POTENCIAL GENÉTICO DE LINHAGENS E HÍBRIDOS DE
DUAS POPULAÇÕES DE MILHO
(*Zea mays* L.) BRAQUÍTICO

CARLOS DA SILVA MARTINS

Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANÇO DE MIRANDA FILHO

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

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Julho - 1986

Aos meus pais e irmãos

OFEREÇO

*À minha esposa, Bernadete,
e ao meu filho, Raphael*

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Ao Professor e amigo Dr. José Branco de Miranda Filho, pela orientação;

A Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), em particular à UEPAE de Manaus e CNPSo, pela oportunidade de realização do curso e conclusão deste trabalho;

Ao Departamento de Genética da ESALQ/USP, através de seus docentes, funcionários e colegas de curso, pela oportunidade, ensinamento, colaboração e convivência;

Ao Professor Irineu Umberto Packer, do Departamento de Zootecnia da ESALQ/USP, pela ajuda na elaboração de programas para análise dos dados.

A Eliana Aparecida Schammass, pesquisadora do Instituto de Zootecnia da Secretaria de Agricultura do Estado de São Paulo, pela ajuda nas análises estatísticas.

Finalmente, sou grato a todos que direta ou indiretamente contribuíram para o êxito deste trabalho.

Í N D I C E

	Pág.
RESUMO	vii
SUMMARY	xi
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1 - Estudos Sobre Avaliação de Linhagens Endogâmicas	4
2.1.1 - Efeito da seleção fenotípica na produção de híbridos	4
2.1.2 - Avaliação de linhagens em cruzamento	11
2.1.3 - Importância da diversidade genética	25
2.2 - Estimativas de Parâmetros Genéticos	27
3. MATERIAL E MÉTODOS	33
3.1 - Material	33
3.1.1 - Populações base	33
3.1.2 - Linhagens endogâmicas (S_s)	34
3.2 - Métodos	35
3.2.1 - Obtenção dos híbridos simples	35
3.2.2 - Avaliação experimental dos híbridos	37
3.2.3 - Análise estatística preliminar	41
3.2.4 - Estimativas da variância genética (σ_g^2) e fenotípica (σ_H^2) e herdabilidade no sentido amplo (h^2) referente aos híbridos simples	46

3.2.5 - Correlação fenotípica entre os caracteres estudados	47
3.2.6 - Análise da variância das tabelas dialélicas, segundo modelo fixo, e estimação dos componentes genéticos de médias	48
3.2.7 - Aplicação do modelo reduzido para o cálculo das médias estimadas dos híbridos, e coeficiente de determinação	51
3.2.8 - Estimativas de componentes de variância genética aditiva e dominante ao nível interpopulacional	54
4. RESULTADOS	59
4.1 - Resultados Preliminares	59
4.2 - Avaliação dos Híbridos Simples	61
4.3 - Resultados da Análise de Variância Preliminar	64
4.4 - Estimativas das Variâncias Genéticas (σ_g^2) e Fenotípica (σ_H^2) dos Híbridos Simples e Herdabilidade no Sentido Amplo (h^2)	65
4.5 - Correlações Fenotípicas ao Nível de Médias, entre os Caracteres Estudados	66
4.6 - Médias Estimadas dos Híbridos Simples e Coeficiente de Determinação (r^2)	67

	Pág.
4.7 - Análise de Variância das Tabelas Dialéticas	68
4.8 - Estimativas dos Efeitos da Capacidade Geral de Combinação das Linhagens	69
4.9 - Estimativas dos Componentes da Variância Ge- nética para Linhagens Dente e Flint, e para Interação Dente x Flint	71
4.10 - Estimativas dos Componentes da Variância Ge- nética Interpopulacional	72
5. DISCUSSÃO	74
5.1 - Análise Geral e Precisão Experimental	74
5.2 - Caracterização dos Híbridos e Inferências Cor- relatas	76
5.3 - Aspectos Metodológicos	87
6. CONCLUSÕES	94
7. BIBLIOGRAFIA	98
TABELAS E FIGURAS	115

POTENCIAL GENÉTICO DE LINHAGENS E HÍBRIDOS DE DUAS
POPULAÇÕES DE MILHO (*Zea mays* L.) BRAQUÍTICO

Candidato: Carlos da Silva Martins

Orientador: Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho

R E S U M O

O presente trabalho teve por objetivo a avaliação do potencial genético de linhagens endogâmicas e híbridos simples obtidos de duas populações de milho braquítico, Piranão VD-2B e Piranão VF-1B. Utilizou-se uma nova metodologia, tendo por base o esquema de cruzamento dialélico parcial envolvendo dois conjuntos fixos de linhagens: para um modelo aleatório, o esquema de cruzamento equivale ao Delineamento II de COMSTOCK e ROBINSON (1948). No presente caso as 30 linhagens de Piranão VD-2B (dente) e as 15 linhagens de Piranão VF-1B (flint) foram agrupadas, respectivamente, em seis e três conjuntos de cinco linhagens. Foram feitos seis conjuntos de cruzamentos 5x5 (dente x flint): DIxFI, DIIxFII, DIIIxFIII, DIVxFI, DVxFII e DVIxFIII: por-

tanto, os três conjuntos Flint participaram duas vezes em cruzamento com os conjuntos Dente. Os híbridos simples de cada dialélico foram avaliados em látice balanceado 5x5, em um local com parcelas de 5 m², em um total de seis experimentos; as falhas de cruzamentos foram substituídas pela testemunha, Piranão VD-2.

Foram avaliados dez caracteres, para os quais a análise preliminar forneceu as seguintes estimativas: média, variâncias genética e fenotípica e herdabilidade no sentido amplo, coeficiente de variação experimental e coeficiente de correlação fenotípica. Na análise de variância foi detectada significância para a variação entre híbridos simples em todos os experimentos, para todos os caracteres. Os valores de herdabilidade no sentido amplo foram altos para todos os caracteres.

A análise da variância decomposta segundo o modelo de dialélico parcial, para os caracteres de produção, revelou alta significância para os efeitos de capacidade geral de combinação para linhagens dente e flint, em todos os experimentos; constatou-se que a variação entre linhagens flint foi consistentemente maior do que entre linhagens dente, quando avaliadas em cruzamento. Por outro lado, os efeitos de capacidade específica de combinação foram menos expressivos em todos os experimentos, do que se con-

clui que o comportamento de híbridos simples quanto a produção, é menos dependente da interação entre linhagens.

Foram obtidas as estimativas da variância genética aditiva $\sigma_{A(12)}^2$ e dominante, $\sigma_{D_{12}}^2$, ao nível internopulacional para os caracteres de produção, considerando-se como aleatória a amostragem de linhagens de ambas as populações; $\hat{\sigma}_{A(12)}^2$ foi consistentemente maior do que $\hat{\sigma}_{D_{12}}^2$, indicando um nível de dominância parcial para os genes que controlam os caracteres de produção (PT, PE e PG).

A metodologia proposta neste trabalho refere-se à avaliação de linhagens de duas populações, em um esquema de cruzamento dialélico parcial, em que cada conjunto de N linhagens é dividido em subconjuntos de tamanho k, efetuando-se os cruzamentos kxk, tomando-se aleatoriamente os pares de subconjuntos. Assim, para n subconjuntos de k linhagens de cada população são possíveis n^2k^2 híbridos simples; porém, avaliam-se diretamente nk^2 híbridos simples e os $nk^2(n-1)$ restantes são avaliados indiretamente pela capacidade geral de combinação das respectivas linhagens envolvidas. A eficiência do método de predição é medida pelo coeficiente de determinação (r^2). Em uma segunda etapa de metodologia, podem ser reavaliados os melhores híbridos e avaliadas diretamente novas combinações híbridas, previamente preditas ou entre linhagens aparentadas dos híbridos selecionados.

Os resultados obtidos permitem concluir que:

1) As duas populações apresentam um bom potencial para produção de híbridos a partir de linhagens endogâmicas, haja visto que cerca de 50% dos híbridos simples avaliados apresentaram produção superior à testemunha. 2) A utilização de uma amostra aleatória de cinco espigas pode ser um procedimento eficiente e ocasionalmente empregado na avaliação dos híbridos simples. 3) A metodologia utilizada mostrou-se eficaz e pode ser recomendada como opção em relação ao procedimento usual para a avaliação de linhagens.

GENETIC POTENTIAL OF INBRED LINES AND HYBRIDS FROM
TWO BRACHYTIC MAIZE (*Zea mays* L.) POPULATIONS

Candidate: Carlos da Silva Martins

Adviser: Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho

S U M M A R Y

The objective of the present work was the evaluation of the genetic potential of inbred lines and single cross hybrids obtained from two brachytic maize populations, Piranão VD-2B and Piranão VF-1B. A new methodology was used, based on a partial diallel cross scheme involving two fixed sets of inbred lines; for a random model the mating scheme is equivalent to the Design II (COMSTOCK and ROBINSON, 1948). In this work, the 30 lines from Piranão VD-2B (dent type) and the 15 lines from Piranão VF-1B (flint type) were grouped, respectively, into six and three sets with five lines each. Six 5x5 (dent x flint) crossing sets were done: DIxFI, DII x FII, DIIIxFIII, DIVxFI, DVxFII and DVIxFIII; therefore, the

three flint type sets entered twice in crosses with dent type sets. The single crosses of each partial diallel were evaluated in 5x5 balanced lattice experiments, at one location in plots with 5 m², thus totalizing six trials for the whole set of hybrids; missing crosses were replaced by the check, variety Piranão VD-2.

Ten traits were analysed, and the preliminary analysis provided the following estimates: mean, genetic and phenotypic variances and the coefficient of heritability (broad sense), coefficient of variation and the phenotypic correlation between traits. In the analysis of variance, the variation among single cross hybrids was highly significant in all experiments, for all traits. The coefficients of heritability were high for all traits. The partition of the sum of squares for yield traits, according to the partial diallel model showed a high significance for the general combining ability effects for both dent and flint lines in all of the experiments; the variation among flint lines was consistently higher than dent lines, when evaluated in crosses. On the other hand, the effects of specific combining ability were less expressive in all of the experiments, leading to conclude that the yielding performance of single cross hybrids do not depend at a great extent on the interaction between line effects.

An estimate of the additive genetic variance, $\sigma_{A(12)}^2$, and dominance variance, $\sigma_{D_{12}}^2$, at the interpopulation level, was obtained for the yield traits, by considering as random the sample of lines for both populations; $\sigma_{A(12)}^2$ was consistently higher than $\sigma_{D_{12}}^2$, indicating a partial dominance for genes controlling yield traits (PT, PE and PG).

The proposed methodology refers to the evaluation of lines from two populations, according to a partial diallel mating scheme, such that each set of N lines is splitted into subsets of size k , and the $k \times k$ crosses are made by randomly taking the pairs of subsets. Thus, for n subsets with k lines, from each population, $n^2 k^2$ single crosses are possible; however, only nk^2 single crosses are directly evaluated and the $nk^2(n-1)$ remaining crosses are indirectly evaluated based on the general combining ability of the respective lines. The efficiency of the prediction method is given by the coefficient of determination (r^2). In a second step, following the methodology, the best hybrids can be reevaluated and new hybrid combinations, as indicated by the predicted means, can be evaluated directly; evaluation also can include other hybrid combinations obtained from relatives of the selected lines.

The results herein obtained allow the following conclusions: 1) The studied populations showed a good potential for the obtention of outstanding hybrids from inbred lines. 2) The use of a random sample of five ears per plot can be an efficient procedure and occasionally employed in the evaluation of single cross hybrids. 3) The methodology used in this work showed to be efficient and may be indicated as an alternative in relation to the usual procedure for the evaluation of inbred lines.

1. INTRODUÇÃO

A introdução do milho híbrido na década de 1920 constituiu-se num dos maiores impulsos à agricultura moderna. Os estudos que sobrevieram à introdução do milho híbrido trouxeram ainda contribuições de importância tanto prática como científica. Algumas informações da literatura permitem estimar o progresso obtido com o milho híbrido, além do progresso obtido com as práticas culturais (VIEGAS e MIRANDA FILHO, 1980).

Desde que o vigor de híbrido, a partir do cruzamento entre linhagens endogâmicas, foi descoberto por SHULL (1909) e EAST (1909) e, posteriormente, viabilizada sua utilização em híbridos comerciais, com o trabalho de JONES (1918), inúmeros estudos foram feitos relacionados com

o desenvolvimento de linhagens endogâmicas e sua utilização em híbridos. A partir daí, os melhoristas de milho iniciaram a produção de linhagens em larga escala, e logo tornou-se evidente que o comportamento das linhagens em combinações híbridas era um problema mais difícil que o isolamento de linhagens; houve então a necessidade de se desenvolver técnicas para selecionar linhagens que apresentassem maior potencial produtivo em cruzamentos.

De aproximadamente 1920 a 1930, o usual nos programas de melhoramento era testar as $n(n-1)/2$ combinações possíveis; entretanto, à medida em que o número de linhagens aumentava, esse procedimento tornou-se inviável. DAVIS (1927) e JENKINS e BRUNSON (1932) sugeriram então que cruzamentos de linhagens com uma variedade ("topcross") poderiam ser usados como um método rápido para o teste de novas linhagens. Um dos problemas que ainda persiste sobre o uso do topcross é com relação à escolha de testadores adequados; portanto, esse aspecto tem merecido muita discussão e revisões detalhadas são encontradas na literatura. Os conceitos de capacidade geral e capacidade específica de combinação, introduzidos por SPRAGUE e TATUM (1942), a partir de cruzamentos dialélicos, trouxeram grande contribuição para uma melhor compreensão do comportamento de linhagens em cruzamentos.

Entretanto, em qualquer esquema de cruzamento, uma boa avaliação de linhagens seria aquela capaz de prever com segurança o comportamento das mesmas em combinações híbridas. É nesse sentido que o presente trabalho teve como objetivo utilizar uma nova metodologia baseada no esquema de dialélico parcial para avaliação de linhagens em combinações híbridas; ao mesmo tempo, tem-se por objetivo contribuir com informações sobre o potencial genético das linhagens em estudo, para o desenvolvimento de híbridos de alta produtividade.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 - Estudos sobre Avaliação de Linhagens Endogâmicas

2.1.1 - Efeito da seleção visual na produção de híbridos

Por ocasião do início da utilização de sementes híbridas havia um consenso de que selecionando linhagens vigorosas se obteriam híbridos promissores.

JONES (1920) em seu trabalho postulou que as linhagens que apresentassem características indesejáveis deveriam ser descartadas devido à relação que existe entre as linhagens e os cruzamentos em que elas participam. Por outro lado, este mesmo autor recomenda que até que se esteja bem familiarizado com o processo de seleção de material en-

dôgamo, é importante manter toda linhagem que tenha bom crescimento, até que ela seja testada em cruzamentos.

KIESSELBACH (1922) concluiu que cruzamentos entre linhagens de alta produção "per se" parecem ser mais produtivos que os que envolvem linhagens de baixa produção "per se". Por outro lado, RICHEY (1924) e RICHEY e MAYER (1925) não foram capazes de encontrar qualquer relação deste tipo. HAYES (1926) resume os conhecimentos da época da seguinte forma: "Parece razoável concluir que cruzamentos entre linhagens de mais alta produção devem como regra ge-ral ser de maior valor que cruzamentos entre linhagens de baixa produção", e destaca a necessidade de experimentos pos-teriores sobre o assunto.

JORGENSON e BREWBAKER (1927) e NILSSON-LEISSNER (1927) concluíram que a seleção de linhagens mais vigorosas é o processo mais eficiente para produção de híbridos simples, duplos e variedades sintéticas. SINGLETON e NELSON (1945) apresentaram dados que eles interpretaram como indicativos de melhoramento na capacidade de combinação durante a autofecundação de linhagens. Por outro lado, JENKINS (1935) concluiu que não ocorreram diferenças significativas entre linhagens selecionadas e descartadas, e que a seleção vi-sual foi ineficiente em isolar linhagens que diferissem de seus progenitores. SPRAGUE (1946) concluiu que existe pouca

relação entre seleção visual e produção em cruzamentos.

Segundo LONNQUIST(1950), parece duvidoso aceitar que se possa obter seleção consistente através da seleção visual, uma vez que sub-linhas selecionadas, através de topcross, para alta e baixa capacidade de combinação, não parecem diferir visualmente o suficiente, para serem selecionadas como linhagens de alta e baixa capacidade de combinação. Isto foi também confirmado pelos dados de JENKINS (1935).

Por volta dos anos 50 haviam duas correntes de pensamento. Alguns pesquisadores consideravam que a seleção visual, praticada durante o processo de endogamia, era altamente eficiente para caracteres associados com capacidade de combinação (RICHEY, 1945). Enquanto que outros defendiam a idéia de que a capacidade de combinação era determinada inicialmente pela frequência gênica, e que a eficiência da seleção visual estava sendo superestimada (JENKINS, 1935; SPRAGUE, 1946).

SPRAGUE e MILLER (1952) conduziram dois experimentos separados nos quais seis linhagens eram cruzadas em dialélico dentro de cada geração (S_1 a S_5). Concluíram que a seleção visual é um processo não eficiente. Por outro lado, WELLHAUSEN e WORTMAN (1954), OSLER *et alii* (1958) e RUSSEL e TEICH (1967) relataram que a seleção visual resul-

tou em pequenos mas consistentes incrementos na capacidade de combinação.

BROW (1967) concluiu em seu trabalho que, enquanto não se pode dizer que a seleção visual praticada teve qualquer efeito adverso na produção, também não se pode dizer que contribuiu com alguma melhoria na produção. Este mesmo autor relata que evidências sugerem que a seleção visual praticada durante o período de autofecundação teve pouca ou nenhuma influência na produção; entretanto, foi registrado uma certa superioridade com relação a resistência ao tombamento de raízes e colmos, para as linhagens selecionadas, isto é esperado pelo fato que essas características são de alta herdabilidade.

GAMA e HALLAUER (1977) relataram que seleção visual não pode ser aceita como um método de melhoramento de linhagens que dê híbridos superiores; e que o teste de produção de linhagens através de híbridos simples parece ser o único procedimento para determinar o valor potencial de uma linhagem em combinações híbridas.

Durante o desenvolvimento de linhagens é prática comum do melhorista fazer seleção visual em cada geração de endogamia; este efeito na expressão da produção ainda é questionável, contudo algumas evidências mostram que pelo menos não é detrimental para a produção em cruzamentos.

A seleção visual é, entretanto, altamente eficiente em melhorar as linhagens para vigor geral, maturidade, resistência a insetos, enfim, características agronômicas que podem tornar as linhagens mais adaptadas à produção comercial de sementes híbridas.

Com a expansão dos programas de melhoramento a partir de 1920, aumentou o interesse em identificar caracteres das linhagens endogâmicas associados com sua produtividade "per se" e com a produtividade e caracteres desejáveis nos seus híbridos. KIESSELBACH (1922), RICHEY (1924) e RICHEY e MAYER (1925) relataram que diversas linhagens eram melhores que outras em transmitir alta capacidade de produção nos seus cruzamentos. Por outro lado, mesmo ocorrendo essa tendência geral, RICHEY e MAYER (1925) concluíram que não se dispunha de nenhuma correlação definitiva entre produções de linhagens e seus híbridos.

NILSSON e LEISSNER (1927) computaram coeficientes de correlação entre os valores médios de seis caracteres entre as duas linhagens paternas e o híbrido entre elas. Todas as correlações foram positivas; os autores concluíram que existe uma alta correlação para produção e outras características que são expressão de vigor entre linhas endogâmicas e seus respectivos híbridos. JORGENSEN e BREWBAKER (1927) também encontraram correlações

similares entre linhagens paternais e híbridos para 10 linhagens endogâmicas da variedade "Silver King". JENKINS (1929) verificou que a correlação entre a produção das linhagens paternais e a produção de seus híbridos para cinco grupos estudados foram 0,67, 0,64, 0,45, 0,41 e 0,25.

JOHNSON e HAYES (1936) e HAYES e JOHNSON (1939) fizeram um estudo entre caracteres das linhagens e produção das linhagens em cruzamentos através de correlações simples e parciais; e os resultados evidenciaram que produção das linhagens não foi significativamente associada com capacidade de combinação em topcross; sendo que os demais caracteres apresentaram certo grau de associação com a produção em topcross.

KOVACS (1970) resumizou os estudos relatados para associação entre características das linhagens paternais e as mesmas características em seus híbridos. Os resultados desses estudos variaram desde altas correlações em alguns casos a baixas associações em outros. Entretanto, segundo o autor, na maioria dos exemplos somente um pequeno número de linhagens selecionadas era incluído nesses estudos, ocasionando uma grande variação nos resultados, devido ao erro amostral.

EL-LAKANY e RUSSEL (1971) concluíram que de maneira geral há uma positiva correlação entre produção de

linhagens e híbridos. Os autores enfatizaram que linhagens de alta produtividade proporcionarão incrementos na produção potencial dos híbridos. Revisando sobre o assunto, WALDEN (1978) enfatiza que, em geral, os estudos de correlação parecem indicar que é possível efetuar seleção efetiva em linhagens endogamas para caracteres desejáveis em híbridos e que caracteres relacionados com vigor nas linhagens paternas são associados a incrementos na produtividade em híbridos.

Por outro lado, GAMA e HALLAUER (1977) realizaram um estudo criterioso de correlação, e os resultados demonstraram que todas as correlações de características de linhagens e mesma característica nos híbridos foram baixas, e características de linhagens com a produção dos híbridos não foi diferente de zero; e correlações de produção das linhagens com produção dos híbridos simples foram muito baixas.

De acordo com HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981), algumas vezes pode ser vantajoso para o melhorista que algumas características das linhagens endogâmicas não sejam correlacionadas com a produção de seus cruzamentos, pois possibilita a seleção contra muitas características sem receio de descartar todos os genótipos potencialmente produtivos. Já para outras características seria importante a correla-

ção entre linhagens e seus híbridos, no caso de acamamento, por exemplo, poderia se descartar linhagens de colmo fraco antes do teste.

Verifica-se, portanto, que embora várias correlações relatadas sejam relativamente altas em alguns casos, quase todos os autores estabeleceram em suas conclusões que avaliação do potencial de produção das linhagens em cruzamentos deve ser feita através de comparativos experimentos de produção dos híbridos.

2.1.2 - Avaliação de linhagens em cruzamentos

Nos primeiros anos de utilização do milho híbrido, quando poucas linhagens eram disponíveis, era comum avaliar a capacidade de combinação de linhagens em híbridos simples. As linhagens eram então testadas em grupos, através de cruzamentos dialélicos, dentre as linhagens do grupo. Este sistema era satisfatório com um determinado número de linhagens, mas foi tornando-se muito caro e trabalhoso com o aumento do número de linhagens a serem testadas.

JONES (1922) apresentou dados sobre cruzamentos linhagens-variedade, mas seu interesse foi mais voltado para a performance relativa das linhagens do que como método de avaliação em si. DAVIS (1927) sugeriu o uso dos cruzamentos

mentos linhagens-variedade para avaliar linhagens S_2 , mas sua sugestão não despertou nenhum interesse na época. A partir de cruzamentos linhagens-variedade LINDSTRON (1931) notou que certas linhagens foram superiores para tipo de espiga, resistência a doenças e uniformidade na maturação, sugerindo o uso comercial de tais híbridos.

JORGENSEN e BREWBAKER (1927) fizeram um estudo envolvendo dez linhagens endogâmicas e os híbridos F_1 entre elas. Os resultados evidenciaram híbridos com baixa e com alta produção dentre os cruzamentos de cada linhagem, porém, com base na produção média dos híbridos F_1 , algumas linhagens apresentaram-se distintamente superior a outras como pais em cruzamentos. Os autores também observaram que os melhores híbridos geralmente apresentavam pelo menos uma dessas linhagens como progenitoras.

Um trabalho abrangente sobre a performance dos cruzamentos linhagens-variedade foi apresentado por JENKINS e BRUNSON (1932). Os experimentos envolveram oito grupos de linhagens e diferentes locais de teste. A correlação entre as produções dos topcrosses e as produções médias dessas mesmas linhagens em uma série de híbridos simples variou de 0,53 a 0,90. Com base nos resultados, foi sugerido que cruzamentos de linhagens com uma variedade comercial podem ser utilizados com sucesso, como um teste rápido e pre-

eliminar de novas linhagens. Os autores concluíram que seria seguro descartar 50% das linhagens sob teste, sem risco de perda de material promissor, e as linhagens selecionadas seriam testadas em posteriores combinações em híbridos simples.

JOHNSON e HAYES (1936) apresentaram dados adicionais sobre o uso do topcross para avaliação de linhagens em cruzamento. Onde linhagens da variedade de milho doce "Golden Batam" foram comparadas em topcross e em cruzamentos em todas as combinações possíveis entre elas. Uma expressiva correlação foi obtida entre a produção das linhagens paternas em topcross e o híbrido produzido entre elas ($r=0,47$) e entre a produção dos híbridos simples e a média de produção das duas linhagens paternas em 9 outros híbridos simples. Do mesmo modo, um alto coeficiente de correlação ($r=0,78$) foi obtido entre a produção média do topcross das linhagens e a produção média das linhagens em seus 10 híbridos simples. Os autores concluíram que linhagens que apresentem baixa capacidade de combinação em seus topcross tendem a ficar abaixo da média na performance dos seus híbridos simples, e vice-versa, e que a estimativa da capacidade de combinação de uma linhagem por meio de topcross é tão precisa quanto a obtida com base na sua produção média quando cruzada com 9 outras linhagens usadas como testadoras.

COWAN (1943) obteve correlações altamente significativas, de 0,49 a 0,33, entre produções de topcross de linhagens não aparentadas e seus híbridos simples e híbridos duplos preditos, respectivamente.

O método do topcross para avaliação preliminar de novas linhagens passou, então, a ser largamente utilizado. O topcross fornecia informações sobre a capacidade de combinação das linhagens e testes posteriores em cruzamentos simples eram feitos para determinar os melhores cruzamentos. Os cruzamentos em topcross podem ser feitos em lote isolado utilizando a variedade como doador de pólen, ou podem ser feitos por polinização manual, utilizando pólen das linhagens sobre a variedade. SPRAGUE (1939) demonstrou que 10 plantas são necessárias para uma amostra adequada da variedade.

Quando muitas linhagens são disponíveis, tem sido demonstrado que o desejável é testar para capacidade de combinação e descartar aquelas que dêem produção mais baixas em relação à média, sendo que o primeiro método para determinar a capacidade de combinação consistiu de uma série de cruzamentos de cada linhagem com uma série de linhagens usadas como testador (JOHNSON e HAYES, 1936). JENKINS e BRUNSON (1932) apresentaram dados demonstrando que variedades de polinização aberta podiam ser usadas como testadoras para

determinar a capacidade de combinação das linhagens.

Qualquer técnica para avaliação da capacidade de combinação requer a escolha de testadores apropriados. MATZINGER (1953) e RAWLINGS e THOMPSON (1962) concordam que o testador apropriado é aquele que discrimina eficientemente as linhagens dentre o material testado. Para HALLAUER (1975), um bom testador deve incluir simplicidade no uso, informação que classifique corretamente o mérito relativo das linhagens, e maximização do ganho genético.

FEDERER e SPRAGUE (1947) concluíram que para maior eficiência o testador deve ser escolhido de acordo com a informação específica desejada. Eles também concluíram que aumentando o número de testadores aumentará mais a precisão da estimativa da capacidade de combinação do que aumentando o número de repetições por ocasião da avaliação.

LONQUIST (1950) concluiu que fazendo-se seleção visual dentro de cada linha, sem ajuda do testador, ocorre em algumas famílias aumento da capacidade de combinação e em outras diminuição. Quando porém a seleção é baseada em resultados de topcross, é possível modificar a capacidade de combinação de linhagens S_1 .

SPRAGUE (1946) sugeriu que variedades de polinização livre e gerações avançadas de híbridos podem ser usadas como fonte de novas linhagens e como testador pode

ser usada uma variedade de polinização aberta, um híbrido simples ou um híbrido duplo.

Diversos experimentos têm sido conduzidos, buscando a obtenção de resultados que levem à orientação para a escolha acertada de testadores, principalmente para seleção de linhagens em um programa de híbridos (GREEN, 1948b; KELLER, 1949; LONNQUIST e LINDSEY, 1964; HORNER *et alii*, 1969).

LONNQUIST e RUMBAUGH (1958) avaliaram os relativos méritos de testadores de ampla e de estreita base genética na avaliação de linhagens de milho. Os resultados reforçam a idéia de utilizar um testador de base genética ampla para selecionar linhagens com alta CGC, posteriormente seria feito o teste para o CEC dentre as linhagens então selecionadas.

Capacidade de combinação inicialmente foi um conceito geral considerado coletivamente para classificar linhagens endogâmicas com relação a sua performance em cruzamento. SPRAGUE e TATUM (1942) afirmaram o conceito de capacidade de combinação e as duas expressões de capacidade geral e específica de combinação tiveram um significativo impacto na avaliação de linhagens endogâmicas.

SPRAGUE e TATUM (1942) aparentemente foram os primeiros a decompor a capacidade de combinação total de linhagens em capacidade geral de combinação (CGC) e capaci-

dade específica de combinação (CEC). Eles definiram CGC como a performance média de uma linhagem em combinações híbridas e CEC para casos em que certas combinações híbridas são melhores ou piores do que poderia ser esperado na performance média das linhagens paternas incluídas.

Com respeito à herança para capacidade de combinação, BROWN (1967) conduziu experimentos que demonstraram que combinações do tipo alta x alta na média tendem a apresentar maiores produções que quaisquer outros tipos de combinação de alta, média e baixa.

HAYES (1963) postulou que "híbridos simples de performance extremamente alta em comparação com a média de todos os cruzamentos, não são esperados ocorrer muito frequentemente, a menos que uma das linhagens parentais se sobressaia na capacidade geral de combinação". Isto foi observado também por diversos autores, tais como: JOHNSON e HAYES (1940), COWAN (1943), GREEN (1948b) e outros.

SPRAGUE e TATUM (1942) apresentaram um método para avaliar a importância relativa dos genes que contribuem para capacidade geral e específica na produção de híbridos simples. Os autores também concluíram que em linhagens previamente testadas os genes que condicionam capacidade específica de cruzamento têm mais efeito em determinar diferenças na produção; por outro lado, em não testadas pre

viamente, os genes que afetam a capacidade geral de combinação são de maior importância.

Uma das questões pertinentes com que se defronta o melhorista, é sobre o estágio de desenvolvimento das linhagens, que deve ser feito teste para capacidade de combinação com o propósito de eliminar aquelas linhas que provavelmente não seriam de valor para o programa.

RICHEY e MAYER (1925) concluíram em seus estudos que não existe nenhuma vantagem para cruzamentos feitos após 5 gerações de endogamia e cruzamentos análogos feitos após 3 gerações de endogamia. Isso sugeriu a eles que há pouca relação inerente entre produção de um cruzamento e o número de gerações de endogamia de suas linhas paternas após cruzamento.

O processo normalmente utilizado para obtenção de híbridos era a autofecundação de plantas por 3 a 5 anos; nesse período era praticada seleção visual entre e dentro de progênies, as linhagens restantes eram então cruzadas com um testador e os topcross avaliados para produção e outras características. O teste precoce evita que se avance nas gerações de autofecundações com materiais de baixa capacidade de combinação. Foi sugerido por JENKINS (1935) e por SPRAGUE (1939) e difere em dois aspectos principais do esquema citado anteriormente. Em primeiro lugar, plantas S_0

são cruzadas com um testador na época da primeira autofecundação, sendo determinada a capacidade de combinação e performance geral da progênie topcross. Em segundo lugar, descartam-se todas as linhagens inferiores, o que permite uma grande concentração de esforço nas famílias mais promissoras durante as gerações S_1 e S_2 , quando a possibilidade de seleção dentro da progênie é maior.

JENKINS (1935) relatou dados que suportam o teste precoce com um efetivo procedimento para resguardar linhagens que tenham maior potencial que outras. Com base nos seus resultados, ele concluiu que "as linhagens endôgamas adquirem sua individualidade como pais em topcross, no estágio inicial do processo de endogamia e permanecem relativamente estáveis após isso". Sua conclusão estimulou os pensamentos sobre os méritos do teste precoce.

SINGLETON e NELSON (1945) mostraram resultados do comportamento de topcross de três gerações de autofecundação em linhagens de milho doce. Concluíram que há uma mudança significativa na capacidade de combinação de geração a geração, medida pela comparação da variância devida a gerações com a variância do erro. Entretanto, quando a variância para gerações é testada com a interação de linhagem x geração, não há indícios de alteração na capacidade de combinação de S_1 para S_3 .

O teste precoce é baseado em duas premissas: (1) que haja diferenças acentuadas para capacidade de combinação entre plantas de polinização aberta; e (2) que a amostra selecionada nos testes de capacidade de combinação de plantas S_0 ou S_1 , tenham potencial para fornecer uma grande proporção de linhagens superiores após a endogamia e seleção, semelhante a uma amostra aleatória das capacidades de combinação obtida da mesma população com base em seleção visual apenas. Há algumas evidências sobre a validade desses dois conceitos: JENKINS (1935), SPRAGUE (1939), JENKINS (1942) e SPRAGUE e BRYAN (1941).

RICHEY (1945) reanalizando os dados de Jenkins (1935), concluiu que o valor médio da capacidade de combinação de um grupo de famílias foi constante de S_1 a S_8 , mas que podem ocorrer mudanças na capacidade de combinação que tendem a ser compensadas uma com as outras, e ficam ocultas na média. Ele concluiu que a eliminação com base no topcross de geração S_1 pode resultar em perdas de linhagens que no final da endogamia (geração S_8) seriam tão boas para capacidade de combinação, que aquelas selecionadas em S_1 .

SPRAGUE (1946) concluiu que o teste precoce pode ser uma útil ferramenta em um programa de melhoramento e seus dados parecem confirmar JENKINS (1935), JOHNSON e HAYES (1940), COWAN (1943) e GREEN (1948a e 1948b), que ca-

pacidade de combinação é uma característica herdável.

Por ocasião do teste precoce, inicialmente se efetua a escolha do testador que é determinada pelas características que se acredita sejam mais importantes no grupo para o qual as novas linhagens serão destinadas. As plantas que serão autofecundadas, são selecionadas com base no vigor geral, ausência de doenças, etc. Por ocasião da primeira autofecundação, elas são cruzadas com 5 a 10 plantas do testador, e os topcrosses assim produzidos são avaliados em ensaios. Isto proporciona informação sobre a capacidade de combinação da planta autofecundada. Com base no ensaio de topcross, usualmente cerca de $3/4$ das linhagens são descartadas. As linhagens S_1 selecionadas são então plantadas procedendo-se à seleção entre e dentro das progênies. Quando essas linhagens estiverem em S_4 é feito um novo topcross. Dessa forma, a seleção visual é tão efetiva fazendo-se o teste precoce, como no método tradicional. As linhagens que apresentarem alta capacidade de combinação com base nos dois ensaios de topcrosses são testadas em combinações de híbridos simples, para capacidade geral e específica de combinação e para previsões de híbridos duplos (MORO, 1980).

Vários pesquisadores têm relatado resultados demonstrando uma maior variabilidade dentre plantas S_0 ou famílias S_1 , comparadas com a variância para plantas dentro

dessas famílias (JENKINS, 1940; SPRAGUE, 1946; PAYNE, 1948). Esses resultados reforçam a tese do teste precoce como um procedimento de melhoramento. Se o melhoramento para capacidade de combinação pode ser feito por seleção visual durante o período de endogamia, o ganho final será muito maior quando já inicia-se o processo de endogamia com plantas selecionadas para alta capacidade de combinação.

A sugestão do uso do teste topcross em gerações iniciais de endogamia foi assinalada por SPRAGUE (1946), relativo ao fato que quando a autofecundação é feita em populações não selecionadas, a frequência de genes para características indesejáveis pode ser tão grande a ponto de anular o teste, enquanto não é feita seleção contra esses genes. O teste para capacidade de combinação antes a essa pesada eliminação devido a características indesejáveis, é de pouco valor no isolamento de novas linhas. A autofecundação em gerações de híbridos simples ou em sintéticos de linhas previamente selecionadas seria menos sujeito a essas dificuldades.

Embora a idéia do teste precoce tenha sido apresentada em 1935, por Jenkins, por volta de 1950 a prática comum nos programas de melhoramento de milho era a autofecundação contínua e seleção entre e dentro de progênies de espiga por fileira por 5 a 7 gerações, para depois fa-

zer testes de capacidade de combinação. Entretanto, com esse grau de endogamia as linhagens estão bastante uniformes em aparência e praticamente homozigota para os principais genes que afetam caracteres agronômicos e a produção de grãos, e apenas umas poucas linhagens terão capacidade de combinação adequada para continuarem no programa de obtenção de híbridos. Assim, parece interessante que logo no início as linhagens possam ser avaliadas para capacidade de combinação. Dessa forma, uma seleção mais intensiva poderá ser feita para outros caracteres agronômicos. Para isso, porém, devemos assumir que a capacidade de combinação das linhagens permanecerá constante e inalterada durante o processo de endogamia.

O teste precoce de linhagens S_1 ou plantas S_0 (se a frequência de genes governando caracteres agronomicamente favoráveis for suficientemente grande) fornecerá uma melhor amostragem de material do que uma amostra completamente ao acaso dessa mesma população (JENKINS, 1950).

De acordo com LONNQUIST (1949), o teste precoce pode ser aplicado em qualquer fonte de material endôgamo, seja variedade, sintético ou geração avançada de linhagens a partir de linhagens S_1 , ao invés de se usar plantas S_0 no topcross. A aparência fenotípica de plantas S_0 não fornece uma boa indicação de seu potencial genético, o qual

pode ser mais adequadamente avaliado em linhagens S_1 . O uso de S_1 elimina a necessidade de se testar muitos S_0 geneticamente inferiores.

Segundo VIEGAS e MIRANDA FILHO (1980), existe um terceiro grupo de melhoristas que fazem seleção visual durante um ou dois anos de autofecundação e as melhores progênes S_2 são cruzadas com um testador apropriado, para serem avaliadas quanto a sua capacidade de combinação, sendo que às melhores progênes podem ainda ser avaliadas em S_3 ou S_4 .

De maneira geral podemos considerar que o valor do teste precoce depende basicamente da população que se usa para iniciar o processo de endogamia. Usando-se uma população altamente heterozigota e com muitos genes deletérios e sub-letais, dificilmente se conseguirão boas linhagens. Grande parte das plantas serão eliminadas logo nas primeiras gerações de endogamia. Assim sendo, o trabalho envolvido na realização do teste precoce será de pouca utilidade, pois nesse caso a maior dificuldade será obter linhagens com características agronômicas adequadas. Por outro lado, quando se usa um sintético ou uma população que já tenha sido submetida à autofecundação, o uso do teste precoce é de maior valia porque há uma chance maior de se obter linhagens com bom comportamento agronômico "per se".

Como as linhagens são sempre avaliadas em função de sua capacidade de combinação e também pelas suas características "per se", é recomendável que o teste precoce seja feito na geração S_2 ou S_3 . Quando ele é feito nas plantas S_0 ou S_1 o número de tratamentos no ensaio de topcross ou é muito grande ou então não representa uma boa amostra da população. Há ainda o risco das linhagens selecionadas pela sua alta capacidade de combinação não conseguirem avançar nas gerações de endogamia, devido a problemas de esterilidade ou de perda de vigor.

2.1.3 - Importância da diversidade genética

Melhoristas de milho têm reconhecido a importância da diversidade genética como fator para obter o máximo de heterose em cruzamentos. No passado a experiência geral demonstrava normalmente, mas nem sempre, que cruzamentos de genótipos não relacionados contribuíam para aumentar a produção. WU (1939) demonstrou que linhagens derivadas de mesmos híbridos simples consistentemente produziram mais baixas produções quando testadas em combinações híbridas que linhagens tendo somente um ou nenhum pai em comum. HAYES e JOHNSON (1939) obtiveram dados similares em linhagens de diferentes graus de parentesco derivadas de uma série de híbridos

simples. JOHNSON e HAYES (1940) apresentaram dados adicionais indicando uma significativa diferença na performance de híbridos simples de linhagens relacionadas e não relacionadas. ECKHARDT e BRYAN (1940b) e COWAN (1943) também enfatizam a importância da diversidade genética na obtenção de híbridos de alta produção.

Diversos pesquisadores: ANDRÉS e BASCIALLI (1940), ECKARDT e BRYAN (1940b), GRIFFING e LINDSTROM (1954), LONNQUIST e GARDNER (1961) e PATERNIANI e LONNQUIST (1963), têm demonstrado claramente que produções máximas em cruzamentos estão associadas em parte com divergência genética dos pais. HAYES (1963) afirmou que, embora a base genética da importância da diversidade genética não fosse clara, a experiência geral mostrava que o melhor híbrido duplo envolvia linhagens derivadas de duas ou mais variedades. BROWN (1967) observou que os cruzamentos intervarietais excederam ligeiramente os intravarietais.

Dados empíricos sobre o efeito da diversidade genética de linhagens paternas sobre a performance de híbrido foram obtidos por HAYES e JOHNSON (1939), WU (1939), ECKARDT e BRYAN (1940a, 1940b), JOHNSON e HAYES (1940), COWAN (1943) e GRIFFIN (1953). Em todos os exemplos, linhagens endógamas de origem relacionadas consistentemente apresentaram mais baixas produções em cruzamentos que aquelas que tinham um ou nenhum parente incomum.

2.2 - Estimativas de Parâmetros Genéticos

As causas principais da correlação entre caracteres são a pleiotropia e a ligação, embora esta última seja uma causa transitória de correlação, em populações derivadas de cruzamentos entre materiais geneticamente divergentes. Enquanto a pleiotropia expressa pela correlação, a magnitude por meio do qual dois caracteres estão influenciados pelos mesmos genes (FALCONER, 1964).

A correlação assume importância no melhoramento de plantas porque permite a seleção de maneira mais adequada, de modo a se obterem plantas mais eficientes. Existe na literatura vasta revisão que aponta evidências da correlação entre os caracteres altura da planta e altura da espiga, produção e altura da planta ou altura da espiga, dias para florescimento e altura da planta.

Existem inúmeros estudos que buscam obter correlações entre produções e outras características da planta. Dentre esses resultados, um dos mais consistentes são as correlações positivas e significativas entre produção e altura da planta (UTKEDE e SHUKLA, 1976; QUEIROZ, 1969; CAMPOS, 1966 e CRISOSTOMO, 1978).

Diversos autores, tais como ROBINSON *et alii* (1951), MURTY e ROY (1957), QUEIROZ (1969), MIRANDA FILHO

et alii (1974), LIMA e PATERNIANI (1977), CRISOSTOMO e RISSI (1980), verificaram correlações altas e positivas para altura da planta e altura da espiga. Quanto à correlação da produção com esses caracteres, existem divergências na literatura, embora exista forte tendência de serem positivas e significativas. Desta forma, MIRANDA FILHO (1974) destacou que é provável que a correlação entre esses caracteres seja uma característica particularmente intrarracial ou intrapopulacional do material estudado.

DUNCAM *et alii* (1967) e HUNTER *et alii* (1969) foram os primeiros a indicar a influência do pendão sobre a produção de grãos. A partir daí diversos autores desenvolveram trabalhos sobre correlação entre produção e caracteres do pendão, tais como OBILANA e HALLAUER (1974), GERALDI (1977), SOUZA JR. *et alii* (1980b), ANDRADE e MIRANDA FILHO (1980), RISSI e PATERNIANI (1981). Os resultados evidenciaram valores negativos e significativos de correlação entre produção e número de ramificações do pendão. ANDRADE e MIRANDA FILHO (1974) e OBILANA e HALLAUER (1974) encontraram valores positivos entre número de ramificações do pendão e altura da planta.

Quanto aos demais caracteres de interesse nesse estudo, existem ainda poucos estudos de estimativas de coeficientes de correlação. Uma abrangente revisão so-

bre este assunto foi efetuada por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981). Estes autores apresentaram correlações médias entre 13 caracteres a partir de estimativas registradas na literatura até 1981, dentre os caracteres de interesse podemos citar várias médias de correlações entre produção e: altura de espiga (0,31), altura de planta (0,26), diâmetro de espiga (0,41), peso de grãos (0,25), dias para o florescimento (0,14); altura de planta e altura de espiga (0,81); dias para florescimento e altura de espiga (0,42); diâmetro de sabugo e diâmetro de espiga (0,67).

Com relação a trabalhos sobre estimativas de variâncias genéticas aditivas, existe uma quantidade bastante expressiva na literatura que trata desse assunto, dentre os quais CAMPOS (1966), PATERNIANI (1967), CARMO (1969), QUEIROZ (1969), SILVA (1969), MIRANDA FILHO e VENCovsky (1972), CUNHA (1976), SUAREZ-LEZCANO (1976), TORRES SEGOVIA (1976), MIRANDA FILHO (1977), LIMA e PATERNIANI (1977), GERALDI (1977), CRISÓSTOMO (1978) e RISSI (1980).

HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981), utilizando resultados obtidos por diversos autores, chegaram a valores médios de estimativas de variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância dominante ($\hat{\sigma}_D^2$) e herdabilidade no sentido restrito ($\hat{h}^2$), de acordo com a tabela a seguir:

CARACTERES	σ^2_A	σ^2_D	$h^2 (\%)$	Nº de estimativas
Produção (g/planta)	469,1	286,8	18,7	99
Altura de planta (cm)	212,9	36,2	56,9	45
Altura de espiga (cm)	152,7	11,1	66,2	52
Diâmetro de espiga (cm) x 10 ²	4,6	0,9	36,1	35
Dias para o florescimento	4,0	-0,1	57,9	48

h^2 : expresso ao nível de médias

Estimativas de coeficientes de herdabilidade para número de ramificações do pendão foram encontradas por GERALDI *et alii* (1977), ANDRADE e MIRANDA FILHO (1979) e SOUZA JR. *et alii* (1980a): 45,8%, 61,6% e 64,3%, respectivamente.

LORDÊLO (1982), utilizando famílias de meios irmãos das populações Piranão VD-2 e Piranão VF-1, obteve

estimativas de alguns parâmetros genéticos. Para os caracteres produção, altura da planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão, as estimativas de herdabilidade (h^2) no sentido restrito foram respectivamente 65,41%, 61,96%, 56,42% e 47,72% para Piranao VD-2; e 69,18%, 62,07%, 59,71% e 57,42%, para Piranão VF-1. SOARES E MIRANDA FILHO (1986) também utilizaram famílias de meios irmãos, e obtiveram coeficientes de herdabilidade (h^2) no sentido restrito, ao nível de médias de prole, para as populações Piranão VD-2B e Piranão VF-1B, compatíveis com os resultados apresentados por LORDÊLO (1982).

O conceito de parâmetros genéticos interpopulacionais foi introduzido por COMSTOCK *et alii* (1949), quando sugeriu o esquema de seleção recorrente recíproca. Posteriormente, STUBER (1965) mostrou que delineamentos genéticos propostos por COMSTOCK e ROBINSON (1948, 1952) também podem ser utilizados para estimar os componentes da variância genética a nível interpopulacional. Alguns autores utilizaram-se destes delineamentos para estimar os componentes da variância genética a nível interpopulacional (STUBER *et alii*, 1966; GOODRICH *et alii*, 1975; OBILANA *et alii*, 1979).

No Brasil, alguns trabalhos foram realizados para obtenção de estimativas de variância genética aditiva, ao nível interpopulacional, para o carácter produção de

grãos, porém utilizando o esquema de famílias (progênes de meios irmãos ou irmãos germanos interpopulacional). Os resultados foram os seguintes: 231,84 (331,40 a 497,12) ^{1/}, (184,92 a 277,36) ^{1/}, e 158,02, obtidos, respectivamente, por PATERNIANI e VENCovsky (1978), MIRANDA FILHO (1979), SOUZA JR. *et alii* (1980c) e MIRANDA FILHO e PATERNIANI (1983).

^{1/} Limites de $\sigma^2_{A(12)}$, considerando-se $\sigma^2_{A(12)} = \sigma^2_{D_{12}}$ e $\sigma^2_{D_{12}} = 0$, respectivamente.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 - Material

3.1.1 - Populações base

Foram utilizados híbridos simples, obtidos a partir de linhagens, provenientes das variedades Piranão VD-2B e Piranão VF-1B. Ambas as populações foram selecionadas no Instituto de Genética da ESALQ e possuem as seguintes características, segundo PATERNIANI *et alii* (1977):

PIRANÃO VD-2B - corresponde à versão braquítica da população ESALQ VD-2, a qual foi obtida a partir de populações introduzidas do CIMMYT em 1965, predominando a raça Tuxpeno, representadas por germoplasma de grãos brancos e amarelos. A versão braquítica foi obtida a partir de cruzamento com a va

riedade Piranão-VD1, seguido de retrocruzamento e três gerações de recombinação com seleção para homogeneização de arquitetura (MIRANDA FILHO, 1979).

PIRANÃO VF-1B - corresponde à versão braquítica da ESALQ VF-1, a qual foi obtida a partir de populações introduzidas de CIMMYT, em 1965, representando germoplasma de grãos duros de cor branca e laranja, representativos de raças de Cuba, Colômbia e América Central, e também amostras de milho Cate-to. A versão braquítica foi obtida de maneira semelhante à descrita para Piranão VD-2B.

Como testemunha, nos ensaios de avaliação foi utilizada a variedade comercial Piranão VD-2, a qual já foi devidamente caracterizada anteriormente, mas que difere da população original por ter sido selecionada por vários ciclos.

3.1.2 - Linhagens endogâmicas (S_5)

Linhagens endogâmicas das populações Piranão VD-2B e Piranão VF-1B, foram previamente obtidas, através de cinco gerações de autofecundação, segundo o método padrão (JONES, 1918, 1920), durante o período de 1975 a 1981 (MIRANDA FILHO, J.B., informação pessoal). Por ocasião do período de autofecundação, foram descartadas as linhagens que apresenta

ram problemas de arquitetura ou forte depressão por endogamia.

Para este estudo foram utilizadas linhagens S_5 , portanto, com coeficiente de endogamia (F) de 96,9%. As linhagens foram escolhidas de modo que não apresentassem nenhum grau ou parentesco por descendência, isto é, linhagens originadas de plantas S_0 independentes. Assim, obteve-se um total de 30 linhagens dentadas e 15 linhagens Flint, respectivamente, das populações Piranão VD-2B e Piranão VF-1B.

3.2 - Métodos

3.2.1 - Obtenção dos híbridos simples

O esquema de cruzamentos entre linhagens(dente x flint), para obtenção dos híbridos simples, foi organizado do seguinte modo: as linhagens dente e flint foram divididas em grupos de 5, resultando em seis subconjuntos de linhagens dente e três subconjuntos de linhagens flint. Desta forma, cada conjunto de cruzamento em dialélico parcial ficou constituído de 5 linhagens dente e 5 linhagens flint. Este esquema de cruzamentos adotado é semelhante ao proposto no delineamento genético "design II", segundo COMSTOCK e ROBINSON (1948, 1952). Para o presente trabalho, foram propostos seis conjuntos de cruzamentos em dialélicos do tipo 5x5, de acordo com a Tabela 1, a seguir.

Tabela 1 - Tipos de conjuntos de cruzamentos em dialélico parcial estudados.

CONJUNTOS	LINHAGENS DENTE		LINHAGENS FLINT
1	Subconjunto D _I (D ₁ , D ₂ , D ₃ , D ₄ e D ₅)	x	Subconjunto F _I (F ₁ , F ₂ , F ₃ , F ₄ e F ₅)
2	Subconjunto D _{II} (D ₆ , D ₇ , D ₈ , D ₉ e D ₁₀)	x	Subconjunto F _{II} (F ₆ , F ₇ , F ₈ , F ₉ e F ₁₀)
3	Subconjunto D _{III} (D ₁₁ , D ₁₂ , D ₁₃ , D ₁₄ e D ₁₅)	x	Subconjunto F _{III} (F ₁₁ , F ₁₂ , F ₁₃ , F ₁₄ e F ₁₅)
4	Subconjunto D _{IV} (D ₁₆ , D ₁₇ , D ₁₈ , D ₁₉ e D ₂₀)	x	Subconjunto F _I (F ₁ a F ₅)
5	Subconjunto D _V (D ₂₁ , D ₂₂ , D ₂₃ , D ₂₄ e D ₂₅)	x	Subconjunto F _{II} (F ₆ a F ₁₀)
6	Subconjunto D _{VI} (D ₂₆ , D ₂₇ , D ₂₈ , D ₂₉ e D ₃₀)	x	Subconjunto F _{III} (F ₁₁ a F ₁₅)

Em novembro de 1981, em área localizada no Departamento de Genética da ESALQ/USP, as linhagens dente e flint foram plantadas aos pares, de cada combinação desejada, num total de 300 linhas de 5 m, no espaçamento de 1,0 x 0,2m, com duas sementes por cova.

Por ocasião do florescimento efetuou-se a polinização manual entre os pares de linhas de cada cruzamento previsto. Após a colheita as sementes obtidas dos cruzamentos recíprocos, de cada híbrido simples, foram misturadas, visando aumentar a quantidade de sementes disponível para os ensaios de avaliação.

3.2.2 - Avaliação experimental dos híbridos

No ano seguinte (1982/83), os híbridos obtidos nos seis conjuntos dialélicos foram avaliados experimentalmente. Cada conjunto dialélico foi avaliado em um experimento, com seis repetições, no delineamento de látice balanceado 5x5.

Os cruzamentos entre linhagens que por qualquer motivo não produziram sementes suficientes para os ensaios, foram substituídos pela testemunha, variedade Piranão VD-2. Assim sendo, cada experimento ficou constituído de acordo com o apresentado na Tabela 2.

Tabela 2 - Distribuição de híbridos e testemunha em cada ex
perimento.

EXPERIMENTO	TRATAMENTOS	
	Híbridos	Testemunha
1	24	1
2	20	5
3	17	8
4	17	8
5	21	4
6	21	4
TOTAL	120	30

Os ensaios foram plantados em novembro de 1982, em área experimental localizada no Departamento de Ge
nética da ESALQ/USP. Cada parcela se constituiu em uma fi-
leira de 5m, com espaçamento de 1,0 x 0,2m, com duas semen-
tes por cova; posteriormente foi feito o desbaste para 25
plantas por fileira, o que equivale a uma densidade de plan-
tio de 50.000 plantas por hectare.

Durante os estádios de desenvolvimento da cul
tura, foram efetuadas observações de caracteres relaciona-
dos com a planta, a saber:

- FM - Número de dias para florescimento masculino: foi anotado o dia em que cerca de 50% das plantas na parcela iniciaram o florescimento masculino.
- FF - Número de dias para florescimento feminino: anotação idêntica à de FM.
- AP - Altura de planta: medida do solo à inserção da última folha; avaliações de uma amostra aleatória de 5 plantas competitivas, após o total florescimento masculino.
- AE - Altura de espiga: medida do solo à inserção da primeira espiga (superior); amostra de plantas idêntica à de AP.
- NR - Número de ramificações do pendão: contagem do número de ramificações de uma amostra aleatória de 5 plantas competitivas.
- ST - Número de plantas por parcela ("stand") por ocasião da colheita.

Devido a fortes ventos, que envergaram praticamente todas as plantas, os dados referentes ao acamamento não foram considerados.

Por ocasião da colheita, as espigas de cada parcela foram despalhadas e ensacadas. Posteriormente foram

expostas ao sol para a uniformização dos teores de umidade, e após esse procedimento foram tomadas observações para os seguintes caracteres relacionados com a produção:

PT - Peso total de espigas: obtido pelo peso das espigas despalhadas de cada parcela.

NE - Número de espigas por parcela: pela contagem do número total de espigas produzidas por parcela.

PE - Peso de 5 espigas: dados obtidos através de uma amostra tomada aleatoriamente, para cada parcela, após eliminação de espigas consideradas atípicas ou defeituosas.

PG - Peso de grãos: peso de grãos das cinco espigas de bulhadas, da amostra citada anteriormente.

DE - Diâmetro médio de espiga: medido a partir da amostra de cinco espigas.

DS - Diâmetro médio de sabugo: *idem*.

Os dados referentes a peso total de espigas foram ajustados para as variações de "stand", utilizando-se o método da covariância com ajuste para "stand" ideal de 25 plantas por parcela. Os ajustes foram feitos para parcelas individuais, utilizando a fórmula:

$$PC = P + b(25 - S) ,$$

sendo:

PC: peso de espigas, ajustado;

P: peso de espigas, não ajustado;

S: "stand" por parcela;

b: coeficiente de regressão linear da produção (peso de espigas) sobre as variações de "stand":

$$b = SP_{E(P,S)} / SQ_{E(S)} ,$$

onde SP_E e SQ_E representam a soma de produtos ($P \times S$) e soma de quadrados (S) referentes ao erro experimental da análise de covariância, no delineamento em blocos casualizados.

3.2.3 - Análise estatística preliminar

Inicialmente efetuou-se a análise da variância, segundo o delineamento de látice balanceado 5x5, para os seguintes caracteres: peso total de espigas (PT), peso de cinco espigas (PE), peso de grãos (PG), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de ramificações do pendão (NR), diâmetro de espiga (DE), diâmetro de sabugo (DS), número de dias para florescimento masculino (FM) e número de dias para florescimento feminino (FF).

Devido a baixa eficiência, de maneira geral obtida no delineamento de látice para os caracteres em estudo, as análises foram efetuadas segundo delineamento em blocos completos casualizados, baseando-se no modelo matemático a seguir:

$$Y_{ik} = \mu + t_i + b_k + e_{ik} \quad ,$$

onde tem-se:

- Y_{ik} : observação na repetição k , do tratamento i , o qual pode ser híbrido (Y_{ik}) ou testemunha (Y'_{ik}); para o caráter peso total de espigas representa a produção ajustada;
- μ : média geral;
- t_i : efeito do tratamento (híbrido ou testemunha) i , sendo $i=1,2,\dots,25$;
- b_k : efeito do bloco (repetição) k , sendo $k=1,2,\dots,6$;
- e_{ik} : erro experimental ao nível de parcelas (resíduo), $e_{ik} \sim N(0, \sigma^2)$.

Para melhor apresentação da análise da variância por experimento, tratamentos repetidos, representados pela testemunha (variedade Piranão VD-2B), foram agrupados num só tratamento, o qual ficou com número de repetição múltiplo de seis, de acordo com o número de tratamentos su-

bsituídos pela testemunha, em cada experimento. Desta forma, a soma de quadrados para tratamentos ficou ajustada da seguinte maneira:

$$SQ \text{ trat.} = \frac{(Y_i)^2}{r} + \frac{(Y'_i)^2}{sr} - \frac{(Y_{..})^2}{n}$$

onde:

- Y_i : total das seis repetições, para cada híbrido;
- Y'_i : total de seis repetições, para cada tratamento representado pela testemunha;
- $Y_{..}$: total geral para cada experimento;
- r : número de repetições (sendo no caso $r=6$);
- s : número de tratamentos representados pela testemunha;
- n : número de parcelas avaliadas, para cada experimento.

Desta forma, a análise de variância com as respectivas relações entre quadrados médios, para a obtenção dos testes F, em cada experimento, para os dez caracteres em estudo, ficou constituída conforme apresentado na Tabela 3.

Tabela 3 - Esquema de análise da variância para blocos casualizados e esperança dos quadrados médios, para híbridos simples.

F.V.	G.L.	Q.M.	F	E(Q.M.)
Blocos	5	-	-	-
Tratamentos ^{1/}	25-s	Q_u	Q_u/Q_1	-
Híbridos (H)	24-s	Q_3	Q_3/Q_1	$\sigma^2 + 6\sigma_g^2$
H vs. T ^{2/}	1	Q_2	Q_2/Q_1	$\sigma^2 + 6\sigma_{gT}^2$
Erro ^{3/}	119+s	Q_1	-	σ^2

1/ Os graus de liberdade de testemunha foram subtraídos dos graus de liberdade de tratamentos, isto é: $(25-1) - (s-1) = 25-s$.

2/ T: Testemunha

3/ Os graus de liberdade de testemunha, para as seis repetições, foram adicionados aos graus de liberdade do resíduo, isto é: $(25-s)5 + (s-1)6 = 119+s$; sendo que para peso total de espigas ajustado os graus de liberdade são $118+s$.

Em virtude dos híbridos constituírem uma amostra aleatória dos híbridos simples possíveis, entre as duas populações de referência, é possível efetuar uma análise de variância agrupada ("pooled") dos seis experimentos, para cada um dos caracteres estudados, uma vez que o erro experimental foi considerado homogêneo, pois na maior diferença observada, o maior valor foi superior somente em 3 vezes o menor.

O quadro da análise de variância agrupada, com as respectivas relações entre quadrados médios, para os dez caracteres estudados, é mostrado a seguir (Tabela 4).

Tabela 4 - Esquema de análise da variância agrupada para blocos casualizados e esperança dos quadrados médios, para híbridos simples.

F.V.	G.L.	Q.M.	F	E(Q.M.)
Blocos/Exp.	30	-	-	-
Tratamentos/Exp.	$150 - \sum s_z$	Q_4	Q_4/Q_1	-
Híbridos/Exp.	$144 - \sum s_z$	Q_3	Q_3/Q_1	$\sigma^2 + 6\sigma_g^2$
H vs. T/Exp.	6	Q_2	Q_2/Q_1	$\sigma^2 + 6\sigma_{gT}^2$
Erro médio ^{1/}	$714 + \sum s_z$	Q_1	-	σ^2

s_z : número de tratamentos representados pela testemunha num determinado conjunto dialélico z (sendo $z=1,2,\dots,6$).

^{1/} Para peso total de espigas ajustado, os graus de liberdade são $708 + \sum s_z$.

3.2.4 - Estimativas da variância genética (σ_g^2) e fenotípica (σ_H^2) e herdabilidade no sentido amplo (h^2), referente aos híbridos simples

A partir dos componentes de variância, das E(QM) obtidos da análise de variância preliminar, foram obtidas estimativas da variância genética (σ_g^2), variância fenotípica (σ_H^2), e herdabilidade no sentido amplo (h^2), para cada experimento, e análise agrupada. Isto foi efetuado para os dez caracteres estudados.

Cálculo das estimativas:

$$\frac{Q_3}{r} = \hat{\sigma}_H^2 \quad ; \quad \frac{Q_3 - Q_1}{r} = \hat{\sigma}_g^2 \quad ; \quad Q_1 = \hat{\sigma}^2$$

onde tem-se:

$\hat{\sigma}_H^2$: estimativa da variância fenotípica, entre médias de híbridos simples;

$\hat{\sigma}_g^2$: estimativa da variância genética entre os híbridos simples;

$\hat{\sigma}^2$: estimativa da variância do erro experimental.

Para a análise agrupada, as estimativas são obtidas de maneira semelhante, utilizando-se os respectivos quadrados médios.

3.2.5 - Correlação fenotípica entre os caracteres estudados

Os coeficientes de correlação simples (r) foram obtidos entre os caracteres estudados, a partir das médias dos 120 híbridos, total de híbridos avaliados nos seis experimentos. Os coeficientes de correlação, para todos os pares de caracteres possíveis, foram calculados como se segue:

$$\hat{r}_{x,y} = \text{Côv}_{(x,y)} / \sqrt{\hat{\sigma}_x^2 \cdot \hat{\sigma}_y^2} \quad ,$$

sendo:

$\hat{r}_{x,y}$: coeficiente de correlação entre dois caracteres x e y , quaisquer;

$\hat{\sigma}_x^2$: estimativa da variância fenotípica entre médias dos 120 híbridos para o caracter x ;

$\hat{\sigma}_y^2$: estimativa da variância fenotípica entre médias dos 120 híbridos, para o caracter y ;

$\text{Côv}_{(x,y)}$: estimativa da covariância fenotípica entre médias dos dois caracteres, para os 120 híbridos.

3.2.6 - Análise da variância das tabelas dialélicas, segundo modelo fixo, e estimação dos componentes genéticos de médias

Foram preparadas tabelas dialélicas, de acordo com o esquema de cruzamentos previamente adotado, para os seis conjuntos de cruzamentos dialélicos. Isto foi efetuado para os caracteres: peso total de espigas (PT), peso de cinco espigas (PE) e peso de grãos (PG), sendo que cada híbrido foi representado pelos valores observados nas seis repetições.

A análise da variância e as estimativas de parâmetros componentes de médias foram obtidos pelo processo geral de análise para dados não balanceados, utilizando o método dos quadrados mínimos, segundo proposto por HARVEY (1979).

Desdobrando-se o efeito de tratamentos, no modelo da análise preliminar (ver ítem 3.2.3), tem-se o modelo matemático utilizado nesta análise:

$$Y_{ijk} = \mu + d_i + f_j + (df)_{ij} + b_k + e_{ijk} \quad ,$$

sendo:

Y_{ijk} : observação do cruzamento entre linhagens dente e flint, no bloco (ou repetição) k ;

- μ : média geral, para cada conjunto dialélico;
- d_i : efeito da linhagem (dente) i , sendo n o número de linhagens dente, para cada conjunto dialélico;
- f_j : efeito da linhagem (flint) j , sendo m o número de linhagens flint, para cada conjunto dialélico;
- $(df)_{ij}$: efeito da interação entre as linhagens dente i e flint j , sendo $(n.m - s)^{1/}$ o número de híbridos obtidos, para cada conjunto dialélico;
- b_k : efeito do bloco (ou repetição) k , sendo $k=1,2, \dots, 6$;
- e_{ijk} : erro experimental (ou resíduo) ao nível de parcelas: $e_{ijk} \sim N(0, \sigma^2)$.

Na Tabela 5 é mostrado o quadro geral da análise da variância, para cada conjunto dialélico, com as respectivas relações entre quadrados médios, para obtenção dos testes F.

^{1/} O "s" representa o número de cruzamentos não obtidos em cada conjunto dialélico, substituídos pela testemunha nos experimentos de avaliação.

Tabela 5 - Esquema de análise da variância e teste F das tabelas dialélicas, segundo modelo fixo.

F.V.	G.L.	Q.M.	F
Repetições	5	-	-
Híbridos	$n.m - s - 1$	-	-
Dente	$n - 1$	Q_4	Q_4/Q_1
Flint	$m - 1$	Q_3	Q_3/Q_1
D x F	$(n-1)(m-1)-s$	Q_2	Q_2/Q_1
Erro ^{1/}	$5(n.m - s - 1)$	Q_1	

1/ Para o carácter peso total da parcela, considerar 1 g.l. a menos em cada conjunto dialélico.

As estimativas dos efeitos: d_i , f_j e $(df)_{ij}$, obtidas diretamente através do programa de análise proposto por HARVEY (1979), podem ser interpretadas geneticamente, de acordo com VENCovsky (1978).

Portanto, os efeitos d_i , f_j e $(df)_{ij}$, correspondem, respectivamente, às estimativas da capacidade geral de combinação e capacidade específica de combinação das linhagens. As estimativas destes parâmetros genéticos servem para caracterizar o comportamento em cruzamento das linhagens, para cada conjunto dialélico.

Correspondência semelhante foi feita para os dados da análise da variância. Assim, as fontes de variação para Dente, Flint e D x F, citadas no quadro anterior, equivalem, respectivamente, a fontes de variação para: c.g.c. das linhagens dente, c.g.c. das linhagens flint, e c.e.c. Esta análise permite conhecer a significância estatística dos parâmetros genéticos.

Para os caracteres de produção (PT, PE e PG) foram calculados os coeficientes de correlação (r) para as combinações dos caracteres com relação às estimativas de d_i e f_j ; para tal utilizou-se a fórmula descrita no item 3.2.5, sendo x e y as estimativas de d_i (ou f_j) de dois caracteres.

3.2.7 - Aplicação do modelo reduzido para o cálculo das médias estimadas dos híbridos, e coeficiente de determinação

Com as médias resultantes das seis repetições, foram preparadas tabelas dialélicas, para os seis conjuntos de híbridos avaliados experimentalmente. A partir destas tabelas, segundo programa de análise para fatorial incompleto, do "sistema SAS"^{1/}, foram obtidas médias estima

^{1/} SAS - "Statistical Analysis Systems": sistema de programa utilizado no Centro de Computação da EMBRAPA.

das dos híbridos, e coeficiente de determinação (r^2) para cada conjunto dialélico parcial 5x5.

Esta análise baseou-se num modelo matemático reduzido em relação ao modelo completo, da análise anterior. Assim, tem-se que:

$$Y_{ij} = \mu + d_i + f_j + \epsilon_{ij} ,$$

sendo:

μ : média dos híbridos;

d_i e f_j : efeito das linhagens dente i ($i=1,2,\dots,5$) e flint j ($j=1,2,\dots,5$); correspondem à capacidade geral de combinação das linhagens em cruzamentos;

ϵ_{ij} : desvios do modelo, sendo $\epsilon_{ij} \sim N(0, \sigma^2)$.

O cálculo das médias estimadas dos híbridos pode ser expresso como: $\hat{\Pi}_{ij} = \hat{\mu} + \hat{d}_i + \hat{f}_j$, e isto pode ser constatado utilizando-se as estimativas de c.g.c. das linhagens dente e flint obtidas através da análise, segundo HARVEY (1979), anteriormente citada (item 3.2.6).

O coeficiente de determinação (r^2) foi calculado, segundo fórmula apresentada por STEEL e TORRIE (1960):

$$r^2 = \frac{\text{Cov}_{xy}}{\sigma_x^2} \cdot \frac{\text{Cov}_{xy}}{\sigma_y^2} = b_{xy} \cdot b_{yx} ,$$

sendo:

Cov_{xy} : covariância entre as médias observadas (x) e as médias estimadas (y) dos híbridos para cada conjunto dialélico;

σ_x^2 : variância entre médias observadas dos híbridos, para cada conjunto dialélico;

σ_y^2 : variância entre médias estimadas dos híbridos, para cada conjunto dialélico;

b_{xy} e b_{yx} : coeficiente de regressão linear, para regressão da variável y sobre a variável x, e vice-versa.

O coeficiente de determinação, obtido nesta análise, mede a proporção da soma de quadrados total, que é atribuída ao modelo. Desse modo, o r^2 serve para avaliar a eficiência do modelo reduzido, proposto para explicar as médias obtidas experimentalmente, para os híbridos, nos seis conjuntos dialélicos. O r^2 pode ser expresso em percentagem ($r^2\%$), variando de 0 a 100%.

3.2.8 - Estimativas de componentes de variância genética aditiva e dominante ao nível interpopulacional

Considerando que as linhagens dente e flint, representam um conjunto aleatório das duas populações de referência (Piranão VD-2B e Piranão VF-1B), o esquema adotado de cruzamentos em dialélicos é semelhante ao proposto para o delineamento genético "design II", segundo COMSTOCK e ROBINSON (1948, 1952), o qual permite estimar componentes de variância genética ao nível intrapopulacional.

Para estimar componentes de variância genética aditiva e dominante ao nível interpopulacional, foi utilizada metodologia apresentada por STUBER (1965) e OBILANA *et alii* (1979), para os seguintes caracteres: peso total de espiga (PT), peso de cinco espigas (PE) e peso de grãos (PG). Para esse fim, foram tomados os mesmos valores da análise da variância anteriormente citada (ver Ítem 3.2.6), pois o modelo matemático corresponde ao utilizado no método de análise proposto por HARVEY (1979); porém neste caso os efeitos: d_i , f_j e $(df)_{ij}$ são considerados como efeitos aleatórios.

O modelo matemático é o seguinte:

$$Y_{ijk} = \mu + d_i + f_j + (df)_{ij} + b_k + e_{ijk} .$$

O quadro geral da análise da variância, com as esperanças dos quadrados médios, de acordo com STUBER (1965) e OBILANA (1979), devidamente adaptado para dados não balanceados, para cada conjunto de cruzamento dialélico, é apresentado na Tabela 6.

Tabela 6 - Esquema de análise da variância das tabelas dialélicas e esperança dos quadrados médios, segundo modelo aleatório.

F.V.	G.L.	Q.M.	E(QM)
Repetições	5	-	-
Híbridos	$n.m - s - 1$	-	-
Dente	$n - 1$	Q_4	$\sigma^2 + c_1 \sigma_{df}^2 + c_2 \sigma_d^2$
Flint	$m - 1$	Q_3	$\sigma^2 + c_1 \sigma_{df}^2 + c_3 \sigma_f^2$
D x F	$(n-1)(m-1)-s$	Q_2	$\sigma^2 + c_1 \sigma_{df}^2$
Erro $\frac{1}{s}$	$5(n.m - s - 1)$	Q_1	σ^2

1/ Para o caracter peso total de espigas, considerar 1 g.l. a menos para cada conjunto dialélico.

c_1 , c_2 e c_3 : Foram obtidos diretamente pelo método de análise para dados não balanceados, segundo HARVEY (1979).

Por constituírem-se, as linhagens dos seis conjuntos dialélicos, amostras aleatórias das duas populações de referência, foi possível efetuar uma análise da variância agrupada, de acordo com a Tabela 7 a seguir.

Tabela 7 - Esquema de análise da variância agrupada das tabelas dialélicas e esperança dos quadrados médios, segundo modelo aleatório.

F.V.	G.L.	Q.M.	E(QM)
Conjuntos	5	-	-
Repetições/Conj.	30	-	-
Híbridos/Conj.	$\Sigma(n_z \cdot m_z - s_z - 1)$	-	-
Dente	$\Sigma(n_z - 1)$	Q_4	$\sigma^2 + c_1 \hat{\sigma}_{df}^2 + \bar{c}_2 \hat{\sigma}_d^2$
Flint	$\Sigma(m_z - 1)$	Q_3	$\sigma^2 + c_1 \hat{\sigma}_{df}^2 + \bar{c}_3 \hat{\sigma}_f^2$
D x F	$\Sigma[(n_z - 1)(m_z - 1) - s_z]$	Q_2	$\sigma^2 + c_1 \hat{\sigma}_{df}^2$
Erro médio	$\Sigma[5(n_z \cdot m_z - s_z - 1)]$	Q_1	σ^2

$\bar{c}_2$ e $\bar{c}_3$: foram obtidos através da média ponderada pelos respectivos g.l. das análises de cada conjunto dialélico, isto é,

$$\bar{c}_2 = \frac{\Sigma[(n_z - 1) c_{2z}]}{\Sigma(n_z - 1)} \quad ; \quad \bar{c}_3 = \frac{\Sigma[(m_z - 1) c_{3z}]}{\Sigma(m_z - 1)} ,$$

sendo que:

$(n_z - 1)$ e $(m_z - 1)$: corresponde ao número de g.l., respectivamente dos efeitos de linhagens dente e flint, para um determinado conjunto dialélico z (sendo $z=1,2,\dots,6$); e c_{2z} e c_{3z} : corresponde ao coeficiente dos componentes da variância genética, respectivamente, das linhagens dente e flint, no conjunto dialélico z .

Para os dois quadros de análise, tem-se que:

σ^2 : variância ambiental;

σ_{df}^2 : variância da interação entre linhagens dente e flint;

σ_d^2 : variância genética das linhagens dente;

σ_f^2 : variância genética das linhagens flint;

c_1 : coeficiente do componente da variância genética da interação D x F, para cada conjunto dialélico e análise agrupada;

c_2 e c_3 : coeficientes dos componentes de variância genética das linhagens dente e flint, respectivamente, para cada conjunto dialélico;

$\bar{c}_2$ e $\bar{c}_3$: coeficientes dos componentes de variância genética das linhagens dente e flint, respectivamente, da análise agrupada.

O cálculo das estimativas $\sigma_{\Lambda_{12}}^2$ e $\sigma_{\Lambda_{21}}^2$, homólogos da variância genética aditiva, e $\sigma_{D_{12}}^2$, homólogo da variância dominante ao nível interpopulacional, é mostrado a seguir:

$$\hat{\sigma}_{\Lambda_{12}}^2 = 2\hat{\sigma}_f^2 = \frac{2(Q_4 - Q_2)}{\bar{c}_2}$$

$$\hat{\sigma}_{\Lambda_{21}}^2 = 2\hat{\sigma}_d^2 = \frac{2(Q_3 - Q_2)}{\bar{c}_3}$$

$$\hat{\sigma}_{D_{12}}^2 = \hat{\sigma}_{df}^2 = \frac{Q_2 - Q_1}{\bar{c}_1}$$

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

considerando-se as linhagens completamente homozigóticas ou $F = 1$, sendo F o coeficiente de endogamia.

As estimativas dos componentes da variância genética interpopulacional foram calculados para os dados da análise da variância agrupada, onde as estimativas são mais precisas devido ao maior número de graus de liberdade.

4. RESULTADOS

4.1 - Resultados Preliminares

Na Tabela 8 são apresentadas, para os dez caracteres estudados, as médias de híbridos ($\bar{X}$), médias da testemunha ($\bar{T}$) e coeficientes de variação (CV%), obtidos entre experimentos e análise agrupada. Também são apresentadas as eficiências do delineamento de látice sobre o delineamento de blocos casualizados (EFL%), para os respectivos experimentos.

Com exceção de alguns casos, os valores de EFL% foram menores do que 110%, mostrando uma baixa eficiência do delineamento utilizado. Desse modo, as análises foram efetuadas, segundo o delineamento em blocos casualizados.

Os valores dos coeficientes de variação obtidos nos experimentos, para todos os caracteres, foram considerados baixos dentro dos limites observados para experimentação em milho. Os valores de CV% entre experimentos, para os caracteres peso total de espigas e peso de cinco espigas, variaram, respectivamente de 9,4 a 12,9% e 10,7 a 15,8%; nota-se que a precisão experimental foi semelhante para ambos os caracteres, com valores de CV% ligeiramente superiores para o peso de cinco espigas. Por outro lado, o caráter número de ramificações do pendão foi o que apresentou maiores valores de CV%, entre experimentos (11,7 a 16,4%), e os caracteres de florescimento os que apresentaram os menores valores (FM: 2,2 a 3,2% e FF: 2,3 a 3,7%).

Com relação às médias dos híbridos ($\bar{X}$) e da testemunha ($\bar{T}$), entre experimentos, verificou-se que ambos apresentaram valores consistentes, em todos os caracteres estudados. Para os caracteres de produção, a amplitude de variação de $\bar{X}$ entre experimentos foi de 2,989 e 3,213 kg/parcela, para PT; 0,755 a 0,817 kg/espiga, para PE; e 0,637 a 0,691, para PG. A amplitude de variação de $\bar{T}$ (em valores percentuais) ^{1/} para os três caracteres acima citados foi em torno de 11%, sendo as menores amplitudes verificadas nos

^{1/} Amplitude de variação de $\bar{T}$, entre experimentos, expressa em percentagem sobre a média geral da testemunha.

caracteres de florescimento FM e FF, tanto para média de híbridos quanto para média de testemunhas. Considerando-se todos os caracteres estudados, verificou-se, de uma maneira geral, que as médias dos híbridos foram compatíveis com as médias da testemunha (ver análise agrupada). Nota-se que as oscilações dos valores de $\bar{X}$ e $\bar{T}$, entre experimentos são proporcionais, para o caráter peso total de espigas; contudo, isto não se repetiu com relação aos demais caracteres.

4.2 - Avaliação dos Híbridos Simples

Nas Tabelas 9 a 18 (valores superiores), são apresentados os valores observados, média de seis repetições, dos 120 híbridos avaliados experimentalmente. Estas Tabelas são referentes aos dez caracteres estudados.

A Figura 1 mostra a distribuição dos 120 híbridos em torno da média geral de híbridos e da testemunha, para os caracteres peso de espigas por parcela, peso de cinco espigas e peso de grãos.

Para o caráter peso total de espigas (Tabela 9), as médias variaram de 2,263 a 4,256 kg/parcela, sendo que 57, dos 120 híbridos, foram superiores à testemunha. Salienta-se que alguns híbridos, tais como: $D_1.F_4$, $D_5.F_5$, $D_{13}.F_{14}$ e $D_{29}.F_{14}$, foram cerca de 30 a 40% mais produtivos

que a testemunha, cuja média foi de 3,069 kg/parcela. Com relação à média geral, os híbridos tiveram comportamento semelhante à testemunha (ver Figura 1.A).

Nas Tabelas 10 e 11 estão contidos os valores referentes aos caracteres peso de cinco espigas e peso de grãos (da mesma amostra de cinco espigas), os quais apresentam uma variação de, respectivamente, 69,0 a 130,1% e 68,4 a 130,8%, em torno da testemunha. Os híbridos $D_{18}.F_3$, $D_{17}.F_1$ e $D_5.F_5$, com valores para PE de 1,060, 0,989 e 0,997 kg, e para PG de 0,891, 0,819 e 0,796 kg, respectivamente, foram os mais produtivos com relação a ambos os caracteres. Com relação à média geral, os híbridos tiveram um comportamento ligeiramente inferior à testemunha, para os dois caracteres (ver Figura 1.B e 1.C).

Quanto a altura de planta e altura de espiga (Tabelas 12 e 13), os híbridos $D_{25}.F_6$ e $D_{30}.F_{12}$, com valores para AP de 2,33 e 1,06 m/planta, e para AE de 1,45 e 0,41 m/planta, respectivamente, foram os que apresentaram maior e menor porte, respectivamente. Observa-se pela média geral (Tabela 19), que os híbridos apresentaram altura semelhante à testemunha para ambos os caracteres.

De acordo com a Tabela 14, os híbridos que apresentaram maior e menor número de ramificações do nendão, foram, respectivamente: $D_{22}.F_7$ (30,2 ram./planta) e $D_{26}.F_{14}$

(12,8 ram./planta), sendo que a média geral dos híbridos (20,2 ram./planta) foi bem superior à da testemunha (15,9 ram./planta).

Para os caracteres DE e DS (Tabelas 15 e 16), os valores (em cm/espiga) variaram: de 4,88 ($D_3.F_3$) a 3,92 ($D_{11}.F_{12}$), e de 3,03 ($D_5.F_5$) a 2,26 ($D_{27}.F_{12}$), respectivamente; nota-se pela média geral (Tabela 19), que os híbridos apresentaram diâmetro de sabugo e espiga compatíveis com a testemunha.

Com relação aos caracteres de florescimento (Tabelas 17 e 18), o híbrido mais precoce e o mais tardio, foram respectivamente: $D_{11}.F_{12}$ (61,8 dias) e $D_{15}.F_{15}$ (74,6 dias), para FM, e $D_{11}.F_{11}$ (64,7 dias) e $D_{20}.F_{12}$ (79,2 dias), para FF, sendo que os híbridos, em média, foram mais precoces que a testemunha.

Para melhor visualização dos resultados, a Tabela 19 apresenta, com relação aos 20 melhores híbridos para produção total de espiga (PT), uma descrição completa dos seguintes caracteres: PE, PG, AP, AE, $AE/AP^{1/}$, NRP, DE, $DS, (DE-DS)^{2/}$, FM e FF, além da percentagem em relação à média da testemunha para: PT, PE e PG. No final da tabela são apresentadas a média geral e a amplitude de variação dos hí

^{1/} e ^{2/} Significam, respectivamente, relação altura de espiga/altura de planta e profundidade de grãos.

bridos avaliados, e a média geral da testemunha. Verificou-se, com relação a PT, que os 20 híbridos foram de 16 até 39% superiores à testemunha.

4.3 - Resultados da Análise de Variância Preliminar

Na Tabela 20 são apresentados, para os dez caracteres estudados, os valores dos quadrados médios resultantes da análise de variância preliminar, referente aos seis experimentos, e a análise agrupada.

Os quadrados médios com relação a híbridos, apresentaram significância estatística ao nível de 1% de probabilidade em todos os experimentos, e também na análise agrupada.

Quanto aos quadrados médios do resíduo, foram obtidos valores de mesma ordem de magnitude entre experimentos para todos os caracteres estudados.

4.4 - Estimativas das Variâncias Genéticas ($\hat{\sigma}_g^2$) e Fenotípica ($\hat{\sigma}_H^2$) dos Híbridos Simples, e Herdabilidade no Sentido Amplo (h^2)

As estimativas das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_H^2$) dos híbridos simples, juntamente com a herdabilidade no sentido amplo (h^2) entre estas duas estimativas, ($\hat{\sigma}_g/\hat{\sigma}_H$), para cada experimento, a análise agrupada, são apresentadas na Tabela 21.

As estimativas das variâncias genéticas e fenotípicas apresentaram diferenças expressivas entre conjuntos dialélicos, para todos os caracteres estudados. Por outro lado, a herdabilidade no sentido amplo (h^2) foi relativamente estável entre os conjuntos dialélicos.

Considerando-se a análise agrupada, as estimativas da variância genética foram as seguintes, para as diversas características (nas respectivas unidades): PT: $1,4737 \times 10^{-1}$; PE: $8,6418 \times 10^{-3}$; PG: $6,2881 \times 10^{-3}$; AP: $3,7858 \times 10^{-2}$; AE: $2,8041 \times 10^{-2}$; NR: $9,4252 \times 10^0$; DE: $3,3205 \times 10^{-2}$; DS: $1,5899 \times 10^{-2}$; FM: $5,0714 \times 10^0$; e FF: $7,1084 \times 10^0$. Quanto à herdabilidade no sentido amplo (h^2), os valores foram de magnitude elevada para todos os caracteres, a saber: PT: 87,5%; PE: 82,7%; PG: 82,4%; AP: 94,4%; AE: 96,2%; NR: 88,4%; DE: 88,5%; DS: 92,0%; FM: 93,3% e FF: 88,6%.

4.5 - Correlações Fenotípicas ao Nível de Médias entre os Caracteres Estudados

Na Tabela 22 são apresentados os coeficientes de correlação fenotípica, entre todos os pares de combinações possíveis de caracteres, obtidos ao nível de médias (de seis repetições), referentes aos 120 híbridos avaliados experimentalmente.

Dentre os coeficientes de correlação positivos e significativos ao nível de 1% de probabilidade, alguns se destacaram pela alta associação entre caracteres, tais como: 0,98 para PExPG, 0,83 para PTxPE, 0,83 para PTxPG; 0,81 para APxAE e 0,76 para FMxFF. Nota-se que os caracteres de produção: PT, PE e PG, mostraram-se fortemente associados aos caracteres de altura da planta (AP e AE). Outros pares de caracteres também apresentaram altos valores de r , a saber: 0,41 para PExDE; 0,40 para PGxDE; 0,41 para NRxDS; e 0,54 para DExDS.

Coefficientes de correlação negativos e significativos foram obtidos entre alguns pares de caracteres, tais como: PTxNR, PGxFF; APxFF e AExFF, com valores de r de -0,19, -0,24, -0,21 e -0,19, respectivamente.

4.6 - Médias Estimadas dos Híbridos Simples e Coeficiente de Determinação (r^2)

Nas Tabelas 9 a 18 estão contidas as médias estimadas dos híbridos (valores inferiores), juntamente com os coeficientes de determinação (r^2), para os respectivos conjuntos dialélicos. Como pode ser observado, as médias estimadas estão bem compatíveis com as observadas para todos os caracteres.

Com relação aos híbridos não obtidos nos conjuntos dialélicos num total de 30 cruzamentos, os valores estimados podem ser considerados a "média prevista" destes híbridos. Observa-se que, levando em conta essas médias para os 30 híbridos, seis deles estariam incluídos entre os 20 mais produtivos, para peso total de espigas (ver Tabela 19); tais híbridos e respectivos pesos de espigas (entre parênteses, em kg/parcela) são: $D_{13} \cdot F_{11}$ (3,880), $D_{17} \cdot F_5$ (3,846), $D_{19} \cdot F_1$ (3,656), $D_{17} \cdot F_2$ (3,585), $D_{28} \cdot F_{11}$ (3,577).

Os coeficientes de determinação (r^2), obtidos com relação aos dez caracteres estudados, situaram-se entre 0,70 a 0,95, sendo que para os caracteres PT, PE e PG os valores de r^2 , entre conjuntos dialélicos, foram de: 0,79 a 0,90, 0,73 a 0,88, e 0,75 a 0,89, respectivamente.

Tem-se que o r^2 mede a eficiência do modelo matemático reduzido ($\bar{H}_{ij} = \hat{\mu} + \hat{g}_i + \hat{q}_j$), e por conseguinte o grau de precisão do processo de estimação das médias (ver item 3.2.7).

4.7 - Análise de Variância das Tabelas Dialélicas

Na Tabela 23, são apresentados, para cada conjunto dialélico estudado, os quadrados médios e respectivas significâncias, dos efeitos das linhagens dente e flint, e da interação dente x flint, resultantes da análise de variância das tabelas dialélicas; deve-se ressaltar que estes valores, considerando-se o modelo fixo, correspondem aos QMs, respectivamente, da capacidade geral de combinação para dente e flint, e da capacidade específica de combinação, de acordo com interpretação proposta por VENCovsky (1978). Os dados apresentados são referentes aos caracteres: peso total de espigas, peso de cinco espigas e peso de grãos.

Para o caráter peso total de espigas, os QMs de c.g.c. para dente e flint apresentaram significância ao nível de 1% de probabilidade para todos os conjuntos dialélicos; quanto aos QMs de c.e.c., somente para o conjunto 3 não foi significativo, os demais conjuntos apresentaram significância ao nível de 5%.

Com relação a peso de cinco espigas, os QMs de c.g.c. das linhagens dente foram significativos nos conjuntos 2, 3, 4 e 6 e não significativos nos restantes, sendo que os QMs de c.g.c. das linhagens flint foram significativos ao nível de 1% em todos os conjuntos dialélicos. Os QMs de c.e.c. foram altamente significativos nos conjuntos 3 e 4, e não significativos nos demais conjuntos. Resultados semelhantes foram obtidos para peso de grãos, com exceção do QM de c.g.c. das linhagens dente, no conjunto 3, que foi não significativo.

Observa-se que os QMs de c.g.c. das linhagens flint foram de maior magnitude que o das linhagens dente em quase todos os conjuntos dialélicos, sendo que os QMs de c.e.c. foram inferiores a ambos, na maioria dos casos.

4.8 - Estimativas dos Efeitos da Capacidade Geral de Combinação das Linhagens

Na Tabela 24, são apresentadas, para os caracteres PT, PE e PG, as estimativas dos efeitos de capacidade geral de combinação das linhagens dente e flint (g_i e g_j). Nesta Tabela também estão contidas a média ($\hat{\mu}$) de cada conjunto dialélico (ver item 3.2.6), e média geral^{1/}, para

^{1/} A média geral é calculada através dos valores de $\hat{\mu}$, ponderados pelo número de híbridos avaliados em cada conjunto dialélico.

os três caracteres.

As estimativas das médias ($\hat{\mu}$) referentes a cada conjunto dialélico, foram bem consistentes entre si, para os três caracteres estudados, sendo que as oscilações não foram superiores a $\pm 5\%$ em torno da média geral dos respectivos caracteres.

Com relação às estimativas da c.g.c. para o caráter PT, as linhagens dente D_{29} e D_{13} , foram as que apresentaram os maiores valores ($\hat{g}_{29} = 0,370$ e $\hat{g}_{13} = 0,332$ em kg/parcela); sendo que as linhagens flint^{1/} F_5 e F_9 foram as que mais se destacaram nos três primeiros e nos três últimos conjuntos dialélicos ($\hat{g}_5 = 0,636$ e $0,372$ e $\hat{g}_9 = 0,418$ e $0,396$, em kg/parcela, respectivamente). Ressalta-se que as quatro linhagens (duas dente e duas flint), participam isoladamente como progenitoras de 15 dos 20 melhores híbridos, com relação ao caráter peso total de espigas (ver Tabela 19).

Quanto aos caracteres PE e PG, a linhagem dente D_{17} ($\hat{g}_{17} = 0,100$ para PG e $\hat{g}_{17} = 0,080$ para PE, em kg), foi a que mais se destacou quanto à c.g.c.; do mesmo modo, a linhagem flint F_5 foi a que apresentou os maiores valores nos três primeiros e nos três últimos conjuntos dialélicos ($\hat{g}_5 = 0,164$ e $0,144$ para PE e $\hat{g}_5 = 0,115$ e $0,111$ para

^{1/} Note-se que as 15 linhagens flint participam nos três primeiros e nos três últimos conjuntos dialélicos (ver item 3.2.1).

PE, em kg; respectivamente).

Foram obtidos coeficientes de correlação dos efeitos de capacidade geral de combinação entre os caracteres PT, PE e PG. Os valores foram de magnitude elevada em todos os casos, para linhagens dente (0,833, para PTxPE; 0,818, para PTxPG; e 0,983 para PExPG) e flint (0,926, para PTxPE; 0,929, para PTxPG; e 0,990 para PExPG).

4.9 - Estimativas dos Componentes da Variância Genética para Linhagens Dente e Flint, e para Interação Dente x Flint

Na Tabela 25, são apresentadas, para os caracteres de produção (PT, PE e PG), as estimativas dos componentes da variância genética com relação a linhagens dente (σ_d^2), flint (σ_f^2), e interação dente x flint (σ_{df}^2). Os dados são referentes a cada conjunto dialélico e análise agrupada (ver item 3.2.8).

As estimativas dos componentes da variância apresentaram diferenças expressivas entre conjuntos dialélicos, dentro de cada caráter estudado. Para o caráter PT tem-se que σ_d^2 , σ_f^2 e σ_{df}^2 variaram (em kg/parcela) de $8,41 \times 10^{-3}$ a $8,36 \times 10^{-2}$, $3,77 \times 10^{-2}$ a $1,81 \times 10^{-1}$ e $5,06 \times 10^{-3}$ a $5,26 \times 10^{-2}$, respectivamente.

Considerando-se as estimativas da análise agrupada, para o peso total de espigas, tem-se que: $\sigma_d^2 = 3,90 \times 10^{-2}$, $\sigma_f^2 = 1,12 \times 10^{-1}$ e $\sigma_{df}^2 = 2,65 \times 10^{-2}$, em $(\text{kg}/\text{parcela})^2$. Para os caracteres PE e PG obtiveram-se, respectivamente, os seguintes valores: $\sigma_d^2 = 1,41 \times 10^{-3}$ e $8,66 \times 10^{-4}$, $\sigma_f^2 = 7,20 \times 10^{-3}$ e $5,31 \times 10^{-3}$, e $\sigma_{df}^2 = 1,50 \times 10^{-3}$ e $1,13 \times 10^{-3}$, em $(\text{kg})^2$.

Nota-se, com relação aos valores obtidos na análise agrupada, que as estimativas de σ_d^2 e σ_{df}^2 são de mesma magnitude, sendo que os valores de σ_f^2 são de 3 a 5 vezes superiores a ambas as estimativas (σ_d^2 e σ_{df}^2): tal proporção foi observada para os três caracteres: PT, PE e PG.

4.10 - Estimativas dos Componentes da Variância Genética Interpopulacional

Na Tabela 26 estão contidas as estimativas dos componentes da variância genética aditiva e dominante ($\sigma_{A(12)}^2$ e $\sigma_{D_{12}}^2$) ao nível interpopulacional, para os caracteres peso total de espigas, peso de cinco espigas e peso de grãos.

Para peso total de espigas, as estimativas $\sigma_{A(12)}^2$ e $\sigma_{D_{12}}^2$ foram respectivamente $1,51 \times 10^{-1}$ e $2,65 \times 10^{-2}$,

em $(\text{kg/parcela})^2$ que, transformadas em $(\text{g/planta})^2$, correspondem a 242,25 e 42,46, respectivamente. Para os caracteres PE e PG, tem-se que $\sigma_{A(12)}^2 = 8,61 \times 10^{-3}$ e $6,17 \times 10^{-3}$ e $\sigma_{D_{12}}^2 = 1,50 \times 10^{-3}$ e $1,13 \times 10^{-3}$, em $(\text{kg})^2$, respectivamente; tais valores, transformados em $(\text{g/espiga})^2$, correspondem a 344,23 e 246,83, para $\sigma_{A(12)}^2$ e 59,85 e 45,35, para $\sigma_{D_{12}}^2$, respectivamente. Nota-se, para os três caracteres, que as estimativas de variância aditiva foram cerca de cinco vezes superiores às estimativas de variância dominante.

5. DISCUSSÃO

5.1 - Análise Geral e Precisão Experimental

O ano agrícola de 1982/83 foi considerado anormal sob o aspecto de ocorrência de ventos fortes e chuvas excessivas. Além disso também foram observadas irregularidades de stand, causada pela baixa qualidade das sementes, as quais foram obtidas por cruzamentos envolvendo linhagens com alto grau de endogamia. De fato, a condição braquítica aliada à alta depressão por endogamia dificultam a realização de cruzamentos e comprometem de certa forma a obtenção de quantidade suficiente de sementes. O efeito mais visível da condição braquítica das linhagens é sobre o porte da plan

ta; SCOTT e CAMPBELL (1969) constataram que a introdução de gene braquítico em linhagens endogâmicas causou uma redução de porte da ordem de 13% a 56% em relação às linhagens normais, as quais, por sua vez, já apresentam redução de porte devido a endogamia.

Apesar das condições experimentais relativamente desfavoráveis, obtiveram-se resultados plenamente satisfatórios do ponto de vista de precisão das estimativas. Os coeficientes de variação para os diversos caracteres foram da mesma ordem de magnitude observada por outros autores. Entre os caracteres estudados, aqueles ligados a produção são os mais sensíveis às variações ambientais, porém constatou-se que o peso de uma amostra de cinco espigas (PE) e seu respectivo peso de grãos (PG) apresentam coeficientes de variação apenas levemente superiores ao peso total de espigas da parcela (PT), sendo que em nenhum dos casos o CV ultrapassou o limite de 16%. Constatou-se também que a correção da produção total para as variações de "stand", através do método da covariância, foi eficaz para aumento da precisão experimental.

Para os caracteres PT, PE e PG, verificou-se uma boa consistência da média de testemunhas entre experimentos (Tabela 8), o que reflete a homogeneidade da área ex

perimental. As variâncias associadas ao erro experimental também foram relativamente homogêneas, não comprometendo, desta forma, as interpretações das análises agrupadas. Corroborando os demais resultados, constatou-se, finalmente, uma certa consistência da relação da média dos híbridos ($\bar{X}$) e a média das testemunhas ($\bar{T}$) entre experimentos. Tal concordância é esperada em certo grau devido à aleatorização amostral dos híbridos em cada experimento: entretanto, a variação proporcional observada para o caracter peso total de espigas foi menos consistente para os demais caracteres.

5.2 - Caracterização dos Híbridos e Inferências Correlatas

O propósito desta pesquisa foi de avaliar o potencial das populações base como fonte de híbridos comerciais; neste aspecto, os híbridos simples estudados são um reflexo do potencial de outras combinações híbridas. HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) apresentaram resultados obtidos por diversos autores sobre o comportamento de híbridos simples, duplos e triplos. De um modo geral, a média dos três tipos de híbridos não difere significativamen-

te; entretanto a variação genética é mais expressiva entre híbridos simples em relação aos demais, conforme constatado por JONES (1958) e WEATHERSPOON (1970). Do mesmo modo, STUBER *et alii* (1973) obtiveram resultados de acordo com a teoria (COCKERHAM, 1961) de que a variação entre híbridos simples é duas vezes a variação entre híbridos duplos sob um modelo estritamente aditivo, e que a vantagem em selecionar híbridos simples é maior à medida que aumenta a importância relativa dos efeitos não aditivos.

Entre os 120 híbridos simples avaliados, 57 foram superiores à testemunha (Piranão VD-2B), indicando que uma boa porcentagem de híbridos triplos e híbridos duplos seriam também superiores à testemunha. Alguns híbridos simples superiores foram cerca de 30 a 40% mais produtivos que a testemunha. Entre estes os mais expressivos foram $D_1.F_5$, $D_5.F_5$ e $D_{13}.F_{14}$ cujas produções em relação à testemunha foram de 138,7%, 131,2% e 130,8%, para peso total de espigas e 112,7%, 121,5% e 108,2% para peso de cinco espigas. De um modo geral, os resultados de produção são indicativos do potencial genético das populações Piranão VD-2B e Piranão VF-1B para a obtenção de híbridos. MIRANDA FILHO (1979) obteve conclusão semelhante com o estudo de híbridos crípticos ($S_0 \times S_0$) envolvendo as mesmas populações. MOTA (1985).

também com as mesmas populações, chegou a conclusões semelhantes estudando híbridos entre famílias de meios-irmãos, onde os melhores híbridos produziram de 132,5% a 154,4% em relação à testemunha. Os resultados de MOTA (1985) também mostraram que entre os híbridos potenciais (produções estimadas com base no comportamento médio das famílias em combinações híbridas) seria possível a obtenção de produções de até 184,8% em relação à testemunha.

Com relação aos demais caracteres, uma caracterização detalhada é apresentada para os 20 híbridos mais produtivos (Tabela 19), onde se pode visualizar combinações desejáveis de vários caracteres. Embora exista variação considerável destes caracteres, a seleção dos melhores híbridos invariavelmente seria entre os mais produtivos. Os caracteres altura da planta e altura da espiga são geralmente focalizados além da produtividade (MIRANDA FILHO, 1974); no presente caso, porém, sua importância é menos realçada por se tratar de híbridos braquíticos onde o problema do porte da planta é menos importante. O número de ramificações do pendão tem influência negativa na produtividade (GERALDI *et alii*, 1985), mas em uma combinação híbrida superior, o tamanho do pendão não chega a ser um caráter limitante. Quanto ao tempo para florescimento (masculino e feminino), o enfo-

que adquire maior ou menor importância, dependendo do interesse pela seleção de híbridos mais precoces ou mais tardios. No presente caso obtiveram-se híbridos tão precoces como o $D_{11}.F_{13}$ (61,4 dias) e tão tardios como o $D_{15}.F_{15}$ (74,6 dias) em relação ao florescimento masculino. Para florescimento feminino os híbridos: mais precoce ($D_{11}.F_{11}$: 64,7 dias) e o mais tardio ($D_{30}.F_{12}$: 79,2 dias) não foram os mesmos para o florescimento masculino, embora se tenha observado uma alta associação ($r = 0,76$) das duas medidas de florescimento. Os caracteres diâmetro de espiga e diâmetro de sabugo mostram também uma razoável variação entre híbridos (3,9 a 4,9 cm para DE; 2,3 a 3,0 cm para DS: respectivamente), e no presente caso são apresentados como informação complementar de caracterização.

Quanto aos coeficientes de correlação fenotípica obtidos ao nível de médias de híbridos para os diversos caracteres estudados (Tabela 22), os valores de maiores magnitudes foram obtidos entre produção e: peso de cinco espigas (0,830), peso de grãos da mesma amostra de cinco espigas (0,834); e entre peso de cinco espigas e peso de grãos (0,983). A literatura é escassa de estudos de correlação entre esses caracteres com a produção: porém entre produção (peso total de espigas) e peso de cinco espigas. AGUILAR MO

RÁN (1984) encontrou valores significativos, porém de magnitudes inferiores.

De uma maneira geral, os resultados obtidos foram concordantes com a literatura. O coeficiente de correlação entre altura de planta e altura de espiga (0,814) foi altamente positivo e significativo, semelhante às estimativas apresentadas por diversos autores, tais como, GHINI e MIRANDA FILHO (1979), SOUZA JR. *et alii* (1980b), HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981), LORDELO (1982); e de inferior magnitude ao apresentado por AGUILAR MORÁN (1984). Os caracteres ligados a produção (PT, PE e PG), apresentaram-se altamente associados com os caracteres altura de planta e altura de espiga, com magnitudes variando de 0,40 a 0,50. Estes valores foram superiores aos obtidos por SAMPAIO (1986); porém corroboram os resultados obtidos por LORDELO (1982) utilizando as mesmas populações estudadas (Piranão VD-2 e Piranão VF-1).

Entre peso total de espigas e número de ramificações do pendão, o coeficiente de correlação obtido foi estatisticamente significativo (-0,192). SOUZA JR. *et alii* (1980b) e GERALDI *et alii* (1985) encontraram valores de correlação fenotípica superiores e aproximados, respectivamente; porém no caso utilizaram famílias de meios irmãos.

As análises da variância mostraram alta significância para a variação entre híbridos simples em todos os experimentos, para os dez caracteres, mostrando a presença de variabilidade genética entre híbridos. De fato, a herdabilidade no sentido amplo (h^2) entre médias de híbridos (Tabela 21), confirmaram esta hipótese; para o peso total de espigas os valores de h^2 foram da ordem de 81,58 a 91,76%, que se coloca em magnitude sensivelmente superior em relação ao do coeficiente de herdabilidade (sentido restrito) para média de famílias de meios irmãos (LORDÊLO, 1982; SOARES e MIRANDA FILHO, 1986) e em relação à relação obtida para híbridos de famílias de meios irmãos (MOTA, 1985). De fato, esta relação era esperada porque a variação entre híbridos envolve toda a variância aditiva e dominante; ao passo que a variância entre famílias de meios irmãos expressa somente 1/4 da variância aditiva. Além disso, essa estimativa provém de um experimento com número grande de repetições, o que não é comum nos experimentos com famílias. Deste modo pode-se afirmar que a seleção entre híbridos simples em condições ambientais semelhantes a do presente trabalho resultará em alta eficiência, principalmente quando se utiliza um grande número de repetições, como no presente caso.

O desdobramento da análise da variância segundo um modelo de cruzamento dialélico, permitiram uma visualização sobre a variabilidade das linhagens flint e dente quanto aos seus efeitos de capacidade geral e capacidade específica de combinação (Tabela 23). Constatou-se alta significância ($p < 1\%$) para as diferenças de capacidade geral de combinação para os dois conjuntos de linhagens (dente e flint) em todos os experimentos, com relação à produção total de espigas e em menores níveis de significância para os caracteres PE e PG (peso de espigas e de grãos da amostra de cinco espigas). Verifica-se contudo que a variação entre linhagens flint foi consistentemente maior do que as linhagens dente em todos os experimentos. LORDÊLO (1982) obteve estimativas da variância genética aditiva para peso de espigas de $1,725 \times 10^3$ e $1,995 \times 10^3$ em (kg/parcela) para Piranão VF-1 e Piranão VD-2, respectivamente. Do mesmo modo, SOARES FILHO e MIRANDA FILHO (1986) relataram variâncias de 377,0 e 440,9, em (g/planta)², respectivamente, para Piranão VF-1B e Piranão VD-2B. Os resultados indicam que a seleção de linhagens na população Piranão VF-1B pode ser mais efetiva do que em Piranão VD-2B, devido a difere

rença de variabilidade livre, desde que as linhagens tenham sido avaliadas em cruzamento com a população contrastante. De fato a estrutura genética da população usada como testador interfere na expressão de variabilidade das linhagens em cruzamento (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981).

Quanto aos efeitos de capacidade geral de combinação para o caráter peso total de espigas, obtiveram-se as maiores estimativas para as linhagens D_{29} ($\hat{g}_{29} = 0,570$ kg/parcela) e D_{13} ($\hat{g}_{13} = 0,332$ kg/parcela), do grupo dente e F_5 ($\hat{g}_5 = 0,636$ kg/parcela) e F_9 ($\hat{g}_9 = 0,418$ kg/parcela), do grupo flint; nota-se que existe uma correspondência deste caráter para os caracteres PE e PG com relação à magnitude das estimativas de capacidade geral de combinação, e isto é plenamente justificado pela alta correlação dos efeitos de capacidade geral de combinação entre esses caracteres e o peso total de espigas, para os dois grupos de linhagens. Tais resultados indicam que estas linhagens apresentam comportamento superior quando em combinações híbridas, pelo menos em relação ao conjunto de linhagens estudado. De fato, embora a capacidade geral de combinação seja um atributo inerente da própria constituição genética da linhagem, o seu valor relativo depende do conjunto de linhagens a que ela pertence (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981), bem como da dimensão do conjunto dialélico estudado (VENCovsky, 1970).

Um aspecto que deve ser salientado é que as linhagens flint foram avaliadas em cruzamento com dois conjuntos de linhagens dente. Entretanto, verificou-se que as estimativas de capacidade geral de combinação das linhagens flint obtidas nos dois conjuntos de cruzamentos apresentaram-se consistentes. Portanto, no presente caso a diferença de um conjunto para outro não tem influência expressiva na determinação da capacidade de combinação das linhagens. Devido ao fato que os conjuntos de linhagens dente tomados para cruzamentos com cada uma das linhagens flint, foram tomados aleatoriamente da mesma população. Sendo que neste caso também não houve influência devido a diferenças de dimensão dos esquemas de cruzamento para as duas estimativas de c.g.c. obtidas de conjuntos diferentes (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981).

Os efeitos da interação dente x flint (capacidade específica de combinação) foram menos expressivos em todos os experimentos, embora significativos em alguns casos. De qualquer modo, os resultados levam a concluir que o comportamento de híbridos quanto à produção (PT, PE e PG) é menos dependente das interações entre linhagens. Ao nível de cruzamentos entre populações também tem sido observado que a capacidade específica de combinação é menos importante na

expressão do caráter produção de grãos (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981).

O esquema de cruzamentos utilizado para análise da capacidade de combinação tem por base o modelo de cruzamento em dialélico parcial. Porém, considerando-se que as linhagens representam amostras aleatórias das respectivas populações, o esquema de análise da variância adapta-se ao Delineamento II de COMSTOCK e ROBINSON (1948), onde os efeitos de machos e fêmeas e interação macho x fêmea são aqui substituídos pelos efeitos de linhagens flint, dente e flint x dente. Desta forma, obtiveram-se estimativas das variâncias genéticas aditiva e dominante ao nível interpopulacional. Para os caracteres peso total de espigas, peso de espigas e peso de grãos (de uma amostra de cinco espigas), as estimativas da variância aditiva (242,25; 344,23; e 246,83, em $(g/planta)^2$ e $(g/espiga)^2$, respectivamente), foram menores do que as obtidas por MIRANDA FILHO (1979) e MOTA (1985) para as mesmas populações. Entretanto, foram da mesma ordem de magnitude das estimativas obtidas por diversos autores envolvendo outras populações, conforme levantamento apresentado por SOUZA JR. (1983). Segundo este autor, as estimativas da variância aditiva variaram de 158,02 a 277,36 $(g/planta)^2$ em trabalhos relatados por PATERNIANI e VENCovsky (1978).

SOUZA JR. *et alii* (1980a) e MIRANDA FILHO e PATEPNIANI (1983). Quanto às populações base aqui referidas, constatou-se que o componente da variância aditiva associado às linhagens flint foi de maior magnitude do que o componente associado às linhagens dente, em concordância com a variação para capacidade geral de combinação, conforme já discutido. Quanto à variância dominante, esta apresenta-se sensivelmente menor do que a variância aditiva, indicando um nível de dominância parcial para os genes que controlam o caráter produção. Ao nível interpopulacional, a magnitude de variância dominante em relação à aditiva oscila na faixa de dominância parcial, conforme estimativas apresentadas por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981). A variância dominante aqui apresentada tem relação direta com o efeito de capacidade específica de combinação ou interação dente x flint (Tabela 23) e como tal mostra que a seleção de híbridos mais heteróticos pode ser efetiva no conjunto estudado.

5.3 - Aspectos Metodológicos

O primeiro esquema de avaliação de linhagens em combinações híbridas foi o de cruzamentos específicos utilizados nos trabalhos de SHULL (1909) e EAST (1909). Com a sugestão de JONES (1918) para utilização de híbridos duplos, introduziram-se algumas modificações de metodologia, mas as avaliações das linhagens continuaram a ser com base em cruzamentos específicos, geralmente envolvendo todas as $n(n-1)/2$ combinações possíveis entre um conjunto de n linhagens. DAVIS (1927) propôs o uso do "topcross" (cruzamento de linhagens com um testador comum) para a avaliação de linhagens em combinações híbridas. JENKINS e BRUNSON (1932) relataram sobre a eficiência do uso de "topcross" para seleção de linhagens endogâmicas. Um problema que ainda persiste sobre o uso do "topcross" é o que se refere à escolha do testador adequado; este aspecto tem merecido muita discussão e revisões detalhadas são apresentadas por HALLAUER (1975), HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981), LOPES-PEREZ (1979) e AGUILAR MORÁN (1984).

No presente trabalho, colocou-se como objetivo principal a avaliação de linhagens endogâmicas de duas populações de milho braquítico em combinações híbridas, bem

como a caracterização e perspectivas de utilização dos híbridos resultantes. Para esse fim utilizou-se uma nova metodologia de modo que, como objetivo secundário deste trabalho, coloca-se a avaliação experimental do esquema proposto.

A metodologia aqui utilizada tem por base o esquema de dialélico parcial (VENCOVSKY, 1978) que por sua vez se assemelha ao delineamento II de COMSTOCK e ROBINSON (1948) para conjuntos aleatórios de linhagens. Tal esquema de cruzamentos também foi utilizado por OBILANA *et alii* (1979), mas com o objetivo de estimar componentes de variância. O ponto fundamental do esquema aqui proposto é que em um esquema de cruzamento dialélico $k \times k$, cada linhagem de um conjunto é avaliada em cruzamentos com k linhagens do outro conjunto tomada aleatoriamente. Para um número grande de linhagens, subdividir o conjunto total em sub-conjuntos de tamanho k e realizar os cruzamentos $k \times k$, tomando-se aleatoriamente os sub-conjuntos. A eficiência deste esquema de avaliação será tanto maior quanto menor for a contribuição da capacidade específica de combinação na expressão dos híbridos. Uma maneira direta de se avaliar esta eficiência é através do coeficiente de determinação (r^2) em relação ao modelo reduzido que não inclui a capacidade específica de combinação. No presente caso obtiveram-se valores de r^2 de 70 a 90%, 73 a 88% e 73 a 89%, para PT, PE e PG, respectivamente.

mente, deste modo mostrando que a expressão de um híbrido pode ser predita com razoável precisão com base na capacidade geral de combinação das linhagens.

No esquema utilizado, além do valor genético das linhagens envolvidas também são avaliadas combinações híbridas específicas (híbridos simples), cujos resultados de seleção são imediatos, isto é, as melhores combinações híbridas são prontamente identificadas. Assim, para n sub-conjuntos de k linhagens de cada população, são possíveis n^2k^2 híbridos simples; fazendo-se a avaliação de n conjuntos de cruzamentos $k \times k$, avaliam-se diretamente nk^2 híbridos simples. Portanto, proporcionalmente, $1/n$ dos híbridos simples possíveis são avaliados diretamente. Por exemplo, para seis conjuntos 5×5 são envolvidas 30 linhagens de cada população que dariam origem a 900 híbridos simples; destes 150 (correspondentes a $1/n = 1/6$) são avaliados diretamente. Deste modo, de um total de n^2k^2 híbridos simples, nk^2 são avaliados diretamente e $nk^2(n-1)$ são avaliados indiretamente pela capacidade geral de combinação das respectivas linhagens envolvidas. A utilização desta metodologia permite ainda a previsão de híbridos duplos com base na avaliação experimental dos híbridos simples. Deste modo, a partir de nk^2 híbridos simples avaliados é possível a predição de médias de nk^4 híbridos duplos.

Um aspecto da metodologia proposta, mas que não foi explorado no presente trabalho, refere-se à avaliação de novas combinações híbridas, utilizando-se linhagens aparentadas às aquelas selecionadas na primeira fase. Este esquema pode ser funcional quando se dispõem de linhagens cujas genealogias são conhecidas. Assim, na primeira fase são tomadas linhagens não aparentadas por descendência (originadas de plantas S_0 independentes) de cada população, as quais serão selecionadas com base no seu comportamento em combinações híbridas, conforme o esquema já exposto. As linhagens assim selecionadas podem apresentar linhagens aparentadas em maior ou menor grau (parentesco em S_1 , S_2 , ..., etc.; de acordo com o esquema genealógico), que não participaram da primeira fase de avaliação. Por exemplo, se a combinação híbrida $D_5.F_3$ for superior na primeira avaliação, devem existir linhagens aparentadas, D_{5a} , D_{5b} , ..., etc., e F_{3a} , F_{3b} , ..., etc., que em combinação podem resultar em híbridos superiores a $D_5.F_3$. Procura-se, deste modo, explorar com mais profundidade a capacidade específica de combinação. Neste exemplo as duas fases de avaliação são apresentadas como segue:

1. ^a FASE						2. ^a FASE				
Linha gens	F ₁	F ₂	F ₃	F ₄	F ₅	Linha gens	F ₃	F _{3a}	F _{3b}	F _{3c}
D ₁						D ₅				
D ₂						D _{5a}				
D ₃						D _{5b}				
D ₄						D _{5c}				
D ₅						D _{5d}				
			X					X		

X: Híbridos selecionados

Em resumo, a metodologia proposta neste trabalho envolve as seguintes etapas, para avaliação completa de um conjunto de linhagens:

1. Identificação das linhagens não aparentadas, com base na genealogia.
2. Subdivisão do conjunto de linhagens de cada população em n subconjuntos de k linhagens. Combinação aleatória dos subconjuntos das duas populações.
3. Realização dos cruzamentos k x k para os n pares de subconjuntos.
4. Avaliação experimental dos nk^2 híbridos simples. Identificação das combinações híbridas superiores e

das linhagens com maior capacidade geral de combinação.

5. Reavaliação dos híbridos simples superiores juntamente com outras combinações híbridas envolvendo as linhagens aparentadas das linhagens paternas dos híbridos superiores. Ao mesmo tempo são avaliadas outras combinações híbridas envolvendo as linhagens mais promissoras quanto à capacidade geral de combinação, o que equivale avaliar combinações híbridas selecionadas com base nas médias estimadas.
6. Permite a previsão de híbridos duplos a partir do comportamento dos híbridos simples avaliados experimentalmente, embora não se tenha explorado este aspecto neste trabalho.

Ainda com relação a aspectos metodológicos, convém salientar que foi utilizado um novo critério de avaliação de híbridos, através de uma amostra aleatória de cinco espigas em cada parcela, as correlações fenotípicas avaliadas nos híbridos simples entre os caracteres peso total de espigas e: peso de cinco espigas (0,830), e peso de grãos (0,834) da mesma amostra de cinco espigas, foram altamente significativas. Do mesmo modo, as correlações dos efeitos

de capacidade de combinação, foram altas e significativas para linhagens dente ($r_{PT,PE} = 0,830$ e $r_{PT,PG} = 0,818$) e flint ($r_{PT,PE} = 0,926$ e $r_{PT,PG} = 0,929$). Esses resultados indicam que o uso de parcelas reduzidas pode ser eficiente nos trabalhos de seleção, conforme preconizado por CHAVES (1985). Portanto, esse critério pode eventualmente ser utilizado com segurança numa avaliação de híbridos simples.

6. CONCLUSÕES

As interpretações dos resultados obtidos nas condições do presente trabalho permitem apontar as seguintes conclusões:

a. A obtenção de híbridos simples mais produtivos que a testemunha (cerca de 50%), refletiu o bom potencial do conjunto de linhagens das duas populações, para obtenção de híbridos duplos e triplos de alta produtividade.

b. Os altos valores obtidos para relação variância genética/variância fenotípica evidenciam a presença de alta variabilidade de híbridos simples entre as duas populações estudadas.

c. As altas significâncias ($p < 1\%$) verificadas entre as diferenças de capacidade geral de combinação refletem uma alta variabilidade para os dois conjuntos de linhagens (dente e flint) em cruzamento, sendo que a variação entre linhagens flint apresentou-se consistentemente maior do que entre linhagens dente em todos os experimentos.

d. A variabilidade da interação, que reflete a capacidade específica de combinação, revelou-se menos expressiva; isto foi confirmado pelos altos valores do coeficiente de determinação (r^2) obtidos para todos os experimentos.

e. Estimativas da variância aditiva interpopulacional mostra possibilidades de seleção recorrente recíproca, quanto de seleção de híbridos.

f. Correlações fenotípicas entre caracteres avaliados nos híbridos simples revelaram-se de magnitudes semelhantes às relatadas na literatura para progênies.

g. A avaliação da produção total de espigas da parcela, através de uma amostra aleatória de cinco espigas parece ser um critério eficiente, haja visto que as correlações obtidas entre peso total de espigas e peso de cinco espigas foram estatisticamente significativas e de magnitudes elevadas (0,83 a 0,93). Desta forma este procedimento pode ser utilizado com segurança na avaliação de híbridos simples.

h. A análise e obtenção dos componentes da variância para o esquema de dialético parcial incompleto, utilizado neste estudo, pode ser obtida através do processo geral de análise para dados não balanceados, proposto por HARVEY (1979).

i. A metodologia desenvolvida neste trabalho pode ser considerada altamente eficiente tanto do ponto de vista prático, como teórico, pois permite:

- 1) A partir de um conjunto de n linhagens, avaliar o comportamento médio de cada linhagem em cruzamento com k linhagens, que dá uma idéia da capacidade de combinação das linhagens em cruzamento, ao mesmo tempo em que pode se detectar combinações específicas promissoras, que poderiam ser utilizadas posteriormente para obtenção de híbridos duplos. Portanto, esta metodologia permite obter-se mais informação que o procedimento normal que seria uso do "topcross".
- 2) Prever os demais híbridos simples possíveis entre as linhagens das duas populações, na medida que a capacidade específica de combinação seja inexpressiva. A eficiência desta previsão é medida pelo coeficiente de determinação (r^2).

- 3) Fazer inferências genéticas relativas ao conjunto de linhagens e respectivas populações, através da obtenção de estimativas de parâmetros genéticos componentes de médias (GCC e CEC) e de variâncias (σ_d^2 , σ_f^2 e σ_{df}^2); e do cálculo de estimativas de variâncias genéticas interpopulacionais.

7. BIBLIOGRAFIA

ANDRÉS, J.M. e P.C. BASCIALLI, 1940. Híbridos comerciales de milho. Instituto de Genética, 1: 3-20.

AGUILLAR MORÁN, J.F., 1984. Avaliação do potencial genético de linhagens e respectivos testadores obtidos de duas populações de milho (Zea mays, L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 117 p. (Dissertação de Mestrado).

ANDRADE, J.A.C. e J.B. MIRANDA FILHO, 1979. Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres do pendão na população ESALQ PB 1 de milho. Rel. Cient. I. Gen., Piracicaba, 13: 15-21.

ANDRADE, J.A.C. e J.B. MIRANDA FILHO, 1980. Correlações genéticas e fenotípicas envolvendo caracteres da planta e do pendão do milho. Rel. Cient. I. Gen., Piracicaba, 14: 5-10.

- BROWN, W.L., 1967. Results of non-selective inbreeding in maize. Der Züchter, New York, 37: 155-9.
- CAMPOS, M.S., 1966. Efeitos da seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos em duas populações de milho. Piracicaba, ESALQ/USP, 42 p. (Dissertação de Mestrado).
- CARMO, C.M., 1969. Avaliação de meios irmãos em populações heterogêneas de milho (Zea mays, L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 48 p. (Dissertação de Mestrado).
- COCKERHAM, C.C., 1961. Implications of genetic variances in a hybrid breeding program. Crop Science, Madison, 1: 47-52.
- COMSTOCK, R.E. e H.F. ROBINSON, 1948. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. Biometrics, Raleigh, 4: 254-66.
- COMSTOCK, R.E. e H.F. ROBINSON, 1952. Estimation of average dominance of genes. In: GROWEN, J.W. Heterosis, Ames, Iowa State College Press, p. 494-516.
- 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. Agronomy Journal, Madison, 41: 360-7.
- COWAN, J.R., 1943. The value of double cross hybrids involving inbreds of similar and diverse genetic origin. Sci. Agric., Ottawa, 23: 287-96.

- CRISÓSTOMO, J.R., 1978. Estimaco de parmetros genticos em duas populaes de milho (Zea mays, L.). Piracicaba, ESALQ/USP. 71 p. (Dissertao de Mestrado).
- CUNHA, M.A.P., 1976. Seleo entre e dentro de famlias de meios irmos no milho (Zea mays, L.) ESALQ HV-1. Piracicaba, ESALQ/USP, 84 p. (Dissertao de Mestrado).
- DAVIS, R.L., 1927. Report of the plant breeder. Rep. Puerto Rico Agric. Exp. Stn., p. 14-15.
- DUNCAN, W.G.; W.A. WILLIAMS e R.S. LOOMIS, 1967. Tassels and the productivity of maize. Crop Science, Madison, 7: 37-9.
- EAST, E.M., 1909. The distinction between development and heredity in inbreeding. Am. Naturalist, Lancaster, 43: 173-81.
- ECKARDT, R.C. e A.A. BRYAN, 1940a. Effect of method of combining four inbred lines of a double cross of maize upon the yield and variability of the resulting double crosses. J. Am. Soc. Agron., Madison, 32: 347-53.
- ECKARDT, R.C. e A.A. BRYAN, 1940b. Effect of the method of combining two early and two late inbred lines of corn upon the yield and variability of the resulting double crosses. J. Am. Soc. Agron., Madison, 32: 645-56.

- EL-LAKANY, M.A. e W.A. RUSSEL, 1971. Relations of maize characters with yield in test crosses of inbreds at different plant densities. Crop Science, Madison, 11: 699-701.
- FALCONER, D.S., 1964. Introduction to Quantitative Genetic. 3^a imp. New York, The Ronald Press Company, 365 p.
- FEDERER, W.T. e G.F. SPRAGUE, 1947. A comparison of variance components in corn yield trials. I. Error, tester x line and line components in top-cross experiments. J. Am. Soc. Agron., Madison, 39: 453-63.
- GAMA, E.E.G. e A.R. HALLAUER, 1977. Relation between inbred and hybrid traits in maize. Crop Science, Madison, 17: 703-6.
- GERALDI, I.O., 1977. Estimaco de parmetros genticos de caracteres de pendo em milho (Zea mays, L.) e perspectivas de melhoramento. Piracicaba, ESALQ/USP, 103 p. (Dissertao de Mestrado).
- GERALDI, I.O.; J.B. MIRANDA FILHO e R. VENCovsky, 1977. Estimaco de parmetros genticos de caracteres do pendo em milho (Zea mays, L.) e perspectivas de melhoramento. Rel. Cient. I. Gen., Piracicaba, 11: 63-70.
- GERALDI, I.O.; J.B. MIRANDA FILHO e R. VENCovsky, 1985. Estimates of genetics parameters for tassel caracteres in maize (Zea mays, L.) and breeding perspectives. Maydica, Bergamo, 30: 1-14.

- GHINI, R. e J.B. MIRANDA FILHO, 1979. Herdabilidade da altura da planta e da espiga no segundo ciclo de seleção da população ESALQ-PB1 de milho. Rel. Cient. Depto. I. Gen., Piracicaba, 13: 130-38.
- GOODMAN, M.N., 1979. Maize. In: SIMMONDS, N.W. Ed. Evolution of crop plants. Edinburgh, Longman, p. 128-36.
- GOODRICH, C.L.; R.E. STUCKER e W.A. COMPTON, 1975. Average gene frequency estimates in two open-pollinated cultivars of corn. Crop Science, Madison, 15: 746-9.
- GREEN, J.M., 1948a. Relative value of two testers for estimating topcross performance in segregating maize populations. J. Am. Soc. Agron., Madison, 40: 45-57.
- GREEN, J.M., 1948b. Inheritance of combining ability in maize hybrids. J. Am. Soc. Agron., Madison, 40: 56-63.
- GRIFFIN, J.B., 1953. An analysis of tomato yield components in terms of genotypic and enviromental effects. Iowa Agric. Exp. Stn. Res. Bull. 397.
- GRIFFING, B. e E.W. LINDSTROM, 1954. A study of combining abilities of corn inbreds having varying proportions of Corn Belt and Non-Corn Belt germ plasm. Agronomy Journal, Madison, 46: 545-52.
- HALLAUER, A.R., 1975. Relation of gene action and type of tester in maize breeding procedures. Proc. Annu. Corn and Sorghum Res. Conf., Washington, 30: 150-65.

- HALLAUER, A.R. e J.B. MIRANDA FILHO, 1981. Quantitative Genetics in Maize Breeding, Ames, Iowa State University Press, 468 p.
- HARVEY, W.R., 1979. Least-square analysis of data with unequal subclass numbers. Publicação didática do Department of Dairy Science, Ohio State University, Columbus, 157 p. (Mimeografado).
- HAYES, H.K., 1926. Present day problems of corn breeding. J. Am. Soc. Agron., Madison, 18: 344-63.
- HAYES, H.K., 1963. A Professor's story of hybrid corn. Burgess. Minneapolis.
- HAYES, H.K. e I.J. JOHNSON, 1939. The breeding of improved selfed lines of corn. J. Am. Soc. Agron., Madison, 31: 710-24.
- HORNER, E.S.; W.H. CHAPMAN; M.C. LUTRICK e H.W. LUNDY, 1969. Comparison of selection based on yield of topcross progenies and S₂ progenies in maize (Zea mays L.). Crop Science, Madison, 9: 539-43.
- HUNTER, R.B.; T.B. DAYNARD; D.J. HUME; J.W. TANNER; J.D. CURTIS e L.W. KANNENBERG, 1969. Effect of tassel removal on grain yield of corn (Zea mays L.). Crop Science, Madison, 9: 405-6.

- JENKINS, M.T., 1929. Correlation studies with inbred and crossbred strains of maize. J. Agric. Res., 59: 677-721.
- 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., Ames, 3: 429-50.
- JENKINS, M.T., 1940. The segregation of genes affecting yield of grain in maize. J. Am. Soc. Agron., Madison, 32: 55-63.
- JENKINS, M.T., 1942. Results of the cooperative uniform comparisons of corn hybrids, 1941. U.S. Dept. Agr. (Mimeografado).
- JENKINS, M.T. e A.M. BRUNSON, 1932. Methods of testing inbred lines of maize in crossbred combinations. J. Am. Soc. Agron., Madison, 24: 523-30.
- JOHNSON, I.J. e H.K. HAYES, 1936. The combining ability of inbred lines of Golden Bantam sweet corn. J. Am. Soc. Agron., Madison, 28: 246-52.
- JOHNSON, I.J. e H.K. HAYES, 1940. The value in hybrid combinations of inbred lines of corn selected from single-crosses by the pedigree method. J. Am. Soc. Agron., Madison, 32: 479-85.
- JONES, D.F., 1918. The effects of inbreeding upon development. Connecticut Agric. Exp. Stn. Bull., 207: 5-100.

- JONES, D.F., 1920. Selection in self-fertilized lines as the basis for corn improvement. J. Am. Soc. Agron., Madison, 12: 77-100.
- JONES, D.F., 1922. The productiveness of single and double-cross first generation hybrid. J. Am. Soc. Agron., Madison, 14: 241-52.
- JONES, D.F., 1958. Heterosis and homeostasis in evolution and applied genetics. Am. Naturalist, Lancaster, 82: 321-28.
- JORGENSEN, L. e H.E. BREWBAKER, 1927. A comparison of selfed lines of corn and first generation crosses between them. J. Am. Soc. Agron., Madison, 19: 819-30.
- KELLER, K.R., 1949. A comparison involving the number of and relationships between testers in evaluating inbred lines of maize. Agronomy Journal, Madison, 41: 323-31.
- KIESSELBACH, T.A., 1922. Corn investigations. Nebraska Agric. Exp. Stn. Res. Bull., Nebraska, 20: 5-151.
- KOVACS, I., 1970. Some methodological problems of the production of inbred lines. In: KOVACS, I., Ed., Some Methodological Achievements of the Hungarian Hybrid Maize Breeding, Akademiai Kiado, Budapest, p. 54-72.
- LIMA, M. e E. PATERNIANI, 1977. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em progênies de meios irmãos de milho (Zea mays L.) ESALQ VD-2 MI-HSIII e suas implicações no melhoramento. Rel. Cient. I. Gen., Piracicaba, 11: 84-9.

- LINDSTRON, E.W., 1931. Prepotency of inbred lines on commercial varieties of maize. Jour. Am. Soc. Agron., Madison, 23: 652-61.
- LONNQUIST, J.H., 1949. The development and performance of synthetic varieties of corn. Agronomy Journal, Madison, 41: 153-6.
- LONNQUIST, J.H., 1950. The effect of selection for combining ability within segregating lines of corn. Agronomy Journal, Madison, 42: 503-8.
- LONNQUIST, J.H. e M.D. RUMBAUBH, 1958. Relative importance of test sequence for general and specific combining ability in corn breeding. Agronomy Journal, Madison, 50: 541-4.
- LONNQUIST, J.H. e C.O. GARDNER, 1961. Heterosis in inter-varietal crosses in maize and its implication in breeding procedures. Crop Science, Madison, 1: 179-83.
- LONNQUIST, J.H. e M.F. LINDSEY, 1964. Topcross versus S_1 line performance in corn (Zea mays, L.). Crop Science, Madison, 4: 580-4.
- LOPES-PEREZ, E., 1979. Comparisons among five different testers for the evaluation of unselected lines of maize (Zea mays, L.). Ames, Iowa State University, 151 p. (Ph.D. Thesis).

- LORDÊLO, J.A.C., 1982. Parâmetros genéticos das populações de milho Piranão VD-2 e Piranão VF-1. Piracicaba, ESALQ/USP, 63 p. (Dissertação de Mestrado).
- MANGELSDORF, P.C., 1965. The evolution of maize. In: HUTCHINSON, J.B., Ed. Essays on Crop Plant Evolution. Cambridge University Press, p. 23-49.
- MATZINGER, D.F., 1953. Comparison of three types of testers for evaluation of inbred lines of corn. Agronomy Journal, Madison, 45: 493-95.
- MIRANDA FILHO, 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 FILHO, J.B., 1977. Avaliação de famílias de meios irmãos na população ESALQ PB-1. Rel. Cient. I. Gen. Piracicaba, 11: 90-4.
- MIRANDA FILHO, J.B., 1979. Avaliação de híbridos "cripticos" $S_0 \times S_0$ entre duas populações de milho braquítico. Rel. Cient. Depto. I. Gen., Piracicaba, 13: 159-71.
- MIRANDA FILHO, J.B. e R. VENCovsky, 1972. Estimativas da variância genética aditiva de diversas populações locais. Rel. Cient. I. Gen. Piracicaba, 6: 61-6.

- MIRANDA FILHO, J.B. e E. PATERNIANI, 1983. Intra and inter population genetic parameter estimates and implications in selection. Rev. Brasil. Genet., Ribeirão Preto, 6: 15-27.
- MIRANDA FILHO, J.B.; E. PATERNIANI e R. VENCovsky. 1974. Variância genética da altura da planta e da espiga em dois compostos de milho e suas implicações no melhoramento. Rel. Cient. Depto. I. Gen., Piracicaba, 8: 104-8.
- MOTA, M.G.C., 1984. Potencialidade de um novo sistema de cruzamento a nível interpopulacional com progênies de meios-irmãos de milho (Zea mays, L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 156 p. (Tese de Doutorado).
- MORO, J.R., 1980. Estudo crítico dos métodos de obtenção e avaliação de linhagens de milho. Piracicaba, ESALQ/USP, 46 p. (Monografia).
- MURTY, G.S. e N.N. ROY, 1957. Study of the Indian collection of maize varieties with reference to the relationship between yield and other characters. Indian Journ. Gen. Plant Breed., New Delhi, 17: 73-89.
- NILSSON-LEISSNER, G., 1927. Relation of selfed strains of corn to F_1 crosses between them. J. Am. Soc. Agron., Madison, 19: 440-54.
- OBILANA, A.T. e A.R. HALLAUER, 1974. Estimating of variability of quantitative traits in BSSS by using unselected inbred lines. Cron Science, Madison, 14: 99-103.

- OBILANA, A.T.; A.R. HALLAUER e O.S. SMITH, 1979. Estimated genetic variability in a maize interpopulation. Journal of Heredity, Washington, 70: 127-32.
- OSLER, R.D.; E.J. WELLHAUSEN e G. PÁLACIOS, 1958. Effect of visual selection during inbreeding upon combining ability in corn. Agronomy Journal, Madison, 50: 45-8.
- PATERNIANI, E., 1967. Selection among and within half-sib families in a brasilian population of maize (Zea mays L.). Crop Science, Madison, 7: 212-16.
- PATERNIANI, E. e J.H. LONNQUIST, 1963. Heterosis in interracial crosses of maize (Zea mays, L.). Crop Science, Madison, 3: 504-7.
- PATERNIANI, E. e R. VENCOVSKY, 1978. Reciprocal recurrent selection based on half-sib progenies and prolific plants in maize (Zea mays L.). Maydica, Bergamo, 23: 209-19.
- PATERNIANI, E.; J.R. ZINSLY e J.B. MIRANDA FILHO, 1977. Populações melhoradas de milho obtidas pelo Instituto de Genética. Rel. Cient. Depto. I. Gen., Piracicaba, 70: 90-4.
- PAYNE, K.T., 1948. A comparison of combining ability in F_2 and F_3 lines. University of Minnesota. (Ph.D. Thesis).
- QUEIROZ, M.A., 1969. Correlações genéticas e fenotípicas em progênies de meios irmãos de milho e suas implicações no melhoramento. Piracicaba, ESALQ/USP, 71 p. (Dissertação de Mestrado).

- RAWLINGS, J.O. e D.L. THOMPSON, 1962. Performance level as criterion for the choice of maize testers. Crop Science, Madison, 2: 217-20.
- RICHEY, F.D., 1924. Effects of selection on the yield of a cross between varieties of corn. USDA Bull., 1209:1-19.
- RICHEY, F.D., 1945. Isolating better foundation inbreds for use in corn hybrids. Genetics, Austin, 30: 455-71.
- RICHEY, F.D. e L.S. MAYER, 1925. The productiveness of successive generations of self-fertilized lines of corn and of crosses between them. USDA Bull., 1354: 1-18.
- RISSI, R. e E. PATERNIANI, 1981. Estimates of genetics parameters in two sub-populations of the variety of maize (Zea mays L.) Piranão. Rev. Bras. Gen., Ribeirão Preto, 4: 579-92.
- ROBINSON, H.F.; R.E. COMOSTOCK e P.H. HARVEY, 1951. Genotypic and phenotypic correlation in corn and their implications in selections. Agronomy Journal, Madison, 43: 282-7.
- RUSSEL, W.A. e A.H. TEICH, 1967. Selection in Zea mays L. by imbred line appearance and test-cross performance in low and high densities. Iowa Agric. Home Econ. Exp.Stn. Res. Bull., 552: 919-46.

- SAMPAIO, N.F., 1986. Propriedades genéticas e potencial para o melhoramento dos compostos de milho (Zea mays, L.) ESALQ PB-4 e ESALQ PB-5. Piracicaba, ESALQ/USP, 105 p. (Dissertação de Mestrado).
- SCOTT, G.E. e C.M. CAMPBELL, 1969. Internode length in normal and brachytic-2 maize inbred and single crosses. Crop Science, Madison, 9: 293-5.
- SHULL, G.H., 1909. A pure line method of corn breeding. American Breeders Association Report, 5: 51-9.
- SILVA, J.C., 1969. Estimativas dos efeitos gênicos epistáticos em cruzamentos intervarietais de milho e suas gerações avançadas. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa, 61 p. (Dissertação de Mestrado).
- SINGLETON, W.R. e O.R. NELSON, 1945. The improvement of naturally cross-pollinated plants by selection in self-fertilized lines. IV. Combining ability of successive generations of inbred sweet corn. Conn. Agric. Exp. Stn. Bull., 490: 458-98.
- SOARES FILHO, W. e J.B. MIRANDA FILHO, 1986. Milhos braquíticos: perspectivas de melhoramento relativas às populações Piranão VD-2B e Piranão VF-1B, 13 p. (apresentado na 38ª Reunião da Sociedade Brasileira para o Progresso da Ciência, Curitiba).
- 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.; I.O. GERALDI e J.R. ZINSLY, 1980a. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de alguns caracteres na população de milho (Zea mays L.) Suwan. Rel. Cient. Depto. I. Gen., Piracicaba, 14: 139-145.
- SOUZA JR., C.L.; I.O. GERALDI e J.R. ZINSLY, 1980b. Correlações genéticas e fenotípicas entre seis caracteres da população de milho (Zea mays L.) Suwan. Rel. Cient. Depto. I. Gen., Piracicaba, 14: 146-52.
- SOUZA JR., C.L.; J.B. MIRANDA FILHO e J.R. ZINSLY, 1980c. Potencial genético de dois compostos de milho (Zea mays L.) para obtenção de híbridos. Rel. Cient. Depto. I. Gen., Piracicaba, 14: 153-62.
- SPRAGUE, G.F., 1939. An estimation of the number of top-crossed plants required for adequate representation of a corn variety. J. Am. Soc. Agron., Madison, 31: 11-6.
- SPRAGUE, G.F., 1946. Early testing of inbred lines of corn. J. Am. Soc. Agron., Madison, 38: 107-17.
- SPRAGUE, G.F. e A.A. BRYAN, 1941. The segregation of genes affecting yield prepotency, lodging, and disease resistance in F_3 and F_4 lines of corn. J. Am. Soc. Agron., Madison, 33: 207-14.
- SPRAGUE, G.F. e L.A. TATUM, 1942. General vs. specific combining ability in single crosses of corn. J. Am. Soc. Agron., Madison, 34: 923-32.

- SPRAGUE, G.F. e P.A. MILLER, 1952. The influence of visual selection during inbreeding on combining ability in corn. Agronomy Journal, Madison, 44: 258-62.
- STEEL, R.G.D. e J.H. TORRIE, 1960. Principles and Procedures of Statistic. New York, McGraw-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. Raleigh, North Carolina State University, 105 p. (Ph.D. Thesis).
- STUBER, C.W. e C.C. COCKERHAM, 1966. Gene effects and variances in hybrid populations. Genetics, Austin, 54: 1279-86.
- STUBER, C.W.; W.P. WILLIAMS e R.H. MOLL, 1973. Epistasis in maize (Zea mays, L.). III. Significance in predictions of hybrid performance. Crop Science, Madison, 13: 195-200.
- SUAREZ-LEZCANO, R., 1976. Seleção entre e dentro de meios irmãos no milho (Zea mays L.) Composto Flint Branco. Piracicaba, ESALQ/USP, 52 p. (Dissertação de Mestrado).
- TORRES SEGOVIA, R., 1976. Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (Zea mays L.) Centralmex. Piracicaba, ESALQ/USP, 98 p. (Tese de Doutorado).

- UTKEDE, R.S. e P.T. SHUKLA, 1976. Path coefficient analysis and its implications in maize improvement. Egyptian Journal of Genetics and Cytology, Cairo, 5(1): 165-9.
- VENCOVSKY, R., 1970. Alguns aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos de variedades. Piracicaba, ESALQ/USP, 59 p. (Tese de Livre-Docência).
- VENCOVSKY, R., 1978. Herança Quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Coord.). Melhoramento e Produção do Milho no Brasil, 2.^a imp. Piracicaba, Fundação Cargill, p. 122-201.
- VIEGAS, G.P. e J.B. MIRANDA FILHO, 1980. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E. (Coord.). Melhoramento e Produção do Milho no Brasil, 2.^a imp. Piracicaba, Fundação Cargill, p. 257-309.
- WALDEN, D.B., 1978. Maize Breeding and Genetics. New York, John Wiley & Sons, 799 p.
- WEATHERSPOON, J.H., 1970. Comparative yields of single, three-way, and double crosses of maize. Crop Science, Madison, 10: 157-59.
- WELLHAUSEN, E.J. e S. WORTMAN, 1954. Combining ability in S_1 and derived S_3 lines of corn. Agron. Journal, Madison, 46: 86-9.
- WU, S.K., 1939. The relationship between the origin of selfed lines of corn and their value in hybrid combinations. J. Am. Soc. Agron., Madison, 31: 131-40.

TABELAS E FIGURAS

Tabela 8 - Médias de híbridos (valores superiores) e da testemunha (valores inferiores), coeficiente de variação e eficiência de látice, por experimento e por análise agrupada referente aos dez caracteres estudados. Piracicaba, SP. 1982/83.

EXPERIMENTO	PT	PE	PG	AP	AE	NR	DE	DS	IM	FF
M É D I A S										
01	3,187 3,140	0,759 0,814	0,637 0,674	1,62 1,73	0,86 0,90	19,1 15,2	4,40 4,40	2,65 2,44	70,5 73,8	73,4 76,8
02	2,997 2,860	0,778 0,763	0,639 0,635	1,74 1,67	0,94 0,93	20,8 14,9	4,36 4,37	2,67 2,51	67,7 72,9	72,8 76,9
03	3,142 3,114	0,792 0,834	0,663 0,692	1,63 1,69	0,86 0,92	19,3 15,1	4,29 4,47	2,53 2,55	67,5 72,9	71,4 77,1
04	3,213 3,165	0,817 0,850	0,691 0,711	1,68 1,75	0,91 0,97	21,7 17,5	4,45 4,55	2,66 2,57	66,6 71,0	71,5 74,4
05	2,989 2,899	0,755 0,793	0,644 0,668	1,93 1,79	1,11 0,97	21,9 17,4	4,41 4,45	2,60 2,51	67,5 71,0	70,7 74,7
06	3,046 3,203	0,758 0,837	0,646 0,705	1,49 1,66	0,74 0,91	18,5 15,5	4,35 4,52	2,50 2,54	68,8 72,2	74,5 77,0
AGRUPADA	3,093 3,069	0,774 0,821	0,651 0,685	1,68 1,71	0,91 0,94	20,2 16,1	4,38 4,48	2,60 2,54	68,2 72,1	72,5 76,0
COEFICIENTE DE VARIAÇÃO (%)										
01	11,5	14,0	14,4	7,4	10,0	12,5	3,6	3,2	2,2	2,6
02	12,2	13,5	13,5	5,7	8,7	11,7	3,6	3,8	2,5	2,6
03	12,9	12,9	13,0	6,4	7,7	14,1	3,2	3,0	2,6	2,3
04	9,4	10,7	10,7	7,0	9,1	14,9	3,3	3,8	2,2	3,2
05	11,0	13,0	13,6	6,2	8,1	14,3	3,7	3,3	2,8	3,4
06	12,0	15,8	16,4	7,8	10,0	16,4	4,4	3,6	3,2	3,8
AGRUPADA	11,6	13,3	13,6	6,7	8,9	14,0	3,6	3,5	2,1	3,1
EFICIÊNCIA DO LÁTICE (%)										
01	124,5	107,4	110,7	124,9	139,6	118,3	110,9	101,5	158,2	140,1
02	106,0	108,6	109,2	103,1	103,9	118,0	104,4	100,2	103,2	103,1
03	105,6	113,5	114,6	100,9	131,6	101,2	103,0	100,7	120,3	111,2
04	106,0	100,9	102,4	111,2	108,7	115,2	100,2	100,1	159,1	105,5
05	101,4	108,4	106,8	100,5	111,3	150,8	102,2	102,6	173,4	133,6
06	114,3	103,9	104,9	106,8	103,0	147,7	102,6	100,1	208,1	116,4

Tabela 9 - Médias (m) observadas (superiores) e estimadas (inferiores) do peso total de espigas (kg/parcela), de híbridos simples (H) distribuídos em seis conjuntos de cruzamentos. Piracicaba, SP. 1982/83.

Conjunto 1		Conjunto 2		Conjunto 3		Conjunto 4		Conjunto 5		Conjunto 6	
H	m	H	m	H	m	H	m	H	m	H	m
1.1	3,142 3,245	6.6	- 3,338	11.11	3,213 3,275	16.1	3,216 2,891	21.6	2,916 3,052	26.11	- 3,292
1.2	3,458 3,556	6.7	2,269 2,544	11.12	2,466 2,491	16.2	- 2,890	21.7	2,603 2,544	26.12	2,868 2,732
1.3	3,094 3,026	6.8	2,812 2,631	11.13	2,692 2,667	16.3	2,438 2,616	21.8	2,642 2,505	26.13	2,778 2,719
1.4	2,890 3,010	6.9	3,549 3,455	11.14	3,185 3,123	16.4	2,314 2,458	21.9	2,959 3,203	26.14	2,876 3,057
1.5	4,256 4,004	6.10	- 3,217	11.15	- 3,075	16.5	3,120 3,152	21.10	2,919 2,735	26.15	2,978 2,992
2.1	3,485 3,232	7.6	- 3,224	12.11	3,157 3,157	17.1	3,677 3,586	22.6	3,482 3,425	27.11	3,514 3,530
2.2	3,712 3,543	7.7	2,793 2,430	12.12	- 2,372	17.2	- 3,585	22.7	2,793 2,817	27.12	2,672 2,769
2.3	2,914 3,012	7.8	2,385 2,516	12.13	- 2,549	17.3	3,311	22.8	- 2,878	27.13	2,822 2,757
2.4	3,012 2,997	7.9	3,183 3,341	12.14	- 3,004	17.4	3,062 3,153	22.9	3,508 3,576	27.14	2,996 3,094
2.5	3,652 3,991	7.10	3,029 3,103	12.15	- 2,956	17.5	- 3,846	22.10	3,243 3,108	27.15	2,975 3,029
3.1	2,788 2,888	8.6	3,639 3,569	13.11	- 3,880	18.1	3,024 3,446	23.6	- 3,231	28.11	3,584
3.2	3,070 3,200	8.7	2,800 2,775	13.12	2,986 3,095	18.2	- 3,445	23.7	3,007 2,723	28.12	3,007 3,024
3.3	2,894 2,669	8.8	2,962 2,862	13.13	3,221 3,272	18.3	3,425 3,171	23.8	2,738 2,684	28.13	3,028 3,011
3.4	2,598 2,654	8.9	3,408 3,686	13.14	4,014 3,727	18.4	3,044 3,013	23.9	3,253 3,383	28.14	- 3,349
3.5	3,708 3,648	8.10	3,530 3,448	13.15	3,553 3,679	18.5	3,845 3,707	23.10	2,706 2,914	28.15	- 3,284
4.1	2,884 2,842	9.6	3,129 3,199	14.11	- 3,481	19.1	- 3,056	24.6	3,159 3,243	29.11	3,613 3,802
4.2	3,296 3,153	9.7	2,263 2,405	14.12	2,767 2,696	19.2	3,655 3,655	24.7	- 2,735	29.12	2,934 3,241
4.3	- 2,623	9.8	2,342 2,492	14.13	2,909 2,872	19.3	3,258 3,381	24.8	2,684 2,696	29.13	3,150 3,229
4.4	2,665 2,607	9.9	3,402 3,316	14.14	3,220 3,328	19.4	3,453 3,223	24.9	3,602 3,304	29.14	3,983 3,567
4.5	3,358 3,601	9.10	3,356 3,079	14.15	- 3,280	19.5	3,810 3,917	24.10	2,814 2,926	29.15	3,630 3,501
5.1	2,904 2,997	10.6	- 3,291	15.11	3,619 3,557	20.1	3,324 3,317	25.6	3,321 3,158	30.11	3,126 3,152
5.2	3,224 3,308	10.7	2,527 2,498	15.12	2,835 2,772	20.2	- 3,316	25.7	2,431 2,650	30.12	2,877 2,591
5.3	2,583 2,778	10.8	- 2,584	15.13	2,937 2,948	20.3	3,090 3,042	25.8	2,453 2,612	30.13	2,517 2,579
5.4	2,865 2,762	10.9	3,664 3,408	15.14	3,163 3,404	20.4	2,829 2,884	25.9	3,545 3,310	30.14	2,780 2,917
5.5	4,026 3,756	10.10	2,886 3,171	15.15	3,482 3,356	20.5	- 3,577	25.10	- 2,841	30.15	2,790 2,851
r ²	0,8620		0,8384		0,9039		0,8221		0,7968		0,7927

§ 1º e 2º Algarismos representam linhagens dente e flint, respectivamente. Exemplo: 1.1 significa D₁.F₁.

r²: coeficiente de determinação para cada conjunto dialélico, considerando o modelo fatorial (ver item 3.2.7).

Tabela 10 - Médias (m) observadas (superiores) e estimadas (inferiores) do peso de cinco espigas (kg), de híbridos simples (H) distribuídos em seis conjuntos de cruzamentos, Piracicaba, SP. 1982/83.

Conjunto 1		Conjunto 2		Conjunto 3		Conjunto 4		Conjunto 5		Conjunto 6	
H [§]	m	H	m	H	m	H	m	H	m	H	m
1.1	0,756 0,744	6.6	- 0,867	11.11	0,830 0,840	16.1	0,835 0,742	21.6	0,680 0,750	26.11	- 0,868
1.2	0,774 0,787	6.7	0,675 0,656	11.12	0,614 0,689	16.2	- 0,817	21.7	0,681 0,657	26.12	0,693 0,672
1.3	0,732 0,692	6.8	0,698 0,668	11.13	0,621 0,644	16.3	0,562 0,649	21.8	0,672 0,638	26.13	0,751 0,753
1.4	0,631 0,667	6.9	0,758 0,806	11.14	0,913 0,806	16.4	0,650 0,607	21.9	0,734 0,778	26.14	0,851 0,847
1.5	0,925 0,928	6.10	- 0,826	11.15	- 0,775	16.5	0,810 0,858	21.10	0,817 0,761	26.15	0,813 0,836
2.1	0,813 0,774	7.6	- 0,849	12.11	0,857 0,857	17.1	0,989 0,967	22.6	0,807 0,817	27.11	0,846 0,802
2.2	0,839 0,818	7.7	0,761 0,638	12.12	- 0,705	17.2	- 1,041	22.7	0,719 0,724	27.12	0,636 0,606
2.3	0,691 0,722	7.8	0,594 0,650	12.13	- 0,660	17.3	- 0,873	22.8	- 0,706	27.13	0,680 0,687
2.4	0,748 0,698	7.9	0,758 0,788	12.14	- 0,823	17.4	0,809 0,831	22.9	0,853 0,845	27.14	0,753 0,781
2.5	0,881 0,959	7.10	0,770 0,808	12.15	- 0,791	17.5	- 1,082	22.10	0,836 0,829	27.15	0,731 0,770
3.1	0,677 0,731	8.6	0,939 0,961	13.11	- 0,918	18.1	0,763 0,842	23.6	- 0,808	28.11	- 0,855
3.2	0,772 0,775	8.7	0,696 0,750	13.12	0,812 0,767	18.2	- 0,916	23.7	0,759 0,715	28.12	0,657 0,659
3.3	0,722 0,679	8.8	0,785 0,762	13.13	0,741 0,722	18.3	0,794 0,749	23.8	0,677 0,697	28.13	0,742 0,740
3.4	0,619 0,655	8.9	0,918 0,900	13.14	0,888 0,884	18.4	0,638 0,707	23.9	0,829 0,836	28.14	- 0,835
3.5	0,964 0,915	8.10	0,956 0,920	13.15	0,784 0,853	18.5	1,060 0,958	23.10	0,803 0,820	28.15	- 0,823
4.1	0,742 0,695	9.6	0,906 0,884	14.11	- 0,890	19.1	- 0,898	24.6	0,774 0,786	29.11	0,902 0,909
4.2	0,734 0,739	9.7	0,602 0,673	14.12	0,743 0,739	19.2	0,972 0,972	24.7	- 0,694	29.12	0,668 0,713
4.3	- 0,643	9.8	0,688 0,685	14.13	0,718 0,694	19.3	0,824 0,804	24.8	0,704 0,675	29.13	0,818 0,794
4.4	0,632 0,619	9.9	0,859 0,823	14.14	0,827 0,856	19.4	0,797 0,762	24.9	0,843 0,814	29.14	0,935 0,888
4.5	0,824 0,879	9.10	0,852 0,843	14.15	- 0,825	19.5	0,959 1,013	24.10	0,752 0,798	29.15	0,858 0,877
5.1	0,682 0,726	10.6	- 0,881	15.11	0,924 0,914	20.1	0,850 0,886	25.6	0,859 0,767	30.11	0,751 0,788
5.2	0,770 0,770	10.7	0,653 0,670	15.12	0,787 0,762	20.2	- 0,961	25.7	0,613 0,675	30.12	0,588 0,502
5.3	0,622 0,674	10.8	- 0,682	15.13	0,696 0,717	20.3	0,815 0,793	25.8	0,613 0,656	30.13	0,655 0,672
5.4	0,659 0,650	10.9	0,845 0,820	15.14	0,797 0,879	20.4	0,765 0,751	25.9	0,809 0,795	30.14	0,746 0,768
5.5	0,997 0,910	10.10	0,833 0,840	15.15	0,917 0,848	20.5	- 1,002	25.10	- 0,770	30.15	0,837 0,756
r ²	0,8407		0,8341		0,7311		0,8070		0,7307		0,8854

§ 1º e 2º algarismos representam linhagens dente e flint, respectivamente. Exemplo: 1.1 significa 1ª D F.

r²: coeficiente de determinação para cada conjunto dialélico, considerando o modelo fatorial reduzido (ver item 3.2.7).

Tabela 11 - Médias (m) observadas (superiores) e estimadas (inferiores) do peso de grãos (kg) da amostra de cinco espigas, de híbridos simples (H) distribuídos em seis conjuntos de cruzamentos. Piracicaba, SP, 1982/83.

Conjunto 1		Conjunto 2		Conjunto 3		Conjunto 4		Conjunto 5		Conjunto 6	
H [§]	m	H	m	H	m	H	m	H	m	H	m
1.1	0,633 0,628	6.6	- 0,713	11.11	0,713 0,730	16.1	0,714 0,628	21.6	0,583 0,643	26.11	- 0,748
1.2	0,659 0,669	6.7	0,536 0,523	11.12	0,523 0,581	16.2	- 0,674	21.7	0,579 0,549	26.12	0,582 0,559
1.3	0,633 0,601	6.8	0,557 0,537	11.13	0,529 0,552	16.3	0,494 0,567	21.8	0,553 0,533	26.13	0,634 0,637
1.4	0,528 0,561	6.9	0,644 0,677	11.14	0,784 0,686	16.4	0,540 0,515	21.9	0,628 0,671	26.14	0,729 0,719
1.5	0,764 0,759	6.10	- 0,688	11.15	- 0,649	16.5	0,681 0,717	21.10	0,701 0,619	26.15	0,680 0,710
2.1	0,683 0,651	7.6	- 0,700	12.11	0,746 0,746	17.1	0,819 0,810	22.6	0,702 0,714	27.11	0,740 0,705
2.2	0,717 0,692	7.7	0,614 0,510	12.12	- 0,597	17.2	- 0,856	22.7	0,615 0,620	27.12	0,549 0,516
2.3	0,601 0,624	7.8	0,473 0,525	12.13	- 0,568	17.3	- 0,749	22.8	- 0,604	27.13	0,585 0,595
2.4	0,630 0,584	7.9	0,638 0,660	12.14	- 0,702	17.4	0,689 0,698	22.9	0,753 0,742	27.14	0,644 0,676
2.5	0,701 0,782	7.10	0,649 0,675	12.15	- 0,665	17.5	- 0,900	22.10	0,725 0,720	27.15	0,642 0,667
3.1	0,563 0,610	8.6	0,777 0,794	13.11	- 0,783	18.1	0,644 0,710	23.6	- 0,688	28.11	- 0,735
3.2	0,636 0,650	8.7	0,568 0,604	13.12	0,665 0,634	18.2	- 0,756	23.7	0,626 0,594	28.12	0,536 0,516
3.3	0,622 0,583	8.8	0,644 0,619	13.13	0,621 0,605	18.3	0,687 0,650	23.8	0,576 0,578	28.13	0,634 0,624
3.4	0,512 0,542	8.9	0,768 0,758	13.14	0,744 0,739	18.4	0,536 0,598	23.9	0,706 0,717	28.14	- 0,706
3.5	0,792 0,740	8.10	0,788 0,769	13.15	0,649 0,702	18.5	0,891 0,800	23.10	0,675 0,694	28.15	- 0,697
4.1	0,642 0,602	9.6	0,734 0,717	14.11	- 0,760	19.1	- 0,749	24.6	0,660 0,673	29.11	0,777 0,785
4.2	0,640 0,642	9.7	0,466 0,527	14.12	0,616 0,611	19.2	0,795 0,795	24.7	- 0,579	29.12	0,559 0,596
4.3	- 0,575	9.8	0,548 0,542	14.13	0,602 0,582	19.3	0,707 0,688	24.8	0,585 0,563	29.13	0,700 0,671
4.4	0,537 0,534	9.9	0,705 0,681	14.14	0,690 0,716	19.4	0,672 0,637	24.9	0,731 0,701	29.14	0,792 0,756
4.5	0,692 0,732	9.10	0,706 0,692	14.15	- 0,679	19.5	0,785 0,839	24.10	0,640 0,679	29.15	0,731 0,747
5.1	0,573 0,602	10.6	- 0,738	15.11	0,786 0,769	20.1	0,724 0,753	25.6	0,745 0,661	30.11	0,657 0,683
5.2	0,643 0,643	10.7	0,528 0,548	15.12	0,641 0,620	20.2	- 0,799	25.7	0,510 0,567	30.12	0,485 0,494
5.3	0,527 0,575	10.8	- 0,562	15.13	0,578 0,591	20.3	0,709 0,692	25.8	0,511 0,551	30.13	0,550 0,572
5.4	0,548 0,535	10.9	0,728 0,702	15.14	0,647 0,725	20.4	0,652 0,640	25.9	0,703 0,690	30.14	0,641 0,654
5.5	0,796 0,733	10.10	0,707 0,713	15.15	0,741 0,688	20.5	- 0,843	25.10	- 0,667	30.15	0,716 0,645
r ²	0,7924		0,8676		0,7288		0,7709		0,7656		0,8888

§ 1º e 2º algarismos representam linhagens dente e flint, respectivamente. Exemplo: 1.1 significa D₁F₁.

r²: coeficiente de determinação para cada conjunto dialélico, considerando o modelo fatorial reduzido (ver item 3.2.7).

Tabela 12 - Médias (m) observadas (superiores) e estimadas (inferiores) da altura da planta (m/planta), de híbridos simples (H) distribuídos em seis conjuntos de cruzamentos. Piracicaba, SP. 1982/83.

Conjunto 1		Conjunto 2		Conjunto 3		Conjunto 4		Conjunto 5		Conjunto 6	
H [§]	m	H	m	H	m	H	m	H	m	H	m
1.1	1,53 1,51	6.6	- 2,01	11.11	1,52 1,53	16.1	1,47 1,43	21.6	2,10 2,06	26.11	- 1,59
1.2	1,58 1,58	6.7	1,49 1,55	11.11	1,27 1,25	16.2	- 1,34	21.7	1,64 1,57	26.12	2,22 1,28
1.3	1,44 1,45	6.8	1,48 1,45	11.12	1,27 1,36	16.3	1,35 1,35	21.8	1,56 1,63	26.13	1,51 1,47
1.4	1,69 1,67	6.9	1,89 1,86	11.13	1,51 1,44	16.4	1,37 1,46	21.9	1,84 1,97	26.14	1,53 1,57
1.5	1,64 1,68	6.10	- 1,66	11.14	- 1,60	16.5	1,66 1,60	21.10	1,80 1,72	26.15	1,64 1,58
2.1	1,74 1,76	7.6	- 2,08	12.11	1,46 1,46	17.1	1,94 1,89	22.6	2,17 2,26	27.11	1,69 1,63
2.2	1,94 1,83	7.7	1,75 1,62	12.12	- 1,18	17.2	- 1,80	22.7	1,76 1,77	27.12	1,58 1,33
2.3	1,67 1,70	7.8	1,56 1,53	12.13	- 1,28	17.3	- 1,82	22.8	- 1,83	27.13	1,50 1,52
2.4	1,89 1,91	7.9	1,86 1,93	12.14	- 1,37	17.4	1,87 1,92	22.9	2,26 2,17	27.14	1,59 1,62
2.5	1,88 1,93	7.10	1,65 1,73	12.15	- 1,52	17.5	- 2,06	22.10	1,92 1,92	27.15	1,57 1,63
3.1	1,64 1,63	8.6	2,24 2,15	13.11	- 1,95	18.1	1,57 1,71	23.6	- 2,30	28.11	- 1,82
3.2	1,73 1,71	8.7	1,61 1,69	13.12	1,63 1,67	18.2	- 1,62	23.7	1,83 1,80	28.12	1,56 1,51
3.3	1,55 1,57	8.8	1,59 1,59	13.13	1,84 1,78	18.3	1,64 1,64	23.8	1,91 1,86	28.13	1,66 1,70
3.4	1,77 1,79	8.9	1,95 1,99	13.14	1,85 1,86	18.4	1,87 1,74	23.9	2,04 2,20	28.14	- 1,80
3.5	1,82 1,80	8.10	1,82 1,80	13.15	2,01 2,02	18.5	1,88 1,88	23.10	2,03 1,95	28.15	- 1,81
4.1	1,50 1,45	9.6	1,93 2,02	14.11	- 1,65	19.1	- 1,79	24.6	2,12 2,12	29.11	1,62 1,68
4.2	1,57 1,53	9.7	1,52 1,56	14.12	1,34 1,37	19.2	1,70 1,70	24.7	- 1,63	29.12	1,38 1,38
4.3	- 1,39	9.8	1,41 1,47	14.13	1,51 1,48	19.3	1,76 1,72	24.8	1,73 1,69	29.13	1,60 1,57
4.4	1,57 1,61	9.9	1,96 1,87	14.14	1,56 1,56	19.4	1,84 1,82	24.9	2,15 2,02	29.14	1,74 1,67
4.5	1,56 1,62	9.10	1,78 1,67	14.15	- 1,72	19.5	1,91 1,97	24.10	1,60 1,78	29.15	1,64 1,68
5.1	1,32 1,38	10.6	- 2,11	15.11	1,88 1,87	20.1	1,62 1,58	25.6	2,33 2,27	30.11	1,41 1,40
5.2	1,28 1,45	10.7	1,70 1,65	15.12	1,63 1,59	20.2	- 1,49	25.7	1,68 1,78	30.12	1,06 1,10
5.3	1,36 1,31	10.8	- 1,56	15.13	1,69 1,70	20.3	1,47 1,51	25.8	1,81 1,81	30.13	1,27 1,29
5.4	1,58 1,53	10.9	1,96 1,96	15.14	1,72 1,78	20.4	1,60 1,61	25.9	2,25 2,18	30.14	1,39 1,39
5.5	1,67 1,55	10.10	1,71 1,76	15.15	1,94 1,94	20.5	- 1,75	25.10	- 1,93	30.15	1,43 1,40
r ²	0,8817	0,8932		0,9678		0,8976		0,8541		0,9332	

§ 1º e 2º algarismos representam linhagens dente e flint, respectivamente. Exemplo: 1.1 significa D₁F₁.

r²: coeficiente de determinação para cada conjunto dialélico, considerando o modelo fatorial reduzido (ver item 3.2.7).

Tabela 13 - Médias (m) observadas (superiores) e estimadas (inferiores) da altura da espiga (m/planta), de híbridos simples (II) distribuídos em seis conjuntos de cruzamentos. Piracicaba, SP. 1982/83.

Conjunto 1		Conjunto 2		Conjunto 3		Conjunto 4		Conjunto 5		Conjunto 6	
II [§]	m	II	m	II	m	II	m	II	m	II	m
1.1	0,84 0,85	6.6	- 1,15	11.11	0,79 0,79	16.1	0,75 0,70	21.6	1,23 1,23	26.11	- 0,79
1.2	0,79 0,79	6.7	0,79 0,84	11.12	0,58 0,62	16.2	- 0,51	21.7	0,95 0,92	26.12	0,60 0,61
1.3	0,88 0,88	6.8	0,70 0,67	11.13	0,65 0,68	16.3	0,71 0,71	21.8	0,83 0,84	26.13	0,80 0,75
1.4	1,06 1,06	6.9	1,12 1,09	11.14	0,75 0,69	16.4	0,75 0,83	21.9	1,14 1,22	26.14	0,76 0,75
1.5	1,05 1,05	6.10	- 0,96	11.15	- 1,05	16.5	0,91 0,88	21.10	1,13 1,06	26.15	0,90 0,95
2.1	0,88 0,88	7.6	- 1,17	12.11	0,71 0,71	17.1	1,21 1,13	22.6	1,19 1,28	27.11	0,79 0,78
2.2	0,87 0,83	7.7	0,93 0,86	12.12	- 0,54	17.2	- 0,94	22.7	0,96 0,97	27.12	0,65 0,60
2.3	0,94 0,92	7.8	0,73 0,69	12.13	- 0,60	17.3	- 1,15	22.8	- 0,89	27.13	0,73 0,74
2.4	1,11 1,10	7.9	1,07 1,11	12.14	- 0,61	17.4	1,19 1,26	22.9	1,35 1,27	27.14	0,72 0,74
2.5	1,02 1,09	7.10	0,90 0,97	12.15	- 0,97	17.5	- 1,32	22.10	1,12 1,11	27.15	0,90 0,94
3.1	0,82 0,80	8.6	1,22 1,18	13.11	- 1,10	18.1	0,77 0,88	23.6	- 1,35	28.11	- 0,87
3.2	0,70 0,75	8.7	0,88 0,88	13.12	0,93 0,93	18.2	- 0,69	23.7	1,11 1,04	28.12	0,68 0,69
3.3	0,84 0,84	8.8	0,71 0,71	13.13	1,01 1,00	18.3	0,89 0,89	23.8	0,96 0,96	28.13	0,81 0,83
3.4	1,05 1,01	8.9	1,07 1,13	13.14	1,01 1,00	18.4	1,10 1,01	23.9	1,22 1,34	28.14	- 0,83
3.5	0,99 1,00	8.10	1,00 0,99	13.15	1,35 1,36	18.5	1,10 1,07	23.10	1,22 1,17	28.15	- 1,03
4.1	0,71 0,68	9.6	1,10 1,14	14.11	- 0,85	19.1	- 0,93	24.6	1,16 1,15	29.11	0,83 0,86
4.2	0,68 0,63	9.7	0,75 0,83	14.12	0,71 0,68	19.2	0,73 0,73	24.7	- 0,84	29.12	0,68 0,68
4.3	- 0,72	9.8	0,59 0,66	14.13	0,75 0,75	19.3	0,97 0,94	24.8	0,83 0,76	29.13	0,80 0,82
4.4	0,85 0,90	9.9	1,15 1,08	14.14	0,72 0,75	19.4	1,08 1,05	24.9	1,20 1,14	29.14	0,85 0,82
4.5	0,86 0,89	9.10	1,07 0,95	14.15	- 1,11	19.5	1,06 1,11	24.10	0,84 0,98	29.15	1,05 1,02
5.1	0,63 0,67	10.6	- 1,17	15.11	0,95 0,95	20.1	0,72 0,73	25.6	1,45 1,37	30.11	0,64 0,63
5.2	0,59 0,62	10.7	0,92 0,86	16.12	0,78 0,78	20.2	- 0,54	25.7	0,99 1,06	30.12	0,41 0,45
5.3	0,69 0,71	10.8	- 0,69	16.13	0,86 0,84	20.3	0,71 0,74	25.8	0,93 0,98	30.13	0,57 0,59
5.4	0,89 0,89	10.9	1,12 1,11	16.14	0,81 0,85	20.4	0,90 0,86	25.9	1,40 1,36	30.14	0,56 0,59
5.5	0,96 0,87	10.10	0,92 0,98	16.15	1,22 1,21	20.5	- 0,92	25.10	- 1,20	30.15	0,86 0,79
r ²		0,9434		0,8975		0,9828		0,9012		0,8645	

§ 1º e 2º algarismos representam linhagens dente e flint, respectivamente. Exemplo: 1.1 significa D₁F₁.

r²: coeficiente de determinação para cada conjunto dialélico, considerando o modelo fatorial reduzido (ver Item 3.2.7).

Tabela 14 - Médias (m) observadas (superiores) e estimadas (inferiores) do número de ramificações do pendão (ram./planta), de híbridos simples (II) distribuídos em seis conjuntos de cruzamentos, Piracicaba, SP, 1982/83.

Conjunto 1		Conjunto 2		Conjunto 3		Conjunto 4		Conjunto 5		Conjunto 6	
II [§]	m	II	m	II	m	II	m	II	m	II	m
1.1	17,3 17,8	6.6	- 18,5	11.11	18,3 17,2	16.1	27,5 24,6	21.6	17,0 17,2	26.11	- 15,1
1.2	19,7 17,8	6.7	21,7 22,7	11.12	17,4 19,2	16.2	- 22,0	21.7	23,4 23,9	26.12	14,7 16,1
1.3	14,4 14,9	6.8	23,4 23,3	11.13	19,5 20,8	16.3	20,9 21,5	21.8	24,6 23,8	26.13	17,6 16,1
1.4	17,9 18,3	6.9	16,7 15,9	11.14	18,2 16,2	16.4	22,1 25,2	21.9	16,6 16,9	26.14	12,8 12,8
1.5	18,6 19,1	6.10	- 19,1	11.15	- 21,1	16.5	24,3 23,5	21.10	21,0 20,8	26.15	17,0 17,0
2.1	20,4 19,5	7.6	- 16,5	12.11	20,4 20,4	17.1	24,4 24,6	22.6	21,6 21,4	27.11	20,0 18,6
2.2	19,5 19,5	7.7	22,0 20,6	12.12	- 22,4	17.2	- 22,1	22.7	27,4 28,1	27.12	18,9 19,6
2.3	18,8 16,6	7.8	19,9 21,3	12.13	- 24,0	17.3	- 21,5	22.8	- 28,0	27.13	21,4 19,5
2.4	20,2 20,0	7.9	14,1 13,9	12.14	- 19,3	17.4	25,5 25,3	22.9	23,2 21,1	27.14	14,6 16,3
2.5	17,5 20,8	7.10	16,8 17,0	12.15	- 24,3	17.5	- 23,5	22.10	23,4 25,0	27.15	19,9 20,5
3.1	20,6 20,3	8.6	19,4 18,4	13.11	- 17,5	18.1	20,6 20,7	23.6	- 21,2	28.11	- 20,9
3.2	17,6 20,3	8.7	20,1 22,6	13.12	21,6 19,5	18.2	- 18,1	23.7	30,2 27,9	28.12	24,0 21,9
3.3	16,8 17,4	8.8	23,9 23,2	13.13	21,0 21,1	18.3	18,2 17,6	23.8	25,5 27,8	28.13	19,8 21,9
3.4	21,0 20,8	8.9	16,7 15,8	13.14	15,8 16,4	18.4	21,2 21,3	23.9	21,0 20,9	28.14	- 18,6
3.5	24,5 21,6	8.10	18,8 19,0	13.15	19,9 21,3	18.5	19,1 19,6	23.10	24,7 24,8	28.15	- 22,8
4.1	16,4 16,2	9.6	21,0 22,0	14.11	- 13,7	19.1	- 22,9	24.6	14,2 16,1	29.11	18,0 19,0
4.2	16,3 16,1	9.7	26,5 26,2	14.12	15,0 15,7	19.2	20,3 20,3	24.7	- 22,8	29.12	20,6 20,0
4.3	- 13,3	9.8	27,2 26,8	14.13	16,7 17,3	19.3	19,3 19,7	24.8	23,0 22,7	29.13	18,5 19,9
4.4	15,9 16,7	9.9	17,7 19,4	14.14	14,0 12,7	19.4	24,3 23,5	24.9	15,9 15,8	29.14	20,0 16,7
4.5	17,8 17,4	9.10	24,4 22,6	14.15	- 17,6	19.5	21,4 21,7	24.10	21,3 19,7	29.15	19,4 20,9
5.1	20,7 21,5	10.6	- 21,1	15.11	19,3 20,4	20.1	18,2 20,9	25.6	20,2 18,2	30.11	18,0 18,1
5.2	22,2 21,5	10.7	26,9 25,3	15.12	22,9 22,4	20.2	- 18,3	25.7	23,7 24,8	30.12	18,5 19,1
5.3	17,5 18,6	10.8	- 25,9	15.13	26,0 24,0	20.3	18,1 17,7	25.8	25,9 24,8	30.13	19,2 19,1
5.4	22,8 22,0	10.9	18,4 18,5	15.14	16,7 19,4	20.4	23,8 21,5	25.9	15,9 17,9	30.14	14,3 15,8
5.5	23,2 22,8	10.10	20,2 21,7	15.15	25,7 24,3	20.5	- 19,7	25.10	- 21,8	30.15	22,2 20,0
r ²		0,7193		0,9000		0,8158		0,7372		0,8955	

§ 1º e 2º algarismos representam linhagens dente e flint, respectivamente. Exemplo: 1.1 significa D₁F₁.

r²: coeficiente de determinação para cada conjunto dialélico, considerando o modelo fatorial reduzido (ver item 3.2.7).

Tabela 15 - Médias (m) observadas (superiores) e estimadas (inferiores) do diâmetro médio da espiga (cm/espiga), de híbridos simples (H) distribuídos em seis conjuntos de cruzamentos. Piracicaba, SP. 1982/83.

Conjunto 1		Conjunto 2		Conjunto 3		Conjunto 4		Conjunto 5		Conjunto 6	
H [§]	m	H	m	H	m	H	m	H	m	H	m
1.1	4,25 4,28	6.6	- 4,44	11.11	4,41 4,44	16.1	4,35 4,29	21.6	4,36 4,42	26.11	- 4,68
1.2	4,45 4,43	6.7	4,21 4,22	11.12	3,92 4,02	16.2	- 4,39	21.7	4,51 4,50	26.12	4,27 4,21
1.3	4,72 4,68	6.8	4,16 4,12	11.13	4,15 4,14	16.3	4,34 4,51	21.8	4,41 4,39	26.13	4,50 4,49
1.4	4,18 4,19	6.9	4,07 4,11	11.14	4,41 4,29	16.4	4,27 4,14	21.9	4,26 4,29	26.14	4,60 4,60
1.5	4,61 4,63	6.10	- 4,20	11.15	- 4,27	16.5	4,56 4	21.10	4,46 4,41	26.15	4,58 4,62
2.1	4,28 4,21	7.6	- 4,63	12.11	4,43 4,43	17.1	4,51 4,49	22.6	4,46 4,50	27.11	4,11 4,35
2.2	4,34 4,35	7.7	4,58 4,40	12.12	- 4,01	17.2	- 4,58	22.7	4,65 4,58	27.12	3,93 3,91
2.3	4,54 4,61	7.8	4,20 4,31	12.13	- 4,14	17.3	- 4,70	22.8	- 4,47	27.13	4,17 4,17
2.4	4,22 4,11	7.9	4,26 4,29	12.14	- 4,28	17.4	4,31 4,34	22.9	4,34 4,37	27.14	4,19 4,27
2.5	4,45 4,55	7.10	4,35 4,38	12.15	- 4,27	17.5	- 4,77	22.10	4,53 4,50	27.15	4,28 4,30
3.1	4,27 4,39	8.6	4,50 4,62	13.11	- 4,40	18.1	4,20 4,25	23.6	- 4,40	28.11	- 4,37
3.2	4,59 4,53	8.7	4,32 4,39	13.12	4,04 3,98	18.2	- 4,35	23.7	4,56 4,48	28.12	4,00 3,94
3.3	4,88 4,79	8.8	4,32 4,29	13.13	4,08 4,10	18.3	4,52 4,46	23.8	4,39 4,37	28.13	4,21 4,19
3.4	4,22 4,29	8.9	4,37 4,28	13.14	4,30 4,24	18.4	3,98 4,10	23.9	4,19 4,27	28.14	- 4,29
3.5	4,78 4,73	8.10	4,44 4,37	13.15	4,13 4,23	18.5	4,65 4,54	23.10	4,37 4,39	28.15	- 4,32
4.1	4,19 4,08	9.6	4,85 4,73	14.11	- 4,63	19.1	- 4,45	24.6	4,38 4,10	29.11	4,55 4,66
4.2	4,13 4,22	9.7	4,51 4,51	14.12	4,25 4,21	19.2	4,55 4,55	24.7	- 4,48	29.12	4,25 4,23
4.3	- 4,48	9.8	4,45 4,41	14.13	4,34 4,34	19.3	4,73 4,67	24.8	4,36 4,37	29.13	4,49 4,48
4.4	4,01 3,98	9.9	4,32 4,39	14.14	4,43 4,48	19.4	4,34 4,30	24.9	4,38 4,28	29.14	4,71 4,58
4.5	4,38 4,42	9.10	4,39 4,49	14.15	- 4,46	19.5	4,64 4,74	24.10	4,33 4,40	29.15	4,55 4,61
5.1	4,26 4,29	10.6	- 4,58	15.11	4,64 4,61	20.1	4,49 4,53	25.6	4,58 4,46	30.11	4,49 4,47
5.2	4,46 4,43	10.7	4,24 4,35	15.12	4,19 4,19	20.2	- 4,62	25.7	4,40 4,51	30.12	3,98 4,03
5.3	4,62 4,69	10.8	- 4,26	15.13	4,33 4,32	20.3	4,79 4,74	25.8	4,40 4,43	30.13	4,23 4,29
5.4	4,15 4,19	10.9	4,28 4,24	15.14	4,33 4,46	20.4	4,36 4,38	25.9	4,37 4,33	30.14	4,35 4,30
5.5	4,74 4,63	10.10	4,40 4,33	15.15	4,54 4,45	20.5	- 4,81	25.10	- 4,45	30.15	4,53 4,41
r ²	0,9132		0,7682		0,8700		0,8543		0,6314		0,9306

§ 1º e 2º algarismos representam linhagens dente e flint, respectivamente. Exemplo: 1.1 significa D₁F₁.

r²: coeficiente de determinação para cada conjunto dialélico, considerando o modelo fatorial reduzido (ver item 3.2.7).

Tabela 16 - Médias (m) observadas (superiores) e estimadas (inferiores) do diâmetro médio de sabugo (cm/espiga), de híbridos simples (II) distribuídos em seis conjuntos de cruzamentos, Piracicaba, SP, 1982/83.

Conjunto 1		Conjunto 2		Conjunto 3		Conjunto 4		Conjunto 5		Conjunto 6	
II [§]	m	II	m	II	m	II	m	II	m	II	m
1.1	2,48 2,49	6.6	- 2,66	11.11	2,54 2,51	16.1	2,58 2,57	21.6	2,64 2,61	26.11	- 2,60
1.2	2,59 2,58	6.7	2,67 2,64	11.12	2,35 2,43	16.2	- 2,65	21.7	2,64 2,70	26.12	2,54 2,54
1.3	2,55 2,53	6.8	2,66 2,68	11.13	2,50 2,49	16.3	2,56 2,64	21.8	2,78 2,73	26.13	2,64 2,61
1.4	2,46 2,45	6.9	2,39 2,40	11.14	2,46 2,42	16.4	2,63 2,51	21.9	2,44 2,43	26.14	2,57 2,58
1.5	2,66 2,68	6.10	- 2,56	11.15	- 2,43	16.5	2,73 2,77	21.10	2,60 2,64	26.15	2,56 2,58
2.1	2,55 2,51	7.6	- 2,81	12.11	2,56 2,56	17.1	2,64 2,66	22.6	2,51 2,51	27.11	2,45 2,42
2.2	2,57 2,60	7.7	2,88 2,79	12.12	- 2,48	17.2	- 2,73	22.7	2,62 2,60	27.12	2,26 2,36
2.3	2,55 2,55	7.8	2,82 2,83	12.13	- 2,54	17.3	- 2,73	22.8	- 2,63	27.13	2,49 2,43
2.4	2,48 2,47	7.9	2,49 2,55	12.14	- 2,47	17.4	2,62 2,60	22.9	2,33 2,33	27.14	2,37 2,40
2.5	2,70 2,70	7.10	2,69 2,71	12.15	- 2,48	17.5	- 2,85	22.10	2,51 2,54	27.15	2,13 2,40
3.1	2,69 2,77	8.6	2,63 2,69	13.11	- 2,56	18.1	2,67 2,62	23.6	- 2,59	28.11	- 2,51
3.2	2,90 2,85	8.7	2,61 2,67	13.12	2,53 2,48	18.2	- 2,69	23.7	2,73 2,68	28.12	2,48 2,46
3.3	2,87 2,80	8.8	2,75 2,71	13.13	2,53 2,54	18.3	2,66 2,68	23.8	2,63 2,71	28.13	2,51 2,53
3.4	2,71 2,73	8.9	2,46 2,43	13.14	2,47 2,47	18.4	2,50 2,56	23.9	2,41 2,41	28.14	- 2,49
3.5	2,94 2,95	8.10	2,64 2,59	13.15	2,44 2,48	18.5	2,84 2,81	23.10	2,66 2,62	28.15	- 2,50
4.1	2,50 2,42	9.6	2,94 2,87	14.11	- 2,56	19.1	- 2,68	24.6	2,57 2,58	29.11	2,53 2,56
4.2	2,46 2,50	9.7	2,85 2,86	14.12	2,48 2,48	19.2	2,75 2,75	24.7	- 2,67	29.12	2,58 2,50
4.3	- 2,45	9.8	2,87 2,89	14.13	2,55 2,55	19.3	2,75 2,74	24.8	2,70 2,71	29.13	2,52 2,58
4.4	2,38 2,37	9.9	2,63 2,61	14.14	2,47 2,47	19.4	2,59 2,61	24.9	2,41 2,41	29.14	2,62 2,54
4.5	2,55 2,60	9.10	2,72 2,78	14.15	- 2,49	19.5	2,88 2,87	24.10	2,63 2,62	29.15	2,49 2,55
5.1	2,69 2,73	10.6	- 2,69	15.11	2,65 2,68	20.1	2,57 2,61	25.6	2,68 2,70	30.11	2,52 2,52
5.2	2,83 2,82	10.7	2,63 2,67	15.12	2,63 2,60	20.2	- 2,68	25.7	2,78 2,79	30.12	2,47 2,47
5.3	2,84 2,77	10.8	- 2,70	15.13	2,66 2,66	20.3	2,77 2,67	25.8	2,87 2,83	30.13	2,53 2,54
5.4	2,68 2,69	10.9	2,44 2,42	15.14	2,56 2,59	20.4	2,49 2,55	25.9	2,51 2,53	30.14	2,46 2,50
5.5	3,03 2,92	10.10	2,62 2,59	15.15	2,64 2,60	20.5	- 2,80	25.10	- 2,73	30.15	2,57 2,51
r ²	0,9223		0,9216		0,8418		0,7778		0,9317		0,6930

§ 1º e 2º algarismos representam linhagens dente e flint, respectivamente. Exemplo: 1.1 significa D₁F₁.

r²: coeficiente de determinação para cada conjunto dialélico, considerando o modelo fatorial reduzido (ver item 3.2.7).

Tabela 17 - Médias (m) observadas (superiores) e estimadas (inferiores) do número de dias para florescimento masculino, de híbridos simples (H) distribuídos em seis conjuntos de cruzamentos. Piracicaba, SP. 1982/83.

Conjunto 1		Conjunto 2		Conjunto 3		Conjunto 4		Conjunto 5		Conjunto 6	
H ^b	m	H	m	H	m	H	m	H	m	H	m
1.1	73,0 71,9	6.6	- 67,7	11.11	61,9 62,7	10.1	67,0 67,5	21.6	66,8 66,5	26.11	- 68,3
1.2	70,0 70,3	6.7	69,7 69,9	11.12	62,8 62,9	16.2	- 65,4	21.7	67,0 67,7	26.12	67,7 67,7
1.3	69,2 69,2	6.8	68,4 67,9	11.13	61,8 61,6	16.3	65,8 64,1	21.8	65,7 66,5	26.13	66,8 67,0
1.4	69,2 69,8	6.9	66,2 66,5	11.14	65,4 64,7	16.4	65,0 65,2	21.9	64,8 65,2	26.14	67,7 68,7
1.5	69,6 69,9	6.10	- 66,9	11.15	- 68,2	16.5	66,9 65,9	21.10	68,9 67,4	26.15	73,7 72,4
2.1	71,7 71,6	7.6	- 66,4	12.11	63,0 63,0	17.1	72,1 70,9	22.6	65,0 64,9	27.11	69,9 68,5
2.2	69,5 69,9	7.7	68,6 68,6	12.12	- 63,1	17.2	- 68,9	22.7	65,8 66,1	27.12	67,6 67,9
2.3	69,1 68,8	7.8	66,4 66,6	12.13	- 61,8	17.3	- 67,6	22.8	- 64,9	27.13	67,4 67,2
2.4	69,9 69,5	7.9	65,5 65,2	12.14	- 65,0	17.4	67,5 68,6	22.9	63,9 63,6	27.14	68,4 68,8
2.5	69,3 69,6	7.10	65,6 65,6	12.15	- 68,5	17.5	- 69,4	22.10	65,6 65,8	27.15	71,6 72,6
3.1	74,2 73,9	8.6	69,6 69,6	13.11	- 67,6	18.1	68,2 69,0	23.6	- 69,4	28.11	- 68,3
3.2	71,9 72,3	8.7	72,4 71,8	13.12	67,2 67,7	18.2	- 67,0	23.7	70,5 70,6	28.12	68,2 67,7
3.3	71,0 71,2	8.8	69,9 69,8	13.13	66,3 66,4	18.3	65,5 65,7	23.8	70,1 69,4	28.13	66,5 67,0
3.4	72,2 71,8	8.9	68,7 68,4	13.14	69,9 69,6	18.4	68,3 66,7	23.9	68,3 68,1	28.14	- 68,7
3.5	71,7 71,9	8.10	67,7 68,8	13.15	73,4 73,1	18.5	66,9 67,5	23.10	69,5 70,3	28.15	- 72,4
4.1	70,4 71,0	9.6	67,5 67,5	14.11	- 66,8	19.1	- 68,1	24.6	65,2 66,1	29.11	68,1 68,9
4.2	69,8 69,4	9.7	70,6 69,7	14.12	68,1 66,9	19.2	66,0 66,0	24.7	- 67,3	29.12	68,7 68,3
4.3	- 68,3	9.8	67,2 67,7	14.13	65,8 65,6	19.3	65,3 64,7	24.8	66,4 66,1	29.13	67,4 67,6
4.4	69,1 68,9	9.9	67,1 66,3	14.14	67,3 68,7	19.4	65,5 65,8	24.9	66,1 64,8	29.14	70,9 69,2
4.5	68,9 69,0	9.10	65,5 66,7	14.15	- 72,2	19.5	66,2 66,5	24.10	66,4 67,0	29.15	71,9 73,0
5.1	71,3 72,3	10.6	- 66,1	15.11	70,4 69,5	20.1	68,1 67,9	25.6	70,7 70,2	30.11	67,1 67,8
5.2	71,2 70,6	10.7	67,2 68,3	15.12	69,0 69,6	20.2	- 65,9	25.7	72,3 71,3	30.12	66,5 67,1
5.3	69,4 69,5	10.8	- 66,3	15.13	68,0 68,3	20.3	64,4 64,6	25.8	69,9 70,1	30.13	67,2 66,1
5.4	69,9 70,2	10.9	63,7 64,9	15.14	71,9 71,5	20.4	65,7 65,6	25.9	67,5 68,9	30.14	67,8 68,1
5.5	71,0 70,2	10.10	67,7 65,3	15.15	74,6 75,0	20.5	- 66,4	25.10	- 71,0	30.15	72,6 71,8
r ²	0,8834		0,8308		0,9707		0,8637		0,8979		0,8551

§ 1º e 2º algarismos representam linhagens dente e flint, respectivamente. Exemplo: 1.1 significa D₁F₁.

r²: coeficiente de determinação para cada conjunto dialélico, considerando o modelo fatorial reduzido (ver item 3.2.7).

Tabela 18 - Médias (m) observadas (superiores) e estimadas (inferiores) do número de dias para florescimento feminino, de híbridos simples (H) distribuídos em seis conjuntos de cruzamentos, Piracicaba, SP. 1982/83.

Conjunto 1		Conjunto 2		Conjunto 3		Conjunto 4		Conjunto 5		Conjunto 6	
H [§]	m	H	m	H	m	H	m	H	m	H	m
1.1	75,0 73,6	6.6	- 72,4	11.11	64,8 64,8	16.1	71,7 72,1	21.6	69,5 68,6	26.11	- 72,0
1.2	71,6 71,8	6.7	77,8 77,1	11.12	66,4 66,6	16.2	- 72,0	21.7	71,4 72,2	26.12	74,5 76,7
1.3	70,4 70,0	6.8	74,2 75,1	11.13	65,2 65,4	16.3	71,2 69,8	21.8	68,8 69,9	26.13	73,4 72,2
1.4	71,2 72,5	6.9	71,0 70,8	11.14	67,7 67,3	16.4	70,0 71,3	21.9	66,8 67,0	26.14	72,5 74,1
1.5	71,5 71,9	6.10	- 71,0	11.15	- 69,1	16.5	72,0 71,7	21.10	71,6 70,3	26.15	78,5 76,1
2.1	74,2 74,3	7.6	- 70,4	12.11	65,6 65,6	17.1	76,7 76,1	22.6	67,8 67,3	27.11	75,1 73,1
2.2	72,0 72,6	7.7	74,0 75,1	12.12	- 67,4	17.2	- 75,9	22.7	71,4 70,8	27.12	76,5 77,7
2.3	71,3 70,7	7.8	73,3 73,1	12.13	- 66,2	17.3	- 73,8	22.8	- 68,6	27.13	73,1 73,2
2.4	73,4 73,2	7.9	68,9 68,8	12.14	- 68,1	17.4	74,6 75,2	22.9	66,1 65,7	27.14	74,7 75,1
2.5	72,6 72,6	7.10	69,9 69,0	12.15	- 69,9	17.5	- 75,6	22.10	67,4 69,0	27.15	76,7 77,1
3.1	77,0 76,7	8.6	74,9 73,6	13.11	- 70,8	18.1	72,2 72,4	23.6	- 71,5	28.11	- 72,2
3.2	74,6 75,0	8.7	77,4 78,3	13.12	72,4 72,7	18.2	- 72,3	23.7	74,1 75,0	28.12	77,0 76,9
3.3	72,6 73,1	8.8	75,3 76,3	13.13	71,7 71,5	18.3	68,8 70,1	23.8	72,4 72,8	28.13	72,2 72,3
3.4	76,5 75,6	8.9	73,5 72,0	13.14	72,7 73,4	18.4	74,1 71,6	23.9	71,6 70,0	28.14	- 74,2
3.5	74,5 75,0	8.10	71,2 72,2	13.15	75,9 75,1	18.5	71,1 72,0	23.10	72,8 73,2	28.15	- 76,2
4.1	73,5 74,7	9.6	69,9 71,2	14.11	- 69,6	19.1	- 71,2	24.6	69,1 70,1	29.11	71,2 71,7
4.2	73,1 73,0	9.7	76,4 75,9	14.12	71,6 71,5	19.2	71,0 71,0	24.7	- 73,7	29.12	77,4 76,4
4.3	- 71,1	9.8	75,6 73,9	14.13	70,6 70,2	19.3	69,0 68,9	24.8	72,1 71,4	29.13	72,6 71,9
4.4	74,9 73,6	9.9	69,5 69,6	14.14	71,6 72,1	19.4	69,5 70,3	24.9	68,3 68,5	29.14	73,5 73,8
4.5	72,8 73,0	9.10	68,9 69,8	14.15	- 73,9	19.5	71,4 70,7	24.10	72,5 71,8	29.15	74,9 75,8
5.1	75,1 75,5	10.6	- 71,1	15.11	73,6 73,7	20.1	71,7 71,7	25.6	71,5 71,8	30.11	70,3 71,8
5.2	74,9 73,8	10.7	76,6 75,8	15.12	76,1 75,6	20.2	- 71,6	25.7	76,5 75,3	30.12	78,7 76,4
5.3	71,2 71,9	10.8	- 73,8	15.13	73,8 74,3	20.3	69,2 69,4	25.8	73,8 73,1	30.13	70,1 71,9
5.4	73,3 74,4	10.9	67,9 69,5	15.14	77,1 76,2	20.4	71,1 70,9	25.9	68,5 70,2	30.14	76,0 73,8
5.5	74,9 73,8	10.10	70,6 69,7	15.15	77,2 78,0	20.5	- 71,3	25.10	- 73,4	30.15	74,5 75,8
r ²	0,8065		0,8918		0,9856		0,7855		0,8716		0,6793

§ 1º e 2º algarismos representam linhagens dente e flint, respectivamente. Exemplo: 1.1 significa D₁F₁.

r²: coeficiente de determinação para cada conjunto dialélico, considerando o modelo fatorial reduzido (ver item 3.2.7).

Tabela 19 - Caracterização dos vinte híbridos mais produtivos com base em doze caracteres. *Médias de seis repetições, Piracicaba, SP, 1982/83.

HÍBRIDOS	PT	$\bar{V}T^{\S}$	PE	$\bar{V}T$	PG	$\bar{V}T$	AP	AE	AE/AP	NRD	DE	DS	DE-DS	LF	TF
D ₁ x F ₅	4,256	138,7	0,925	112,7	0,764	111,5	1,64	1,05	0,64	18,6	4,61	2,66	1,95	69,6	70,8
D ₅ x F ₅	4,026	131,2	0,997	121,5	0,796	116,1	1,67	0,96	0,57	23,2	4,74	3,03	1,71	71,0	75,5
D _{1,1} x F _{1,4}	4,014	130,8	0,888	108,2	0,744	108,5	1,85	1,01	0,55	15,8	4,30	2,47	1,83	69,9	72,5
D _{2,9} x F _{1,4}	3,983	129,8	0,935	113,9	0,792	115,5	1,74	0,85	0,49	20,0	4,71	2,62	2,09	70,9	73,7
D _{1,0} x F ₅	3,845	125,3	1,060	129,2	0,891	130,0	1,88	1,10	0,59	19,1	4,65	2,81	1,81	66,9	71,0
D _{1,9} x F ₅	3,810	124,1	0,959	116,8	0,785	114,5	1,91	1,06	0,55	21,4	4,64	2,88	1,76	66,2	71,5
D ₇ x F ₂	3,712	120,9	0,839	102,2	0,717	104,6	1,94	0,87	0,45	19,5	4,51	2,57	1,77	69,5	71,3
D ₁ x F ₅	3,708	120,8	0,964	118,3	0,792	115,5	1,82	0,99	0,54	24,5	4,78	2,94	1,84	71,7	73,8
D _{1,7} x F ₁	3,677	119,8	0,989	120,5	0,819	119,5	1,94	1,21	0,62	21,4	4,51	2,64	1,87	72,1	76,8
D _{1,0} x F ₉	3,664	119,4	0,845	103,0	0,728	106,2	1,96	1,12	0,57	18,4	4,28	2,44	1,81	63,7	67,7
D ₉ x F ₂	3,655	119,1	0,972	118,4	0,795	116,0	1,70	0,73	0,43	20,3	4,55	2,75	1,80	66,0	70,8
D ₇ x F ₅	3,652	119,0	0,881	107,4	0,701	102,3	1,88	1,02	0,54	17,5	4,45	2,70	1,75	69,3	73,2
D _{2,9} x F _{1,1}	3,643	118,7	0,902	109,9	0,777	113,4	1,62	0,83	0,51	18,0	4,55	2,53	2,02	68,1	71,2
D ₈ x F ₆	3,639	118,6	0,939	114,4	0,777	113,4	2,24	1,22	0,54	19,4	4,50	2,63	1,87	69,6	75,0
D _{2,9} x F _{1,5}	3,630	118,3	0,858	104,5	0,731	106,6	1,64	1,05	0,64	19,4	4,55	2,19	2,06	71,9	75,5
D _{1,5} x F _{1,1}	3,619	117,9	0,924	112,6	0,786	114,7	1,88	0,95	0,51	19,3	4,64	2,65	1,99	70,4	74,0
D _{2,4} x F ₉	3,602	117,4	0,843	102,7	0,731	106,6	2,15	1,20	0,56	15,9	4,38	2,41	1,97	66,1	69,3
D _{1,3} x F _{1,5}	3,553	115,8	0,784	95,5	0,649	94,7	2,01	1,35	0,67	19,9	4,13	2,44	1,69	73,4	76,0
D ₆ x F ₉	3,549	116,6	0,758	92,4	0,644	94,0	1,89	1,12	0,59	16,7	4,67	2,39	2,28	66,2	70,8
D _{2,5} x F ₉	3,545	115,5	0,809	98,6	0,703	102,6	2,25	1,40	0,62	15,9	4,37	2,51	1,86	67,5	69,0
Média [§]	3,093	100,8	0,774	94,3	0,651	95,0	1,68	0,91	0,53	20,2	4,38	2,60	1,77	68,2	72,5
Amplitude de variação	4,256	138,7	1,060	129,2	0,891	130,0	2,33	1,45	0,67	30,2	4,88	3,03	2,28	74,6	79,2
	2,263	73,7	0,562	68,5	0,466	68,0	1,06	0,41	0,39	12,8	3,92	2,26	1,33	61,8	64,7
Testemunha	3,069	100,0	0,821	100,0	0,685	100,0	1,71	0,94	0,54	16,1	4,48	2,54	1,91	72,1	76,0

§ Percentagem em relação à média geral da testemunha para os respectivos caracteres.

¶ Refere-se ao total de 120 híbridos.

Tabela 20 - Análise da variância por experimento e agrupada referente à avaliação de dez caracteres de híbridos simples em blocos casualizados com seis repetições, Piracicaba, SP, 1982/83.

EXPERIMENTO	F.V.	G.L.	PT [§]	FE	PG	AP	AE	NR	DE	DS	FN	FF
01	Tratamentos	24	1.1348	0	6.5007 -2	4.3020 -2	1.7376 -2	1.2038 -2	1.0686	-	1.8539 -2	2.5013
	Hib.vs Test.	1	1.2429	-2	1.7769 -2	1.3058 -2	6.7548 -2	9.6826 -2	3.7394	-	2.5243 -2	6.6695
	Híbridos	23	1.1858	0	6.7061 -2	3.9213 -2	1.7838 -2	1.2519 -2	3.8655	-	1.8039 -2	2.3200
	Erro	120	1.3622	-2	1.1353 -2	8.4115 -2	1.4357 -2	7.4085 -2	5.615	-2	6.9766 -2	3.7859
02	Tratamentos	20	1.0640	0	6.8219 -2	5.6884 -2	2.5665 -2	1.8140 -2	1.1974	-	1.6384 -2	7.8150
	Hib.vs Test.	1	4.4390	-2	4.6370 -2	4.4376 -2	1.1476 -2	2.0314 -2	3.3524	-2	6.3281 -2	4.0673
	Híbridos	19	1.3204	0	7.1565 -2	5.9854 -2	2.6412 -2	1.9084 -2	3.2080	-	1.3916 -2	6.0856
	Erro	124	1.3368	-2	1.1181 -2	7.6986 -2	1.1176 -2	6.8286 -2	5.2063	-2	9.9140 -2	3.5433
03	Tratamentos	17	8.1590	-2	5.4492 -2	3.8996 -2	2.9854 -2	2.3386 -2	9.9725	-	3.9335 -2	1.6404
	Hib.vs Test.	1	2.6362	-2	5.6773 -2	2.7242 -2	1.2342 -2	1.2002 -2	5.7394	-2	7.9372 -2	1.0727
	Híbridos	16	8.6524	-2	5.4349 -2	3.9730 -2	3.0949 -2	2.4098 -2	7.0086	-	4.1297 -2	1.0725
	Erro	127	1.5941	-2	1.0390 -2	7.4468 -2	1.2514 -2	4.6641 -2	6.2345	-2	5.8968 -2	2.7856
04	Tratamentos	17	1.0269	0	9.5949 -2	6.0135 -2	2.1706 -2	1.8516 -2	7.9865	-	8.6854 -2	4.2825
	Hib.vs Test.	1	7.2373	-2	3.5703 -2	1.3845 -2	1.9157 -2	9.5152 -2	5.9155	-2	2.5656 -2	2.8141
	Híbridos	16	1.0866	0	9.9714 -2	6.3029 -2	2.1865 -2	1.9079 -2	4.7885	-	7.6247 -2	2.7913
	Erro	127	8.9529	-2	8.0181 -2	5.6954 -2	1.3811 -2	7.2306 -2	9.5014	-2	1.0698 -2	5.2160
05	Tratamentos	21	7.7250	-2	3.6034 -2	3.2810 -2	3.2517 -2	2.0962 -2	1.1709	-	1.1630 -2	5.1133
	Hib.vs Test.	1	1.5960	-2	3.0272 -2	1.2409 -2	4.1590 -2	3.7079 -2	4.0012	-2	1.6661 -2	3.2287
	Híbridos	20	8.0315	-2	3.6322 -2	3.3830 -2	3.2063 -2	2.0156 -2	1.0294	-2	1.1379 -2	3.7526
	Erro	123	1.0639	-2	9.5542 -2	7.5542 -2	1.4256 -2	7.9823 -2	9.1068	-2	7.6227 -2	5.9089
06	Tratamentos	21	7.6837	-2	5.6207 -2	4.4239 -2	1.8849 -2	1.4376 -2	5.1347	-	4.2365 -2	4.5441
	Hib.vs Test.	1	5.0358	-2	1.2688 -2	7.1715 -2	5.2706 -2	5.3160 -2	1.8289	-2	2.5318 -2	1.2942
	Híbridos	20	7.8161	-2	5.2673 -2	4.2865 -2	1.7156 -2	1.2465 -2	4.4770	-	4.3218 -2	4.1242
	Erro	123	1.3470	-2	1.4677 -2	1.1517 -2	1.3949 -2	5.8019 -2	8.6711	-2	8.2734 -2	8.6027
AGRPADA	Trat./Exp.	120	9.7048	-2	6.1799 -2	4.4575 -2	2.4043 -2	1.7555 -2	8.3012	-	1.0963 -2	6.4234
	Hib.vs Test/Exp.	6	2.0305	-2	4.5339 -2	4.2709 -2	2.4004 -2	1.8728 -2	4.4519	-2	2.2361 -2	3.7997
	Hib./Exp.	114	1.0108	0	6.2694 -2	4.5765 -2	2.4048 -2	1.7489 -2	6.3950	-	1.0363 -2	4.7617
	Erro Médio	744	1.2660	-2	1.0843 -2	8.0360 -2	1.3335 -2	6.6423 -2	7.3987	-2	8.2383 -2	4.9661

§ Quadros médios: para o caráter PT, os Q's do erro partem 1 e 6 g.l., respectivamente em cada experimento e análise agrupada, devido à correção dos valores pelo método de covariância.

E Este algarismo corresponde ao expoente na base 10 que multiplica os valores. Ex.: 1.1348 é equivalente a 1.1348×10^0 .

Tabela 21. Estimativas da variância genética (σ_g^2 : primeiro valor) e fenotípica entre médias de híbridos (σ_{Hl}^2 : segundo valor), e herdabilidade no sentido amplo (h^2), para dez caracteres de híbridos simples avaliados em seis experimentos, Piracicaba, SP, 1982/83.

CARACTERES	EXPERIMENTOS							Agrupada
	01	‡	02	03	04	05	06	
PT	1,7457 -1		1,9779 -1	1,1764 -1	1,6617 -1	1,1613 -1	1,0782 -1	1,4737 -1
	1,9727 -1		2,2007 -1	1,4421 -1	1,8109 -1	1,3386 -1	1,3027 -1	1,6847 -1
	0,8849		0,8988	0,8158	0,9176	0,8675	0,8277	0,8748
PE	9,2846 -3		1,0064 -2	7,3266 -3	1,5283 -2	4,4613 -3	6,3326 -3	8,6418 -3
	1,1177 -2		1,1927 -2	9,0582 -3	1,6619 -2	6,0537 -3	8,7788 -3	1,0449 -2
	0,8307		0,8438	0,8088	0,9196	0,7370	0,7214	0,8270
PG	5,1336 -3		8,6926 -3	5,3806 -3	9,5555 -3	4,3793 -3	5,2248 -3	6,2881 -3
	6,5355 -3		9,9757 -3	6,6217 -3	1,0505 -2	5,6384 -3	7,1442 -3	7,6275 -3
	0,7855		0,8714	0,8126	0,9096	0,7767	0,7313	0,8244
AP	2,7337 -2		4,2157 -2	4,9495 -2	3,4140 -2	5,1063 -2	2,6269 -2	3,7858 -2
	2,9730 -2		4,4020 -2	5,1581 -2	3,6442 -2	5,3439 -2	2,8584 -2	4,0081 -2
	0,9195		0,9577	0,9596	0,9368	0,9555	0,9187	0,9445
AE	1,9630 -2		3,0668 -2	3,9385 -2	3,0593 -2	3,2263 -2	1,9807 -2	2,8042 -2
	2,0865 -2		3,1807 -2	4,0163 -2	3,1798 -2	3,3593 -2	2,0774 -2	2,9149 -2
	0,9408		0,9642	0,9806	0,9621	0,9604	0,9535	0,9620
NR	5,5066 0		1,2812 1	1,0642 1	6,3972 0	1,5639 1	6,0165 0	9,4252 0
	6,4425 0		1,3680 1	1,1681 1	7,9808 0	1,7156 1	7,4616 0	1,0658 1
	0,8547		0,9366	0,9110	0,8016	0,9115	0,8063	0,8843
DE	5,1512 -2		2,4800 -2	3,1889 -2	3,8861 -2	6,7145 -3	4,2833 -2	5,3205 -2
	5,5592 -2		2,9182 -2	3,5240 -2	4,2535 -2	1,1142 -2	4,8790 -2	3,7510 -2
	0,9266		0,8498	0,9049	0,9136	0,6026	0,8779	0,8852
DS	2,8902 -2		2,1541 -2	5,9001 -3	1,0925 -2	1,7694 -2	5,8241 -3	1,5899 -2
	3,0065 -2		2,3193 -2	6,8829 -3	1,2708 -2	1,8965 -2	7,2030 -3	1,7272 -2
	0,9613		0,9288	0,8572	0,8597	0,9330	0,8086	0,9205
FM	1,7094 0		3,7242 0	1,4382 1	3,4580 0	4,9851 0	4,1677 0	5,0714 0
	1,9536 0		4,1968 0	1,4811 1	3,7295 0	5,3462 0	4,5636 0	5,4343 0
	0,8750		0,8900	0,9707	0,9299	0,9340	0,9155	0,9332
FF	3,2357 0		9,5522 0	1,7411 1	3,7828 0	5,2729 0	5,4398 0	7,1084 0
	3,8667 0		1,0143 1	1,7875 1	4,6522 0	6,2544 0	6,8736 0	7,9361 0
	0,8368		0,9418	0,9740	0,8131	0,8431	0,7914	0,8957

‡ Este Algarismo corresponde ao expoente na base 10 que multiplica os valores. Ex.
1,7457 - 1 equivale a $1,7457 \times 10^{-1}$

Tabela 22 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica entre dez caracteres de híbridos simples. Piracicaba, SP. 1982/83.

PT	PE	PG	AP	AE	NR	DE	DS	FM	FF
PT	-	0,830 **	0,442 **	0,432 **	-0,192 *	0,272 **	-0,055 ns	0,089 ns	-0,159 ns
PE	-	0,983 **	0,454 **	0,405 **	0,077 ns	0,411 **	0,128 ns	0,071 ns	-0,154 ns
PG	-	-	0,460 **	0,412 **	-0,135 ns	0,400 **	0,026 ns	0,012 ns	-0,236 **
AP	-	-	-	0,814 **	0,098 ns	0,097 ns	0,052 ns	0,001 ns	-0,207 *
AE	-	-	-	-	0,123 ns	0,065 ns	0,027 ns	0,092 ns	-0,186 *
NR	-	-	-	-	-	0,057 ns	0,408 **	0,096 ns	0,172 ns
DE	-	-	-	-	-	-	0,535 **	0,080 ns	-0,054 ns
DS	-	-	-	-	-	-	-	0,208 *	0,129 ns
FM	-	-	-	-	-	-	-	-	0,761 **
FF	-	-	-	-	-	-	-	-	-

‡ ns, * e **: equivale a não significativo e significativo ao nível de 5% (P < 0,05) e 1% (P < 0,01) de probabilidade, respectivamente, de acordo com o teste t.

Tabela 23 - Análise complementar da variância com decomposição da variação entre híbridos, segundo o modelo fatorial com interação. Piracicaba, SP, 1982/83.

CONJUNTO		G.L.	PT [§]	§	PE	PG
01	Híbridos	23	-	-	-	-
	Dente	4	9,9745	-1 **	2,2072 -2 ns	1,2787 -2 ns
	Flint	4	5,0336	0 **	3,0806 -1 **	1,6707 -1 **
	D x F	15	2,5039	-1 *	1,6516 -2 ns	1,2447 -2 ns
	Erro	115	1,3748	-1	1,1062 -2	8,1820 -3
02	Híbridos	19	-	-	-	-
	Dente	4	6,2155	-1 **	4,7952 -2 **	3,6931 -2 **
	Flint	4	4,4347	0 **	1,9451 -1 **	1,7955 -1 **
	D x F	11	3,6837	-1 *	2,0497 -2 ns	1,3706 -2 ns
	Erro	95	1,4669	-1	1,1668 -2	7,9950 -3
03	Híbridos	15	-	-	-	-
	Dente	3	1,3209	0 **	2,8362 -2 *	1,0723 -2 ns
	Flint	4	2,0281	0 **	1,2570 -1 **	9,6159 -2 **
	D x F	8	1,6713	-1 ns	2,0215 -2 **	2,1573 -2 **
	Erro	75	1,3674	-1	9,3040 -3	6,5600 -3
04	Híbridos	15	-	-	-	-
	Dente	4	1,8904	0 **	1,2126 -1 **	8,0255 -2 **
	Flint	3	2,0294	0 **	2,5837 -1 **	1,6050 -1 **
	D x F	8	3,8601	-1 **	3,8575 -2 **	2,8918 -2 **
	Erro	75	7,0288	-2	8,1000 -3	5,7070 -3
05	Híbridos	20	-	-	-	-
	Dente	4	4,7290	-1 **	1,9766 -2 ns	1,8427 -2 ns
	Flint	4	2,4464	0 **	9,9567 -2 **	9,7311 -2 **
	D x F	12	2,7211	-1 *	1,6265 -2 ns	1,3195 -2 ns
	Erro	100	1,1639	-1	9,9760 -3	7,8790 -3
06	Híbridos	20	-	-	-	-
	Dente	4	1,8643	0 **	7,1143 -2 **	4,5853 -2 **
	Flint	4	1,1749	0 **	1,5537 -1 **	1,3451 -1 **
	D x F	12	2,7018	-1 **	1,0054 -2 ns	7,9810 -3 ns
	Erro	100	1,2911	-1	1,5659 -2	1,2289 -2
AGRUPADA ⁶	Híbridos/Conj.	112	-	-	-	-
	Dente	23	1,1893	0	5,2776 -2	3,5182 -2
	Flint	23	2,8939	0	1,8730 -1	1,3826 -1
	D x F	66	2,8395	-1	2,0137 -2	1,5084 -2
	Erro médio	554	1,2471	-1	1,1160 -2	8,2814 -3

§ Valores dos quadrados médios correspondentes a cada caráter.

§ Este algarismo corresponde ao expoente na base 10 que multiplica os valores.
Ex.: 9,9745 -1 equivale a $9,9745 \times 10^{-1}$

6 Esta análise foi realizada considerando-se as linhagens como um conjunto aleatório (Ítem 3.2.8).

Tabela 24 - Estimativa da capacidade geral de combinação, $\hat{g}_i$ e $\hat{p}_j$ (efeitos principais) segundo o modelo fatorial, para as três características em seis conjuntos de híbridos simples, Piracicaba, SP, 1982/83.

CONJUNTO	$\hat{g}_i$	Dente			$\hat{p}_j$	Flint §		
		PT	PE	PG		PT	PE	PG
01	$\hat{g}_1$	0,204	0,010	0,009	$\hat{p}_1$	-0,123	-0,020	-0,015
	$\hat{g}_2$	0,191	0,040	0,033	$\hat{p}_2$	0,188	0,024	0,025
	$\hat{g}_3$	-0,152	-0,003	-0,009	$\hat{p}_3$	-0,342	-0,072	-0,012
	$\hat{g}_4$	-0,199	-0,039	-0,017	$\hat{p}_4$	-0,358	-0,096	-0,083
	$\hat{g}_5$	-0,044	-0,008	-0,017	$\hat{p}_5$	0,636	0,164	0,115
	$\hat{\mu}$	3,164	0,755	0,635	$\hat{\mu}$	3,164	0,755	0,635
02	$\hat{g}_6$	0,014	-0,021	-0,020	$\hat{p}_6$	0,301	0,102	0,085
	$\hat{g}_7$	-0,101	-0,040	-0,032	$\hat{p}_7$	-0,493	-0,109	-0,105
	$\hat{g}_8$	0,245	0,073	0,062	$\hat{p}_8$	-0,406	-0,097	-0,090
	$\hat{g}_9$	-0,125	-0,005	-0,015	$\hat{p}_9$	0,418	0,041	0,049
	$\hat{g}_{10}$	-0,033	-0,007	0,005	$\hat{p}_{10}$	0,180	0,062	0,060
	$\hat{\mu}$	3,024	0,787	0,648	$\hat{\mu}$	3,024	0,787	0,648
03	$\hat{g}_{11}$	-0,273	-0,050	-0,030	$\hat{p}_{11}$	0,349	0,089	0,090
	$\hat{g}_{12}$	-	-	-	$\hat{p}_{12}$	-0,435	-0,062	-0,059
	$\hat{p}_{13}$	0,332	0,028	0,022	$\hat{p}_{13}$	-0,259	-0,107	-0,088
	$\hat{g}_{14}$	-0,068	0,000	-0,001	$\hat{p}_{14}$	0,197	0,055	0,046
	$\hat{p}_{15}$	0,008	0,023	0,009	$\hat{p}_{15}$	0,148	0,024	0,010
	$\hat{\mu}$	3,199	0,802	0,671	$\hat{\mu}$	3,199	0,802	0,671
04	$\hat{g}_{16}$	-0,488	-0,124	-0,102	$\hat{g}_1$	0,112	0,028	0,021
	$\hat{g}_{17}$	0,207	0,100	0,080	$\hat{g}_2$	-	-	-
	$\hat{g}_{18}$	0,067	-0,025	-0,020	$\hat{g}_3$	-0,163	-0,065	-0,040
	$\hat{g}_{19}$	0,277	0,031	0,019	$\hat{g}_4$	-0,321	-0,107	-0,092
	$\hat{g}_{20}$	0,062	0,019	0,023	$\hat{g}_5$	0,372	0,144	0,111
	$\hat{\mu}$	3,268	0,839	0,710	$\hat{\mu}$	3,268	0,839	0,710
05	$\hat{g}_{21}$	-0,170	-0,036	-0,033	$\hat{g}_6$	0,244	0,053	0,054
	$\hat{g}_{22}$	0,203	0,031	0,038	$\hat{g}_7$	-0,264	-0,060	-0,060
	$\hat{g}_{23}$	0,009	0,022	0,012	$\hat{g}_8$	-0,303	-0,078	-0,076
	$\hat{g}_{24}$	0,021	0,000	-0,003	$\hat{g}_9$	0,396	0,061	0,062
	$\hat{g}_{25}$	-0,064	-0,018	-0,015	$\hat{g}_{10}$	-0,073	0,044	0,040
	$\hat{\mu}$	2,978	0,753	0,642	$\hat{\mu}$	2,978	0,753	0,642
06	$\hat{g}_{26}$	-0,140	0,023	0,017	$\hat{p}_{11}$	0,334	0,073	0,073
	$\hat{p}_{27}$	-0,103	-0,042	-0,026	$\hat{p}_{12}$	-0,226	-0,123	-0,116
	$\hat{g}_{28}$	0,152	0,010	0,004	$\hat{p}_{13}$	-0,239	-0,043	-0,037
	$\hat{g}_{29}$	0,370	0,065	0,054	$\hat{p}_{14}$	0,099	0,052	0,044
	$\hat{g}_{30}$	-0,280	-0,056	-0,048	$\hat{p}_{15}$	0,033	0,040	0,035
	$\hat{\mu}$	3,098	0,772	0,659	$\hat{\mu}$	3,098	0,772	0,659
Média geral		3,116	0,782	0,658		3,116	0,782	0,658
Coeficiente de correlação (r)		$r_{PT,PE} = 0,832$			$r_{PT,PE} = 0,926$			
		$r_{PT,PG} = 0,818$			$r_{PT,PG} = 0,929$			
		$r_{PG,PE} = 0,983$			$r_{PG,PE} = 0,990$			

§: Cada linhagem flint participa de dois conjuntos dialélicos; assim, estimativas de $\hat{p}_j$ com mesmo sub-índice referem-se a mesma linhagem flint, em cruzamento com diferentes linhagens dente.

μ : Média obtida da análise das tabelas dialélicas, segundo modelo completo (ver item 3.2.6); referem-se ao conjunto de linhagens dente e flint.

Tabela 25 - Estimativas dos componentes da variância segundo modelo fatorial com interação[§]. Piracicaba, SP. 1982/83.

EXPERIMENTO		PT	£	PE	PG		
01	σ_d^2	2,6213	-2	2,0091	-4	1,1930	-5
	σ_f^2	1,6783	-1	1,0236	-2	5,4253	-3
	σ_{df}^2	1,8818	-2	8,8067	-4	7,1083	-4
02	σ_d^2	1,1253	-2	1,2202	-3	8,1491	-4
	σ_f^2	1,8073	-1	7,7339	-3	5,8190	-3
	σ_{df}^2	3,6945	-2	1,4715	-3	9,5183	-4
03	σ_d^2	5,2443	-2	-4,0136	-5	-4,9318	-4
	σ_f^2	1,0339	-1	5,3583	-3	4,1437	-3
	σ_{df}^2	5,0640	-3	3,3235	-3	2,5022	-3
04	σ_d^2	8,3578	-2	4,5934	-3	2,8521	-3
	σ_f^2	7,4702	-2	1,2211	-2	5,9811	-3
	σ_{df}^2	5,2620	-2	5,0792	-3	3,8685	-3
05	σ_d^2	8,4082	-3	1,4588	-4	2,1800	-4
	σ_f^2	9,0597	-2	3,4709	-3	3,5048	-3
	σ_{df}^2	2,5953	-2	1,0482	-3	8,8600	-4
06	σ_d^2	6,6421	-2	2,5454	-3	1,5780	-3
	σ_f^2	3,7695	-2	6,0550	-3	5,2719	-3
	σ_{df}^2	2,3511	-2	-9,3417	-4	-7,1800	-4
AGRUPADA	σ_d^2	3,8993	-2	1,4058	-3	8,6565	-4
	σ_f^2	1,1241	-1	7,2000	-3	5,3052	-3
	σ_{df}^2	2,6540	-2	1,4962	-3	1,1337	-3

§ Análogo ao Delineamento II de COMSTOCK e ROBINSON (1948).

£ Expoente do fator multiplicador na base 10. Exemplo: 2,6213 -2 equivale a $2,6213 \times 10^{-2}$.

Tabela 26 - Estimativa dos componentes da variância genética aditiva ($\sigma^2_{A(12)}$) e dominante ($\sigma^2_{D_{12}}$) ao nível interpopulacional, para três caracteres de produção. Piracicaba, SP. 1982/83.

CARACTERES	$\sigma^2_{A(12)}$	$\sigma^2_{D_{12}}$
Peso total de espigas (em g/planta) ²	242,25	42,46
Peso de cinco espigas (em g/espiga) ²	344,23	59,85
Peso de grãos (em g/espiga) ²	246,83	45,35

$\sigma^2_{A(12)} = \sigma^2_d + \sigma^2_f$; sendo σ^2_d e σ^2_f variância genética relativa a linhagem dente e flint, respectivamente, da análise agrupada da Tabela 25 (ver item 3.2.8).

Figura 1 - Distribuições dos valores médios observados, dos híbridos simples avaliados experimentalmente, para os caracteres: A. peso total de espigas; B. peso de cinco espigas; C. peso de grãos. ($\bar{X}$ = média geral dos híbridos, $\bar{T}$ = média geral da testemunha, IC = intervalo de classe e A = amplitude de de variação).