadas, de forma a corresponder aos cruzamentos planta à planta S_0 originais. O procedimento pode ser repetido por várias gerações. Com isto se estará ao mesmo tempo produzindo linhagens e avaliando os seus pares em cruzamentos.

Este método tem sido conhecido como "técnica de irmãos germanos" ou "híbridos crípticos". O mesmo procedimento de produção, teste e seleção de linhagens deste método, também serve para desenvolver programas de melhoramento interpopulacional via SRR (HALLAUER e EBERHART, 1970).

De acordo com HOEGEMEYER e HALLAUER (1976) a seleção entre e dentro de famílias de irmãos germanos parece eficiente para isolar linhagens superiores quanto a c.g.c. e c.e.c.. Se o efeito principal da seleção entre famílias de irmãos germanos é devido a c.g.c., faz pouca diferença se uma linhagem de um par de cruzamentos não é utilizada. É mais interessante testar, na geração $S_0 \times S_0$, o maior número possível de linhagens previamente selecionadas, segundo a ordem da diagonal de uma tabela dialélica, do que, numa etapa posterior de endogamia, testar todos os cruzamentos fora da diagonal de tabela.

LONNQUIST e WILLIAMS (1967) avaliaram 102 progênies de IG de duas populações, SSS_{III} e B_{IV} , que estavam sendo selecionadas para seleção recorrente para c.g.c.. Encontraram que as progênies exibiam uma heterose média de 31%, com uma amplitude de 8% a 51% e produziam 6% a mais do que três híbridos duplos comerciais.

HALLAUER (1973) comparou seis gerações de teste e seleção para produção nas populações "Iowa Two-ear Synthetic" (BSTE) e "Pioneer Two-ear composite" (PHPRC). Em $S_0 \times S_0$ testaram 144 cruzamentos, sendo que apenas dois superaram a média de seis híbridos comerciais. Em $S_5 \times S_5$ todos os 14 híbridos testados produziam mais que média dos seis híbridos comerciais. A capacidade destes híbridos em produzir duas espigas foi responsável pela superioridade em relação aos híbridos comerciais, que

não eram prolíficos; 31% da produção dos 14 híbridos selecionados eram devidos a segunda espiga, enquanto que nos híbridos comerciais, estas es pigas eram responsáveis por apenas 4% da produção total.

O método do híbrido críptico tem sido avaliado em populações brasileiros. MAGNAVACA (1973) testou progênes $S_o \times S_o$ e $S_1 \times S_1$, das populações Cateto Colombia e Dentado Composto; do mesmo modo, ZINSLY (1976) avaliou cruzamentos entre os compostos A e B. AJUDARTE, ZINSLY e PATERNIANI (1976), avaliaram progênes $S_o \times S_o$ das populações ESALQ-VD2 e ESALQ-VF1. De modo geral, estes autores encontraram valores altos de heterose em cruzamentos específicos de progênes $S_o \times S_o$, com alguns desses híbridos superando, em produção, variedades e híbridos comerciais. O mesmo aconteceu, nos casos em que as progênes $S_1 \times S_1$ foram avaliadas para produção. Porém, estes híbridos $S_1 \times S_1$, deixavam muito a desejar com relação a outras características agrônômicas.

MIRANDA Fº (1979) fez avaliações de $S_o \times S_o$ de progênes de IG entre as populações braquítica, Piranão-VF1 e Piranão-VD2. Conforme mostrado na Tabela 1, ele encontrou considerável variância genética entre estas progênes. Isto contribuiu para um progresso esperado por seleção de híbridos crípticos de 6,7% e 15,9%, para uma intensidade de seleção de 51,5% e 10%, respectivamente.

Apesar da reconhecida eficiência do método de híbridos crípticos, existem limitações para o seu uso generalizado em populações brasileiras, como mostrado por MAGNAVACA (1973) e ZINSLY (1976). As principais são: o baixo nível de prolificidade nas populações brasileiras; redução do número de sementes, impedindo avaliações mais precisas; depressão por endogamia muito alta devido as populações serem altamente heterozigóticas, gerando o aparecimento de caracteres indesejáveis e reduzindo o nível de prolificidade. Ressalte-se que as populações americanas eram compostas de linhagens selecionadas e com elevado nível de prolificidade. Portanto, eram mais adaptadas ao método e sofriam menos com a endogamia. Para superar tais limitações estes autores propuseram

cruzar as primeiras espigas e autofecundar as segundas. Numa etapa posterior às avaliações dos $S_0 \times S_0$, produziam-se cruzamentos fraternais e $S_1 \times S_1$, simultaneamente.

Outras modificações do esquema original foram propostas, visando contornar, principalmente, as exigências de prolificidade nas populações. Desta forma, SOLFERINI (1980) avaliou o "método de híbrido meio-críptico", no qual plantas autofecundadas de uma população são simultaneamente testadas com um híbrido simples. Por este esquema é possível desenvolver novas combinações híbridas superiores com o híbrido simples testador, conforme preconizado por HALLAUER (1970).

MARQUEZ-SÁNCHEZ (1982), desenvolveu dois métodos alternativos, que não necessitam plantas prolíficas, os quais denominou de M-1 e M-2. Os métodos envolvem o uso de uma série de pares de famílias, cada par consistindo de duas plantas. O objetivo é obter as linhagens endógamas pelo cruzamento de duas plantas irmãs dentro de cada família e ao mesmo tempo obter os híbridos pelo cruzamento de duas plantas de diferentes famílias. O tipo de famílias pode ser qualquer uma das normalmente utilizadas no melhoramento de plantas. No método M-1, as linhagens endógamas são produzidas por cruzamentos fraternais. No método M-2, as linhagens endógamas são produzidas por autofecundação e cruzamentos fraternos ("self-sib"). O autor realizou uma avaliação teórica sobre a eficiência destes métodos e concluiu que o M-2 é mais eficiente do que o M-1, porém, o último requer menos trabalho com polinizações. O método M-1, assemelha-se às modificações propostas por ZINSLY (1976).

3. MATERIAIS

Para o desenvolvimento do trabalho foram usadas progê-nies de meios irmãos, pertencentes as populações braquíticas de milho Piranão-VD2 e Piranão-VF1. O processo de obtenção dessas populações braquíticas iniciou-se em 1971 no Departamento de Genética, através de cruzamento e retrocruzamento, seguidos por quatro gerações de recombinação. Como germoplasma básico foram utilizadas as populações ESALQ-VD2 , ESALQ-VF1 e Piranão-VD1 (MIRANDA Fº, 1979).

Segundo PATERNIANI *et alii* (1977) a população ESALQ-VD2 originou-se da combinação de populações de grãos dentados brancos e amarelos com predominância da raça Tuxpeño. A ESALQ-VF1 constitui-se numa combinação de populações de grãos duros, brancos e alaranjados, pertencentes as raças da Colômbia, Cuba e América Central. A Piranão-VD1 foi obtida do cruzamento entre Piramex III e um germoplasma Tuxpeño braquítico, o qual era homozigótico para o gene $br-2$. Estes germoplasmas foram introduzidos do CIMMYT (México).

O processo de seleção das progênie de MI, que fazem parte deste trabalho, iniciou-se no ano de 1979/80, quando foram avaliadas em Piracicaba, trezentas progênie de MI de cada uma das populações, Piranão - VD2 e Piranão VF1, em três experimentos látice simples duplicado. Com base nos dados desses experimentos, selecionaram-se as cinquenta melhores progênie em produção, de cada uma das populações. Em seguida tomou-se, ao acaso, desses experimentos, mais cinquenta progênie. Desta forma, obtiveram-se dois conjuntos de progênie, um constituído de progênie de meios irmãos selecionados (C_1) e outro de progênie de meios irmãos não selecionadas (C_2).

4. METODOLOGIA

4.1. Obtenção das progênes MI x MI

No ano agrícola de 1980/81, instalou-se, em Piracicaba, um campo de polinização. Este campo envolvia os dois grupos de progênes - as cinquenta selecionadas e as cinquenta não selecionadas - de cada uma das populações, Piranão-VD2 e Piranão-VF1, como descrito no item 3.

Para realização dos cruzamentos os grupos de progênes foram dispostos em três arranjos diferentes (Tabela 3), onde:

A₁ : arranjo decrescente em ambas as populações de acordo com o mérito das progênes.

A₂ : arranjo inverso de acordo com o mérito das progênes.

A₃ : arranjo aleatório. Neste caso manteve-se fixo a ordem da população Piranão-VD2 e sorteou-se a ordem da população Piranão-VF1.

Com os três arranjos e os dois grupos de progênes, foram produzidos seis lotes de polinização manual, totalizando trezentos cruzamentos entre progênes de meios irmãos (Tabela 3), como a seguir:

Tabela 3. Identificação dos híbridos MI x MI (Piranão-VD2 x Piranão-VF1) segundo os arranjos de cruzamento

Arranjo decrescente		Arranjo inverso		Arranjo aleatório	
Conjunto C ₁	Conjunto C ₂	Conjunto C ₁	Conjunto C ₂	Conjunto C ₁	Conjunto C ₂
VD2 x VF1	VD2 x VF1	VD2 x VF1	VD2 x VF1	VD2 x VF1	VD2 x VF1
101 x 201	301 x 401	101 x 250	301 x 450	101 x 218	301 x 410
102 x 202	302 x 402	102 x 249	302 x 449	102 x 227	302 x 419
103 x 203	303 x 403	103 x 248	303 x 448	103 x 201	303 x 437
104 x 204	304 x 404	104 x 247	304 x 447	104 x 244	304 x 434
105 x 205	305 x 405	105 x 246	305 x 446	105 x 213	305 x 430
106 x 206	306 x 406	106 x 245	306 x 445	106 x 239	306 x 417
107 x 207	307 x 407	107 x 244	307 x 444	107 x 217	307 x 418
108 x 208	308 x 408	108 x 243	308 x 443	108 x 202	308 x 420
109 x 209	309 x 409	109 x 242	309 x 442	109 x 235	309 x 428
110 x 210	310 x 410	110 x 241	310 x 441	110 x 246	310 x 401
111 x 211	311 x 411	111 x 240	311 x 440	111 x 231	311 x 424
112 x 212	312 x 412	112 x 239	312 x 439	112 x 216	312 x 429
113 x 213	313 x 413	113 x 238	313 x 438	113 x 225	313 x 423
114 x 214	314 x 414	114 x 237	314 x 437	114 x 234	314 x 448
115 x 215	315 x 415	115 x 236	315 x 436	115 x 203	315 x 432
116 x 216	316 x 416	116 x 235	316 x 435	116 x 212	316 x 441
117 x 217	317 x 417	117 x 234	317 x 434	117 x 245	317 x 403
118 x 218	318 x 418	118 x 233	318 x 433	118 x 223	318 x 442
119 x 219	319 x 419	119 x 232	319 x 432	119 x 241	319 x 443
120 x 220	320 x 420	120 x 231	320 x 431	120 x 211	320 x 421
121 x 221	321 x 421	121 x 230	321 x 430	121 x 204	321 x 450
122 x 222	322 x 422	122 x 229	322 x 429	122 x 229	322 x 427
123 x 223	323 x 423	123 x 228	323 x 428	123 x 222	323 x 445
124 x 224	324 x 424	124 x 227	324 x 427	124 x 240	324 x 416
125 x 225	325 x 425	125 x 226	325 x 426	125 x 209	325 x 449
126 x 226	326 x 426	126 x 225	326 x 425	126 x 250	326 x 425
127 x 227	327 x 427	127 x 224	327 x 424	127 x 243	327 x 426
128 x 228	328 x 428	128 x 223	328 x 423	128 x 228	328 x 447
129 x 229	329 x 429	129 x 222	329 x 422	129 x 205	329 x 440
130 x 230	330 x 430	130 x 221	330 x 421	130 x 238	330 x 431
131 x 231	331 x 431	131 x 220	331 x 420	131 x 208	331 x 406
132 x 232	332 x 432	132 x 219	332 x 419	132 x 224	332 x 412
133 x 233	333 x 433	133 x 218	333 x 418	133 x 242	333 x 415
134 x 234	334 x 434	134 x 217	334 x 417	134 x 220	334 x 404
135 x 235	335 x 435	135 x 216	335 x 416	135 x 237	335 x 436
136 x 236	336 x 436	136 x 215	336 x 415	136 x 206	336 x 413
137 x 237	337 x 437	137 x 214	337 x 414	137 x 215	337 x 439
138 x 238	338 x 438	138 x 213	338 x 413	138 x 232	338 x 422
139 x 239	339 x 439	139 x 212	339 x 412	139 x 233	339 x 407
140 x 240	340 x 440	140 x 211	340 x 411	140 x 226	340 x 405
141 x 241	341 x 441	141 x 210	341 x 410	141 x 219	341 x 408
142 x 242	342 x 442	142 x 209	342 x 409	142 x 247	342 x 411
143 x 243	343 x 443	143 x 208	343 x 408	143 x 214	343 x 438
144 x 244	344 x 444	144 x 207	344 x 407	144 x 207	344 x 414
145 x 245	345 x 445	145 x 206	345 x 406	145 x 248	345 x 444
146 x 246	346 x 446	146 x 205	346 x 405	146 x 249	346 x 402
147 x 247	347 x 447	147 x 204	347 x 404	147 x 210	347 x 446
148 x 248	348 x 448	148 x 203	348 x 403	148 x 236	348 x 433
149 x 249	349 x 449	149 x 202	349 x 402	149 x 221	349 x 409
150 x 250	350 x 450	150 x 201	350 x 401	150 x 230	350 x 435

C₁ e C₂: híbridos de progênies de MI selecionadas e não selecionadas, respectivamente.

- Lote 1 : arranjo decrescente (A_1), cruzamento de progênes selecionadas (C_1);
- Lote 2 : arranjo inverso (A_2), cruzamento de progênes selecionadas (C_1);
- Lote 3 : arranjo aleatório (A_3), cruzamento de progênes selecionadas (C_1);
- Lote 4 : arranjo decrescente (A_1), cruzamento de progênes não selecionadas (C_2);
- Lote 5 : arranjo inverso (A_2), cruzamento de progênes não selecionadas (C_2);
- Lote 6 : arranjo aleatório (A_3), cruzamento de progênes não selecionadas (C_2).

Convencionou-se chamar de C_0 ao conjunto onde incluíram se ambos grupos de progênes - selecionadas e não selecionadas. As duas últimas casas dos números que identificam as progênes de meios irmãos por exemplo 101 (Tabela 3), correspondem à ordem do mérito das progênes, de acordo com o valor de produção obtidos em 1979/80. O primeiro algarismo identifica o conjunto e a população, sendo: 1 e 3, progênes selecionadas e não selecionadas, respectivamente, da população Piranão-VD2; 2 e 4, progênes selecionadas e não selecionadas, respectivamente, da população Piranão-VF1.

No campo, as progênes foram semeadas em linhas pareadas de 3,00m contendo 15 plantas espaçadas de 0,20m. De acordo com o número de campo, nas linhas ímpares foram colocadas as progênes de Piranão-VD2 e nas pares as progênes de Piranão-VF1. Como pode ser visto pela Tabela 4, em média, realizaram-se, aproximadamente, 6 cruzamentos planta a planta, dentro de cada par de progênes conforme exemplificado na Figura 1. Evitaram-se fazer cruzamentos recíprocos. No total foram realizadas cerca de 1.800 polinizações manuais.

Tabela 4. Valores de J e K utilizados no esquema de cruzamento adotado. Piracicaba 1981/82

Arranjo 1		Arranjo 2		Arranjo 3	
J	frequência	J	frequência	J	frequência
2	3	2	2	-	-
3	4	3	1	3	2
4	16	4	10	4	3
5	32	5	24	5	33
6	35	6	49	6	49
7	10	7	13	7	10
-	-	8	1	8	2
-	-	-	-	9	1
$\bar{J}^*$ 5,2		5,6		5,7	
$\bar{K}^*$ 4,8		4,5		4,4	

*: média ponderada

J: número de espigas (progênies de IG) em cada cruzamento MI x MI

K: número médio de plantas dentro de cada progênie de IG no cruzamento MI x MI.

N: n.º de plantas dentro de progênies de MI; N = 15.
J: n.º de progênies de IG em MI x MI; J = 6.
K: n.º de indivíduos dentro de progênies de IG ; K = 70.
MI: meios irmãos de cada uma das populações.
IG: irmãos germanos.
MPD: meios primos duplos.
MI x MI: amostra isonumerica de sementes (J x K = 420).

Por ocasião da colheita as espigas de cada cruzamento planta a planta, no par de progênies, foram colhidas e debulhadas separadamente. Posteriormente, tomou-se de cada espiga, uma amostra isonumérica de sementes, que após misturadas, totalizaram 420 sementes, constituindo-se assim uma amostra representativa de cada par de progênies. Desta forma, foram obtidas trezentas amostras, representando os trezentos cruzamentos entre progênies de meios irmãos. Assim, cada híbrido entre progênies de meios irmãos (MI x MI) representa uma mistura de progênies de irmãos germanos (So x So) a nível interpopulacional.

4.2. Ensaaios de avaliação

Os trezentos cruzamentos MI x MI foram avaliados em 1981/82 no campo experimental do Departamento de Genética da ESALQ/USP, localizado em Piracicaba, num solo classificado como terra Roxa Estruturada, série Luiz de Queiroz. Para tanto, elaborou-se três experimentos, num delineamento tipo látice 10 x 10 simples duplicado, com quatro repetições. Cada experimento correspondeu a um arranjo, contendo, portanto, cem cruzamentos MI x MI, sendo que cinquenta destes originaram-se de progênies selecionadas e cinquenta de progênies não selecionadas (Tabela 3).

Nos experimentos foram utilizadas parcelas lineares de 5,00m espaçadas de 1,00m, contendo 25 plantas espaçadas de 0,20m, tendo-se semeado duas sementes por cova, deixando-se uma após o desbaste. Cada linha correspondeu a progênie de um cruzamento MI x MI. Em cada repetição foram incluídas três parcelas com a cultivar comercial Pirañão-VD2, como testemunha.

Durante a condução dos experimentos foram realizados os tratos culturais usuais, como adubação, capina e desbaste. Por ocasião da colheita foram tomados dados de "stand" final, produção de espiga de umidade dos grãos.

Os dados de produção de espigas foram corrigidos para "stand" de 25 plantas por parcela, de acordo com a fórmula de ZUBER (1942):

$$PCC = PC \cdot \frac{H - 0,3 F}{H - F} \quad (4.1.)$$

onde:

PCC : peso de campo corrigido para "stand" de 25 plantas.

PC : peso de campo antes da correção.

H : número ideal de plantas por parcela (25).

F : número de falhas.

Os dados de umidade dos grãos foram tirados de uma amostra de 100 g. de cada parcela, utilizando-se para tanto de um determinador "Steinlite". Como era de se esperar, as parcelas não variaram significativamente quanto ao teor de umidade, tendo em vista:

- a) a natureza do germoplasma ensaiado, isto é, cruzamento de progênies de meios irmãos de Piranão-VD2 e Piranão-VF1 e,
- b) o fato das amostras terem sido tiradas no mesmo dia da colheita, com as plantas já totalmente secas.

Por isto, deixou-se de fazer correção do peso de espiga para um teor de umidade padrão.

4.3. Análise estatística dos dados experimentais

Inicialmente realizou-se análise da variância de produção de espiga para cada experimento (arranjo), de acordo com o delineamento látice 10 x 10 simples duplicado (COCHRAN e COX, 1957). Porém, não detectando eficiência para o delineamento látice (Tabela 11) realizou-se análise da variância para blocos casualizados, cujo esquema apresenta-se na Tabela 5, segundo o modelo:

$$Y_{ijk} = m + h_{i(k)} + b_j + c_k + e_{ijk} \quad (4.2.)$$

onde:

Y_{ijk} : total do híbrido i do conjunto k na repetição (bloco) j ;

m : média geral

$h_{i(k)}$: efeito aleatório de híbridos (i) no conjunto k ;
 $h_{i(k)} \cap N(0, \sigma_H^2)$

b_j : efeito aleatório de blocos; $b_j \cap N(0, \sigma_b^2)$

c_k : efeito fixo de conjuntos ($k = 1, 2$);

e_{ijk} : efeito residual associado à parcela ijk ; $e_{ijk} \cap N(0, \sigma^2)$

Através do comportamento dos híbridos produzidos pelo cruzamento de progênie de meios irmãos (MI x MI), procurou-se averiguar o efeito da seleção de progênie, antes dos cruzamentos, e o efeito do arranjo de cruzamentos. Para isto, fez-se um agrupamento das análises da variância individuais, como mostrado na Tabela 6.

Para fazer uma avaliação da interação entre o efeito da seleção de progênie de meios irmãos e os arranjos de cruzamento, projetou-se uma análise da variância de acordo com o esquema fatorial, envolvendo as médias gerais de cada conjunto de híbridos (C_1 e C_2) dentro dos arranjos (Tabela 7). Também, utilizou-se desta análise da variância para realizar comparações entre médias de arranjos.

Com o objetivo de estimar a variância entre híbridos dentro de todos os arranjos, fez-se análise da variância como esquematizada na Tabela 8.

Tabela 5. Esquema de análise da variância para blocos ao acaso e esperança dos quadrados médios, para híbridos MI x MI.

F.V.	G.L.	Q.M.	E(Q.M.)
Blocos	(r-1)	-	-
Híbridos	(2k-1)	Q_1	$\sigma^2 + r\sigma_{H_1}^2$
Híbridos/ C_1	(k-1)	Q_{11}	$\sigma^2 + r\sigma_{H_{11}}^2$
Híbridos/ C_2	(k-1)	Q_{12}	$\sigma^2 + r\sigma_{H_{12}}^2$
C_1 vs C_2	1	Q_{13}	-
Erro	(2k-1)(r-1)	Q_2	σ^2
Total	2kr-1	-	-

C_1 e C_2 : Conjuntos de híbridos de progênes de MI selecionadas e não selecionadas, respectivamente.

$\sigma_{H_1}^2$: variância genética entre híbridos de progênes de MI.

$\sigma_{H_{11}}^2$: variância genética entre híbridos de progênes de MI selecionadas.

$\sigma_{H_{12}}^2$: variância genética entre híbridos de progênes de MI não selecionadas.

σ^2 : variância do erro.

Tabela 6. Esquema da análise da variância para a avaliação do efeito da seleção e dos arranjos de cruzamento[§] no comportamento de híbridos MI x MI.

Fontes de Variação	G.L.	Somas de Quadrados	Q.M.
Arranjos (A)	2	$\Sigma Y_{i...}^2 / 400 - Y^2_{...} / 1.200$	Q_3
Híbridos/A	297		Q_4
Híbridos/A ₁	99	$\Sigma Y_{1jk}^2 / 4 - Y_{1..}^2 / 400$	Q_{41}
Entre C ₁ /A ₁	49	$\Sigma Y_{11k}^2 / 4 - Y_{11.}^2 / 200$	Q_{411}
Entre C ₂ /A ₁	49	$\Sigma Y_{12k}^2 / 4 - Y_{12.}^2 / 200$	Q_{412}
C ₁ vs C ₂	1	$\Sigma Y_{1j.}^2 / 4 - Y_{1..}^2 / 400$	Q_{413}
Híbridos/A ₂	99	$\Sigma Y_{2jk}^2 / 4 - Y_{2..}^2 / 400$	Q_{42}
Entre C ₁ /A ₂	49	$\Sigma Y_{21k}^2 / 4 - Y_{21.}^2 / 200$	Q_{421}
Entre C ₂ /A ₂	49	$\Sigma Y_{22k}^2 / 4 - Y_{22.}^2 / 200$	Q_{422}
C ₁ vs C ₂ /A ₂	1	$\Sigma Y_{2j.}^2 / 4 - Y_{2..}^2 / 400$	Q_{423}
Híbridos/A ₃	99	$\Sigma Y_{3jk}^2 / 4 - Y_{3..}^2 / 400$	Q_{43}
Entre C ₁ /A ₃	49	$\Sigma Y_{31k}^2 / 4 - Y_{31.}^2 / 200$	Q_{431}
Entre C ₂ /A ₃	49	$\Sigma Y_{32k}^2 / 4 - Y_{32.}^2 / 200$	Q_{432}
C ₁ vs C ₂ /A ₃	1	$\Sigma Y_{3j.}^2 / 4 - Y_{3..}^2 / 400$	Q_{433}
Erro médio	(891)	agrupamento	Q_5

C₁ e C₂ : conjuntos de híbridos de progênes de MI selecionadas e não selecionadas, respectivamente.

§ : Cada arranjo correspondeu a um experimento.

Tabela 7. Esquema de análise da variância para avaliação da interação do efeito da seleção antes do cruzamento e dos arranjos de cruzamento.

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.
Efeito da seleção (S)	1	$(Y_{.j}^2 / 600) - (Y_{...}^2 / 1200)$	Q_I
Arranjos (A)	2	$(Y_{i...}^2 / 400) - (Y_{...}^2 / 1200)$	Q_3
A_1 vs A_2	1	$(Y_{1...}^2 + Y_{2...}^2) / 400 - (Y_{1...} + Y_{2...})^2 / 800$	Q_{31}
(A_1, A_2) vs A_3	1	$(Y_{1...} + Y_{2...})^2 + Y_{3...}^2 - (Y_{...}^2 / 1200)$	Q_{32}
S x A	2	$(Y_{ij}^2 / 200) - (Y_{...}^2 / 1200) - SQ_{(S)} - SQ_{(A)}$	Q_{II}
Erro médio	891	agrupamento	Q_5

Tabela 8. Esquema de análise da variância para avaliar o efeito de híbridos dentro de arranjos (A)

F.V.	G.L.	W.Q.	Q.M.	E(Q.M.)
Híbridos/A	297	-	Q_4	$\sigma^2 + r \frac{2}{H_1'}$
Entre C_1/A	147	$SQ_{C_1/A_1} + SQ_{C_1/A_2} + SQ_{C_1/A_3}$	Q_{41}	$\sigma^2 + r \frac{2}{H_{11}'}$
Entre C_2/A	147	$SQ_{C_2/A_1} + SQ_{C_2/A_2} + SQ_{C_2/A_3}$	Q_{42}	$\sigma^2 + r \frac{2}{H_{12}'}$
C_1 vs C_2/A	3	-	Q_{43}	-
Erro médio	891	-	Q_5	σ^2

C_1 e C_2 : Conjunto de híbridos de progênes de MI selecionadas e não selecionadas, respectivamente.

4.4. Determinação dos componentes da variância genética

Como pode ser visto pela Figura 1, o esquema de Cruzamento adotado, "cruzamentos biparentais entre progênie de MI", envolveu cruzamentos de pares de progênie de MI, feitos planta-a-planta, evitando-se os recíprocos. Cada progênie obtida do cruzamento entre os pares de progênie foi representada por uma mistura de várias amostras de cada cruzamento planta-a-planta.

As plantas, na progênie de cada cruzamento planta-a-planta, possuem uma relação de parentesco de irmãos germanos. Enquanto que, entre duas plantas quaisquer de duas progênie de irmãos germanos a relação é de meios primos duplos, ou seja, conforme Figura 2, meios primos devidos a P_1 e meios primos devidos a P_2 .

Figura 2. Esquema mostrando a relação de parentesco - meios primos duplos - entre indivíduos nos cruzamentos biparentais entre progênie de MI.

Com o objetivo de determinar as esperanças do quadrado médio, em termos de covariâncias entre parentes, estabeleceu-se o seguinte modelo aleatório sem repetições e considerando-se apenas os efeitos genéticos:

$$Y_{ijk} = m + p_i + d_{jk(i)}$$

onde:

p_i : efeito de progênie MI x MI;

$d_{jk(i)}$: efeito de indivíduos dentro de progênie MI x MI;

m : média geral.

Para este modelo, as esperanças das somas de quadrados foram calculadas como segue:

$$E (SQ \text{ dentro}) = E \left\{ \sum_i \left[\sum_{jk} Y_{ijk}^2 - Y_{i..}^2 / JK \right] \right\}$$

$$E (SQ \text{ progênes}) = E \left(\sum_i Y_{i..}^2 / JK - Y_{...}^2 / IJK \right),$$

sendo,

$$E (Y_{ijk}^2) = \sigma_G^2$$

$$E (Y_{ijk} \cdot Y_{ijk'}) = \text{CovIG}$$

$$E (Y_{ijk} \cdot Y_{ij'k'}) = \text{CovMPD},$$

onde:

I : número de progênes MI x MI;

J : número de progênes de irmãos germanos dentro de MI x MI;

K : número de indivíduos dentro de progênes de IG;

CovIG : covariância de irmãos germanos;

CovMPD : covariância de meios-primos duplos.

O esquema de análise da variância do modelo, contendo as esperanças do quadrado médio, está apresentado na Tabela 9. Essas esperanças foram interpretadas nas formas de componentes da variância e covariâncias entre parentes.

Tabela 9. Componentes da variância genética para a análise da variância sem repetições, segundo o modelo adotado

F.V.	G.L.	Q.M.	Esperança dos quadrados médios	
			Componentes	Covariância entre parentes
Progenies	I-1	Q_1	$\sigma_d^2 + JK\sigma_H^2$	$\sigma_d^2 + \frac{JK}{JK-1} [(K-1) \text{ CovIG} + K (J-1) \text{ CovMPD}]$
Dentro	I(JK-1)	Q_2	σ_d^2	$\sigma_G^2 - \frac{1}{JK-1} [(K-1) \text{ CovIG} + K (J-1) \text{ CovMPD}]$

σ_d^2 : variância dentro de progênies MI x MI ($\hat{\sigma}_d^2 = \hat{\sigma}_{dg}^2 + \hat{\sigma}_{da}^2$), onde, $\hat{\sigma}_{da}^2 = 0$; sendo σ_{dg}^2 e σ_{da}^2 variâncias genética e ambiental dentro de progênies, respectivamente.

σ_H^2 : variância entre progênies MI x MI.

σ_G^2 : variância genética total = $\hat{\sigma}_A^2 + \hat{\sigma}_D^2 + \hat{\sigma}_{epistática}^2$.

CovIG e CovMPD : covariância de irmãos germanos e de meios primos duplos, respectivamente.

Se, $\hat{\sigma}_H^2 = \frac{Q_1 - Q_2}{JK}$, substituindo os quadrados médios pelas respectivas esperanças na Tabela 9, tem-se:

$$\hat{\sigma}_H^2 = \frac{1}{JK-1} \left[(K-1) \text{CovIG} + K (J-1) \text{CovMPD} \right] \quad (4.3.)$$

Como as covariâncias de irmãos germanos e meios primos duplos equivalem às variâncias genéticas entre progênes de irmãos germanos e meios primos duplos, respectivamente, desta forma, na ausência de epistase,

$$\text{CovIG} = \frac{1}{2} \hat{\sigma}_{A(12)}^2 + \frac{1}{4} \hat{\sigma}_{D(12)}^2$$

$$\text{CovMPD} = \frac{1}{8} \hat{\sigma}_{A(12)}^2 + \frac{1}{32} \hat{\sigma}_{D(12)}^2,$$

onde, de acordo com anotação de MIRANDA Fº (1978), $\hat{\sigma}_{A(12)}^2$ e $\hat{\sigma}_{D(12)}^2$ expressam as variâncias genéticas, aditiva e dominante, existentes no híbrido interpopulacional.

O número de progênes de irmãos germanos dentro de MIxMI ($J \approx 5,7$) foi estimado através de média ponderada, considerando-se os dados do arranjo aleatório (Arranjo 3), apresentados na Tabela 4. Como cada progênie MI x MI foi representada por 25 plantas e tendo-se o valor de $J \approx 5,7$, calculou-se o número de indivíduos representando cada progênie de irmãos germanos, ou seja, $K \approx 4,4$.

Substituindo os valores de CovIG, CovMPD, J e K na fórmula (4.3.), tem-se a seguinte estimativa para a variância entre progênes MI x MI:

$$\hat{\sigma}_H^2 = \frac{3,4}{24} \text{CovIG} + \frac{20,7}{24} \text{CovMPD} \quad (4.4.)$$

ou

$$\hat{\sigma}_H^2 = 0,1786 \sigma_{A(12)}^2 + 0,0624 \sigma_{D(12)}^2 \quad (4.5.)$$

4.5. Estimativas da variabilidade genética

A variabilidade genética foi estimada através de variâncias e coeficientes de variação. Os cálculos foram feitos conforme esquemas de análises da variância estabelecidos nas Tabelas 5 e 8. Todas as estimativas foram transformadas para o nível de plantas individuais. Como pretendeu-se avaliar o potencial do delineamento adotado em dois esquemas de seleção diferentes – seleção de híbridos MI x MI e seleção recorrente recíproca – procurou-se obter estimativas adequadas para cada caso.

4.5.1. Para seleção de híbridos MI x MI

Para o presente caso, os cálculos foram feitos considerando-se os conjuntos de híbridos (C_1 , C_2 e total) dentro de cada arranjo, conforme Tabela 5. Também, fez-se cálculos considerando-se os conjuntos dentro do agrupamento de arranjos, de acordo com a Tabela 8.

As fórmulas utilizadas para cálculo das estimativas, foram as seguintes:

$$\hat{\sigma}_H^2 = (Q_1 - Q_2)/r \quad (4.6.)$$

$$CV_{g\%} = \frac{\hat{\sigma}_H}{\hat{m}} \times 100 \quad (4.7.)$$

onde:

Q_1 : quadrado médio de híbridos;

Q_2 : quadrado médio do erro;

$CV_{g\%}$: coeficiente de variação genético, em porcentagem;

$\hat{\sigma}_H$: desvio padrão genético;

r : número de repetições;

$\hat{m}$: média geral.

Uma média geral observada e esperada foi obtida para cada arranjo, para o agrupamento de arranjos e para cada conjunto de híbridos.

4.5.2. Para seleção recorrente recíproca

Os cálculos foram feitos de acordo com o esquema de análise da variância apresentado na Tabela 5. Foram analisados apenas os dados correspondentes ao arranjo aleatório (A_3), considerando-se o efeito de conjunto de híbridos dentro do arranjo.

As estimativas das variâncias genéticas entre progênies foram obtidas como no item 4.4.1, através da expressão (4.3.). Assumiu-se a variância genética entre progênies, como uma função linear dos componentes da variância genética no híbrido interpopulacional, conforme estabelecido nas expressões (4.4.) e (4.5.) do item 4.4.

Desde que a variância genética entre progênies de MI x MI não permite estimar separadamente a $\sigma_{A(12)}^2$ e $\sigma_{D(12)}^2$, estabeleceu-se de acordo com MIRANDA FILHO (1979), dois limites para a variância aditiva: um limite máximo (σ_{A*}^2), sob a hipótese de $\sigma_{D=0}^2$, e um limite mínimo (σ_{A**}^2), sob a hipótese de $\sigma_D^2 = \sigma_A^2$.

4.6. Estimativas do progresso esperado por seleção

Para o cálculo do progresso esperado por seleção, foram utilizadas as estimativas da variância genética, de acordo com o obtido no item 4.5. Em todos os casos considerou-se uma intensidade de seleção de 20%. Inicialmente os dados foram calculados a partir de totais por parcela ($\text{Kg}/5\text{m}^2$), sendo posteriormente transformados para o nível de plantas individuais e apresentados em Kg/ha .

O progresso esperado por seleção, também, foi calculado na forma de porcentagem em relação a média da cultivar Piranão-VD2, que entrou como testemunha nos ensaios. Uma estimativa da média da população, após o primeiro ciclo de seleção, foi obtida, somando-se a média da população original com o progresso esperado.

Todas estas estimativas foram feitas da mesma forma como no item 4.5, qual seja, levando-se em consideração os dois esquemas de seleção.

4.6.1. Para seleção de híbridos MI x MI

Para o cálculo do progresso esperado foi adotada a seguinte fórmula adaptada daquela apresentada por SPRAGUE e EBERHART (1977) e VENCovsky (1978):

$$G_H = i \frac{\hat{\sigma}_H^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_H^2 + \frac{\hat{\sigma}^2}{r}}} \quad (4.8.)$$

onde:

G_H : progresso esperado por seleção de híbridos,

i : diferencial de seleção standartizado,

$\hat{\sigma}_H^2$: variância genética entre híbridos,

$\hat{\sigma}^2$: variância do erro,

r : número de repetições

No presente caso, a variância genética entre híbridos, definida como uma função linear dos componentes da variância genética, de acordo com a expressão (4.3.) corresponde aproximadamente à expressão (4.5.) apresentada no item 4.4, ou seja:

$$\hat{\sigma}_H^2 = 0,1786 \sigma_{A(12)}^2 + 0,0624 \sigma_{D(12)}^2$$

O diferencial de seleção expresso em unidades de desvio padrão (diferencial de seleção standartizado), foi obtido da Tabela 6.1 de HALLAUER e MIRANDA Fº (1981), considerando-se uma intensidade de seleção de 20%.

4.6.2. Para seleção recorrente recíproca

De posse da estimativa de variância genética do item 4.5.2, calculou-se o progresso esperado por seleção recorrente recíproca através da seguinte fórmula, adaptada de SPRAGUE e EBERHART (1977), e VENCovsky (1978):

$$G_R = i \frac{0,1786 \hat{\sigma}_{A(12)}^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_H^2 + \frac{\hat{\sigma}^2}{r}}} \quad (4.9.)$$

onde:

G_R : progresso esperado por seleção recorrente recíproca,

i : diferencial de seleção standartizado,

$\hat{\sigma}_{A(12)}^2$: variância genética aditiva no híbrido interpopulacional

$\hat{\sigma}_H^2$: variância genética entre híbridos,

$\hat{\sigma}^2$: variância do erro,

r : número de repetições

Os cálculos do progresso esperado, neste caso, foram realizados, levando-se em consideração os limites de variância aditiva estabelecidos no item 4.5.2. Por sua vez o diferencial de seleção standartizado foi obtido da mesma forma como no item 4.6.1.

4.7. Análise da capacidade de combinação

O sistema de cruzamento proposto assemelha-se à um dialélico parcial, segundo modelo de GRIFFING (1956), sendo que cada progênie de MI é cruzada com outras três da população contrastante. Embora as progênies não tenham sido cruzadas totalmente ao acaso, o que só ocorreu no arranjo A_3 , procurou-se avaliar o potencial das progênies parentais de acordo com sua capacidade de combinação em cruzamento.

Utilizou-se a metodologia dos quadrados mínimos, com base no seguinte modelo reduzido:

$$\bar{Y}_{ij} = m + c_i + c_j + \epsilon_{ij} \quad (4.10.)$$

onde:

$\bar{Y}_{ij}$: média do híbrido entre progênies i da população Piranão-VD2 e progênies j da população Piranão-VF1,

m : média dos híbridos MI x MI,

c_i e c_j : capacidade geral de combinação,

ϵ_{ij} : erro associado à média do híbrido entre as progênies i e j.

O uso do modelo reduzido justificou-se em função dos seguintes aspectos: o grande volume de parâmetros a serem estimados, e um maior interesse na capacidade de combinação.

A análise de variância foi realizada de acordo com o esquema apresentado na Tabela 10. Ambos, análise da variância e estimação de parâmetros, foram feitos pelo processo dos quadrados mínimos, utilizando-se um programa do sistema SAS, em computador IBM.

A validade do modelo foi testada através do coeficiente de determinação e pelo teste F. O coeficiente de determinação foi calculado pela seguinte fórmula (MIRANDA Fº, 1974):

$$R^2 = \frac{[\text{Cov}_{\hat{y}\hat{y}}]^2}{\sigma_y^2 \cdot \sigma_{\hat{y}}^2} \quad (4.11.)$$

O valor do teste F na análise da variância foi calculado utilizando-se o erro médio.

Tabela 10. Esquema de análise da variância para capacidade de combinação segundo modelo adotado

F.v.	G.L.	Q.M.
Híbridos	299	Q_1
C.C.	197	Q_{11}
Desvios	102	Q_{12}
Erro médio	891	Q_2

5. RESULTADOS

5.1. Arranjos de cruzamento e seleção prévia

5.1.1. Análise da variância

Os resultados das análises da variância referentes aos efeitos de arranjos e seleção prévia sobre a produção de espiga estão nas Tabelas de 11 a 14.

Como cada arranjo correspondeu a um experimento, inicialmente, fez-se análises individuais para os arranjos. Os resultados destas análises estão na Tabela 11. A eficiência experimental mostrou-se dentro dos limites aceitáveis de experimentação de campo, com o coeficiente de variação experimental não ultrapassando a 15%. Pelo teste F existiam diferenças altamente significativas entre as médias dos híbridos MI x MI, em todos os arranjos e nos conjuntos de híbridos dentro dos arranjos. No arranjo inverso (A_2) e aleatório (A_3), os conjuntos de híbridos (C_1 e C_2) diferiram significativamente entre si, porém, o mesmo não ocorreu no arranjo decrescente (A_1), onde não houve diferença estatística significativa pelo teste F.

A Tabela 12, mostra uma análise global dos três experimentos (arranjos). Nesta análise detectaram-se diferenças estatísticas altamente significativas entre as médias dos arranjos. Nesta

análise, as mesmas fontes de variação das análises individuais, foram testadas através de um erro médio; os resultados foram semelhantes aos anteriormente descritos para Tabela 11, com um coeficiente de variação experimental médio de aproximadamente 14%.

Na Tabela 13, estão os resultados de uma análise de variância complementar, segundo o esquema fatorial, envolvendo os efeitos de arranjos e da seleção prévia. De modo geral, observaram-se diferenças estatísticas altamente significativas para os efeitos de arranjos, seleção prévia e interação de ambos. Desdobrando os efeitos de arranjos não encontrou-se diferença estatística significativa entre as médias dos arranjos A_1 e A_2 , porém, ambos (A_1 , A_2) diferiram estatisticamente de A_3 .

Verificou-se, também, através de outra análise complementar (Tabela 14), o efeito da seleção prévia dentro do agrupamento de arranjos. Ambos os conjuntos de híbridos (C_1 e C_2) apresentaram diferenças estatísticas altamente significativas entre as suas médias. O mesmo aconteceu quando se comparou os dois conjuntos (C_1 vs C_2).

5.1.2. Médias

As médias de produção de espiga observadas e esperadas de todos os híbridos ensaiados, segundo os arranjos e os conjuntos de híbridos, estão nas Tabelas 15, 16 e 17. Nestas tabelas encontram-se as porcentagens destes híbridos, em relação a média de testemunha (Piranão-VD2). Elas ressaltam, também, os dez melhores híbridos em cada arranjo e nos conjuntos de híbridos dentro dos arranjos. As médias esperadas foram obtidas através do modelo reduzido ($\hat{Y}_{ij} = \hat{m} + \hat{c}_i + \hat{c}_j$). As estimativas dos parâmetros do modelo, para cada progênie de MI, estão na Tabela 28. De modo geral, houve correspondência entre as médias dos valores observados e esperados, dentro dos limites impostos pelo desvio padrão da média.

A média do arranjo decrescente (A_1) foi cerca de 16,6% superior em relação a média da testemunha (Tabelas 15 e 19) com um desvio padrão de $0,320 \text{ Kg/5m}^2$. As médias dos híbridos variaram de 2,417 a $5,627 \text{ Kg/5m}^2$ (Tabela 15). Considerando-se os conjuntos de híbridos (C_1 e C_2) dentro do arranjo A_1 , verificou-se que ambos produziram cerca de 16% mais do que a média da testemunha, com as médias dos híbridos variando de 2,887 a $5,262 \text{ Kg/5m}^2$ para C_1 e de 2,417 a $5,627 \text{ Kg/5m}^2$ para C_2 (Tabela 15).

A distribuição das médias dos híbridos no arranjo A_1 estão na Figura 3. Por esta Figura, constatou-se que no total de híbridos (C_0) cerca de 87% produziram mais que a testemunha. Considerando-se os conjuntos de híbridos dentro deste arranjo, verificou-se uma proporção de 88% e 86% de híbridos superiores a média da testemunha, para os conjuntos C_2 e C_1 , respectivamente. Como pode ser observado nesta Figura e pela Tabela 15 as médias dos conjuntos C_1 e C_2 no arranjo A_1 foram aproximadamente idênticas, o mesmo acontecendo quando tomou-se os 20% melhores híbridos para cada uma destas situações. A Figura 3, também mostra que, em qualquer situação, todos os 20% melhores híbridos eram superiores a média da testemunha e a média geral, produzindo cerca de 36% mais que a média da testemunha. O conjunto C_2 apresentou maior amplitude de variação em relação a C_1 , contendo o híbrido 318 x 418, que alcançou o melhor rendimento, sendo 54,4% superior a média da testemunha.

A média do arranjo inverso (A_2) produziu 13,8% mais que a testemunha com um desvio padrão de $0,265 \text{ Kg/5m}^2$ (Tabela 16). Por esta Tabela o melhor híbrido produziu $5,410 \text{ Kg/5m}^2$, enquanto que o pior produziu $3,115 \text{ Kg/5m}^2$. Considerando-se os conjuntos de híbridos (C_1 e C_2) dentro do arranjo A_2 , verificou-se que eles foram, respectivamente, cerca de 17,9% e 9,8% superiores a média da testemunha. As médias de produções variaram de 3,157 a $5,410 \text{ Kg/5m}^2$ em C_1 e de 3,115 a $5,097 \text{ Kg/5m}^2$ em C_2 (Tabela 16).

A Figura 4 mostra a distribuição das médias dos híbridos no arranjo A_2 . Cerca de 87% do total de híbridos (C_0) produziram mais que a média da testemunha. Considerando-se o efeito de conjunto de híbridos dentro deste arranjo verificou-se uma proporção de 86% e 88% de híbridos superiores a média da testemunha, para C_1 e C_2 , respectivamente. A média do total de híbridos (C_0) foi superior a média do conjunto C_2 e inferior a média do conjunto C_1 . O mesmo ocorreu quando assumiu-se uma intensidade de seleção de 20%. Sendo que neste caso e para quaisquer das situações na Figura 4, todos os híbridos selecionados eram superiores a média da testemunha e respectivas médias gerais; e produziram em média 35% (C_1), 32% (total), 29% (C_2) mais que a testemunha. O conjunto C_1 apresentou maior amplitude de variação em relação a C_2 , e continha o híbrido de maior rendimento, 126 x 225, que foi 48% superior a média da testemunha (Figura 4, Tabela 16).

A média do arranjo aleatório (A_3) foi cerca de 7,9% superior a média da testemunha, com um desvio padrão de 0,274 Kg/5m² (Tabela 17). Como pode ser visto nesta Tabela a média de produção dos híbridos variaram de 2,260 a 5,109 Kg/5m². Os conjuntos de híbridos dentro deste arranjo (C_1 e C_2) produziram 11,2% e 4,7% mais que a média da testemunha, respectivamente. As médias de produção variaram de 2,260 a 5,109 Kg/5m² para C_1 e de 2,702 a 5,060 Kg/5m² para C_2 (Tabela 17).

A distribuição de frequências das médias dos híbridos do arranjo A_3 estão na Figura 5. Uma expressiva maioria dos híbridos produziram mais que a média da testemunha, com valores de 80%, 64% e 72% para C_1 , C_2 e total (C_0), respectivamente. Todos os 20% melhores híbridos, para quaisquer destas situações (C_1 , C_2 e C_0), foram superiores a média da testemunha e suas respectivas médias gerais. A média dos híbridos selecionados (20%) em C_1 , C_2 e C_0 produziram, respectivamente, 29%, 27% e 28% mais que a média da testemunha. Como, também, pode ser visto na Tabela 17, a média do total de híbridos (C_0)

foi superior a C_2 porém inferior a C_1 , o mesmo acontecendo com as médias dos 20% selecionados. O conjunto C_1 apresentou maior amplitude de variação em relação a C_2 , contendo o híbrido de maior produção, 131 x 208, que foi cerca de 40,2% superior a média da testemunha (Figura 5, Tabela 17).

A Figura 6 mostra a distribuição dos híbridos no agrupamento dos arranjos. Do total de híbridos avaliados (C_0), cerca de 87% eram superiores a média da testemunha, enquanto que nos conjuntos C_1 e C_2 estas proporções foram de 87% e 76% respectivamente. Todos os 20% melhores híbridos nos conjuntos (C_1 e C_2) e no total (C_0) foram superiores a média da testemunha e suas respectivas médias gerais. A média dos híbridos selecionados (20%) em C_1 , C_2 e C_0 , produziram, respectivamente 33%, 30% e 31% mais que a média da testemunha. Como, também, pode ser visto na Tabela 19, a média do total de híbridos (C_0) foi superior a C_2 , porém, inferior a C_1 . O conjunto C_2 apresentou uma ligeira maior amplitude de variação em relação a C_1 , contendo o híbrido 318 x 418, que obteve o maior rendimento relativo entre todos os avaliados (Figura 6, Tabela 20).

As médias gerais dos arranjos do cruzamento e conjuntos de híbridos, com as respectivas porcentagens em relação a média da testemunha estão na Tabela 19. Em média, os híbridos produziram 12,78% mais que a testemunha. Em qualquer arranjo, o conjunto de híbridos C_1 foi superior ao conjunto C_2 , sendo que no arranjo decrescente (A_1) a diferença entre ambos era desprezível (0,1%). No conjunto C_1 , o arranjo inverso (A_2) produziu mais que os arranjos decrescentes (A_1) e aleatório (A_3), com uma tendência para $A_2 > A_1 > A_3$. No conjunto C_2 e no total de híbridos (C_0) a média de A_2 foi intermediária entre A_1 e A_3 , com a média de A_3 inferior aos demais.

As médias gerais de produção dos arranjos e conjuntos de híbridos e as respectivas porcentagens em relação a média da testemunha, correspondentes aos dez melhores híbridos MI x MI estão na

Tabela 20. De modo geral, verificou-se que o conjunto C_1 apresentou maior rendimento que o C_2 , com exceção feita para o arranjo decrescente (A_1), onde C_1 foi relativamente igual a C_2 . Houve uma tendência para o arranjo decrescente (A_1) produzir mais que os outros, com o arranjo inverso (A_2) permanecendo intermediário entre A_1 e A_3 . Porém, no conjunto C_1 a diferença entre A_1 e A_2 não ultrapassou 1%. As médias do arranjo aleatório (A_3) foram sempre inferiores as dos demais arranjos. Na Tabela 20, também encontram-se as médias dos dez melhores híbridos potenciais para C_1 , C_2 e total (C_0), produzidas de acordo com a capacidade de combinação das progênes de MI. Maiores detalhes sobre estes resultados estão descritos no item 5.3.

A Tabela 21 identifica os dez melhores híbridos nos conjuntos e no total, considerando o agrupamento de arranjos. Em média, os dez melhores híbridos, em C_1 , C_2 e total (C_0), produziram 41,0%, 38,8% e 43,3% mais que a média da testemunha. Em ambos os conjuntos (C_1 e C_2), seis híbridos dentre os dez selecionados pertenciam ao arranjo decrescente (A_1), três ao arranjo inverso (A_2), e um ao arranjo aleatório (A_3). No total, cinco híbridos pertenciam ao arranjo A_1 , quatro ao arranjo A_2 e um ao arranjo A_3 ; sete híbridos foram produzidos de progênes selecionadas e três de progênes não selecionadas. Destes sete híbridos de progênes selecionadas, três pertenciam ao arranjo A_1 , três ao arranjo A_2 e um ao arranjo A_3 . Dos três híbridos de progênes não selecionadas, dois pertenciam ao arranjo A_1 e um ao arranjo A_2 . Em C_2 e no total (C_0), o híbrido de maior produção pertenceu ao arranjo A_1 e em C_1 ao arranjo A_2 . De modo geral, cada progênie de MI só participou uma vez nos dez melhores híbridos em cada conjunto, com exceção da progênie 126 do conjunto C_1 que teve duas participações.

Um estudo da distribuição dos dez melhores híbridos em cada arranjo e no agrupamento deles está representado na Tabela 22. Selecionou-se os dez melhores híbridos com base em médias observadas e esperadas, segundo as Tabelas 15, 16, 17 e 21. Em geral,

verificou-se que tanto para as médias observadas como para as médias estimadas, o conjunto de híbridos C_1 apresentou maior proporção de híbridos selecionados que o conjunto de híbridos C_2 . Uma exceção, verificou-se nos dados observados do arranjo aleatório (A_3), onde C_1 e C_2 tinham a mesma proporção de híbridos. Também submeteu-se o agrupamento de arranjos a diferentes intensidades de seleção (Figura 7), tendo-se verificado, que em todas as situações, C_1 apresentava maiores proporções de híbridos selecionados que C_2 . Como pode ser visto na Tabela 22, as proporções verificadas para os dados observados e estimados, tinham a mesma tendência, e as diferenças entre ambos não eram muito discrepantes.

Para ter-se uma idéia da correspondência existente entre as médias observadas e esperadas, construiu-se a Tabela 18. Para isto, as médias observadas e esperadas foram, independentemente, submetidas a diferentes intensidades de seleção. Como era de se esperar, os valores de correspondência foram menores em intensidades de seleção de 6,6% e 3,3%, porém, foram maiores em intensidades de seleção mais altas (10% e 20%). Tomando-se o total de híbridos avaliados, verificou-se que os índices de correspondência foram de 50% e 70%, para intensidades da seleção de 3,3% e 20%, respectivamente. Os arranjos não apresentaram o mesmo padrão de correspondência, sendo que com intensidade de seleção de 10%, o arranjo inverso (A_2) obteve o maior valor, enquanto que com 20%, A_1 produziu maiores índices de correspondência. Considerando-se o efeito de conjunto de híbridos dentro de arranjos, constatou-se que os valores de correspondência variavam de 60% até 80%; sendo que no agrupamento de arranjos, em média, o conjunto de híbridos C_1 apresentou índices mais elevados de correspondência que o conjunto C_2 , para quaisquer das duas intensidades de seleção (6,6% e 20,0%).

5.1.3. Variabilidade genética

Um resumo dos quadrados médios das análises da variância e suas significâncias (Teste F), juntamente com os respectivos coeficientes de variação genética, estão na Tabela 23. Os quadrados médios mostraram que existe suficiente variabilidade para produção, entre os híbridos testados, com um coeficiente de variação genética médio de 11,2%. O conjunto de híbridos C_2 , de modo geral, apresentou maior variabilidade que C_1 , com exceção no arranjo decrescente (A_1), onde foi ligeiramente inferior. O arranjo aleatório (A_3) mostrou maior variabilidade que os demais, com exceção no conjunto C_1 , onde o arranjo decrescente (A_1) foi ligeiramente superior. O arranjo inverso (A_2) foi sempre inferior aos demais (A_1 e A_3).

As estimativas das variâncias genéticas entre híbridos MI x MI (σ_H^2) e das variâncias aditivas (σ_A^2), a nível interpopulacional, estão na Tabela 24. O conjunto de híbridos C_2 apresentou estimativas σ_H^2 superiores a C_1 , com exceção para o arranjo decrescente (A_1). Os valores mais altos de σ_H^2 pertenceram ao arranjo aleatório (A_3) e os mais baixos ao arranjo inverso (A_2), sendo A_1 intermediário aos dois. Estimou-se a σ_A^2 apenas para o arranjo aleatório (A_3), visto que nos demais os cruzamentos eram fixos. Tanto sob a hipótese de ausência de dominância ($\sigma_D^2 = 0$), como sob a hipótese de $\sigma_D^2 = \sigma_A^2$, o conjunto C_2 alcançou maiores valores de σ_A^2 . A estimativa da verdadeira variância aditiva deve estar entre o maior valor 2.286,22 (g/planta)² e o menor valor 1.464,56 (g/planta)².

5.2. Progresso genético esperado

As estimativas do progresso genético esperado por seleção de híbridos MI x MI e SRR, e a média esperada após o primeiro ciclo de seleção, estão nas Tabelas 25 e 26, respectivamente. Para ambos os casos adotou-se uma intensidade de seleção de 20%.

As possibilidades de progresso por seleção de híbridos MI x MI, para qualquer arranjo e conjunto de híbridos são consideráveis, com uma estimativa média de progresso de 13% (Tabela 25). Em média o conjunto C_2 apresentou maior progresso, porém, no arranjo decrescente (A_1), C_1 foi ligeiramente superior. As estimativas mais altas foram para o arranjo aleatório (A_3) e as mais baixas para o arranjo inverso (A_2). Porém, as estimativas de A_2 aproximavam-se de A_1 . Com relação a média da população após a seleção, verificou-se que C_1 apresentou médias superiores a C_2 em todos os casos, com valores mais altos em A_1 . O melhor arranjo foi A_1 seguido de A_2 e A_3 respectivamente.

De acordo com a Tabela 26, no total de híbridos do arranjo aleatório, o progresso esperado por SRR, situou-se nos limites de 11,5% e 15,6%, com a média esperada variando 8.775 a 9.092 Kg/ha. Dentro dos limites da variância aditiva adotados, espera-se maiores progressos no conjunto C_2 . Porém, o conjunto C_1 deverá alcançar melhores médias após o primeiro ciclo de seleção.

5.3. Capacidade de combinação

A Tabela 27, apresenta os resultados da análise da variância, segundo modelo e Tabela 10 do item 4.7. Verificou-se a existência de diferenças altamente significativas para híbridos, capacidade de combinação e desvios do modelo, com um coeficiente de variação (12,1%), adequado para experimentos desta natureza. Por sua vez, os valores de coeficientes de determinação e correlação foram expressivos, confirmando dados de correspondência entre valores observados e esperados, anteriormente obtidos no item 5.1.2..

As estimativas dos parâmetros do modelo estão na Tabela 28. Estas estimativas foram obtidas através do método dos quadrados mínimos. Como a matriz inversa foi singular, para resolver o sistema de equações normais foi empregado uma matriz inversa generalizada.

Estas estimativas representam apenas uma entre muitas das possíveis soluções para as equações normais. Todas elas são tendenciosas e não estimam os parâmetros. Porém, as combinações lineares de parâmetros, correspondentes aos cruzamentos efetuados, não são tendenciosas e são as melhores que se poderia obter deste conjunto de informações.

De acordo com a Tabela 28, as estimativas da capacidade de combinação das progênies selecionadas de Piranão-VF1 e não selecionadas de Piranão-VD2, apresentaram maiores proporções de estimativas positivas, ou seja, 62% e 54%, respectivamente. Enquanto que, as progênies selecionadas de Piranão-VD2 e não selecionadas de Piranão-VF1 tiveram apenas 4% e 2% de estimativas positivas, respectivamente.

A Tabela 29 e Figura 8 mostram a distribuição de frequências das médias de produção destes híbridos potenciais. Os conjuntos de híbridos de progênies selecionadas (C_1) e não selecionadas (C_2) apresentaram amplitudes de variação semelhantes, agrupando-se em torno da média da distribuição total dos híbridos (C_0). Os conjuntos de híbridos de progênies selecionadas x não selecionadas (C_3 e C_4), concentraram-se, cada qual, nas extremidades opostas da distribuição total. O conjunto de híbridos C_4 (Piranão-VD2 não selecionado x Piranão-VF1 selecionado), ocupou a extremidade superior, pois, apresentou as estimativas de maior valor.

Nas Tabelas de 30 a 34 encontram-se as estimativas das médias de produção dos cem híbridos potenciais dos conjuntos C_0 , C_1 , C_2 , C_3 e C_4 , respectivamente, produzidas com as dez melhores progênies (maiores valores da capacidade de combinação) de cada população. Convém salientar que estes cem híbridos não correspondem necessariamente aos cem melhores híbridos nestes conjuntos. Para efeito de comparação em cada um destes conjuntos, tomou-se os dez melhores híbridos, os quais também podem ser vistos nestas Tabelas. Tanto a média dos cem híbridos como a média dos dez melhores, mostraram uma tendência para $C_0 > C_4 > C_1 > C_2 > C_3$. As médias de C_0 e C_4 foram semelhantes,

tornando-se iguais, quando considerou-se a média dos dez melhores híbridos. As médias de C_1 e C_2 , também estavam próximas e equidistantes a C_0 e C_3 . Estes resultados confirmaram o que foi apresentado na Tabela 29 e Figura 8.

O melhor híbrido potencial nos conjuntos C_0 , C_1 e C_2 (Tabelas 30, 31 e 32) produziu mais em relação a testemunha (Piranão-VD2), 93,5%, 73,8% e 63,6%, respectivamente. Comparou-se a média de produção destes híbridos potenciais com a média do melhor híbrido observado em cada conjunto correspondente (Tabela 21). Verificou-se que os híbridos potenciais apresentaram médias superiores, com diferenças de produção de 39,1%, 25,4% e 9,2% respectivamente, em C_0 , C_1 e C_2 .

A produção relativa à testemunha dos dez melhores híbridos avaliados e potenciais nos conjuntos C_0 , C_1 e C_2 , estão na Tabela 20 e Figura 10. Comparando-se os dados, verificou-se que as médias dos híbridos potenciais eram superiores, com diferenças de produção de 41,6%, 23,1% e 19,3%, respectivamente, em C_0 , C_1 e C_2 .

No conjunto C_1 (Tabela 31) dois dos híbridos potenciais, também faziam parte do conjunto correspondente avaliado e ainda, estavam entre os dez melhores (Tabela 21). No conjunto C_2 (Tabela 32) existiam três híbridos nas mesmas condições, sendo que apenas um estava entre os dez melhores avaliados. No conjunto C_0 (Tabela 30), nenhum dos híbridos participou do grupo avaliado. Destes híbridos, que também estavam entre os avaliados, nenhum fazia parte do grupo dos dez melhores estimados em cada conjunto correspondente.

Tomando-se as dez melhores estimativas de progênies do total em cada população (Tabela 30), verificou-se que para Piranão-VF1 todas as estimativas pertenciam ao grupo de progênies selecionadas e para Piranão-VD2 apenas uma (119) era deste grupo; as demais progênies de Piranão-VD2 pertenciam ao grupo de progênies não selecionadas. Por outro lado, a Figura 9 mostra a participação dos

híbridos selecionados do total (C_0), considerando-se diferentes intensidades de seleção. A proporção de híbridos C_4 (Piranão-VD2 não selecionada x Piranão-VF1 selecionada), em qualquer intensidade de seleção foi igual ou superior a 90%, sendo que na intensidade de seleção de 0,25%, todos os híbridos pertenciam ao conjunto C_4 . Estes dados, mais as distribuições de frequências apresentadas na Tabela 29 e Figura 8, demonstram que obtêm-se os melhores de híbridos, quando combinam-se progênies não selecionadas de Piranão-VD2 com progênies selecionadas de Piranão-VF1.

6. DISCUSSÃO

A potencialidade de germoplasmas em produzir híbridos superiores depende do seu valor genético intrínseco e da sua capacidade de expressão em combinações híbridas. Para que um programa de melhoramento de híbridos seja eficiente é necessário que essas duas condições sejam satisfeitas. Para isso, é preciso dar respostas a alguns problemas de natureza prática, conforme salientado por COCKERHAM (1961), ou seja: o nível de endogamia necessário; a escolha do tipo de progênie e cruzamento, entre os quais se vai selecionar; a ordem com que os germoplasmas serão combinados; estimação e interpretação de variâncias entre cruzamentos; e predição do desempenho de um cruzamento em vez de outro. De acordo com o que foi mostrado nos resultados, alguns desses problemas foram alvo deste estudo.

6.1. Arranjos de cruzamento e seleção prévia

Neste trabalho avaliaram-se híbridos de progênies, previamente selecionadas (C_1) e não selecionadas (C_2), em três arranjos de cruzamento: decrescente (A_1), inverso (A_2) e aleatório (A_3). Nos dois primeiros arranjos os cruzamentos foram realizados segundo o mérito das progênies. Ressalte-se que as progênies não selecionadas, foram tomadas ao acaso, após as melhores terem sido selecionadas.

Os resultados das análises nas Tabelas de 11 a 14 mostraram que existe diferenças significativas de produção para as seguintes fontes de variação: entre híbridos dentro dos arranjos e dentro dos conjuntos de híbridos; entre médias dos arranjos; entre médias dos conjuntos de híbridos dentro dos arranjos; e para interação dos efeitos da seleção prévia x arranjos de cruzamento. Uma única exceção verificou-se no arranjo A_1 , onde não detectou-se diferença significativa entre as médias dos conjuntos de híbridos (C_1 vs C_2).

Desdobrando o efeito de arranjo (Tabela 13), encontrou-se que a média do arranjo A_1 não foi significativamente superior a média do arranjo A_2 , apesar de produzir 200 Kg/ha (2,7%) mais que A_2 . Contudo, a média de ambos, A_1 e A_2 , foi significativamente superior a do arranjo A_3 e produziram, respectivamente, 631 Kg/ha (8,6%) e 431 Kg/ha (5,9%) mais que A_3 (Tabela 19).

Tomando-se a média dos dez (Tabelas 20 e 21) e vinte (Figuras de 3 a 5) melhores híbridos em cada arranjo, observou-se a mesma tendência de produção, qual seja, $A_1 > A_2 > A_3$. Nestes casos, o efeito de arranjos foi mais acentuado, tendo em vista que as diferenças entre os arranjos aumentaram.

Todos os arranjos foram eficientes em produzir híbridos superiores à média da testemunha (Piranão-VD2). Considerando-se o total de 100 híbridos em cada arranjo, as porcentagens de híbridos superiores a média da testemunha foram de 87%, 87% e 72%, respectivamente, para A_1 , A_2 e A_3 (Figuras 3, 4 e 5). Os dez melhores híbridos em cada arranjo apresentaram rendimentos elevados, produzindo 40,9% (A_1), 37,6% (A_2) e 30,8% (A_3) mais que a média da testemunha (Tabela 20). Tomando-se os dez melhores híbridos dos trezentos avaliados (Tabela 21), verificou-se que cinco pertenciam ao arranjo A_1 , quatro ao arranjo A_2 e apenas um ao arranjo A_3 . Estes dados refletem a tendência já mostrada acima para as médias dos híbridos nos arranjos, ou seja, $A_1 > A_2 > A_3$, com diferenças não significativas entre A_1 e A_2 e ambos sendo expressivamente superiores a A_3 .

O estudo realizado para verificar a correspondência entre as médias observadas e estimadas (Tabela 18) mostrou valores elevados em todos os arranjos. Porém, com exceção do arranjo A_2 , nos demais observou-se que em intensidades de seleção mais elevadas (20%), houve uma tendência para os valores de correspondência serem mais altos. Com relação a isto não houve uma tendência definida entre os arranjos, sendo que com 10% (10/100) de intensidade de seleção, o arranjo inverso (A_2) obteve o maior valor, enquanto que com 20% (20/100) os maiores índices de correspondência pertenceram ao arranjo decrescente (A_1).

Com relação as estimativas da variabilidade genética entre híbridos para os arranjos (Tabela 24), verificou-se que elas comportaram-se de maneira diferente e não seguiram a mesma tendência das médias. O arranjo A_3 apresentou maior variabilidade genética, seguido de A_1 e A_2 , respectivamente. O mesmo ocorreu com as estimativas do quadrado médio e coeficientes de variação genética (Tabela 23); e com as amplitudes de variação das médias (Figuras de 3 a 5 e Tabelas de 15 a 17). Os coeficientes de variação genética e as estimativas da variância entre as médias dos híbridos mostraram que todos os arranjos expressam suficiente variabilidade genética para ser explorada em seleção. Evidentemente, que neste aspecto, as maiores vantagens ficaram com o arranjo aleatório (A_3), as menores com o arranjo inverso (A_2), sendo o arranjo decrescente (A_1) intermediário à ambos.

Pelo exposto verificou-se que existem diferenças sensíveis entre as médias dos arranjos e que parte da variabilidade genética total é devida ao efeito de arranjos de cruzamento. Isso implica dizer que os arranjos estão explorando os efeitos genéticos de maneira diferente. Possivelmente, grande parte desta variabilidade é devida aos efeitos aditivos. Evidências da presença expressiva da variância aditiva foram apresentadas na Tabela 24. Por outro lado, as progênies envolvidas nos cruzamentos já vem sendo submetidas a vários ciclos de seleção intrapopulacional, portanto, devem possuir alta frequência de alelos favoráveis para a produção. Os efeitos positivos

destes alelos, certamente, estão contribuindo para o elevado nível de produtividade alcançado pelos híbridos.

Porém, um modelo genético exclusivamente aditivo, como apresentado abaixo, não seria, por si só, adequado para explicar as diferenças entre os arranjos.

Para o arranjo A_1 ,

$$\begin{aligned} P_1 P'_1 &= 1/2 (P_1 + P'_1) \\ P_2 P'_2 &= 1/2 (P_2 + P'_2) \\ P_3 P'_3 &= 1/2 (P_3 + P'_3) \\ \hline \bar{X}_{A_1} &= 1/2 \left[1/N (P_i + P'_i) \right] \end{aligned}$$

Para o arranjo A_2 ,

$$\begin{aligned} P_1 P'_3 &= 1/2 (P_1 + P'_3) \\ P_2 P'_2 &= 1/2 (P_2 + P'_2) \\ P_3 P'_1 &= 1/2 (P_3 + P'_1) \\ \hline \bar{X}_{A_2} &= 1/2 \left[1/N (P_i + P'_i) \right] \end{aligned}$$

Para o arranjo A_3 ,

$$\begin{aligned} P_1 P'_2 &= 1/2 (P_1 + P'_2) \\ P_2 P'_1 &= 1/2 (P_2 + P'_1) \\ P_3 P'_3 &= 1/2 (P_3 + P'_3) \\ \hline \bar{X}_{A_3} &= 1/2 \left[1/N (P_i + P'_i) \right] \end{aligned}$$

Segundo este modelo, as médias dos arranjos deveriam ser iguais, pois, utilizou-se as mesmas progênies em todos os arranjos. Como verificaram-se diferenças, estas só podem ser devidas aos efeitos não aditivos, relacionados com a heterose.

De acordo com VENCovsky (1978), pode-se representar média do cruzamento de progênies de MI a nível interpopulacional da seguinte maneira: $\bar{C}_{12} = \bar{P} + h_{12}$, onde, $\bar{P}$ é a média das progênies genitoras e h_{12} a heterose entre ambas. O valor de $\bar{P}$ dependerá da qualidade das progênies que participam do cruzamento. Por outro lado, a heterose como definida por FALCONER (1960), $h_{12} = (p-r)^2 d$, só se expressa na presença de algum nível de dominância nos locus em heterozigose, ou quando existe divergência genética, ou seja, quando $p \neq r$. Em vista disso, conclue-se que a superioridade de híbridos de progênies de MI, dependerá da qualidade das progênies, do nível de dominância nos locus individuais em heterozigose e da divergência genética entre elas.

Algumas evidências de efeitos epistáticos em cruzamentos a nível interpopulacional têm sido registrados na literatura (STUBER e MOLL, 1971; HALLAUER, 1975), porém, estas evidências foram consideradas de pouca importância e restritas a cruzamentos específicos. Neste trabalho não foi possível estimar a presença destes efeitos, porém, provavelmente eles devem estar contribuindo para o excelente desempenho de alguns híbridos.

Também não foi possível obter estimativas da heterose. Porém, algumas evidências dos seus efeitos, estão refletidas nas porcentagens, em relação a testemunha - Piranão-VD2 (Tabela 19). Estes valores de produtividade estão em torno dos valores mais altos de heterose em relação ao pai superior, relatados por MIRANDA Fº (1981). Alguns autores como VIRMANI *et alii* (1982) tem-se referido a produtividade em relação a uma variedade padrão, como "heterose padrão". Deve-se salientar que o padrão deste trabalho, Piranão-VD2, tem origem comum à uma das populações paternas das progênies e é reconhecidamente uma população de alta produtividade. Por outro lado, ambas as populações, Piranão-VD2 e Piranão-VF1, são também reconhecidamente divergentes por origem.

Como exposto, as diferenças apresentadas entre os arranjos, podem ser um reflexo dos efeitos genéticos, relacionados com a heterose. Porém, não se sabe como estes efeitos estão contribuindo para estas diferenças. De concreto, tem-se que eles se manifestaram com mais intensidade nos arranjos decrescente (A_1) e inverso (A_2), do que no arranjo aleatório (A_3). Apesar disto, as características de cada arranjo, poderão fornecer algumas idéias sobre o assunto.

No arranjo A_1 , os cruzamentos foram realizados na ordem decrescente, segundo o mérito das famílias. Portanto, este arranjo favorece os cruzamentos de progênes com maior frequência de alelos favoráveis, o que, em média, pode ter contribuído para os valores mais altos de heterose. HOEGEMEYER e HALLAUER (1976) selecionaram pares de cruzamento e testaram as linhagens em cruzamentos dialélicos. Encontraram, em média, que os cruzamentos da diagonal da tabela dialélica apresentavam uma tendência para os efeitos da c.e.c. serem mais expressivos e positivos que os de fora da diagonal. Sugeriram que estes efeitos positivos e expressivos eram devidos a seleção e fixação de genes das linhagens opostas, resultando em efeitos dominantes e epistáticos positivos, nos cruzamentos.

No arranjo A_2 , os cruzamentos foram realizados no sentido inverso do mérito das famílias. Isto pode ter provocado um aumento da divergência genética a nível de cruzamento e, em média, elevado o valor da heterose. LONNQUIST (1968), aumentou o nível de divergência no cruzamento de linhagens e chamou a atenção sobre a importância da divergência genética para expressão de efeitos não aditivos. No arranjo A_3 , os cruzamentos foram realizados de forma aleatória. Neste arranjo, alguns cruzamentos apresentaram valores elevados de "heterose padrão", o que indica a presença de efeitos heteróticos. Porém, estes efeitos são completamente imprevisíveis e em média, foram menos expressivos do que nos demais arranjos.

Como visto na Tabela 24, as estimativas da variância entre híbridos MI x MI mostraram uma sensível redução de variabilidade genética

no arranjo inverso (A_2) em relação aos demais. Isso era esperado, por que os cruzamentos foram realizados pela ordem inversa do mérito das progênes. Assim o aumento da divergência genética, na presença de do minância gênica, deve ter possibilitado maior complementação entre genótipos, que diferiam em alguns locus quanto a frequência dos alelos favoráveis. Como consequência, devem ter sido gerados genótipos com elevado nível de heterozigose e com alta frequência de alelos favoráveis. Tais genótipos, tendem a produzir em torno da média da população, reduzindo a variabilidade genética. Este efeito pode ser melhor visualizado nos exemplos extremos dados abaixo, para três locus gênicos.

$$P_1 - aa BB CC \times P'_3 - AA bb cc \longrightarrow F_1 - Aa Bb Cc.$$

$$P_2 - AA bb CC \times P'_2 - aa BB cc \longrightarrow F_1 - Aa Bb Cc.$$

$$P_3 - AA BB cc \times P'_1 - aa bb CC \longrightarrow F_1 - Aa Bb Cc.$$

COCKERHAM (1961) discutindo a ordem dos cruzamentos en tre híbridos simples, triplos e duplos, concluiu que na presença de grande quantidade de variância genética não aditiva, e particularmente, com considerável variância epistática, torna-se muito importante a ordem com que as linhagens parentais são combinadas. Apesar deste autor ter chamado a atenção sobre a importância da ordem dos cruzamentos em programas de melhoramento de híbridos, estudos desta natureza não têm sido muito desenvolvidos. Por outro lado, nos trabalhos que utilizam esquemas dialélicos, não tem havido a preocupação para obtenção deste tipo de informação.

Com relação ao efeito da seleção prévia antes do cruzamento, verificou-se que no total do agrupamento de arranjos (Tabela 19), o conjunto de híbridos de progênes selecionadas (C_1), produziu significativamente (360 Kg/ha ou 4,9%) mais que o conjunto de híbridos de progênes não selecionadas (C_2). A média dos dez (6,6%) e

trinta (20%) melhores híbridos do total de 150 em cada conjunto, mostraram a mesma tendência de produção, ou seja $C_1 > C_2$. Porém, neste caso a diferença entre os conjuntos foi reduzida sendo de aproximadamente 3% (Tabela 21 e Figura 6). Ambos os conjuntos apresentaram elevadas porcentagens de híbridos superiores a média da testemunha, sendo que neste sentido o conjunto C_1 foi 12% superior a C_2 . Dos dez (3,3%) melhores híbridos selecionados do total de híbridos avaliados (300), sete pertenciam ao conjunto C_1 e três ao conjunto C_2 , sendo que o melhor híbrido pertenceu a C_2 (Tabelas 21 e 22). Dos 60 (20%) melhores híbridos na mesma situação, 34 pertenciam ao conjunto C_1 e 26 ao conjunto C_2 (Figura 7).

Vários autores avaliaram linhagens obtidas de variedades melhoradas, classificando-as previamente, segundo o seu desempenho em ensaios de produção (RAWLINGS e THOMPSON, 1962; LONNQUIST e LINDSEY, 1964; LONNQUIST, 1968; DARRAH e HALLAUER, 1972; e HOEGEMEYER e HALLAUER, 1976). Os resultados destes autores, de modo geral, estão de acordo com os obtidos neste trabalho. HOEGEMEYER e HALLAUER (1972) encontraram que híbridos de linhagens selecionadas produziam em média 11,2% mais que os híbridos de linhagens não selecionadas e que dos 30 melhores híbridos selecionados, a maior porcentagem eram de linhagens selecionadas. RAWLINGS e THOMPSON (1962) mostraram que intercruzamentos de seleções de alta produção superavam intercruzamentos de seleções de baixa produção, embora houvessem alguns híbridos de linhagens de baixa produção que superavam outros híbridos de linhagens de alta produção. DARRAH e HALLAUER (1972) compararam híbridos de linhagens superiores e inferiores obtidas de uma variedade de polinização livre e encontraram diferenças em torno de 725 Kg/ha, em favor das linhagens superiores em produção.

Vários autores estudaram o comportamento da heterose em cruzamentos intervarietais (LONNQUIST e GARDNER, 1961; PATERNIANI e LONNQUIST, 1963; e MIRANDA Fº, 1974). Estes autores demonstraram que em cruzamentos de variedades, consideradas como de alta (A) e baixa

(B) produção, os valores de heterose seguiam a seguinte ordem nos cruzamentos, $BB > AB > AA$. Porém, os cruzamentos das variedades mais produtivas tendiam a dar híbridos mais produtivos. PATERNIANI e LONNQUIST (1963), sobre o assunto, concluíram que a resposta heterótica, por si mesmo, tem pouco significado prático. Contudo, deve-se procurar pais que sejam satisfatórios em produção e que manifestem um nível considerável de heterose em cruzamento.

Os resultados deste trabalho e dos autores acima citados, permitem concluir que linhagens ou progênes selecionadas de populações melhoradas deverão produzir maior proporção de combinações híbridas superiores. Porém, também, ficou demonstrado que progênes ou linhagens não selecionadas, tomadas ao acaso destas populações, poderão produzir algumas combinações híbridas altamente promissoras (Figura 7, Tabela 21).

O conjunto de híbridos de progênes não selecionadas (C_2) apresentou uma variabilidade ligeiramente superior do que o conjunto de híbridos de progênes selecionadas (C_1), o que pode ser verificado pela distribuição de frequências dos híbridos (Figura 6), e pelos dados de variâncias e coeficientes de variação genética (Tabelas 23 e 24). HOEGEMEYER e HALLAUER (1976) também encontraram que híbridos produzidos de linhagens não selecionadas apresentavam maior amplitude de variação que os de linhagens selecionadas.

Como pode ser visto pela expressão 4.4.3. - $(\sigma_H^2 = 0,1786 \sigma_{A(12)}^2 + 0,0624 \sigma_{D(12)}^2)$, estabelecida neste trabalho, espera-se que híbridos MI x MI expressem mais efeitos aditivos do que dominantes. A variância aditiva conforme foi estimada neste trabalho (Tabela 24) é expressiva e está indicando que ainda existe suficiente variância genética desta natureza nas populações. Verificou-se também, que as estimativas da variância aditiva para o conjunto C_2 eram ligeiramente superiores as do conjunto C_1 . Isso era esperado, como consequência do efeito da seleção prévia, e mostrou que a seleção explorou, de alguma forma, este tipo de variância. Contudo, apesar da

expressão acima não levar em consideração os efeitos epistáticos, isso não significa que eles não estão presentes.

Por outro lado, as populações Piranão-VD2 e Piranão-VF1, já vêm por vários ciclos sofrendo seleção intrapopulacional, com base em progênies de MI. Este tipo de seleção explora basicamente a variância aditiva produzindo progênies com alta frequência de alelos favoráveis (HALLAUER e MIRANDA F^o, 1981). Portanto, ambas as populações devem possuir progênies de MI, com alta frequência de alelos favoráveis. Como consequência, era esperado que cruzamentos destas progênies produzissem híbridos altamente produtivos.

Por sua vez, também era esperado que progênies de MI selecionadas destas populações possuissem maior frequência de alelos favoráveis que as não selecionadas. Isto deve estar ocorrendo, porque, como visto, progênies de MI selecionadas geraram híbridos mais eficientes em produção, com consequente redução da variância aditiva. Contudo, apesar da seleção ter provocado redução na variância aditiva, os valores aqui obtidos (Tabela 24), quando comparados com aqueles de diferentes autores para a mesma população (Tabela 1), mostraram que após a seleção ainda restou suficiente variância aditiva para ser explorada através de melhoramento intrapopulacional.

Vários autores entre eles (SPRAGUE e TATUM, 1942; STUBER e MOLL, 1971 e 1974; DARRAH e HALLAUER, 1972), têm feito comparações sobre a importância dos efeitos aditivos em contraste com os efeitos de dominância e epistáticos, em cruzamento de linhagens previamente selecionadas e não selecionadas. De acordo com os resultados destes autores, não foi possível estabelecer um padrão definido de mudança na ação gênica que possa ser atribuído a seleção. Porém, foram encontradas diferenças entre os híbridos produzidos pelos dois tipos de linhagens, principalmente no que diz respeito aos efeitos não aditivos, e estas diferenças favoreciam as linhagens não selecionadas (STUBER e MOLL, 1971 e DARRAH e HALLAUER, 1972). Por outro lado, SPRAGUE e TATUM

(1942) já chamava a atenção sobre a importância da exploração dos efeitos de dominância e epistáticos em germoplasmas selecionados. Segundo estes autores, desde que as diferenças em efeitos aditivos tenham sido suficientemente eliminadas pela seleção, os efeitos de dominância e epistáticos tornam-se, relativamente, mais importantes.

Os resultados destes autores mais os encontrados neste trabalho, concordam que progênies selecionadas deverão produzir híbridos superiores em maior proporção, em virtude de possuírem maior frequência de alelos favoráveis para produção. Estão de acordo, também, que grande parte desta superioridade é devida aos efeitos aditivos. Por outro lado, a magnitude da heterose padrão manifestada aqui, em ambos os conjuntos de híbridos, e os resultados daqueles autores, indicam que os efeitos não aditivos devem ser muito importantes na expressão destes híbridos, principalmente para o conjunto de progênies não selecionadas.

Pelos resultados da análise da variância apresentados na Tabela 13, verificou-se que existe interação significativa entre o efeito da seleção prévia e o efeito de arranjo de cruzamentos. Isto significa que o efeito de seleção prévia apresentou um comportamento diferenciado dentro dos arranjos e que estes por sua vez apresentaram diferenças de comportamento dentro dos conjuntos de híbridos.

Analizando-se o efeito da seleção prévia dentro dos arranjos, não encontrou-se diferença significativa entre as médias dos conjuntos de híbridos no arranjo decrescente (A_1) (Tabela 12). Conforme mostra a Tabela 19, as médias de produção foram quase absolutamente iguais, com uma diferença de 0,018 Kg/ha (0,25%). Por outro lado, neste arranjo, o conjunto C_2 apresentou uma redução de variabilidade ligeiramente maior que C_1 (Tabelas 23 e 24). Isto está indicando que no arranjo A_1 , as progênies não selecionadas estão explorando mais a variabilidade genética disponível, que as progênies selecionadas, daí ter alcançado valores elevados de heterose padrão. Estes resultados não estão dentro do esperado e mostram que nos cruzamentos de progênies

de MI, segundo o arranjo A_1 , os efeitos heteróticos estão ocorrendo da maneira mais imprevisível que nos demais.

Para os outros arranjos, os resultados foram como esperado, ou seja, o conjunto C_1 produziu significativamente mais que C_2 (Tabela 12), com diferenças relativas de 8,1% e 6,5%, em A_2 e A_3 , respectivamente (Tabela 19). Por outro lado, o conjunto C_1 apresentou maior redução da variabilidade que C_2 (Tabelas 23 e 24). Tais resultados estão indicando que nos arranjos aleatório e inverso os efeitos da seleção prévia mostraram-se mais evidentes e que nestes arranjos as progênies selecionadas foram capazes de explorar a variabilidade genética disponível com maior eficiência.

As Figuras 3, 4 e 5, mostram que ambas as progênies, selecionadas e não selecionadas, em qualquer dos arranjos, foram capazes de produzir híbridos superiores a média da testemunha em grande quantidade. Sendo que neste sentido as progênies selecionadas foram mais eficientes, principalmente no arranjo inverso (A_2); e acompanharam a tendência já verificada para as médias apresentadas nas Tabelas 19 e 20.

Quando tomou-se os dez melhores híbridos em cada conjunto, (Tabela 20) o comportamento foi semelhante ao apontado acima para as médias gerais (Tabela 19). Porém, verificou-se uma redução da diferença entre C_1 e C_2 , principalmente, no arranjo A_3 , onde a diferença caiu de 6,5% para 2,5%. Verificou-se, também, que nesta situação as progênies selecionadas (C_1) produziram igual ou maior quantidade de híbridos superiores que as progênies não selecionadas (Tabela 22). No arranjo A_1 , apesar de em média não ter havido diferença significativa entre os conjuntos, C_1 produziu maior quantidade de híbridos superiores. No arranjo A_2 , como esperado, a diferença no número de híbridos selecionados em favor de C_1 foi a mais elevada. Surpreendeu a mesma proporção verificada de híbridos superiores entre C_1 e C_2 , no arranjo A_3 . Isso de certa forma, justifica a redução da diferença entre as médias de C_1 e C_2 verificada no arranjo A_3 (Tabela 20). Por

outro lado, os resultados da Tabela 22 estão mostrando que, para as progênes não selecionadas produzirem combinações híbridas expressando elevado nível de heterose, o arranjo decrescente (A_1) e aleatório (A_3) são mais propícios que o arranjo inverso (A_2).

Analizando o efeito de arranjos dentro do conjunto de híbridos, verificou-se pelas médias (Tabela 19) a seguinte tendência de produção: $A_2 > A_1 > A_3$ no conjunto C_1 ; e $A_1 > A_2 > A_3$ no conjunto C_2 . Como pode ser visto pela Tabela 19, no primeiro caso a diferença em favor do arranjo inverso foi de 0,086 Kg/ha (1,18%), porém, no segundo caso a diferença em favor do arranjo decrescente (A_1), 0,486Kg/ha (6,67%), foi mais acentuada. Em ambos os casos o arranjo aleatório (A_3) foi menos eficiente que os demais. A mesma tendência verificou-se quando examinou-se a porcentagem de híbridos superiores a testemunha (Figuras 3, 4 e 5). Isto mostrou que cruzando-se progênes de MI selecionadas, os efeitos heteróticos se manifestavam com maior intensidade nos arranjos inverso (A_2) e decrescente (A_1), com ligeira vantagem para o primeiro. Por outro lado, cruzando-se progênes de MI não selecionadas, o aproveitamento dos efeitos heteróticos foram mais evidentes no arranjo decrescente (A_1) do que nos demais.

Tomando-se a média dos dez melhores híbridos de cada arranjo no conjunto de híbridos (Tabela 20), a tendência de produção foi de $A_1 > A_2 > A_3$ em ambos os conjuntos de híbridos. Porém, a diferença entre A_1 e A_2 no conjunto C_1 foi muito pequena (0,93%). Dos 150 híbridos avaliados para cada conjunto, tomou-se os dez melhores (Tabela 21). Constatou-se que em ambos os conjuntos (C_1 e C_2) seis pertenciam ao arranjo decrescente (A_1), três ao arranjo inverso (A_2) e um ao arranjo aleatório (A_3).

As estimativas de variabilidade genética para os arranjos dentro dos conjuntos de híbridos (Tabela 23 e 24), mostraram que em qualquer conjunto a tendência era a mesma do total, qual seja,

$A_3 > A_1 > A_2$. Como já discutido antes para o conjunto total, era esperada uma maior redução da variabilidade no arranjo inverso, devido a este tipo de cruzamento favorecer a produção de indivíduos altamente heterozigotos.

HOEGEMEYER e HALLAUER (1976) estudaram o efeito da seleção dentro de cruzamentos dialélicos. Encontraram que nos intercruzamentos de linhagens selecionadas, os cruzamentos da diagonal da tabela dialélica produziam 4,2% mais que os de fora da diagonal e apresentavam uma tendência para os efeitos da c.e.c. serem mais positivos e expressivos. Nos intercruzamentos de linhagens não selecionadas, ocorreu o inverso, os cruzamentos de fora da diagonal produziam 1,6% mais que os da diagonal, porém, não diferiam quanto a frequência de efeitos positivos e negativos da c.e.c. Eles concluíram que apesar de ser possível identificar híbridos superiores através de todos os cruzamentos possíveis entre um grupo de linhagens selecionadas, isto pode ser menos eficiente do que testar somente os cruzamentos da diagonal. Entretanto, deve ser ressaltado que os cruzamentos de diagonal, correspondiam a cruzamentos já anteriormente testados.

Fazendo um retrospecto, verificou-se que, em média, os arranjos decrescentes (A_1) e inverso (A_2) foram mais eficientes, que o arranjo A_3 , sendo que A_1 produziu 200 Kg/ha (2,74%) mais que A_2 . Porém, apesar do arranjo aleatório ter sido menos eficiente, ficou demonstrado que através deste arranjo, também, pode-se produzir combinações híbridas superiores em produção. Por outro lado, em média, as progênies selecionadas (C_1) mostraram-se mais eficientes na produção de híbridos MI x MI do que as não selecionadas (C_2), com o conjunto de híbridos C_1 produzindo 360 Kg/ha (4,9%) mais que o conjunto C_2 . Considerando-se o efeito da interação de arranjo x seleção prévia, nos cruzamentos de progênies selecionadas o arranjo inverso (A_2) produziu 0,086 Kg/ha (1,18%) mais que o arranjo decrescente (A_1); nos cruzamentos de progênies não selecionadas, ocorreu o inverso, o arranjo A_1 produziu 0,486 Kg/ha (6,67%) mais que o arranjo A_2 .

De modo geral os efeitos heteróticos mostraram-se imprevisíveis, mas tudo indica que tratando-se de progênies de MI selecionadas estes efeitos parecem ser melhor explorados no arranjo inverso e decrescente, e com progênies não selecionadas no arranjo decrescente. Contudo, deve-se considerar que interações genotipo x ambiente poderão estar influenciando os resultados, haja vista que a seleção prévia das progênies e a avaliação dos híbridos foram realizadas em apenas um ano.

6.2. Ganho de seleção

Como já discutido anteriormente no item 6.1, num sistema de cruzamento como este, os efeitos de arranjo de cruzamento e de seleção prévia, estão contribuindo para a variabilidade total apresentada pelos híbridos. Por outro lado, deve ser considerado que, também, outros fatores estão contribuindo para esta variabilidade, entre os quais: a característica divergente das populações básicas, o tipo de progênie utilizada (MI) nos cruzamentos e o tipo de progênie resultante do cruzamento (MI x MI).

Estes fatores, conseqüentemente, deverão influenciar a eficiência de seleção a nível interpopulacional. Como isto poderá ocorrer num programa de seleção de híbridos MI x MI e de SRR, será alvo de nossa discussão.

6.2.1. Por seleção de híbridos MI x MI

Como pode ser visto pela Tabela 25, considerando-se o progresso esperado em porcentagem da média da população original, verificou-se que, o ganho por seleção de híbridos MI x MI no arranjo aleatório (15,5%) foi maior do que nos demais. Os dois arranjos, decrescente (A_1) e inverso (A_2), apresentaram aproximadamente os mesmos ganhos esperados (12,0%), confirmando os resultados obtidos com as

médias. A maior porcentagem de ganho do arranjo aleatório era esperada, tendo em vista que apresentou a menor média e a maior variabilidade genética entre híbridos.

Ainda, neste aspecto, o efeito da seleção prévia foi, em geral, mais pronunciado nos híbridos de progênes não selecionadas (C_2) do que nos híbridos de progênes selecionadas (C_1), com exceção, verificando-se no arranjo decrescente (A_1), onde houve uma inversão na tendência, com C_1 sendo ligeiramente superior a C_2 . Da mesma forma como para os arranjos, essas diferenças de progresso esperado foram em favor dos conjuntos que apresentaram maior variabilidade genética entre híbridos.

Considerando-se a média esperada da população após o primeiro ciclo de seleção (Tabela 25) constatou-se que, o arranjo aleatório (A_3), em média, não foi tão eficiente quanto aos demais, apesar de apresentar progresso genético esperado maior. Neste caso, o arranjo decrescente (A_1) foi mais eficiente produzindo 9.544 Kg/ha, com diferenças de produção de 258 Kg/ha e 553 Kg/ha, para A_2 e A_3 , respectivamente. A superioridade dos arranjos A_1 e A_2 em relação a A_3 , foi devido à apresentarem médias de produção mais elevadas.

Com relação ao efeito da seleção prévia, em média, verificou-se que a média da população selecionada após o primeiro ciclo deverá ser maior quando usa-se progênes selecionadas em vez de progênes não selecionadas. Comparações entre estes grupos de progênes mostraram que havia uma tendência na diferença entre C_1 e C_2 , refletindo o efeito de seleção prévia (Tabela 25). Essa tendência foi mais acentuada no arranjo inverso (A_3), em virtude de neste arranjo, o conjunto de híbridos de progênes selecionadas (C_1), ter apresentado maior média de produção, compensando assim por ter apresentado menor estimativa de progresso esperado. A menor tendência, verificou-se no arranjo decrescente (A_1) mostrando que para este caso o efeito da seleção não foi tão evidente, como nos demais, justificando os dados de média

de produção e de progresso esperado, nas Tabelas 19 e 25, respectivamente. Apesar do efeito da seleção prévia não ser tão evidente no arranjo decrescente (A_1), a média de produção após o primeiro ciclo de seleção, ou seja, 9.588 Kg/ha, deverá ser maior com progênes selecionadas. Neste caso, as diferenças para os arranjos inverso e aleatório foram de 130,4 Kg/ha e 349,8 Kg/ha, respectivamente.

Uma outra visão, de como os efeitos de arranjos e seleção prévia poderão afetar a eficiência de seleção, foram dadas na Tabela 21 e Figura 7. Admitindo-se a seleção dos dez (3,3%) melhores híbridos entre os 300 avaliados (Tabela 21), cinco pertenciam ao arranjo decrescente, 4 ao arranjo inverso e um ao arranjo aleatório; sete provinham de cruzamentos de progênes selecionadas e três de progênes não selecionadas. Considerando-se diferentes intensidades de seleção (Figura 7), desde 3,3% até 20%, sempre as progênes selecionadas produziram mais híbridos superiores que as progênes não selecionadas.

Outros resultados, também, estão demonstrando que progênes de MI são eficientes na geração de híbridos superiores, entre as populações, Piranão-VD2 e Piranão-VF1. Do total de híbridos avaliados (300) 81,7% produziram mais que a testemunha (Piranão-VD2), sendo que em média, estes 300 híbridos foram 932 Kg/ha (12,78%) superiores a esta variedade. Os dez melhores híbridos produziram, em média, 10.448 Kg/ha de espigas, o que corresponde a 43,3% mais que a testemunha. Por outro lado, a variabilidade genética disponível, com estimativas da variância entre híbridos de $336,80 \text{ (g/planta)}^2$ propiciaram, com intensidade de seleção de 20%, um progresso médio esperado de seleção de 13,2%, esperando-se que a população selecionada, após o primeiro ciclo produza, em média, 9.310,2 Kg/ha. MIRANDA F^o (1979) avaliou híbridos So x So, das mesmas populações, através da técnica dos híbridos crípticos. Obteve estimativas da variância de $248,56 \text{ (g/planta)}^2$, o que possibilitou progressos esperados de 6,7% e 15,9%, para intensidades de seleção de 51,5% e 10%, respectivamente.

As populações utilizadas neste trabalho, Piranão-VD2 e Piranão-VF1, são geneticamente divergentes, altamente heterozigotas e expressam elevado nível de heterose em cruzamento. Para populações com estas características e considerando-se as informações aqui obtidas propõem-se o seguinte procedimento para produção de híbridos a nível interpopulacional:

- 1º) seleção intrapopulacional com progênies de MI, nas duas populações, por vários ciclos de seleção, para aumentar a frequência de alelos favoráveis; selecionar 100 progênies de MI de cada população;
- 2º) realizar cruzamentos biparentais entre progênies de MI selecionadas na etapa anterior, segundo sistema preconizado aqui;
- 3º) avaliar em ensaios de produção, os híbridos MI x MI gerados na etapa anterior e selecionar os 10 melhores pares de progênies de MI;
- 4º) praticar seleção fenotípica nas progênies de MI dos pares selecionados na etapa anterior, usando sementes remanescentes da primeira etapa com o objetivo de uniformizar as progênies e eliminar características agronômicas indesejáveis;
- 5º) realizar todos os cruzamentos possíveis, entre as progênies de MI da 4ª etapa, avaliar os híbridos e selecionar os melhores.

Para manutenção das progênies e para praticar seleção fenotípica, as progênies deverão ser multiplicadas em lotes isolados a través de cruzamentos fraternos. Isso, provavelmente, deverá provocar uma pequena depressão por endogamia, que deverá se benéfica para eliminação visual de características agronômicas indesejáveis. Desde que já se disponha de progênie de MI com alto valor produtivo e uniforme, a

primeira etapa é dispensável e reduzirá a importância da seleção fenotípica na quinta etapa. Por outro lado, pode-se inverter a ordem da quarta e quinta etapa, ou seja, realizar a seleção fenotípica somente após os inter cruzamentos das melhores progênes, reduzindo o esforço despendido com a seleção.

Várias outras alternativas ao procedimento proposto poderão ser adotadas com base nas informações deste trabalho. Uma delas seria tomar o maior número possível de progênes de MI selecionadas, de cada população, e testá-las em combinações híbridas, de acordo apenas com arranjo decrescente ou inverso. Numa etapa posterior à avaliação e seleção, as progênes selecionadas seriam testadas em todas as combinações possíveis. Entretanto, isto teria a desvantagem de eliminar a possibilidade de obtenção de informações relacionadas com a capacidade de combinação das progênes.

Outra alternativa seria ao mesmo tempo que se produz os híbridos MI x MI fazer cruzamentos fraternos nas progênes de MI de cada par selecionado, com seleção fenotípica dentro das progênes. Os cruzamentos fraternos permitiriam a multiplicação das progênes com a consequente manutenção da sua identidade. Este procedimento poderá ser seguido por várias gerações sucessivas, com a preocupação de manter sempre o mesmo par inicialmente selecionado.

Após a seleção dos pares de progênes, poderá, também, ser iniciado um programa com sucessivas gerações de autofecundação e seleção dentro das progênes, de forma a produzir linhagens endogâmicas dentro dos pares. Neste caso, o esquema inicial de cruzamento funcionaria como um teste precoce.

O método do híbrido críptico, apesar da sua reconhecida eficiência (LONNQUIST e WILLIAMS, 1967; e HALLAUER, 1973), tem apresentado algumas limitações quanto ao seu uso generalizado nas populações utilizadas no Brasil (MAGNAVACA, 1973; e ZINSLY, 1976). O esquema de cruzamento aqui proposto, a partir de progênes de MI, possui as se

guintes vantagens, em contraposição as limitações apontadas pelos autores acima: não necessita de prolificidade para viabilizar os cruzamentos; não possui limitações quanto ao número de sementes, para avaliações; e reduz os efeitos negativos devidos a depressão por endogamia. Por outro lado, este esquema é menos trabalhoso e não requer maiores controles, porque não envolve autofecundações e usa-se uma mistura de sementes dos cruzamentos nos pares de progênies.

As progênies de MI são como várias subpopulações tiradas de uma população maior, possuindo uma identidade própria, com variabilidade mais restrita que a população original, porém, equivalente a variabilidade apresentada pelos sintéticos de milho. Por outro lado, progênies de MI normalmente apresentam suficiente variabilidade, o que torna possível aumentar o ganho de seleção dos híbridos MI x MI, através de seleção dentro das progênies. VENCovsky (1978) mostrou que o efeito da seleção dentro de progênies de MI é esperado ser maior do que o efeito da seleção entre progênies.

No Brasil a produção comercial de híbridos intervarietais, tem sido explorada com sucesso por setores oficiais e privados. Desta forma, tudo indica que a utilização de híbridos MI x MI, também, deverá ser viável. Tais híbridos deverão apresentar as mesmas vantagens dos híbridos intervarietais, quais sejam, maior adaptação às condições brasileiras e facilidade de obtenção, com a possibilidade de serem mais produtivos e uniformes. Por outro lado, a manutenção das progênies de MI deverá ser mais simples do que a das linhagens endogâmicas de híbridos convencionais.

Como visto, as possibilidades deste sistema de cruzamento, num programa de melhoramento de híbridos, são amplas e certamente contribuirão para o desenvolvimento de híbridos superiores. Segundo DARRAH e HALLAUER (1972) um procedimento que detecte e selecione efeitos gênicos não aditivos favoráveis, na presença de plantas altamente heterozigotas, deverá produzir híbridos superiores.

6.2.2. Por seleção recorrente recíproca

Como pode ser visto na Figura 1 o delineamento adotado envolve cruzamentos de pares de progênies de meios irmãos (MI), feitos planta a planta. Cada cruzamento feito planta a planta no par de progênie se constitui numa progênie de irmãos germanos (IG). Como o cruzamento MI x MI foi representado por uma mistura de sementes de cada progênie de IG, a relação de parentesco entre duas plantas de duas progênies de IG será de meios-primos-duplos (MPD) (Figura 2). Em vista disto, o cruzamento MI x MI, gera uma progênie, cuja relação de parentesco é de IG + MPD.

De acordo com a expressão 4.4.1 a variância entre híbridos MI x MI, dependerá do número de progênies (J) de IG representadas no híbrido e do número de plantas (K) representando cada progênie de IG. Quando os valores K ou J forem mínimos ($K = 1$ ou $J = 1$), a variância genética entre híbridos dependerá exclusivamente, das covariâncias de MPD ou IG, respectivamente. Mantendo-se o valor de K constante e variando-se o valor de J haverá uma tendência dos efeitos de CovIG diminuírem e os efeitos de CovMPD permanecerem inalterados. Ao contrário, fazendo-se J constante e variando-se o valor de K haverá uma tendência para os efeitos da CovIG aumentarem e para os efeitos da CovMPD diminuírem. Pelo exposto e tendo em vista que progênies de IG exploram melhor a variância genética, é mais vantajoso aumentar o número de plantas representando as progênies de IG. Nenhuma vantagem adviria com o aumento do número de cruzamentos dentro do par de progênies, pois CovMPD explora menos a variância genética disponível. Para as condições do presente trabalho, segundo a expressão 4.4.2, a variância genética entre híbridos MI x MI, deverá explorar mais os efeitos devidos a CovMPD do que a CovIG. Por outro lado, uma diminuição do número de cruzamentos entre pares de famílias, implicará em problema de amostragem; daí a necessidade de se conduzirem estudos para determinação dos valores ideais de J e K.

Dada a natureza do parentesco envolvido (IG + MPD), os híbridos MI x MI devem explorar efeitos gênicos aditivos e dominantes, o que pode ser visto pela expressão 4.4.3, obtida de um modelo com

ausência de epístase. Porém, isto não significa que este tipo de variância não seja explorada por estes híbridos. O esquema de cruzamento deste trabalho não permite estimar diretamente todos estes efeitos. Porém, para se ter uma idéia da quantidade de variância aditiva presente, considerou-se dois limites, quando $\sigma_D^2 = 0$ e quando $\sigma_D^2 = \sigma_A^2$. De acordo com a Tabela 24, os valores máximos e mínimos obtidos foram 2.286,22 e 1.464,56 (g/planta)², respectivamente. Portanto a verdadeira estimativa da variância aditiva deverá estar entre estes valores. Eles são altos em relação aos referenciados na Tabela 1 (item 2.1.3) e indicam que a seleção intrapopulacional nas populações, não está restringindo a variabilidade genética. HALLAUER e MIRANDA Fº (1981) examinando a distribuição das estimativas da variância aditiva para cinco tipos de populações, verificaram também, alguns valores elevados. Apesar disto, espera-se que o esquema de cruzamento adotado neste trabalho, não seja tão adequada quanto os delineamentos sugeridos por COMSTOCK e ROBINSON (1948 e 1952) e MIRANDA Fº (1982), para estimar componentes da variância genética.

Com estimativas da variância desta magnitude espera-se progresso genético por SRR entre 11,5% e 15,6% com intensidade de seleção de 20%. A média da população selecionada, após o primeiro ciclo de seleção, deverá estar compreendida entre 8775 Kg/ha e 9092 Kg/ha (Tabela 26). Examinando-se o efeito da seleção prévia de progênies de MI no arranjo aleatório, constatou-se que as progênies não selecionadas por terem maior variabilidade genética (Tabela 24), superavam as progênies selecionadas em quaisquer das situações da Tabela 26, com diferença média de ganho esperado em torno de 2%. Porém, considerando-se a média, após o primeiro ciclo de seleção, ocorreu o inverso, ou seja, as progênies selecionadas eram superiores, com uma diferença média de produção de 375 Kg/ha. Esta vantagem das progênies selecionadas e um bom progresso médio esperado de 12% estão indicando ser preferível tomar este tipo de progênie antes de iniciar um programa de S.R.R.. Por outro lado, em vista do bom desempenho alcançado pelo arranjo decrescente (A_1), quando analisou-se os dados do progresso genético esperado

e da média, após o primeiro ciclo de seleção (Tabela 25) a adoção deste arranjo deverá aumentar a eficiência de S.R.R..

MIRANDA Fº (1979), para as mesmas populações e considerando os dois limites já mencionados, mostrou que o progresso esperado por S.R.R. com progênes de IG pode estar compreendido entre 6,21% a 4,14% e 10% a 15%, para intensidades de 51,5% e 10%, respectivamente. Os valores obtidos no presente trabalho, com intensidade de seleção de 20%, equivalem aos obtidos pelo autor acima, para intensidade de seleção de 10%. Por outro lado, considerando-se outros resultados para SRR, obtidos por diferentes autores (Tabela 2, item 2.3), os resultados deste trabalho podem ser considerados satisfatórios.

Tendo em vista os resultados obtidos aqui, propõem-se o seguinte procedimento de SRR para o esquema de cruzamento adotado:

- 1º) seleção das progênes de MI de cada população e produção dos híbridos MI x MI, segundo o arranjo decrescente, do mérito das progênes;
- 2º) avaliação dos híbridos MI x MI em ensaios de competição e seleção dos melhores híbridos;
- 3º) recombinação das progênes de MI selecionadas usando sementes remanescentes das progênes e segundo processo adotado por PATERNIANI e VENCOVSKY (1977); seleção de progênes de MI de cada população para recompor um novo ciclo de seleção.

Este procedimento não apresenta as limitações de ordem prática do procedimento original de SRR, apontadas por PATERNIANI e VENCOVSKY (1977) e assemelha-se ao procedimento usado por estes autores. A diferença reside na forma de testar as progênes de MI. Enquanto nos autores acima, as progênes foram testadas com uma mistura de pólen da população contrastante neste procedimento as progênes foram

testadas aos pares. Isto tem a desvantagem de reduzir a representatividade do testador, porém, de acordo com a expressão 4.4.3, confere melhores possibilidades para o aproveitamento de efeitos não aditivos, contribuindo, assim, para aumentar a heterose em cruzamento a nível interpopulacional. Por outro lado, como no procedimento dos autores acima são avaliadas progênies MI, este deverá explorar mais a variância aditiva disponível ($1/4 \sigma_A^2$). Neste trabalho as progênies avaliadas se constituem numa mistura de IG + MPD (Figura 1, item 4), explorando, segundo a expressão 4.4.3, $0,1786 \sigma_A^2$.

Deve-se ressaltar que o esquema proposto não é o mais indicado quando o programa visa exclusivamente a seleção recorrente a nível interpopulacional. Porém, pode ser eficientemente utilizado quando a seleção recorrente segue paralelamente o programa de obtenção de híbridos, conforme proposto.

6.3. Capacidade de combinação

Um dos problemas críticos num programa de obtenção de híbridos é a impossibilidade de realizar todos os cruzamentos possíveis entre um grupo muito grande de linhagens. Em vista disto, vários métodos de previsão de híbridos de milho foram desenvolvidos (JENKINS, 1934) entre eles o "Topcross", introduzido por DAVIS (1927).

Conforme visto no item 4.7, o sistema de cruzamento do presente trabalho, assemelha-se a um dialélico parcial, segundo modelo de GRIFFING (1956), sendo que cada progênie de MI é cruzada com outras três da população contrastante. Embora as progênies não tenham sido cruzadas totalmente ao acaso, o que só ocorreu no arranjo A_3 , procurou-se avaliar o potencial das progênies parentais de acordo com sua capacidade de combinação (c.c.). Como consequência disto, está sendo proposto um método de previsão do comportamento de híbridos com base na c.c. das progênies. Para tanto, utilizou-se um modelo reduzido como descrito em 4.7, tendo em vista o grande número de parâmetros a

serem estimados e o maior interesse na c.c.

Apesar de não se ter todos os cruzamentos possíveis entre estes grupos de progênies, os três cruzamentos constituem uma boa amostragem da população contrastante, principalmente, considerando-se que progênies de MI ainda guardam suficiente variabilidade genética da população e que no par de progênies foram realizados vários cruzamentos, conforme mostrado na Tabela 4 e Figura 1. Em vista disto, conclue-se que neste sistema de cruzamento a c.c. assemelha-se mais a c.g.c. como definida por SPRAGUE e TATUM (1942) para cruzamentos dialélicos do que a c.g.c. definida para "Topcrosses".

Para germoplasmas com ampla variabilidade genética, se melhantes aos utilizados neste trabalho, GARDNER e EBERHART (1966) mostraram que a c.g.c. é influenciada por um componente heterótico ($\hat{g}_i = 1/2 \hat{v}_i + \hat{h}_i$). Por analogia, o mesmo deverá estar ocorrendo com a c.c. como definida pelo modelo reduzido. Em vista disto, a variância devida a c.c. não pode ser explicada com base unicamente num modelo aditivo.

As distribuições de frequências dos híbridos apresentadas na Tabela 29 e Figura 8, dão sustentação a esta hipótese. Conforme pode ser visto nesta tabela e figura, o conjunto C_3 (Piranão-VD2 selecionado x Piranão-VF1 não selecionado) e C_4 (Piranão-VD2 não selecionado x Piranão-VF1 selecionado) estão mostrando indicações da presença de efeitos heteróticos, pois situam-se nas extremidades inferior e superior, respectivamente, da distribuição total. Se isto não fosse verdade, o comportamento das curvas de distribuição dos conjuntos de híbridos seria outro; ou seja, os cruzamentos de progênies selecionadas deveriam apresentar comportamento superior às não selecionadas, com os cruzamentos de selecionadas x não selecionadas, sendo intermediários.

De acordo com FALCONER (1960), para a manifestação da heterose estão contribuindo efeitos devidos a diferença de frequências gênicas nos progenitores e efeitos não aditivos. Como visto nos conjuntos, C_3 e C_4 o nível de divergência genética entre as duas populações foi aumentado, o que se constituiu em mais uma evidência da importância da divergência genética na produção de híbridos destas duas populações. Como já relatado no item 6.1, houve um aumento de produção atribuído a heterose no arranjo inverso, provavelmente, em consequência de um aumento na divergência genética a nível gênico. Evidências da importância da divergência genética para heterose em milho tem sido mostradas na literatura (PATERNIANI e LONNQUIST, 1963 e MOLL *et alii*, 1965).

Também, os processos de seleção natural podem ser utilizados para explicar o comportamento das estimativas na Figura 8. Como visto, para o desenvolvimento deste trabalho, tomou-se duas populações que são geneticamente divergentes e portanto devem ter desenvolvido complexos genéticos diferentes. Em cada uma das populações praticou-se seleção disruptiva, obtendo-se progênies de MI selecionadas (C_1) e não selecionadas (C_2), segundo o desempenho em produção. Através de estimativas de c.c., avaliou-se todos os possíveis cruzamentos a nível interpopulacional entre os grupos de progênies (Figura 8). De acordo com esta figura as estimativas dos cruzamentos dentro do grupo de progênies selecionadas ou não selecionadas, mostraram uma distribuição típica de seleção estabilizadora, com as estimativas agrupando-se em torno da média da distribuição total. Já as estimativas dos cruzamentos dos grupos de progênies selecionadas x não selecionadas, apresentaram uma distribuição típica de seleção disruptiva.

Uma maior capacidade adaptativa dos heterozigotos em relação aos homozigotos correspondentes foi definido por DOBZHANSKY (1951) como polimorfismo adaptativo devido a heterose. TIGERSTED (1976) procurou associar tal polimorfismo adaptativo com os processos de seleção natural. Segundo o autor, a seleção estabilizadora causa

polimorfismo na população ao nível gênico, através de sobredominância ou heterose a nível de um gene; e seleção disruptiva atua sobre complexos gênicos maiores e causa polimorfismo cromossômico ou seja, polimorfismo a nível de supergene. Este autor relatando trabalhos de outros autores, mostrou que linhagens de *Drosophila melanogaster* selecionadas disruptivamente eram, em geral, superiores em adaptação e crescimento. Em vista disto indicou que a seleção disruptiva deve ser empregada em programas de melhoramento de plantas, pois, deverá aumentar a tolerância ecológica e a heterose devida a heterozigosidade cromossômica. Chamou a atenção para a pouca importância que tem sido dada a este tipo de seleção em programas de melhoramento de plantas.

Conforme pode ser visto na Figura 8 e Tabela 29 as estimativas dos cruzamentos em qualquer dos conjuntos, manifestou a presença de heterose, porém, ela foi mais acentuada nos conjuntos C_3 e C_4 , possivelmente em função dos efeitos heteróticos relacionados com a seleção disruptiva. Tais fatos mais os apresentados por TIGERSTEDT (1976) estão enfatizando a importância da divergência genética para se conseguir elevados níveis de heterose. Por outro lado, em diversas ocasiões, o sistema de cruzamento do presente trabalho, possibilitou e tirou vantagens da divergência genética. Em primeiro lugar, utilizou-se como germoplasma básico, duas populações geneticamente divergentes (Piranão-VF1 e Piranão-VD2), onde praticou-se seleção disruptiva, tendo-se obtido progênies de MI selecionadas e não selecionadas. Em segundo, as progênies de MI foram cruzadas a nível interpopulacional dentro de cada grupo (C_1 VF1 x C_1 VD2 e C_2 VF1 x C_2 VD2) em três arranjos de cruzamento, sendo um deles inverso, segundo o mérito das progênies. Finalmente, com base na c.c. das progênies foi possível estimar os cruzamentos entre os grupos de progênies contrastante (C_1 VF1 x C_2 VD2 e C_2 VF1 x C_1 VD2), os quais não foram realizados.

O usual no melhoramento de milho é realizar-se cruzamento entre germoplasmas selecionados, daí ser pouco frequente trabalhos relatando cruzamento de germoplasmas selecionados vs não selecionados. Apesar disto, alguns trabalhos neste sentido enfatizaram a

importância deste tipo de divergência genética para a heterose e mostraram que os elevados níveis de heterose produzidos nos cruzamentos C_3 e C_4 não foram casuais (NILLSSON e LEISSNER, 1927; LANGHAM, 1961 e LONNQUIST, 1968). De acordo com LONNQUIST (1968) intercruzamentos de linhagens de milho de alta x baixa produção foram iguais ou superiores aos intercruzamentos de linhagens de alta produção.

Como visto, teoricamente é possível obter-se segregação transgressiva quando cruza-se germoplasmas geneticamente divergentes, como em C_3 e C_4 . Porém, foi surpreendente verificar como a simples inversão do tipo de população nestes cruzamentos modificou o sentido da transgressão. Até o presente não foi possível encontrar uma explicação genética para o caso. Contudo, LONNQUIST (1968) concluiu que o uso de qualquer testador não relacionado deve resultar em seleção baseada sobre confundimento de efeitos não aditivos, como resultado da divergência genética envolvida.

Para que as estimativas da c.c., neste trabalho, se constituam num eficiente método de previsão de híbrido é necessário que os efeitos devidos a c.c. sejam mais importantes do que os desvios do modelo. A análise de variância (Tabela 27), mostrou que em ambos os casos o valor do teste F foi altamente significativo. Isso implica dizer que a variância devida a c.c. por si só não explica a variância apresentada pelos híbridos e que os efeitos devidos ao desvio do modelo são também importantes. Contudo o significativo coeficiente de determinação de 73% (Tabela 27), está mostrando que grande parte da variância total é devida aos efeitos de c.c.. Este expressivo valor de coeficiente de determinação mais as altas porcentagens de coincidência entre valores observados e esperados (Tabela 18), conferem uma boa margem de confiabilidade para as estimativas de c.c. (Tabela 28) e consequentemente para a previsão de híbridos.

Como relatado anteriormente no item 5.3, algumas discrepâncias são esperadas entre estas estimativas, principalmente devido ao sistema de cruzamento não ser completamente balanceado (GILBERT, 1958). Segundo este autor, tais discrepâncias são minimizadas quando o número de cruzamentos é o mesmo para todas as progênes. Com relação a isso, neste trabalho, em apenas dois casos as progênes não tiveram o mesmo número de cruzamentos. Porém, houve uma compensação na análise da variância, daí a perda de dois graus de liberdade para a c.c. (Tabela 27). Por outro lado, da mesma forma como nos demais métodos de previsão, deve-se considerar que interações genótipo x ambiente e presença de efeitos epistáticos, podem estar contribuindo para aumentar estas discrepâncias.

Como visto na Tabela 28, as progênes não selecionadas de Piranão-VD2 e as selecionadas de Piranão-VF1 apresentaram estimativas da c.c. mais expressivas e positivas que as progênes selecionadas de Piranão-VD2 e não selecionadas de Piranão-VF1, mostrando que neste aspecto existe uma interação entre o tipo de progênie e as populações utilizadas. Tal comportamento não seguiu a mesma tendência das médias observadas, qual seja, as progênes selecionadas foram, em média, superiores em cruzamento que as progênes não selecionadas (Tabela 19).

Estes aspectos estão indicando que de maneira geral, para as condições deste trabalho, a seleção para c.c. deverá ser mais eficiente quando toma-se progênes não selecionadas de Piranão-VD2 e progênes selecionadas de Piranão-VF1. Isto pode ser melhor visualizado na Tabela 30 e Figuras 8 e 9. Na Tabela 30, das progênes selecionadas pela c.c. em Piranão-VD2, apenas uma progênie pertencia ao conjunto de progênes não selecionadas e em Piranão-VF1, todas pertenciam ao conjunto de progênes selecionadas. Na Figura 8, o conjunto de híbridos C_4 (Piranão-VD2 não selecionado x Piranão-VF1 selecionado), tinha os híbridos distribuídos na porção superior de distribuição total dos híbridos. Na Figura 9, considerando-se várias intensidades de

seleção, em todos os casos, o conjunto C_4 participou com maior porcentagem de híbridos selecionados.

Contudo, isto não significa que progênies selecionadas pelos cruzamentos observados, não possam também manifestar alta c.c.. Comparando-se os dados das Tabelas 15, 16, 17 e 21 com os da Tabela 28, verificou-se algumas progênies selecionadas pelos cruzamentos observados, também apresentavam estimativas positivas e expressivas da c.c.. Tais fatos mostraram a importância que a c.c. tem na produção destes híbridos e reforçam a idéia que o sistema de cruzamento do presente trabalho é eficiente em selecionar progênies mostrando alta capacidade de produção em combinações híbridas específicas e alta capacidade de combinação em cruzamento com outras progênies de MI.

Num programa de melhoramento como este, onde tem-se um grande número de progênies para serem avaliadas, é impraticável realizar todos os cruzamentos possíveis. Para avaliar o potencial dos cruzamentos não realizados, utilizou-se as estimativas dos parâmetros do modelo (4.7.1), encontrados na Tabela 28. As médias apresentadas nas Tabelas de 30 a 34, refletem a potencialidade desses cruzamentos. Quando tomou-se as médias dos cem híbridos produzidos com as dez melhores estimativas, para cada conjunto e total, encontrou-se produções relativas a testemunha (Piranão-VD2) de 169,1%, 147,6%, 142,4%, 121,2% e 168,8%, respectivamente, para C_0 , C_1 , C_2 , C_3 e C_4 . Quando tomou-se os dez melhores híbridos, as produções relativas foram de 184,8%, 164,1%, 158,4%, 137,2% e 184,8%, para C_0 , C_1 , C_2 , C_3 e C_4 , respectivamente. Ambos os casos mostraram uma tendência de produção dos conjuntos na ordem $C_4 > C_1 > C_2 > C_3$, com C_1 e C_2 mostrando médias muito próximas e equidistantes a C_4 e C_3 . Esta tendência de certa forma indica a presença de efeitos não aditivos. De fato, como mencionado anteriormente, se isso não fosse verdade, a disposição da distribuição na Figura 8 seria invertida, qual seja, C_1 e C_2 comportando-se como C_4 e C_3 e vice-versa, respectivamente.

Comparando-se a média dos dez melhores híbridos potenciais e observados, nos conjuntos correspondentes e no total (Tabela 20 e Figura 10) encontrou-se diferenças de produção favoráveis aos híbridos potenciais de 41,6%, 23,1% e 19,3% respectivamente, para C_0 , C_1 e C_2 . O melhor híbrido potencial em cada conjunto e no total (Tabelas 30, 31 e 32) produziu 39,1%, 25,4% e 9,2% mais que o melhor híbrido observado correspondente (Tabela 21), respectivamente, em C_1 , C_2 e total.

Estes resultados mais os apresentados nos itens 5.1 e 5.2 estão mostrando: que este sistema de cruzamento tem potencial para ser aplicado num programa de melhoramento de híbridos; como aumentar a eficiência de seleção através o uso adequado das informações obtidas; e finalmente, a importância de se desenvolver trabalhos exploratórios como este. Com economia de esforço, através deste sistema de cruzamento, foi possível selecionar híbridos superiores em produção e detectar outras combinações híbridas potenciais, com o mesmo grupo de progênies. Numa etapa posterior de um programa de melhoramento como este, tanto as progênies selecionadas pelos cruzamentos observados, como as selecionadas pela c.c., deverão ser submetidas a avaliações mais detalhadas, através de cruzamentos dialélicos. Assim, as progênies selecionadas pela c.c., terão oportunidade de serem selecionadas pela c.e.c.. Desta forma, se estará aproveitando toda a variabilidade genética devida a c.c., possível de ser gerada pelos conjuntos iniciais de progênies, e grande parte da variabilidade genética devida a c.e.c..

Na seleção das progênies pela c.c., uma questão se coloca: tomar as progênies pelas estimativas dos parâmetros do modelo (c_i e c_j) ou pelas estimativas da combinação de parâmetros (Y_{ij}). De acordo com a Tabela 30, no primeiro caso deveremos ter dez progênies de cada população, com possibilidade de realizar numa etapa posterior cem cruzamentos. No segundo caso, deveremos ter três progênies de Piranão-VD2 e seis de Piranão-VF1, com possibilidade de realizar, posteriormente, dezoito cruzamentos. A escolha dependerá da disponibilidade

de recursos. Porém, se isto não for limitante pode ser preferível repetir e testar as cem melhores combinações de parâmetros ou seja, os cem melhores híbridos potenciais, eliminando-se os cruzamentos já realizados. Vale salientar que os melhores híbridos que venham a ser selecionados destes cruzamentos, deverão ter intensidade de seleção mais próxima de 1/10.000 do que para 1/100 ou 1/18, dependendo da alternativa adotada.

Este sistema de cruzamento poderá ser adaptado a outros processos de obtenção de híbridos de milho, tal como híbridos criptícos. Isso possibilitará a avaliação inicial de um grande número de linhagens em pares de cruzamento com a vantagem da previsão de outros cruzamentos não realizados. Por outro lado, deverá substituir com vantagens os "Topcrosses" utilizados nos programas convencionais de híbridos, pois além dos motivos já mencionados acima, os pares de cruzamentos selecionados poderão se constituir em futuros bons híbridos simples. Nos "Topcrosses", o testador funciona apenas como um controle, portanto, o cruzamento não tem valor como híbrido servindo somente para discriminar as linhagens quanto a c.g.c.. Por outro lado, o uso do sistema como um todo em vez de apenas um arranjo, como sugerido em 6.2.2, poderá aumentar a eficiência da seleção recorrente recíproca, pois as progênies poderão ser selecionadas através da c.c. e de combinações híbridas específicas.

Sistemas de cruzamento como este, também podem ser adaptados a outras culturas, principalmente as de plantas perenes. Culturas como estas, devido ao seu ciclo longo, possuem como alternativa de melhoramento o aproveitamento da heterose manifestada nos híbridos F_1 . Isto tem levado os melhoristas a desenvolverem um grande esforço, na produção e avaliação de um elevado número de cruzamentos, sem os quais torna-se difícil selecionar combinações híbridas superiores. Muitas vezes tais objetivos não tem sido alcançados, principalmente em virtude da impossibilidade de realizar todos os cruzamentos e avaliações, ou então, devido a forma desorganizada como eles são praticados. A

utilização deste sistema de cruzamento, em germoplasmas selecionados e com um certo nível de divergência genética, possibilitará a condução de cruzamentos de forma mais planejada. Por outro lado, reduzirá o esforço despendido com cruzamentos e avaliações, aumentando a eficiência de seleção. Depois de uma triagem, como proposto aqui, maiores esforços poderão ser concentrados numa etapa posterior, com um número mais reduzido de germoplasmas. Este método de previsão de híbridos de verá tornar-se mais eficiente, à medida que para as culturas se disponha de métodos de avaliação precoce.

7. CONCLUSÕES

Levando-se em consideração as condições do presente trabalho, os resultados discutidos permitiram tirar as seguintes conclusões:

1) quanto ao efeito de arranjo de cruzamento:

a) verificou-se que não houve diferenças significativas entre as médias do arranjo decrescente (A_1) e inverso (A_2), sendo que ambos foram diferentes do arranjo aleatório (A_3); as médias de produção apresentaram uma tendência para $A_1 > A_2 > A_3$, com diferenças de $A_1 - A_2 = 200$ Kg/ha (2,7%), $A_1 - A_3 = 631$ Kg/ha (8,6%) e $A_2 - A_3 = 431$ Kg/ha (5,9%); em média, todos os arranjos foram eficientes em produzir híbridos MI x MI superiores a média da testemunha (Piranão-VD2), porém, os arranjos A_1 e A_2 foram os mais eficientes;

b) que com relação a variabilidade genética, os arranjos apresentaram a seguinte ordem de grandeza, $A_3 > A_1 > A_2$, mostrando que neste aspecto as maiores vantagens ficaram com arranjo aleatório (A_3), as menores com o arranjo inverso (A_2), sendo o arranjo decrescente (A_1) intermediário a ambos; todos os arranjos apresentaram níveis expressivos de variabilidade, com um valor médio de $336,80$ (g/planta)², comparável ao obtido por MIRANDA Fº (1979), para híbridos

IG (So x So) das duas populações utilizadas neste trabalho; tais resultados estão indicando que o sistema de cruzamento é eficiente em gerar variabilidade genética para a seleção a nível interpopulacional;

2) quanto ao efeito da seleção prévia:

a) houve diferença significativa entre as médias dos híbridos produzidos de progênes selecionadas (C_1) e de progênes não selecionadas (C_2), com uma diferença em favor de C_1 de 360 Kg/ha (4,9%). Os resultados mostraram que ambos os tipos de progênes foram capazes de gerar híbridos MI x MI superiores a testemunha, porém, as progênes selecionadas foram mais eficientes;

b) por outro lado os híbridos de progênes não selecionadas (C_2) exibiram maior variabilidade genética que os híbridos de progênes selecionadas (C_1); estes resultados aliados ao fato que C_2 apresentou média de produção menor que C_1 , estão mostrando que a seleção praticada antes do cruzamento foi eficiente e que as progênes selecionadas foram capazes de explorar a variabilidade genética disponível com mais eficiência que as progênes não selecionadas;

3) quanto a interação arranjo de cruzamento x seleção prévia:

a) constatou-se que esta interação foi significativa, indicando que não existe um padrão de comportamento definido quando se consideram estes efeitos conjuntamente;

b) em qualquer arranjo, ambos os tipos de progênes foram capazes de produzir híbridos superiores à média da testemunha e com suficiente variabilidade genética; porém, tratando-se de progênes selecionadas, os arranjos decrescente (A_1) e inverso (A_2), foram mais eficientes e de progênes não selecionadas, o arranjo A_1 ;

c) as elevadas médias de produção alcançadas pelos híbridos, em relação a variedade Piranão-VD2, com os híbridos produzindo

em média 12,78% mais que a testemunha, indicam que os efeitos heteróticos foram importantes para a produção destes híbridos; apesar de que, de modo geral, estes efeitos mostraram-se imprevisíveis, os resultados estão indicando que, tratando-se de progênes de selecionadas, eles deverão ser melhor explorados no arranjo inverso e decrescente, e com progênes não selecionadas no arranjo decrescente;

4) quanto a seleção de híbridos MI x MI:

a) considerando-se todos os arranjos e conjuntos de híbridos, obteve-se em média um progresso genético esperado da ordem de 13,2%, com uma intensidade de seleção de 20%; esperando-se que a população selecionada produza 9310,2 Kg/ha, após o primeiro ciclo; estes resultados são expressivos quando comparados com aqueles de MIRANDA Fº (1979) para híbridos crípticos;

b) do total de híbridos avaliados (300), 81,7% produziram mais que a testemunha, sendo que, em média, os dez melhores híbridos produziram 43,3% mais que esta variedade; dos dez melhores híbridos de 300, cinco pertenciam ao arranjo decrescente (A_1), quatro ao arranjo inverso (A_2) e um ao arranjo aleatório (A_3); sete destes híbridos foram produzidos de progênes selecionadas e três de progênes não selecionadas; dos dez melhores híbridos dos 150 produzidos de cada uma das progênes selecionadas e não selecionadas, seis pertenciam ao arranjo A_1 , três ao arranjo A_2 e um ao arranjo A_3 , respectivamente;

c) verificou-se que, de acordo com as estimativas do progresso genético esperado e da média da população selecionada após o primeiro ciclo de seleção, os híbridos se comportavam de maneira diferente nos arranjos e conjuntos de híbridos, mostrando que estes efeitos estão afetando a eficiência de seleção; espera-se maior progresso genético por seleção através do arranjo aleatório e utilizando-se progênes não selecionadas; por outro lado, considerando-se a média da população após o primeiro ciclo de seleção é mais eficiente cruzar progênes selecionadas, através do arranjo decrescente;

d) de modo geral os resultados estão indicando: que o esquema de cruzamento proposto, "cruzamentos biparentais entre progênies de MI", é adaptado para as condições encontradas nas populações brasileiras e não apresenta as desvantagens dos outros métodos de obtenção de híbridos de milho; e que os híbridos MI x MI podem substituir com vantagem os híbridos intervarietais;

e) tendo em vista o excelente desempenho alcançado por este sistema de cruzamento, vários procedimentos de melhoramento e obtenção de híbridos MI x MI foram propostos, juntamente com sugestões para modificações e adaptações à outros procedimentos; contudo, desde que não haja interesse na adoção do sistema como um todo, os resultados estão indicando que é mais interessante cruzar progênies selecionadas, segundo o arranjo decrescente, embora, os demais tenham se mostrado, também, eficientes;

5) quanto ao esquema de cruzamento:

a) verificou-se que este delineamento produziu dois tipos de progênies, irmãos germanos (IG) e meios primos duplos (MPD); e que a variância entre híbridos MI x MI,

$$\hat{\sigma}_H^2 = \frac{1}{JK-1} \left[(K-1) \text{CovIG} + K(J-1) \text{CovMPD} \right],$$

depende das covariâncias de IG e MPD, do número de progênies (J) de IG representados no híbrido e do número de plantas (K) representando cada progênie de IG;

b) que para as condições do presente trabalho a variância entre híbridos MI x MI explora $0,1786 \hat{\sigma}_{A(12)}^2 + 0,0624 \hat{\sigma}_{D(12)}^2$, sendo grande parte desta variância, devida aos efeitos genéticos gerados pela covariância de MPD;

c) que para os limites de $\sigma_D^2 = 0$ e $\sigma_D^2 = \sigma_A^2$, a estimativa da variância aditiva disponível nos híbridos MI x MI deverá estar compreendida entre $2.286,22 \text{ (g/planta)}^2$ e $1.464,56 \text{ (g/planta)}^2$, mostrando que as progênes de MI das duas populações, apesar de submetidas a vários ciclos de seleção intrapopulacional, ainda retêm suficiente variabilidade genética desta natureza para ser explorada em melhoramento intrapopulacional e interpopulacional;

6) quanto a SRR:

a) considerando-se as hipóteses de σ_A^2 descritas em 5.c), espera-se, em média, através do arranjo aleatório, um progresso genético esperado dentro dos limites de 11,5% e 15,6% com uma intensidade de seleção de 20%; a média da população selecionada após o primeiro ciclo deverá estar compreendida entre 8.775 Kg/ha e 9.092 Kg/ha; estes resultados são considerados satisfatórios, tendo em vista o que foi obtido por MIRANDA Fº (1979), para as mesmas populações, e aqueles descritos para outras populações, na Tabela 2, item 2.3;

b) verificou-se que usando-se qualquer tipo de progênie, pode-se obter progresso genético satisfatório, com média elevada após o primeiro ciclo de seleção; contudo, cruzando-se progênes selecionadas, obteremos menor progresso genético, porém, com maior média de produção após o primeiro ciclo de seleção e, cruzando-se progênes não selecionadas, teremos maior progresso genético, com menor média após o primeiro ciclo de seleção;

c) tendo em vista que, o delineamento adotado mostrou-se com potencial para ser explorado através de SRR, foi proposto um novo procedimento de seleção; tal procedimento seria apropriado para o melhoramento interpopulacional em paralelo ao programa de desenvolvimento de híbridos, pois baseia-se na recombinação das melhores famílias MI selecionadas com base nos cruzamentos MI x MI.

7) quanto a capacidade de combinação:

a) apesar de existirem algumas discrepâncias entre as estimativas do modelo, devido, principalmente, ao sistema de cruzamento não ser completamente balanceado, o significativo coeficiente de determinação de 73% e as altas porcentagens de coincidência entre valores observados e esperados conferem uma boa margem de confiabilidade para as estimativas da capacidade de combinação (c.c.) e consequentemente para utilização deste sistema como método de previsão do comportamento de híbridos;

b) verificou-se que as progênes não selecionadas de Piranão-VD2 e as selecionadas de Piranão-VF1 apresentaram estimativas da c.c. mais expressivas e positivas que as progênes selecionadas de Piranão-VD2 e não selecionadas de Piranão-VF1, mostrando que neste aspecto existe uma interação entre o tipo de progênie e as populações utilizadas;

c) por outro lado, a distribuição de frequências dos conjuntos de híbridos interpopulacionais produzidos com estas estimativas indicaram que a seleção para c.c. deverá ser mais eficiente quando toma-se progênes não selecionadas de Piranão-VD2 e progênes selecionadas de Piranão-VF1; estes resultados mais os efeitos de arranjos de cruzamento e seleção prévia mostraram que para gerar híbridos MI x MI superiores a divergência genética entre as progênes deve ser considerada;

d) selecionando-se os dez melhores híbridos MI x MI potenciais de 10.000 (intensidade de seleção de 0,01%), eles produziram, em média, 85% mais que a testemunha (Piranão-VD2); por outro lado, a média destes dez híbridos potenciais superaram em 41,6% a média dos dez melhores híbridos observados (intensidade de seleção de 3,3%); dos cem e dez melhores híbridos potenciais do conjunto C_4 (Piranão-VD2 não selecionado x Piranão-VF1 selecionado), 68,8% e 84,8%,

respectivamente, superaram a testemunha; tais resultados dão uma idéia da potencialidade deste sistema de cruzamento, pois além de selecionar híbridos MI x MI superiores em produção, como visto em 4.b), mostrou que, com economia de esforço e com o mesmo grupo de progênes, é possível identificar e gerar outros híbridos superiores em produção;

e) por outro lado, tendo em vista que as progênes selecionadas pelos cruzamentos observados (híbridos específicos), também apresentavam estimativas positivas e expressivas da c.c., conclue-se que o sistema de cruzamento torna possível a seleção de progênes de MI manifestando alta capacidade de produção em combinações híbridas específicas e alta capacidade de combinação com outras progênes;

8) Considerações gerais: de modo geral, os resultados deste trabalho estão mostrando que:

a) para a variabilidade total dos híbridos estão contribuindo o efeito da seleção prévia, o efeito de arranjos de cruzamento, o tipo de progênie utilizado (MI), o tipo de progênie gerada pelos cruzamentos MI x MI e as características das populações utilizadas, demonstrando assim, a importância de se realizar experimentos exploratórios como este numa etapa inicial de um programa de melhoramento de híbridos;

b) este sistema de cruzamento, pelas suas potencialidades, se constitui num excelente método para produção de híbridos de milho, adaptados às condições brasileiras, podendo ser adaptado a outras metodologias de desenvolvimento de híbridos de milho e demais cultivas, principalmente, as de plantas perenes.

BIBLIOGRAFIA

- AJUDARTE, F., J.R.ZINSLY e E.PATERNIANI, 1976. Avaliação de progênes de irmãos germanos interpopulacionais obtidas de populações melhoradas em milho (*Zea mays* L.). In: Anais da XI Reunião Brasileira de milho e sorgo. Piracicaba, SP.
- ALLISON, J.C.S. e R.W.CURNOW, 1966. On the choice of tester parent for the breeding of synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.). Crop Sci., 6:541-544.
- BROWN, W.L., 1967. Results of non-seletive inbreeding in maize. Der Zucter, 37:155-159.
- COCHRAN, W.G. e G.M.COX, 1957. Experimental Designs. 2^a ed. New York, John Wiley & Sons, 611 p..
- COCKERHAM, C.C., 1961. Implications of genetic variances in a hybrid breeding program. Crop Sci., 1:47-52.
- COCKERHAM, C.C., 1963. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W.D. e H.F.ROBINSON (ed.). Statistical Genetics and Plant Breeding. NAS-NRC, nº 982, p.53-93.

- COMSTOCK, R.E., 1964. Selection procedures in corn improvement. Proc. Annu. Corn Sorghum Res. Conf., 19:87-94.
- COMSTOCK, R.E. e H.F.ROBINSON, 1948. The components of genetic variance in populations. Biometrics, 4:254-266.
- COMSTOCK, R.E. e H.F.ROBINSON, 1952. Estimation of average dominance of genes. In: GOWEN, J.W., Heterosis. Iowa State College Press, Iowa, p.495-516.
- COMSTOCK, R.E., H.F.ROBINSON e P.H.HARVEY, 1949. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. Agron. J., 41:360-367.
- CRESS, C.E., 1966. Heterosis of the hybrid related to gene frequency difference between population. Genetics, 53:269-274.
- DARRAH, L.L. e A.R.HALLAUER, 1972. Genetic effects estimated from generation means. Crop Sci., 12:615-621.
- DARRAH, L.L., S.A.EBERHART e L.H.PENNY, 1978. Six years of maize selection in "Kitale Synthetic II", "Ecuador 573" e "Kitale Composite A" using methods of the comprehensive breeding systems. Euphytica, 27:191-204.
- DAVIS, R.L., 1927. Report of the plant breeding. Puerto Rico. Agr. Exp. Sta. Ann. Rpt., p.14-15.
- DOBZHANSKY, T., 1951. Genetics and the origin of species. New York, Columbia University Press, 364 p.
- EAST, E.M., 1908. Inbreeding in corn. Conn. Agr. Exp. Sta. Rpt., 1907, p.419-428.

- EBERHART, S.A., SEME DEBELA e A.R.HALLAUER, 1973. Reciprocal recurrent selection in the BSSS and BSCB1 maize populations and half-sib selection in BSSS. Crop Sci., 13:451-456.
- FALCONER, D.S., 1960. Introduction to Quantitative Genetics. New York, Ronald Press, 430 p.
- FISHER, C.O., 1918. The correlations between relatives on the supposition of Mendelian Inheritance. Trans.Roy.Soc., 52:399-433.
- GAMA, E.E.G. e A.R.HALLAUER, 1977. Relation between inbred and hybrid traits in maize. Crop Sci., 17:703-706.
- GARDNER, C.O., 1963. Estimates of genetic parameters in cross fertilizing plants and their implications in plant breeding. In: HANSON, W.D. e H.F.ROBINSON (ed.). Statistical Genetics and Plant Breeding. NAS-NRC Publ., nº 982. p.225-252.
- GARDNER, C.O. e S.A.EBERHART, 1966. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. Biometrics, 22: 439-452.
- GEVERS, H.O., 1975. Three cycles of reciprocal recurrent selection in maize under two systems of parent selection. Agroplante, 7:107-108.
- GILBERT, N.E.G., 1958. Diallel cross in plant breeding. Heredity, 12:477-492.
- GOODRICH, C.L., R.E.STUCKER e W.A.COMPTON, 1975. Average gene frequency estimates in two open-pollinated cultivars of corn. Crop Sci. 15: 746-749.
- GRIFFING, B., 1956. A generalized treatment of diallel crosses in quantitative inheritance. Heredity, 10:31-50.

- HALLAUER, A.R., 1967. Development of single-cross hybrids from two-eared maize populations. Crop Sci., 7:192-195.
- HALLAUER, A.R., 1970. Zigote selection for the development of single-cross hybrids in maize. Adv. Front. Plant. Sci., 25:75-81
- HALLAUER, A.R., 1973. Hybrid development and population improvement in maize by reciprocal full-sib selection. Egyptian J. Genet. and Cytol., 2:84-101.
- HALLAUER, A.R., 1975. Relation of gene action type of tester in maize breeding procedures. Proc. Corn and sorghum Res. Conf., 30:150-165.
- HALLAUER, A.R. e S.A.EBERHART, 1970. Reciprocal full-sib selection. Crop Sci., 10:315-316.
- HALLAUER, A.R. e E.LOPEZ-PEREZ, 1979. Comparisons among testers for evaluating lines of corn. Proc. Annu. Hybrid Corn. Ind. Res. Conf., 34:57-75.
- HALLAUER, A.R. e J.B.MIRANDA Fº, 1981. Quantitative Genetics in Maize Breeding. Ames, Iowa State University Press, 468 p.:
- 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 testcrosses. Crop Sci., 12:594-598.
- HOEGEMEYER, T.C. e A.R.HALLAUER, 1976. Selection among and within full sib families to develop single-crosses of maize. Crop Sci., 16:76-81.
- HULL, H.F., 1945. Recurrent selection for specific combining ability in corn. J.Am.Soc.Agron., 37:134-145.

- JENKINS, M.T., 1929. Correlation studies with inbred and crossbred strains of maize. J.Agric.Res., 39:677-721.
- JENKINS, M.T., 1934. Methods of estimating the performance of double crosses in corn. J.Am.Soc.Agron., 26:199-204.
- JENKINS, M.T., 1935. The effect of inbreeding and of selection within inbred lines of maize upon the hybrids made after successive generations of selfing. Iowa State J.Sci., 3:429-450.
- JENKINS, M.T. e A.M.BRUSON, 1932. Methods of testing inbred lines of corn in crossbred combinations. J.Am.Soc.Agron., 24:523-530.
- JOHNSON, I.J. e H.K.HAYES, 1936. The combining ability of inbred lines of Golden Bantam sweet corn. J.Am.Soc.Agron., 28:246-252.
- JONES, D.F., 1918. The effect of inbreeding and crossbreeding upon development. Conn.Agr.Exp.Sta.Bul., 207, p.5-100.
- JONES, L.P., W.A.COMPTON e C.O.GARNDER, 1971. Comparisons of full and half sib reciprocal recurrent selection. Theoretical and Applied Genet., 41:36-39.
- LANGHAM, D.G., 1961. The high-low method of crop improvement. Crop Sci., 1:376-378.
- LONNQUIST, J.H., 1950. The effect of selecting for combining ability within segregating lines of corn. Agron.J., 42:503-508.
- LONNQUIST, J.H., 1968. Further evidence on testcross versus line performance in maize. Crop Sci., 8:50-53.
- LONNQUIST, J.H. e C.O.GARDNER, 1961. Heterosis in intervarietal crosses of maize and its application in breeding procedures. Crop Sci., 1:179-183.

- LONNQUIST, J.H. e M.F. LINDSEY, 1964. Topcross versus S_1 line performance in corn. (*Zea mays* L.). Crop Sci., 4:580-584.
- LONNQUIST, J.H. e N.E.WILLIAMS, 1967. Development of maize hybrids through selection among full-sib families. Crop Sci., 7:369-370.
- MAGNAVACA, R., 1973. Aplicação do método dos híbridos para obtenção de linhagens de milho. Piracicaba, ESALQ/USP, 50 p. (Dissertação de Mestrado).
- MÁRQUEZ-SÁNCHEZ, F., 1982. Modifications to cyclic hybridization in maize with single-eared plants. Crop Sci., 22:314-319.
- MARTIN, J.M. e A.R.HALLAUER, 1980. Seven Cycles of reciprocal recurrent selection in BSSS e BSCB1 maize populations. Crop Sci., 20:599-603.
- MATZINGER, D.F. e O.KEMPTHORNE, 1956. The modified diallel tabel with partial inbreeding and interactions with environment. Genetics, 41:822-833.
- MIRANDA Fº, J.B., 1974. Cruzamentos dialélicos e síntese de compostos de milho (*Zea mays* L.) com ênfase na produtividade e no porte da planta. Piracicaba, ESALQ/USP, 115 p. (Tese de doutorado).
- MIRANDA Fº, J.B., 1979. Avaliação de híbridos "crípticos" $S_0 \times S_0$ entre duas populações de milho braquítico. Rel.Cient.Deptº e Inst. de Genética (ESALQ/USP), 13:159-171.
- MIRANDA Fº, J.B., 1982. Mating shemes to predict gain on heterosis in reciprocal recurrent selection. Rev.Brasil.Genet., 5:745-760.
- MIRANDA Fº, J.B. e E.PATERNIANI, 1983. Intra and interpopulation genetic parameter estimates and implications in selection. Rev. Brasil.Genet., 6:15-27.

- MOLL, R.H. e C.W.STUBER, 1971. Comparisons of responses to alternative selection procedures initiated with two populations of maize. Crop Sci., 11:706-711.
- MOLL, R.H., J.H.LONNQUIST, J.V.FORTUNA e E.C.JOHNSON, 1965. The relationship of heterosis and genetic divergence in maize. Genetics, 52:139-144.
- MOLL, R.H., C.C.COCKERHAM, C.W.STUBER e W.P.WILLIAMS, 1978. Selection Responses, Genetic-Environmental Interactions, and Heterosis with recurrent selections for yield in maize. Crop Sci., 18:641-645.
- NILSSON-LEISSNER, G., 1927. Relation of selfed strains of corn to F_1 crosses between them. J.Am.Soc.Agron., 19:440-454.
- OBILANA, A.T., A.R.HALLAUER e O.S.SMITH, 1979. Predicted and observed response to reciprocal full-sib selection in maize (*Zea mays* L.). Egyptian J.Genet.Cytol., 8:269-282.
- PATERNIANI, E., 1967. Interpopulation improvement: Reciprocal recurrent selection variations. Maize 8, CIMMYT.
- PATERNIANI, E., 1973. Recent studies on heterosis. In: MOAV, R. (ed.). Agricultural Genetics. Jerusalem, Natl. Counc. Res. Dev., p.1-22.
- PATERNIANI, E., 1974. Estudos recentes sobre a heterose. Fundação Cargill, Boletim nº 1. 36 p.
- PATERNIANI, E. e J.H.LONNQUIST, 1963. Heterosis in interracial crosses of corn (*Zea mays* L.). Crop Sci., 3:504-507.
- PATERNIANI, E. e R.VENCOVSKY, 1977. Reciprocal recurrent selection in maize (*Zea mays* L.) based on testcrosses of half-sib families. Maydica, 22:141-152.

- PATERNIANI, E. e R.VENCOVSKY, 1978. Reciprocal recurrent selection based on half sib progenies and prolific plants in maize (*Zea mays* L.). Maydica, 23:209-219.
- PATERNIANI, E., J.R.ZINSLY e J.B.MIRANDA Fº, 1977. Populações melhoradas de milho obtidas pelo Instituto de genética. Rel.Cient.Deptº Inst.de Genética (ESALQ/USP). 11:108-114.
- PENNY, L.H., W.A.RUSSEL e G.F.SPRAGUE, 1962. Types of gene action in yield heterosis in maize. Crop.Sci., 2:341-344.
- RAWLINGS, J.O. e D.L.THOMPSON, 1962. Performance level as criterion for the choice of maize testers. Crop Sci., 2:217-220.
- RICHEY, F.D., 1947. Corn breeding. Gamete selection, the Oenothera method and related miscellany. Agron.J., 39:403-411.
- RUSSELL, W.C., 1976. Obtenção e avaliação de linhagens de milho. São Paulo, Fundação Cargill, 53 p..
- RUSSELL, W.A. e A.H.TEICH, 1967. Selection in *Zea mays* L. by inbred line appearance and testcross performance in low and high plant densities. Iowa Agric.Home.Econ.Exp.Stn.Res.Bull., 542.
- RUSSELL, W.A. e S.A.EBERHART, 1975. Hybrid performance of selected maize lines from reciprocal recurrent selection and testcross selection programs. Crop Sci., 15:1-4.
- SHULL, G.H., 1908. The composition of a field of maize. Amer.Breed. Rep., 4:296-301.
- SHULL, G.H., 1909. A pure line method of corn breeding. Amer.Breed. Rep., 5:51-60.

- SILVA, J.C. e A.R.HALLAUER, 1975. Estimation of epistatic variance in Iowa Stiff Stalk Synthetic maize. J.Heredity, 66:290-296.
- SMITH, O.S., 1983. Evaluation of recurrent selection in BSSS, BSCB₁ e BS13 maize populations. Crop Sci., 23:35-40.
- SOLFERINI, O.B., 1980. Obtenção, avaliação e seleção de linhagens em quatro compostos de milho (*Zea mays* L.) pelo método meio-críptico. Piracicaba, ESALQ/USP (Dissertação de Mestrado).
- SOUZA JR., C.L., 1983. Variabilidade genética em milho (*Zea mays* L.) e relações com a seleção recorrente Intra e Interpopulacional. Piracicaba, ESALQ/USP, 151 p. (Tese de doutorado).
- SOUZA JR., C.L., J.B.MIRANDA Fº e J.R.ZINSLY, 1980. Potencial genético de dois compostos de milho (*Zea mays* L.) para obtenção de híbridos. Rel.Cient.Deptº e Inst.de Genética. (ESALQ/USP), 13:159-171.
- SPRAGUE, G.V., 1939. An estimation of the number of top-crossed plants required for adequate representation of a corn variety. J.Am.Soc. Agron., 38:11-16.
- SPRAGUE, G.F., 1946. Early testing of inbred lines of corn. J.Am.Soc. Agron., 38:108-117.
- SPRAGUE, G.F., 1952. Early testing and recurrent selection. In: GOWEN, J.W. (ed.). Heterosis. Ames, Iowa State Univ.Press, p.400-417.
- SPRAGUE, G.F. e L.A.TATUM, 1942. General vs specific combining ability in single crosses of corn. J.Am.Soc.Agron., 34:923-932.
- SPRAGUE, G.F. e S.A.EBERHART, 1977. Corn Breeding. In: SPRAGUE, G.F. (ed.). Corn and Corn Improvement. Wisconsin, ASA, série Agronômica, nº 18, 773 p..

- SPRAGUE, G.F., W.A.RUSSELL e L.H.PENNY, 1959. Recurrent selection for specific combining ability and type of gene action involved in Yield heterosis in corn. Agron.J., 51:392-394.
- STEEL, R.G.D. e J.H.TORRIE, 1960. Principles and Procedures of statistics, with Special Reference to the Biological Sciences. New York, Mcgrow Hill Book Company, 481 p..
- STUBER, C.W., 1965. Characterization and estimation of genetic parameters in the interpopulation formed by crossing two populations of maize. North Carolina, (Ph.D.thesis).
- STUBER, C.W. e R.H.MOLL, 1971. Epistasis in maize (*Zea mays* L.). II: comparison of selected with unselected populations. Genetics, 67: 137-149.
- STUBER, C.W. e R.H.MOLL, 1974. Epistasis in maize (*Zea mays* L.). IV: Crosses among lines selected for superior Intervariety single cross performances. Crop Sci., 14:314-317.
- 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., 6:455-458.
- TIGERSTEDT, P.M.A., 1976. Heterosis after diversifying selection. In: JANOSSY, A. e F.G.H.LUPTON (ed.). Heterosis in plant breeding. Amsterdam, Elsevier scientific publishing Company, p.147-153.
- VENCOVSKY, R., 1970. Alguns aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos de variedades. Piracicaba, ESALQ/USP, (Tese de Livre-Docência).
- VENCOVSKY, R., 1975. Eficiência relativa entre a seleção recorrente recíproca com famílias de irmãos germanos e a de famílias de meios irmãos obtidos de plantas prolíficas. Rel.Viagem enviado à FAPESP.

VENCOVSKY, R., 1978. Herança Quantitativa. In: PATERNIANI, E.(coord.).
Melhoramento e Produção do Milho no Brasil. Piracicaba, Fundação
Cargill, 650 p..

VIRMANI, S.S., R.C.AQUINO e G.S.KHUSH, 1982. Heterosis Breeding in
Rice (*Oryza sativa* L.). Theor.Appl.Genet., 63:373-380.

ZINSKY, J.R., 1976. O emprego de progênies de irmãos germanos obtidos
de plantas prolíficas para a obtenção de híbridos de milho (*Zea*
mays L.). Piracicaba, ESALQ/USP (Tese de Livre-Docência).

ZUBER, M.S., 1942. Relative efficiency of incomplete block designs
using corn uniformity trial data. Agron.J., 34:30-47.

T A B E L A S

Tabela 11. Análise da variância, coeficiente de variação e eficiência do látice, para produção de espigas em três arranjos de cruzamentos (A_1 , A_2 e A_3). Blocos casualizados. Piracicaba, 1981/82

F.V.	G.L.	Q.M. (A_1)	Q.M. (A_2)	Q.M. (A_3)
Híbridos	99	1,2402**	0,9792**	1,2971**
Conjunto 1 (C_1)	49	1,2812**	0,8564**	1,1836**
Conjunto 2 (C_2)	49	1,2242**	0,9449**	1,3241**
C_1 vs C_2	1	0,0102 ^{ns}	8,6796**	5,5396**
Erro	297	0,4086	0,2807	0,3011
C.V.%		15,0426	12,7697	13,9497
Eficiência do látice (%)		101,6835	103,2377	100,5399

C_1 e C_2 : híbridos MI x MI (Pirarão-VD2 x Pirarão-VF1) de progênes selecionadas e não selecionadas, respectivamente.

A_1 , A_2 e A_3 : decrescente, inverso e aleatório, respectivamente.

** : significativos ao nível de 1% de probabilidade.

ns : não significativo.

Tabela 12. Análise da variância global de três experimentos (arranjos) de híbridos MI x MI (Piranão-VD2 x Piranão-VF1) de progê-nies selecionadas (C_1) e não selecionadas (C_2). Produção de espigas em $\text{Kg}/5\text{m}^2$. Piracicaba, 1981/82

F.V.	G.L.	Q.M.	F
Arranjos (A)	2	10,4037	31,50**
Híbridos/A	297	1,1722	3,55**
Híbridos/ A_1	99	1,2402	3,76**
Entre C_1/A_1	49	1,2812	3,88**
Entre C_2/A_1	49	1,2242	3,71**
C_1 vs C_2/A_1	1	0,0102	0,03 ^{ns}
Híbridos/ A_2	99	0,9792	2,97**
Entre C_1/A_2	49	0,8564	2,59**
Entre C_2/A_2	49	0,9857	2,99**
C_1 vs C_2/A_2	1	8,6796	20,52**
Híbridos/ A_3	99	1,2971	3,93**
Entre C_1/A_3	49	1,1836	3,58**
Entre C_2/A_3	49	1,3241	4,00**
C_1 vs C_2/A_3	1	5,5396	16,78**
Erro médio	891	0,3302	

C.V.% = 13,98%

A_1 , A_2 e A_3 : arranjos decrescente, inverso e aleatório, respectivamente.

** : significativos ao nível de 1% de probabilidade.

ns : não significativo.

Tabela 13. Análise da variância complementar de híbridos MI x MI (Piranão-VD2 x Piranão-VF1), segundo o esquema fatorial, envolvendo os efeitos de arranjos e de seleção prévia de progenies. Produção de espigas em Kg/5m². Piracicaba, 1981/82

F.V.	G.L.	Q.M.	F
Efeito da seleção (S)	1	9,7074	29,40**
Arranjos (A)	2	10,4037	31,50**
A ₁ vs A ₂	1	2,0100	6,09 ^{ns}
(A ₁ , A ₂) vs A ₃	1	18,7974	56,93**
S x A	2	2,2600	6,84**
Erro médio	891	0,3302	

A₁, A₂ e A₃ : decrescente, inverso e aleatório, respectivamente.

** : significativos ao nível de 1% de probabilidade.

ns : não significativo.

Tabela 14. Análise da variância complementar de híbridos MI x MI (Pirã~o-VD2 x Pirã~o-VF1) envolvendo efeitos da sele~o pr~via dentro de arranjos (A). Produ~o de espigas em Kg/5m². Piracicaba, 1981/82

F.V.	G.L.	Q.M.	F
Híbridos/A	297	1,1722	3,55**
Entre C ₁ /A	147	1,1071	3,35**
Entre C ₂ /A	147	1,1644	3,53**
C ₁ vs C ₂ /A	3	4,7431	14,36**
Erro médio	891	0,3302	

C₁ e C₂ : híbridos de progê~ies de MI selecionadas e não selecionadas, respectivamente.

** : significativos ao nível de 1% de probabilidade.

Tabela 15. Médias de produção de espigas ($\text{Kg}/5\text{m}^2$) observadas (P.E.O.) e esperadas (P.E.E.), porcentagens (%) em relação a média de Piranão-VD2, relativas aos híbridos MI x MI (Piranão-VD2 x Piranão-VF1). Arranjo decrescente (A_1), experimento 1. Piracicaba, 1981/82

Conjunto C_1				Conjunto C_2			
Identificação	P.E.O.	%	P.E.E.	Identificação	P.E.O.	%	P.E.E.
101 x 201	4,372	119,95	4,529	301 x 401	3,267	89,63	3,351
102 x 202	3,927	107,74	4,255	302 x 402	4,127	113,32	3,957
103 x 203	4,412	121,04	4,077	303 x 403	3,917	107,46	3,807
104 x 204	4,430	121,54	4,066	304 x 404	3,304	94,64	3,222
105 x 205	4,710+	129,22	4,653	305 x 405	4,617	126,67	4,046
106 x 206	4,370	119,89	3,806	306 x 406	4,332	118,85	4,130
107 x 207	4,702	129,00	4,606	307 x 407	4,317	118,44	3,926
108 x 208	5,079+o	139,34	5,153	308 x 408	3,904	107,11	3,576
109 x 209	4,290	117,70	4,272	309 x 409	4,645	127,43	4,464
110 x 210	4,142	113,64	4,210	310 x 410	3,862	105,95	3,841
111 x 211	4,570	125,38	4,868	311 x 411	4,682+	128,45	4,360
112 x 212	4,772+	130,92	4,315	312 x 412	4,265	117,01	4,506
113 x 213	5,002+o	137,23	4,387	313 x 413	3,622	99,37	3,510
114 x 214	3,087	84,69	3,399	314 x 414	4,045	110,97	3,840
115 x 215	3,994	109,57	3,902	315 x 415	4,587	125,84	3,922
116 x 216	4,525	124,14	4,408	316 x 416	4,154	113,96	3,974
117 x 217	4,272	117,20	4,109	317 x 417	4,829+	132,48	4,518
118 x 218	4,425	121,40	4,217	318 x 418	5,627+o	154,38	4,933
119 x 219	5,262+o	144,36	5,133	319 x 419	4,204	115,34	4,005
120 x 220	3,934	107,93	3,734	320 x 420	4,812+	132,02	4,232
121 x 221	4,710	129,22	4,923	321 x 421	5,032+o	138,05	4,596
122 x 222	4,320	118,52	4,160	322 x 422	4,359	119,59	4,199
123 x 223	4,792+	131,47	4,623	323 x 423	5,119+o	140,44	4,860
124 x 224	3,325	91,22	3,718	324 x 424	3,422	93,88	3,615
125 x 225	4,775+	131,00	4,771	325 x 425	4,757+	130,51	4,748
126 x 226	4,930+o	135,25	4,791	326 x 426	2,417	66,31	2,408
127 x 227	3,542	97,17	3,813	327 x 427	4,055	111,25	4,164
128 x 228	4,620	126,75	4,336	328 x 428	4,650	127,57	4,265
129 x 229	4,544	124,66	4,384	329 x 429	3,837	105,27	3,877
130 x 230	4,344	119,18	4,414	330 x 430	3,709	101,76	3,680
131 x 231	4,622	126,80	4,619	331 x 431	3,932	107,87	3,758
132 x 232	4,357	120,03	3,588	332 x 432	4,037	110,75	3,866
133 x 233	4,160	114,13	4,044	333 x 433	4,332	118,85	3,835
134 x 234	5,140+o	141,02	5,191	334 x 434	4,315	118,38	3,590
135 x 235	3,497	95,94	3,464	335 x 435	4,214	115,61	4,048
136 x 236	4,454	122,19	4,416	336 x 436	4,884+	133,99	4,237
137 x 237	4,049	111,08	3,974	337 x 437	4,680+	128,40	4,643
138 x 238	3,940	108,09	3,846	338 x 438	4,569	125,35	4,213
139 x 239	5,107+o	140,11	4,738	339 x 439	3,512	96,35	3,475
140 x 240	2,887	79,20	3,282	340 x 440	3,939	108,07	3,876
141 x 241	3,792	104,03	3,833	341 x 441	4,140	113,58	3,673
142 x 242	4,177	114,60	4,117	342 x 442	4,370	119,89	3,882
143 x 243	3,375	92,59	3,590	343 x 443	3,959	108,61	4,094
144 x 244	4,342	119,12	4,246	344 x 444	4,267	117,06	4,026
145 x 245	4,134	113,42	3,738	345 x 445	3,709	101,76	3,458
146 x 246	3,897	106,91	4,101	346 x 446	4,339	119,04	4,037
147 x 247	4,282	117,48	4,040	347 x 447	4,277	117,34	4,532
148 x 248	4,475	122,77	4,194	348 x 448	4,529	124,25	4,252
149 x 249	2,982	81,81	3,553	349 x 449	4,660	127,85	4,270
150 x 250	3,770	103,43	3,406	350 x 450	5,060+o	138,82	4,712
Média	4,254 $\pm$ 0,320	116,71	4,200		4,245 $\pm$ 0,320	116,46	4,020
Geral:	4,249 $\pm$ 0,320 (116,57%)			4,110			
Piranão-VD2	3,645 $\pm$ 0,287 (100%)						

C_1 e C_2 : híbridos de progênies de MI selecionadas e não selecionadas, respectivamente.

+ e o : dez melhores híbridos em P.E.O., em cada conjunto e no total, respectivamente.

Tabela 16. Médias de produção de espigas ($\text{Kg}/5\text{m}^2$) observadas (P.E.O.) e esperadas (P.E.E.), porcentagens (%) em relação a média de Piranão - VD2, relativas aos híbridos MI x MI (Piranão-VD2 x Piranão-VF1). Arranjo inverso (A_2), experimento 2. Piracicaba, 1981/82

Conjunto C_1				Conjunto C_2			
Identificação	P.E.O.	%	P.E.E.	Identificação	P.E.O.	%	P.E.E.
101 x 250	4,672+	128,18	4,321	301 x 450	4,557+	125,02	4,270
102 x 249	4,587	125,84	4,129	302 x 449	3,957	108,56	3,812
103 x 248	3,734	102,44	4,170	303 x 448	4,560+	125,10	4,825
104 x 247	4,227	115,97	4,358	304 x 447	4,599+	126,17	4,276
105 x 246	3,902	107,05	3,703	305 x 446	3,782	103,76	4,125
106 x 245	3,727	102,25	3,836	306 x 445	3,589	98,46	3,909
107 x 244	4,489	123,16	4,352	307 x 444	3,849	105,60	3,876
108 x 243	4,355	119,48	4,122	308 x 443	4,012	110,07	3,760
109 x 242	4,187	114,87	4,145	309 x 442	3,779	103,68	3,912
110 x 241	4,032	110,62	3,970	310 x 441	3,720	102,06	3,768
111 x 240	4,252	116,65	3,850	311 x 440	5,077+o	139,29	4,948
112 x 239	4,862+o	133,39	4,776	312 x 439	3,622	99,37	3,412
113 x 238	4,592	125,98	4,628	313 x 438	4,472+	122,69	4,642
114 x 237	3,972	108,97	3,588	314 x 437	4,085	112,07	4,278
115 x 236	4,537	124,47	3,962	315 x 436	3,754	102,99	4,329
116 x 235	4,552	124,88	4,524	316 x 435	4,692+	128,72	4,452
117 x 234	4,687+	128,59	4,564	317 x 434	3,842	105,40	4,162
118 x 233	3,747	102,80	3,807	318 x 433	4,507+	123,65	4,845
119 x 232	4,307	118,16	4,415	319 x 432	3,849	105,60	3,930
120 x 231	3,885	106,58	3,783	320 x 431	3,139	86,12	3,658
121 x 230	5,222+o	143,26	4,733	321 x 430	4,052	111,17	3,852
122 x 229	4,322	118,57	4,158	322 x 429	3,895	106,86	3,886
123 x 228	4,290	117,70	4,311	323 x 428	3,787	103,90	4,124
124 x 227	4,262	116,93	3,862	324 x 427	4,839+o	132,76	4,560
125 x 226	4,792+o	131,47	4,727	325 x 426	4,460+	122,36	3,933
126 x 225	5,410+o	148,42	4,835	326 x 425	3,589	98,46	3,222
127 x 224	3,957	108,56	3,669	327 x 424	3,864	106,01	3,219
128 x 223	4,627	126,94	4,648	328 x 423	4,685	128,53	5,001
129 x 222	4,375	120,03	4,388	329 x 422	4,422	121,32	4,190
130 x 221	4,732+	119,95	4,604	330 x 421	4,050	111,11	4,424
131 x 220	4,390	120,44	4,571	331 x 420	4,332	118,85	4,332
132 x 219	4,357	119,53	4,306	332 x 419	4,057	111,30	3,941
133 x 218	4,440	121,81	4,454	333 x 418	3,594	98,60	3,924
134 x 217	4,805+o	131,82	4,735	334 x 417	3,517	96,49	3,946
135 x 216	3,774	103,54	3,348	335 x 416	3,477	95,39	3,571
136 x 215	4,332	118,85	4,357	336 x 415	3,332	91,41	3,830
137 x 214	3,777	103,62	3,785	337 x 414	4,415	121,12	4,205
138 x 213	3,247	89,08	3,605	338 x 413	3,117	85,51	3,080
139 x 212	3,964	108,75	4,276	339 x 412	5,097+o	139,84	4,569
140 x 211	4,900+o	134,43	4,300	340 x 411	3,359	92,15	3,289
141 x 210	4,294	117,81	4,073	341 x 410	3,929	107,79	3,747
142 x 209	4,295	117,83	4,244	342 x 409	4,337	118,98	4,434
143 x 208	4,517	123,92	4,621	343 x 408	4,230	116,05	3,910
144 x 207	4,189	114,92	4,500	344 x 407	4,250	116,60	4,076
145 x 206	3,157	86,61	3,708	345 x 406	3,650	100,14	3,678
146 x 205	5,142+o	141,07	5,051	346 x 405	3,520	96,57	3,958
147 x 204	3,660	100,41	3,748	347 x 404	3,692	101,29	3,478
148 x 203	4,432	121,59	4,100	348 x 403	3,115	85,46	3,233
149 x 202	4,165	114,27	3,679	349 x 402	4,109	112,73	4,415
150 x 201	3,669	100,66	3,614	350 x 401	3,852	105,68	3,794
Média	4,297 $\pm$ 0,265	117,89	4,200		4,002 $\pm$ 0,265	109,79	4,020
Geral:	4,149 $\pm$ 0,265 (113,83%)		4,110				
Piranão-VD2	3,645 $\pm$ 0,287 (100%)						

C_1 e C_2 : híbridos de progênies de MI selecionadas e não selecionadas, respectivamente.

+ e o : dez melhores híbridos (P.E.O.) em cada conjunto e no total, respectivamente.

Tabela 17. Médias de produção de espigas ($\text{Kg}/5\text{m}^2$) observadas (P.E.O.) e esperadas (P.E.E.), porcentagens (%) em relação a média de Piranão - VD2, relativas aos híbridos MI x MI (Piranão - VD2 x Piranão - VF1). Arranjo aleatório (A_3), experimento 3. Piracicaba, 1981/82

Conjunto C ₁				Conjunto C ₂				
Identificação	P.E.O.	%	P.E.E.	Identificação	P.E.O.	%	P.E.E.	
101 x 218	4,410	120,99	4,604	301 x 410	3,424	93,94	3,627	
102 x 227	4,222	115,83	4,351	302 x 419	3,282	90,04	3,597	
103 x 201	4,542+	124,61	4,441	303 x 437	5,060+o	138,82	4,904	
104 x 244	4,134	113,42	4,367	304 x 434	3,410	93,55	3,815	
105 x 213	4,520	124,01	4,776	305 x 430	3,465	95,06	3,693	
106 x 239	3,849	105,60	4,303	306 x 417	3,937	108,01	3,819	
107 x 217	4,332	118,85	4,565	307 x 418	3,652	100,19	4,016	
108 x 202	4,142	113,64	4,300	308 x 420	3,227	88,53	3,808	
109 x 235	4,339	119,04	4,399	309 x 428	3,687	101,15	3,916	
110 x 246	3,754	102,99	3,749	310 x 401	3,592	98,55	3,565	
111 x 231	4,005	109,88	4,110	311 x 424	3,250	89,16	3,701	
112 x 216	4,520+	124,01	5,063	312 x 429	3,472	95,25	3,441	
113 x 225	4,312	118,30	4,891	313 x 423	4,462+	122,41	4,404	
114 x 234	4,092	112,26	4,164	314 x 448	4,187	114,87	4,199	
115 x 203	2,989	82,00	3,656	315 x 432	3,977	109,11	4,067	
116 x 212	3,515	96,43	3,660	316 x 441	3,902	107,05	4,321	
117 x 245	3,580	98,22	3,866	317 x 403	3,395	93,14	3,387	
118 x 223	3,889	106,69	4,037	318 x 442	3,899	106,97	4,255	
119 x 241	4,607+	126,39	4,628	319 x 443	3,769	103,40	3,887	
120 x 211	4,239	116,30	4,541	320 x 421	4,402+	120,77	4,463	
121 x 204	3,645	100,00	3,921	321 x 450	4,307	118,16	4,942	
122 x 229	4,322	118,57	4,158	322 x 427	3,809	104,50	3,979	
123 x 222	4,324	118,63	4,472	323 x 445	4,630+o	127,02	1,552	
124 x 240	4,040	110,84	4,047	324 x 416	4,619+	126,72	4,704	
125 x 209	4,627+o	126,94	4,696	325 x 449	3,967	108,83	4,502	
126 x 250	3,270	89,71	3,984	326 x 425	2,847	78,11	3,222	
127 x 243	3,522	96,63	3,539	327 x 426	3,974	109,03	4,510	
128 x 228	4,620	126,75	4,336	328 x 447	4,637+o	127,22	4,706	
129 x 205	4,510	123,73	4,658	329 x 440	4,079	111,91	4,271	
130 x 238	4,370	119,89	4,428	330 x 431	3,964	101,34	3,619	
131 x 208	5,109+o	140,16	4,930	331 x 406	4,520+	124,01	4,694	
132 x 224	4,267	117,06	4,162	332 x 412	3,929	107,79	4,215	
133 x 242	4,717+o	129,41	4,819	333 x 415	3,219	88,31	3,386	
134 x 220	4,837+o	132,70	4,856	334 x 404	2,702	74,13	2,998	
135 x 237	2,260	62,00	2,718	335 x 436	4,272	117,20	4,314	
136 x 206	4,257	116,79	4,270	336 x 413	3,387	92,92	3,536	
137 x 215	4,332	118,85	3,909	337 x 439	3,627	99,51	3,875	
138 x 232	2,802	76,87	2,538	338 x 422	2,722	74,68	3,115	
139 x 233	4,055	111,25	4,111	339 x 407	3,959	108,61	4,524	
140 x 226	3,700	101,51	3,904	340 x 405	3,912	107,33	4,045	
141 x 219	4,157	114,05	4,337	341 x 408	2,932	80,44	3,580	
142 x 247	3,412	93,61	3,522	342 x 411	2,865	78,60	3,257	
143 x 214	4,152	113,91	3,832	343 x 438	4,645+o	127,43	4,831	
144 x 207	4,500+	123,46	4,500	344 x 414	2,942	80,71	3,357	
145 x 248	3,797	104,17	3,642	345 x 444	4,267	117,06	3,566	
146 x 249	4,717+o	129,41	4,604	346 x 402	4,685+o	128,53	4,548	
147 x 210	3,569	97,91	3,722	347 x 446	4,337	118,98	4,296	
148 x 236	3,794	104,09	4,407	348 x 433	4,454+	122,18	4,613	
149 x 221	4,625+	126,89	4,540	349 x 409	4,162	114,18	4,246	
150 x 230	3,560	97,67	3,979	350 x 435	3,722	102,11	4,127	
média	4,052 ± 0,274	111,17	4,200		3,816	0,274	104,69	4,020
Geral	3,934 ± 0,274 (107,93%)			4,110				
Piranão-VD2	3,645 ± 0,287 (100%)							

C_1 e C_2 : híbridos de progênies de MI selecionadas e não selecionadas, respectivamente.

+ e o : 10 melhores híbridos em P.E.O., em cada conjunto e no total, respectivamente.

Tabela 18. Proporção de híbridos MI x MI (Piranão-VD2 x Piranão-VF1) comuns entre médias, observadas e estimadas, considerando diferentes intensidades de seleção. Piracicaba, 1981/82

Arranjos	Conjunto C ₁	Conjunto C ₂	Total	
Decrescente	8 (80,0%) ^a	7 (70,0%) ^a	6 (60,0%) ^b	16 (80,0%) ^d
Inverso	7 (70,0%) ^a	7 (70,0%) ^a	7 (70,0%) ^b	14 (70,0%) ^d
Aleatório	6 (60,0%) ^a	8 (80,0%) ^a	6 (60,0%) ^b	15 (75,0%) ^d
Agrupamento	5 (50,0%) ^c	4 (40,0%) ^c	5 (50,0%) ^g	-
	12 (70,0%) ^e	19 (63,3%) ^e	-	43 (70,2%) ^f

C₁ e C₂: híbridos de progênes de MI selecionadas e não selecionadas, respectivamente.

Intensidades de seleção: a: 10/50;

b: 10/100;

c: 10/150;

d: 20/100;

e: 30/150;

f: 60/300;

g: 10/300.

Tabela 19. Médias gerais de produção de espiga (P.E.O.) observadas, porcentagem em relação a média de Piranão - VD2, correspondentes aos híbridos MI x MI (Piranão VD2 x Piranão VF1)

Arranjos	Conjunto C ₁		Conjunto C ₂		Total	
	P.E.O. (Kg/ha)	%	P.E.O. (Kg/ha)	%	P.E.O. (Kg/ha)	%
Decrescente	8508 ± 640	116,71	8490 ± 640	116,46	8498 ± 640	116,57
Inverso	8594 ± 530	117,89	8004 ± 530	109,79	8298 ± 530	113,83
Aleatório	8103 ± 548	111,17	7632 ± 548	104,69	7867 ± 548	107,93
Agrupamento	8402 ± 574	115,25	8042 ± 574	110,32	8222 ± 574	112,78

$\bar{m}$ testemunha = 7290 ± 574 (100%)

C₁ e C₂: híbridos de progênies de MI selecionadas e não selecionadas, respectivamente.

Tabela 20. Médias de produção de espiga (P.E.O.) e porcentagens em relação a média de Piranão VD2, correspondentes aos 10 melhores híbridos MI x MI (Piranão - VD2 x Piranão - VF1). Piracicaba, 1981/82

Arranjos	Conjunto C ₁		Conjunto C ₂		Total	
	P.E.O. (Kg/ha)	%	P.E.O. (Kg/ha)	%	P.E.O. (Kg/ha)	%
Decrescente	9.914 ± 640	135,94	9.896 ± 640	135,75	10.272 ± 640	140,90
Inverso	9.844 ± 530	135,03	9.372 ± 530	128,56	10.029 ± 530	137,57
Aleatório	9.404 ± 548	129,00	9.222 ± 548	126,50	9.538 ± 548	130,76
Agrupamento	10.281 ± 574	141,02	10.125 ± 574	138,88	10.448 ± 574	143,32
Potenciais [§]	11.962	164,09	11.544	158,35	13.472	184,80
Piranão - VD2	7.290 ± 574	100				

C₁ e C₂: híbridos de progênies de MI selecionadas e não selecionadas, respectivamente.

§ : híbridos potenciais de acordo com a c.d. das progênies.

Tabela 21. Médias de produção de espiga ($\text{Kg}/5\text{m}^2$) observadas (P.E.O.) e porcentagens em relação a média de Piranão - VD2, dos 10 melhores híbridos MI x MI (Piranão - VD2 x Piranão - VF1).

Conjuntos dentro do agrupamento de arranjos. Piracicaba, 1981/82

Conjunto C ₁			Conjunto C ₂			Total	
Identifi- cação	P.E.O.	%	Identifi- cação	P.E.O.	%	Identifi- cação	P.E.O. %
126 x 225	5,410	148,42	318 x 418	5,627	154,38	318 x 418	5,627 154,38
119 x 219	5,262	144,36	323 x 423	5,119	140,44	126 x 225	5,410 148,42
121 x 230	5,222	143,26	339 x 412	5,097	139,84	119 x 219	5,262 144,36
146 x 205	5,142	141,07	311 x 440	5,077	139,29	121 x 230	5,222 143,26
134 x 234	5,140	141,02	303 x 437	5,060	138,82	146 x 205	5,142 141,07
131 x 208	5,109	140,16	350 x 450	5,060	138,82	134 x 234	5,140 141,02
139 x 239	5,107	140,11	321 x 421	5,032	138,05	323 x 423	5,119 140,44
108 x 208	5,079	139,34	336 x 436	4,884	133,99	131 x 208	5,109 140,16
113 x 213	5,002	137,23	324 x 427	4,839	132,76	139 x 239	5,107 140,11
126 x 226	4,930	135,25	317 x 417	4,829	132,48	339 x 412	5,097 139,84
média	5,140 ± 0,287	141,02		5,062 ± 0,287	138,88		5,224 ± 0,287
Piranão-VD2	3,645 ± 0,287	100					

C₁ e C₂: híbridos de progênie de MI selecionadas e não selecionadas, respectivamente.

Tabela 22. Distribuição dos dez melhores híbridos MI x MI, entre os Conjuntos dentro dos arranjos, com base em médias observadas (O) e esperadas (E). Piracicaba, 1981/82

Arranjos		Conjunto C ₁	Conjunto C ₂	Total
Decrescente	O	6 (60,0%)	4 (40,0%)	10 (100%)
	E	7 (70,0%)	3 (30,0%)	
Inverso	O	7 (70,0%)	3 (30,0%)	10 (100%)
	E	6 (60,0%)	4 (40,0%)	
Aleatório	O	5 (50,0%)	5 (50,0%)	10 (100%)
	E	6 (60,0%)	4 (40,0%)	
Agrupamento	O	7 (70,0%)	3 (30,0%)	10 (100%)
	E	6 (60,0%)	4 (40,0%)	

C₁ e C₂ : híbridos de progênes de MI, selecionadas e não selecionadas, respectivamente.

Tabela 23. Quadrados médios[§] referentes a híbridos MI x MI (Piranhão - VD2 x Piranhão - VF1) e coeficientes de variação genética, envolvendo dois conjuntos de híbridos (C) em três arranjos de cruzamentos. Piracicaba, 1981/82

Arranjos	Quadrados médios			Coeficiente de variação (%)		
	C ₁	C ₂	Total	C ₁	C ₂	Total
Decrescente	1,2812**	1,2242**	1,2402**	10,98	10,64	10,73
Inverso	0,8564**	0,9449**	0,9792**	8,83	10,18	10,07
Aleatório	1,1836**	1,3241**	1,2971**	11,59	13,25	12,69
Média	1,1071**	1,1644**	1,1722**	10,49	11,36	11,16

C₁ e C₂ : híbridos de progênie de MI selecionadas e não selecionadas, respectivamente.

** : significativo ao nível de 1% de probabilidade.

§ : análise com os totais de parcela.

Tabela 24. Estimativas das variâncias (g/planta)² entre híbridos MI x MI^s e aditivas (σ_A^2). Populações Piranão - VD2 e Piranão - VF1. Piracicaba, 1981/82

Arranjos	σ_H^2			σ_{A*}^2			σ_{A**}^2		
	C ₁	C ₂	Total	C ₁	C ₂	Total	C ₁	C ₂	Total
Decrescente	349,12	326,24	332,64	-	-	-	-	-	-
Inverso	230,24	265,70	279,36	-	-	-	-	-	-
Aleatório	352,96	408,32	398,40	1.976,25	2.286,22	2.230,68	1.464,56	1.694,27	1.653,11
Média	310,72	333,76	336,80	-	-	-	-	-	-

C₁ e C₂: híbridos de progênies de MI selecionadas e não selecionadas, respectivamente.

$$s : \sigma_H^2 = \text{Cov}_{IG} + \text{Cov}_{MP} = 0,1786 \sigma_{A(12)}^2 + 0,0624 \sigma_{D(12)}^2$$

$$\sigma_{A*}^2 : \text{supondo-se } \sigma_{D=0}^2 : \sigma_{A**}^2 : \text{supondo-se } \sigma_D^2 = \sigma_A^2$$

Tabela 25. Estimativas do progresso genético esperado (G)[§] por seleção de híbridos MI x MI (Pirano - VD2 x Pirano - VF1). Produção de espigas. Piracicaba, 1981/82

Arranjos	G (Kg/ha)			% da média ($\hat{m}$)			$\hat{m} + G$ (Kg/ha)		
	C ₁	C ₂	Total	C ₁	C ₂	Total	C ₁	C ₂	Total
Decrescente	1079,60	1032,00	1045,40	12,69	12,16	12,30	9588,20	9521,20	9544,20
Inverso	870,80	956,60	988,00	10,13	11,95	11,91	9457,80	8961,40	9286,20
Aleatório	1135,40	1245,00	1224,40	14,01	16,31	15,56	9238,40	8876,80	9091,80
Agrupamento	1033,60	1082,60	1088,60	12,30	13,46	13,24	9435,00	9124,20	9310,20

§: intensidade de seleção de 20%.

$\hat{m}$: média da população original.

C₁ e C₂: híbridos de progênes de MI selecionadas e não selecionadas, respectivamente.

Tabela 26. Estimativas do progresso genético esperado (G^* e G^{**}) § por seleção recorrente recíproca em Piranão VD2 x Piranão VF1, segundo os conjuntos de híbridos e o arranjo aleatório (A_3) Piracicaba, 1981/82

Conjuntos	G^*			G^{**}		
	Kg/ha	% da $\hat{m}$	$\hat{m} + G(\text{Kg/ha})$	Kg/ha	% da $\hat{m}$	$\hat{m} + G(\text{Kg/ha})$
C_1	1135,48	14,01	9238,48	841,49	10,38	8944,49
C_2	1244,94	16,31	8877,14	922,62	12,09	8554,82
Total	1224,25	15,56	9091,65	907,26	11,53	8774,66

§ : intensidade de seleção de 20%

$\hat{m}$: média da população original

G^* : quando $\sigma_D^2 = 0$

G^{**} : quando $\sigma_D^2 = \sigma_A^2$

C_1 e C_2 : híbridos de progênes de MI selecionadas e não selecionadas, respectivamente.

Tabela 27. Análise da variância segundo modelo $Y_{ij} = m + c_i + c_j + \epsilon_{ij}$.
 Produção de espiga (Kg/5m²). Piracicaba, 1981/82.

F.V.	G.L.	Q.M.	F
Híbridos	299	1,234158	3,74**
C.C.	197	1,360838	4,12**
Desvios	102	0,989491	3,00**
Erro médio	891	0,330200	
C.V. = 12,10%; $R^2 = 0,7265$; $R = 0,8523$			

R^2 e R : coeficientes de determinação e correlação, respectivamente.

** : significativos ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 28. Estimativas dos parâmetros $\hat{m}$ (média geral), c_i e c_j (capacidade de combinação) para produção de espiga (Kg/5m²). Piracicaba, 1981/82

Progenies de MI selecionadas				Progenies de MI não selecionadas			
Nº da progenie	c_i	Nº da progenie	c_j	Nº da progenie	c_i	Nº da progenie	c_j
101	-0,391	201	0,207	301	-0,443	401	-0,918
102	-0,359	202	-0,098	302	-0,608	402	-0,146
103	-0,479	203	-0,157	303	0,751	403	-1,657
104	-0,407	204	-0,239	304	-0,015	404	-1,475
105	-0,283	205	0,224	305	0,070	405	-0,736
106	-0,909	206	0,003	306	-0,367	406	-0,215
107	-0,423	207	0,316	307	-0,508	407	-0,278
108	-0,314	208	0,755	308	-0,327	408	-0,809
109	-1,215	209	0,775	309	0,066	409	-0,315
110	-0,238	210	-0,265	310	-0,229	410	-0,643
111	-1,047	211	1,202	311	1,140	411	-1,492
112	-0,436	212	0,038	312	0,027	412	-0,233
113	-0,672	213	0,347	313	-0,181	413	-1,021
114	-1,280	214	-0,034	314	0,125	414	-0,997
115	-0,900	215	0,090	315	-0,064	415	-0,727
116	-1,090	216	0,786	316	0,325	416	-1,062
117	-0,879	217	0,275	317	0,332	417	-0,526
118	-0,778	218	0,282	318	0,410	418	-0,189
119	0,422	219	-0,001	319	-0,200	419	-0,507
120	-1,374	220	0,396	320	0,096	420	-0,577
121	-0,552	221	0,763	321	0,230	421	-0,345
122	-0,504	222	-0,048	322	0,472	422	-0,986
123	-0,192	223	0,103	323	0,275	423	-0,127
124	-0,849	224	-0,146	324	1,054	424	-2,151
125	-0,792	225	0,850	325	0,082	425	-0,046
126	-0,728	226	0,806	326	-1,443	426	-0,861
127	-0,898	227	-0,002	327	0,658	427	-1,206
128	-0,167	228	-0,209	328	0,416	428	-0,863
129	-0,278	229	-0,050	329	0,464	429	-1,299
130	-0,872	230	0,573	330	0,057	430	-1,089
131	-0,537	231	0,444	331	0,197	431	-1,151
132	-0,405	232	-0,719	332	-0,264	432	-0,582
133	-0,541	233	-0,127	333	-0,600	433	-0,277
134	-0,252	234	0,731	334	-0,240	434	-0,882
135	-2,150	235	0,902	335	-0,079	435	-0,585
136	-0,446	236	0,150	336	-0,156	436	-0,320
137	-0,894	237	0,156	337	0,490	437	-0,560
138	-1,455	238	0,588	338	-0,611	438	0,112
139	-0,474	239	0,500	339	0,090	439	-1,328
140	-1,614	240	0,184	340	0,069	440	-0,905
141	-0,374	241	-0,505	341	-0,323	441	-0,716
142	-1,243	242	0,648	342	0,036	442	-0,867
143	-0,846	243	-0,276	343	0,006	443	-0,625
144	-0,529	244	0,062	344	-0,358	444	-0,328
145	-1,007	245	0,033	345	-0,819	445	-0,436
146	0,115	246	-0,726	346	-0,018	446	-0,658
147	-0,725	247	0,053	347	0,241	447	-0,422
148	-0,455	248	-0,063	348	0,178	448	-0,639
149	-0,935	249	-0,224	349	-0,151	449	-0,292
150	-1,306	250	0,000	350	0,000	450	0,000
$\hat{m}$	4,712 $\pm$ 0,397						

i e j: progenies de Piranão - VD2 e VF1, respectivamente.

Tabela 29. Distribuição de frequência de híbridos MI x MI estimados. C₀) Total de híbridos; C₁) VD2 selecionada x VF1 selecionada; C₂) VD2 não selecionada x VF1 não selecionada; C₃) VD2 selecionada x VF1 não selecionada; C₄) VD2 não selecionada x VF1 selecionada. Produção de espiga (Kg/5m²). Piracicaba, 1981/82

Produção	C ₀	C ₁	C ₂	C ₃	C ₄
0,40 - 0,70	1			1	
0,70 - 1,00	2			2	
1,00 - 1,30	9		2	7	
1,30 - 1,60	13		-	13	
1,60 - 1,90	45	2	4	39	
1,90 - 2,20	88	4	11	73	
2,20 - 2,50	170	12	27	131	
2,50 - 2,80	317	33	55	226	3
2,80 - 3,10	511	45	111	349	6
3,10 - 3,40	815	139	194	455	27
3,40 - 3,70	1.094	258	317	489	30
3,70 - 4,00	1.310	394	462	372	82
4,00 - 4,30	1.449	512	483	237	217
4,30 - 4,60	1.351	470	434	77	370
4,60 - 4,90	1.080	290	237	20	533
4,90 - 5,20	805	224	103	8	470
5,20 - 5,50	453	80	39	1	333
5,50 - 5,80	288	29	17		242
5,80 - 6,10	132	7	4		121
6,10 - 6,40	42	1			41
6,40 - 6,70	21				21
6,70 - 7,00	3				3
7,00 - 7,30	1				1
Total	10.000	2.500	2.500	2.500	2.500

Tabela 30. Médias estimadas[§] de híbridos MI x MI potenciais, entre as dez melhores progênies pela c.c. Híbridos do total de progênies (C₀). Produção de espiga (Kg/5m²). Piracicaba, 1981/82

Nº c _i	Nº c _i																				
		311	324	303	327	337	322	329	119	328	318										
		1,140	1,054	0,752	0,658	0,490	0,472	0,464	0,422	0,416	0,410										
211																					
1,202		7,054	6,969	6,666	6,572	6,404	6,387	6,378	6,336	6,330	6,324										
235																					
0,902		6,754	6,669	6,366	6,272	6,104	6,087	6,078	6,036	6,030	6,024										
225																					
0,850		6,703	6,617	6,315	6,221	6,053	6,035	6,026	5,984	5,979	5,973										
226																					
0,806		6,659	6,573	6,270	6,176	6,008	5,991	5,982	5,940	5,934	5,928										
216																					
0,786		6,638	6,552	6,250	6,156	5,988	5,971	5,962	5,920	5,914	5,908										
209																					
0,775		6,627	6,541	6,239	6,145	5,977	5,960	5,951	5,909	5,903	5,897										
221																					
0,763		6,615	6,530	6,227	6,134	5,965	5,948	5,939	5,897	5,891	5,885										
208																					
0,755		6,607	6,522	6,219	6,125	5,957	5,940	5,931	5,889	5,883	5,877										
234																					
0,731		6,583	6,498	6,195	6,101	5,933	5,916	5,907	5,865	5,859	5,853										
242																					
0,648		6,500	6,414	6,112	6,018	5,850	5,832	5,824	5,782	5,776	5,770										

$\bar{X}_{100} = 6,162(169,1\%); \bar{X}_{10} = 6,736(184,8\%); \bar{X}_t = 3,645(100\%); \hat{m} = 4,712.$

§ : $\hat{Y}_{ij} = \hat{m} + \hat{c}_i + \hat{c}_j$; i e j: Piranão-VD2 e VF1, respectivamente.

Obs.: O traço delimita os dez melhores híbridos.

Tabela 31. Médias estimadas§ de híbridos MI x MI potenciais, entre as dez melhores progênes pela c.c. Híbridos de progênes selecionadas (C₁). Produção de espiga (Kg/5m²). Piracicaba, 1981/82

Nº c _i \ N c _j		119	146	128	123	110	134	129	105	108	102
0,422	0,115	0,422	0,115	-0,167	-0,192	-0,238	-0,252	-0,278	-0,283	-0,314	-0,359
6,336	6,030	6,336	6,030	5,747	5,722	5,677	5,662	5,636	5,631	5,600	5,555
6,036	5,730	6,036	5,730	5,447	5,422	5,377	5,362	5,337	5,331	5,300	5,255
5,984	5,678	5,984	5,678	5,396	5,371	5,325	5,311	5,285	5,280	5,249	5,204
5,940	5,634	5,940	5,634	5,351	5,326	5,281	5,266	5,241	5,235	5,204	5,160
5,920	5,613	5,920	5,613	5,331	5,306	5,261	5,246	5,220	5,215	5,184	5,139
5,909	5,602	5,909	5,602	5,320	5,295	5,250	5,235	5,209	5,204	5,173	5,128
5,898	5,590	5,898	5,590	5,308	5,283	5,238	5,223	5,198	5,192	5,161	5,116
5,889	5,582	5,889	5,582	5,230	5,275	5,230	5,215	5,190	5,184	5,153*	5,108
5,865	5,558	5,865	5,558	5,276	5,251	5,206	5,191*	5,166	5,160	5,129	5,084
5,782	5,475	5,782	5,475	5,193	5,168	5,122	5,108	5,082	5,077	5,046	5,001

$\bar{X}_{100} = 5,379(147,6\%); \bar{X}_{10} = 5,981(164,1\%); \bar{X}_t = 3,645(100\%); \hat{m} = 4,712.$

§ : $Y_{ij} = \hat{m} + \hat{c}_i + \hat{c}_j$; i e j: Piranão-VD2 e Piranão VF1, respectivamente

Obs.: O traço delimita os dez melhores híbridos.

* : híbridos avaliados.

Tabela 32. Médias estimadas§ de híbridos MI x MI potenciais, entre as dez melhores progênies pela c.c.. Híbridos de progênies não selecionadas (C₂). Produção de espiga (Kg/5m²). Piracicaba, 1981/82

Nº c _j	Nº c _i	311	324	303	327	337	322	329	328	318	317
		1,140	1,054	0,752	0,658	0,490	0,472	0,464	0,416	0,410	0,332
438											
0,112		5,964	5,878	5,576	5,482	5,314	5,297	5,288	5,240	5,234	5,156
450											
0,000		5,852	5,766	5,464	5,370	5,202	5,185	5,176	5,128	5,122	5,044
425											
-0,046		5,806	5,720	5,418	5,324	5,156	5,138	5,130	5,082	5,076	4,998
423											
-0,127		5,726	5,640	5,338	5,244	5,076	5,058	5,049	5,001*	4,996	4,917
402											
-0,146		5,706	5,620	5,318	5,224	5,056	5,038	5,030	4,982	4,976	4,897
418											
-0,189		5,664	5,578	5,276	5,182	5,014	4,996	4,987	4,939	4,933*	4,855
406											
-0,215		5,637	5,551	5,249	5,155	4,987	4,969	4,960	4,913	4,907	4,829
412											
-0,233		5,619	5,533	5,231	5,137	4,969	4,952	4,943	4,895	4,889	4,811
433											
-0,277		5,575	5,489	5,187	5,093	4,925	4,907	4,898	4,850	4,845*	4,766
407											
-0,278		5,574	5,488	5,186	5,092	4,924	4,906	4,897	4,850	4,844	4,766

$\bar{X}_{100} = 5,191(142,4\%); \bar{X}_{10} = 5,772(158,4\%); \bar{X}_t = 3,645(100\%); \hat{m} = 4,712.$

§ : $Y_{ij} = \hat{m} + \hat{c}_i + \hat{c}_j$; i e j: Piranão-VD2 e Piranão-VF1, respectivamente.

Obs.: O traço delimita os dez melhores híbridos.

* : híbridos avaliados.

Tabela 33. Médias estimadas[§] de híbridos MI x MI potenciais, entre as dez melhores progênes pela c.c. Híbridos de progênes VD2 selecionadas x VF1 não selecionadas (C₃). Produção de espiga (Kg/5m²). Piracicaba, 1981/82

$\frac{N^{\circ} \text{ } c_i}{N^{\circ} \text{ } c_j}$	119	146	128	123	110	134	129	105	108	102
	0,422	0,115	-0,167	-0,192	-0,238	-0,252	-0,278	-0,283	-0,314	-0,359
438										
0,112	5,246	4,939	4,657	4,632	4,587	4,572	4,546	4,541	4,510	4,465
450										
0,000	5,134	4,827	4,545	4,520	4,475	4,460	4,434	4,429	4,398	4,353
425										
-0,046	5,086	4,781	4,498	4,474	4,428	4,414	4,388	4,382	4,352	4,307
423										
-0,127	5,007	4,701	4,418	4,394	4,348	4,333	4,308	4,302	4,272	4,227
402										
-0,146	4,986	4,681	4,398	4,374	4,328	4,314	4,288	4,283	4,252	4,207
418										
-0,189	4,945	4,639	4,356	4,331	4,286	4,271	4,246	4,240	4,209	4,165
406										
-0,215	4,919	4,612	4,330	4,305	4,260	4,245	4,219	4,214	4,183	4,138
412										
-0,233	4,901	4,594	4,312	4,287	4,242	4,227	4,201	4,196	4,165	4,120
433										
-0,277	4,856	4,550	4,267	4,243	4,197	4,182	4,157	4,152	4,121	4,076
407										
-0,278	4,856	4,549	4,266	4,242	4,196	4,182	4,156	4,151	4,120	4,075

$\bar{X}_{100} = 4,418(121,2\%); \bar{X}_{10} = 5,002(137,2\%); \bar{X}_t = 3,645(100\%); \hat{m} = 4,712.$

$\hat{Y}_{ij} = \hat{m} + \hat{c}_i + \hat{c}_j$; i e j, Piratão-VD2 e VF1, respectivamente.

Obs.: O traço delimita os dez melhores híbridos.

Tabela 34. Médias estimadas^s de híbridos MI x MI potenciais, entre as dez melhores progênes pela c.c.. Híbridos de progênes VD2 não selecionada x VF1 selecionada (C_4). Produção de es-
piga (Kg/5m²). Piracicaba, 1981/82

Nº c _i	Nº c _i	311	324	303	327	337	322	329	328	318	317
1,202	1,140	1,054	1,054	0,752	0,658	0,490	0,472	0,464	0,416	0,410	0,332
0,902	6,754	6,669	6,666	6,666	6,572	6,404	6,387	6,378	6,330	6,324	6,246
0,850	6,703	6,617	6,315	6,221	6,053	6,035	6,026	5,979	5,973	5,894	5,894
0,806	6,659	6,573	6,270	6,176	6,008	5,991	5,982	5,934	5,928	5,850	5,850
0,786	6,638	6,552	6,250	6,156	5,988	5,971	5,962	5,914	5,908	5,830	5,830
0,775	6,627	6,541	6,239	6,145	5,977	5,960	5,951	5,903	5,897	5,819	5,819
0,763	6,615	6,530	6,227	6,134	5,965	5,948	5,939	5,891	5,885	5,807	5,807
0,755	6,607	6,522	6,219	6,125	5,957	5,940	5,931	5,883	5,877	5,799	5,799
0,731	6,583	6,498	6,195	6,101	5,933	5,916	5,907	5,859	5,853	5,775	5,775
0,648	6,500	6,414	6,112	6,018	5,850	5,832	5,824	5,776	5,770	5,692	5,692

$\bar{X}_{100} = 6,153(168,8\%); \bar{X}_{10} = 6,736(184,8\%); \bar{X}_t = 3,645(100\%); \hat{m} = 4,712.$

$\hat{Y}_{ij} = \hat{m} + \hat{c}_i + \hat{c}_j$; i e j, Pirãno-VD2 e VF1, respectivamente.

Obs.: O traço delimita os dez melhores híbridos.

F I G U R A S

Nº DE HÍBRIDOS MI X MI (PIRANÃO-VD2 X PIRANÃO-VF1)

PRODUÇÃO DE ESPIGA $\text{KG}/5\text{m}^2$

Figura 3. Distribuição de frequências de híbridos: C_1) progênies selecionadas; C_2) progênies não selecionadas; C_0) total de híbridos. Arranjo decrescente (A_1). Piracicaba, 1981/82.

Nº DE HÍBRIDOS MI X MI (PIRANÃO-VD2 X PIRANÃO-VF1)

Figura 4. Distribuição de frequências de híbridos: C_1) progênes se lecionadas; C_2) progênes não selecionadas; C_0) Total de híbridos. Arranjo inverso (A_2). Piracicaba, 1981/82.

Nº DE HÍBRIDOS MI X MI (PIRANÃO VD2 X PIRANÃO-VF1)

Figura 5. Distribuição de frequências de híbridos: C₁) progênies selecionadas; C₂) progênies não selecionadas; C₀) Total de híbridos. Arranjo aleatório (A₃). Piracicaba, 1981/82.

Nº DE HÍBRIDOS MI X MI (PIRANÃO-VD2 X PIRANÃO VF1)

Figura 6. Distribuição de frequência: (C_0) total de híbridos; (C_1) híbridos de progênes selecionadas; (C_2) híbridos de progênes não selecionadas. Agrupamento de arranjos. Piracicaba, 1981/82.

Figura 7. Proporção entre híbridos de progênes de M1, selecionadas (C_1) e não selecionadas (C_2), em diferentes intensidades de seleção. Piracicaba, 1981/82.

Figura 8. Distribuição de frequência: C_0) total de híbridos; C_1) VD2 selecionado x VF1 selecionado; C_2) VD2 não selecionado x VF1 não selecionado; C_3) VD2 selecionado x VF1 não selecionado; C_4) VD2 não selecionado x VF1 selecionado. Piracicaba, 1981/82.

Figura 9. Distribuição dos híbridos MI x MI, segundo os conjuntos de híbridos e a capacidade de combinação das progênes. Piracicaba, 1981/82.

Figura 10. Médias a testemunha (Piranão - VD2) de produção de espiga dos 10 melhores híbridos MI x MI observados e potenciais segundo os conjuntos de híbridos: C_0) total de híbridos; C_1) VD2 selecionado x VF1 selecionado; C_2) VD2 não selecionado x VF1 não selecionado. Piracicaba, 1981/82.