AVALIAÇÃO DO POTENCIAL GENÉTICO DE LINHAGENS E
RESPECTIVOS TESTADORES OBTIDOS DE DUAS
POPULAÇÕES DE MILHO (*Zea mays* L.)

JUAN FERNANDO AGUILAR MORÁN

Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO 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
Maio - 1984

.ii.

Aos meus pais e irmãos,

OFEREÇO

À Maria Bernardete Delão,

DEDICO

AGRADECIMENTOS

- Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho, mais que um orientador, um amigo, obrigado pela orientação e estímulo dedicado a este trabalho.

- Prof. Dr. Ernesto Paterniani e ao Prof. Dr. João Lúcio de Azevedo, na qualidade de Diretores do Instituto de Genética, pelas facilidades concedidas.

- Prof. Dr. Isaías Olívio Geraldi, pelas sugestões e críticas.

- Ao Dr. Fernando Ajudarte Neto, pela amizade e facilidades concedidas.

- Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela bolsa concedida para realização desse estudo.

- Professores do Departamento de Genética da ESALQ/USP, pelos conhecimentos adquiridos, em especial à Profª Drª Maria Ruth Buzzato Alleoni, pela colaboração na elaboração de programas para computação de dados.

- Funcionários do Departamento e Instituto de Genética que colaboraram na execução dos trabalhos de campo e processamento de dados e em especial a Antonio Miotto, Narciso Razera, Elizabeth Rodrigues e Sérgio Bertin.

- Amigos Andrés Lai, Leonel Herrera, Juan Leal, Paulo Mendez, Alessandro Orelli Jr., Marcos Rios, Enrique Guandique, Federico Cuellar, Alfonso Castro e Juan Gallegos e, aos colegas de curso Moraima de Salcedo, Marcy Toggler, Jesus Acosta e Paulo Telles, pela ajuda oferecida.

- Finalmente sou grato a todas aquelas pessoas que, embora não mencionadas, contribuíram direta ou indiretamente para execução desse trabalho.

ÍNDICE

	<u>página</u>
RESUMO	xx
SUMMARY	xxiii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Estudos visando a redução do porte da planta	3
2.2. Testadores e capacidade de combinação	8
2.3. Estimativas de parâmetros genéticos em populações de milho	16
2.3.1. Estimativas para o caráter produção de grãos	17
2.3.2. Estimativas para os caracteres altura da planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão	19
2.3.3. Correlações entre os caracteres: altura da planta, altura da espiga, número de ramificações do pendão e produção●	21
3. MATERIAL	24
3.1. Populações "Composto Dentado-PB" e "Composto Flint-PB"	25
3.2. Linhagens S ₄ do "C. Dentado-PB" e "C. Flint-PB"	26

3.3. Testadores "SIN Dentado-PB" e "SIN Flint-PB"	26
3.4. "Top-crosses": linhagens x testador .	27
3.5. Famílias de meios-irmãos dos testadores	28
3.6. Testemunhas: Híbrido duplo "Cargill 511"	28
4. MÉTODOS	29
4.1. Execução experimental	29
4.2. Análise estatístico-genética	32
4.2.1. Análise da variância	32
4.2.2. Estimativas dos componentes da variância	34
4.2.2.1. Híbridos "top-crosses" ...	34
4.2.2.2. Progenies de meios-irmãos.	37
4.2.3. Análise de covariância nas progenies de meios-irmãos	39
4.2.4. Estimativas dos componentes da covariância de progenies de meios-irmãos	41
4.2.5. Correlações genéticas e fenotípicas entre caracteres de meios-irmãos ..	45
4.2.6. Ganhos esperados com a seleção entre progenies de meios-irmãos	45

4.2.7. Distribuição de frequência das médias dos caracteres dos híbridos "top-crosses"	46
5. RESULTADOS	47
5.1. Análise geral dos dados	47
5.2. Avaliação dos "top-crosses"	49
5.3. Avaliação dos testadores	53
6. DISCUSSÃO	60
6.1. Análise geral e precisão das estimativas	60
6.2. Avaliação dos "top-crosses"	65
6.3. Propriedades dos testadores	73
7. CONCLUSÕES	85
8. LITERATURA CITADA	89
TABELAS e FIGURAS	106

LISTA DE TABELAS

página

Tabela 1. Esperança matemática dos quadrados médios, $E(Q.M.)$, nas análises de variância segundo o delineamento em látice, para os caracteres produção total de grãos e peso de cinco espigas, a nível de totais de parcelas e a nível de plantas individuais	35
Tabela 2. Esperança matemática dos quadros médios $E(Q.M.)$, nas análises de variância segundo o delineamento em látice, para os diversos caracteres cujas análises de variância foram feitas com médias de parcela, a nível de médias de parcela e a nível de plantas individuais	36
Tabela 3. Esperança matemática dos produtos médios $E(P.M.)$, nas análises de covariância segundo o delineamento em látice, para os diversos caracteres estudados a nível de totais de parcelas e a nível de plantas individuais	42
Tabela 4. Esperança matemática dos produtos médios $E(P.M.)$, nas análises de covariância segundo o delineamento em látice, para os diversos caracteres estudados, a nível de totais-médias e a nível de plantas individuais	43

Tabela 5. Esperança matemática dos produtos médios $E(P.M.)$, nas análises de covariância segundo o delineamento em látice, para os diversos caracteres, a nível de médias e de plantas individuais	44
Tabela 6. Eficiência do látice (EFL%), coeficiente de variação experimental (CVe%), média da população ($\bar{X}$), média da testemunha ($\bar{T}$) e porcentagem em relação à média da testemunha ($\bar{X}\%$), para cinco caracteres em onze experimentos. Milho. Piracicaba. SP, 1982/83.....	107
Tabela 7. Valores e significâncias dos quadrados médios a nível de plantas individuais de tratamentos (QMT), do resíduo (QMR) e dentro (QMD); coeficiente de variação experimental (CVe%); coeficiente de variação genética (CVg%); índice de variação "b" (CVg/CVe), média de população ($\bar{X}$), média da testemunha ($\bar{T}$); porcentagem em relação à testemunha ($\bar{X}\%$) e amplitude em porcentagem, para cinco caracteres em quatro populações. Milho. Piracicaba, SP, 1982/83.	108
Tabela 8. Produção de grãos (PG) e porcentagem em relação à média da testemunha ($\bar{X}\%$) dos "top-crosses" selecionados de duas populações. Milho. Piracicaba, SP, 1982/83.....	110

- Tabela 9. Estimativas a nível de plantas individuais das variâncias genéticas entre progênies (σ^2_p), erro ambiental entre parcelas (σ^2_e), fenotípica dentro de progênie (σ^2_d), genética aditiva (σ^2_A), fenotípica entre médias de progênies (σ^2_F), fenotípica entre plantas (σ^2_F) e coeficiente de herdabilidade a nível de médias e de plantas individuais ($h^2_{\bar{x}}$ e h^2 , respectivamente), para cinco caracteres em quatro populações. Milho. Piracicaba, SP, 1982/83 111
- Tabela 10. Produtos médios a nível de plantas individuais, nas análises conjuntas de dois experimentos de cada população, entre combinações dos seguintes caracteres: produção de grãos (PG), peso de cinco espigas (PE), altura da planta (AP); altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NR). Milho. Piracicaba, SP, 1982/83..... 112
- Tabela 11. Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva (r_A), fenotípica entre médias de progênies (r_F) e fenotípica entre plantas (r_F) entre os caracteres produção de grãos (PG), peso de cinco espigas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NR) obtidas das análises conjuntas de dois experimentos de cada população. Milho. Piracicaba, SP, 1982/83 113

Tabela 12. Progressos esperados por ciclo de seleção direta, em porcentagem das médias, dos caracteres produção de grãos e altura da planta. Milho. Piracicaba. SP, 1982/83.....	114
--	-----

LISTA DE FIGURAS

página

- Figura 1. Distribuição de médias de produção de grãos de híbridos "top-crosses" em porcentagem, com relação à testemunha "Cargill 511": (A) C. Flint-PB(S4) x SIN Dentado-PB e (B) C. Dentado-PB(S4) x SIN Flint-PB ($\bar{X}$: médias dos "top-crosses" ; $\bar{T}$: média da testemunha; IC: intervalo de classe; s: desvio padrão e i%: porcentagem de tratamentos selecionados). Milho. Piracicaba, SP, 1982/83. 115
- Figura 2. Distribuição de médias de peso de cinco espigas de híbridos "top-crosses" em porcentagem, com relação à testemunha "Cargill 511": (A) C. Flint-PB(S4) x SIN Dentado-PB e (B) C. Dentado-PB(S4) x SIN Flint-PB. ($\bar{X}$: médias dos "top crosses"; $\bar{T}$: média da testemunha; IC: intervalo de classe; s: desvio padrão; e i%: porcentagem de tratamentos selecionados). Milho. Piracicaba, SP, 1982/83 116

Figura 3. Distribuição de médias de altura da planta de híbridos "top-crosses" em porcentagem, com relação à testemunha "Cargill 511": (A) C. Flint-PB(S4) x SIN Dentado-PB e (B) C. Dentado-PB(S4) x SIN Flint-PB ($\bar{X}$); médias dos "top-crosses"; T: média da testemunha; IC: intervalo de classe; s: desvio padrão e i%: porcentagem de tratamentos selecionados). Milho. Piracicaba, SP. 1982/83 117

Figura 4. Distribuição de médias de altura da espiga de híbridos "top-crosses" em porcentagem, com relação à testemunha "Cargill 511": (A) C. Flint-PB x SIN Dentado-PB e (B) C. Dentado-PB x SIN Flint-PB. ($\bar{X}$: médias dos "top-crosses"; T: média da testemunha; IC: intervalo de classe; s: desvio padrão e i%: porcentagem de tratamentos selecionados). Milho. Piracicaba, SP, 1982/83 118

CURRICULUM VITAE

JUAN FERNANDO AGUILAR MORÁN, filho de *Hector Aguilar García e Amada Isabel Morán de Aguilar*, nasceu em 28 de dezembro de 1958, na cidade da Guatemala, República da Guatemala. Em fevereiro de 1981, graduou-se em Engenharia Agrônômica no nível de Licenciado em Ciências Agrícolas pela Faculdade de Agronomia da Universidade de São Carlos de Guatemala (USAC). De fevereiro de 1979 até fevereiro de 1981, ministrou aulas práticas de Horticultura Geral e Olericultura na Faculdade de Agronomia da Universidade de São Carlos de Guatemala. De março de 1981 até fevereiro de 1982 foi contratado como Coordenador Técnico Administrativo da Estação Experimental "Bulbuxya" da Faculdade de Agronomia da USAC. Em março de 1982, iniciou o Curso de Pós-Graduação em "Genética e Melhoramento de Plantas", ministrado pelo Departamento e Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - ESALQ, da Universidade de São Paulo - USP.

AVALIAÇÃO DO POTENCIAL GENÉTICO DE LINHAGENS
E RESPECTIVOS TESTADORES OBTIDOS DE DUAS
POPULAÇÕES DE MILHO (*Zea mays* L.)

Autor: JUAN FERNANDO AGUILAR MORÁN

Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA
FILHO

RESUMO

O presente trabalho teve como objetivo avaliar a capacidade de combinação de linhagens S_4 através de "top-crosses" em dois compostos de porte intermediário, usando como testador um sintético da população contrastante com base genética estreita e produtividade média. Como estudo complementar, foram utilizadas estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para se obterem informações sobre a variabilidade, estrutura genética e outras propriedades dos testadores utilizados.

O material utilizado compreende 628 híbridos "top-crosses" sendo 264 de C. Flint-PB(S_4) x SIN Dentado-PB e 364 de C. Dentado-PB(S_4) x SIN Flint-PB; e 400 progênies de meios-irmãos obtidos dos testadores utilizados, sendo 200 do SIN Flint-PB ou MISF-PB e 200 do SIN Dentado ou MISD-PB; e uma testemunha (híbrido Cargill 511). As progênies foram avaliadas em onze experimentos segundo o delineamento de látice simples, no ano agrícola 1982/83.

Em todos os experimentos foram tomados dados de produção de grãos e sobrevivência, peso de cinco espigas, altura da planta e altura da espiga. Adicionalmente, nas progênies de meios-irmãos foram tomados dados referentes ao

número de ramificações do pendão.

Os dados experimentais foram submetidos às análises de variância para todos os caracteres nos dois tipos de progênies. Nas progênies de meios-irmãos também foram feitas análises de covariância envolvendo combinações de caracteres. A partir destas foram estimados os coeficientes de herdabilidade a nível de médias e distribuição de frequências de médias para os quatro caracteres estudados nos híbridos "top-crosses". Nas progênies de meios-irmãos dos testadores foram estimados os coeficientes de herdabilidade a nível de plantas para os cinco caracteres, os coeficientes de correlação genética aditiva e fenotípica entre a combinação de todos os caracteres e ganhos esperados com seleção direta para aumento da produção de grãos e diminuição da altura planta.

Apesar das diferenças ambientais observadas entre os grupos de experimentos, as diferenças de natureza genética foram evidenciadas entre populações pelo uso de caracteres de alta herdabilidade, permitindo assim mostrar a relação existente entre as populações de "top-crosses" e seu respectivo testador.

A superioridade dos "top-crosses" C. Flint-PB(S4) x SIN Dentado-PB sobre os C. Dentado-PB(S4) x SIN Flint-PB e de MISD-PB sobre MISF-PB com respeito à variabilidade de todos caracteres estudados, indicaram claramente uma influência do testador sobre o comportamento dos "top-crosses".

Entre os "top-crosses" C. Flint-PB(S4) x SIN Dentado-PB e C. Dentado-PB(S4) x SIN Flint-PB, 13,3% e 21,7%, respectivamente, superaram a média da testemunha (híbrido duplo Cargill 511) quanto à produção de grãos, os testadores SIN Flint-PB e SIN Dentado-PB, foram considerados com bom potencial para ser progenitores de híbridos.

Foi observado que apesar dos MISF-PB e os MISD-PB terem base genética estreita devido a ter diminuído drasticamente o tamanho populacional, apresentaram uma boa parcela de variabilidade em comparação com estimativas de outras populações. É possível, portanto, o melhoramento genético dos testadores via seleção recorrente, para todos os caracteres.

Foram encontradas discrepâncias entre as correlações dos caracteres nos dois testadores sendo atribuídas às diferenças de sua constituição genética.

EVALUATION OF THE GENETIC POTENTIAL OF INBRED
LINES AND RESPECTIVE TESTERS OBTAINED FROM
TWO POPULATIONS OF MAIZE (*Zea mays* L.)

Author: JUAN FERNANDO AGUILAR MORÁN

Adviser: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FQ

SUMMARY

The objective of this project was the evaluation of combining ability of S_4 inbred lines from two broad base composites, through topcrosses by using a synthetic from the opposite population as tester. The testers show narrow genetic base and intermediate yield. As a complementary study, genetic and phenotypic parameters were estimated, related to variability, genetic structure and other properties of the testers.

The material comprised 628 topcross hybrids; i.e., 264 from C. Flint-PB(S_4) x SIN Dentado-PB and 364 from C. Dentado-PB(S_4) x SIN Flint-PB; and 400 half-sib progenies from the tester populations; i.e., 200 from SIN Flint-PB or MISF-PB and 200 from SIN Dentado-PB or MISD-PB and a commercial hybrid (Cargill 511) as check. The progenies were evaluated on eleven experimental trials (simple lattice) on 1982/83.

In all the experiments data were taken for grain yield and final stand, weight of five ears, plant height and ear height. Additionally, the number of primary branches in the tassel was taken in the half-sib progenies.

The analysis of variance was performed for

the evaluated traits in both top-crosses and half-sib progenies. In the half-sib progenies the analysis of covariance also was performed for the combinations of traits, from the topcross analysis the coefficient of heritability on a progeny mean basis was estimated; also the distributions of mean frequencies were presented for all traits. In the analysis of half-sib progenies, the coefficient of heritability on a plant basis and the coefficients of genetic and phenotypic correlation for combinations of traits were estimated; also, the expected gains from direct selection for increasing yield and decreasing plant-height were given.

Despite of the environmental differences among groups of experiments, genetic differences were evident among populations, mainly for traits of higher heritability; thus, allowing to show the relations between the populations of topcrosses and their respective testers. The superiority of the topcrosses C. Flint-PB(S4) x SIN Dentado-PB over C. Dentado-PB(S4) x SIN Flint-PB and of MISD-PB over MISF-PB, respective to the variability for all the studied traits, is a clear indication of the influence of the tester on the performance of topcrosses.

Among the topcrosses C. Flint-PB(S4) x SIN Dentado-PB and C. Dentado-PB(S4) x SIN Flint-PB, 13.3% and 21.7%, yielded more than the hybrid check (Cargill 511), respectively. The testers SIN Flint-PB and SIN Dentado-PB were considered with good potential to be used as parents in hybrid crosses.

Despite of the narrow genetic base of the testers, as a consequence of the decrease in the effective size, they showed a good amount of genetic variability, as compared with estimates from other populations. Therefore, the genetic improvement of the testers via recurrent

selection is possible at some extent for all traits.

Some discrepancies were observed for the correlation between traits, in the tester populations; such differences were attributed to differences in their genetic structures.

1. INTRODUÇÃO

O melhoramento de milho no Brasil tem alcançado progressos consideráveis no tocante à produtividade, porém, menor ênfase tem sido dada a outros caracteres como altura da planta ou da espiga, razão pela qual os cultivares existentes, embora com boa produtividade, deixam muito a desejar no que diz respeito à arquitetura da planta.

A utilização de cultivares de porte reduzido pode apresentar uma série de vantagens como resistência ao acamamento, facilidade de colheita, maior densidade populacional, entre outros. Tais fatos justificam a atribuição de prioridade no melhoramento para porte reduzido em milho, apesar de existir uma correlação negativa entre altura da planta e produção de grãos.

Recentemente, está havendo um crescente interesse por cultivares de milho com porte baixo. Existem alguns materiais disponíveis, destacando-se o emprego do gene braquítico-2, que foi incorporado a várias populações (PATERNIANI, 1973; CIMMYT, 1972; MIRANDA FILHO, 1979) e também materiais de porte baixo como característica poligênica (CIMMYT, 1972; MIRANDA FILHO, 1974; MÔRO *et alii*, 1981).

No Brasil, têm sido desenvolvidos híbridos

bastante produtivos, porém a partir de germoplasmas que apresentam plantas naturalmente de porte alto, mas poucas são as informações sobre híbridos desenvolvidos a partir de germoplasmas com porte reduzido de natureza poligênica. Em qualquer caso, a fase de avaliação das linhagens, quanto à capacidade de combinação, é de importância fundamental para a identificação de híbridos superiores; neste aspecto, o uso de testadores adequados pode contribuir sensivelmente para aumentar a eficiência da seleção. Assim sendo, o propósito do presente estudo se resume na avaliação de linhagens através do "top-crosses" de dois compostos de porte baixo, usando como testador um sintético da população contrastante com base genética estreita e produtividade média. Como estudo complementar, são utilizadas estimativas de parâmetros genéticos para se obterem informações sobre a variabilidade, estrutura genética e outras propriedades dos testadores utilizados.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Estudos visando a redução do porte da planta

A maioria das variedades de milho nos trópicos, tendem a crescer muito, atingindo porte demasiado alto, o que pode originar sérios problemas de acamamento. Os esquemas de seleção usados para aumentar a produção de grãos, têm produzido plantas mais altas e com tendência à maturidade tardia. Além da altura da planta, a localização da espiga na metade superior do colmo também tende a reduzir o rendimento da colheita mecânica, devido a perdas causadas pelo acamamento.

RISSE e PATERNIANI (1981), indicam que a tendência entre os melhoristas é conduzir programas de melhoramento focalizando a arquitetura da planta, dando ênfase à necessidade de modificar a altura da planta e da espiga. Segundo MIRANDA FILHO (1974), essas características podem ser alteradas geneticamente de duas formas diferentes: (a) através de poligenes, os quais controlam quantitativamente a característica e, (b) através de genes maiores como o "br₂" (braquítico-2), os quais reduzem drasticamente a altura da planta quando estão na condição homozigota recessiva.

Ainda com relação à redução da altura da planta, CIMMYT (1970) apresentou três alternativas: (1) o uso de anões genéticos, (2) o cruzamento entre plantas com fenótipo de porte baixo com planta com fenótipo alto, recuperando recombinações de porte baixo em gerações segregantes e retrocruzando com o progenitor recorrente de porte alto; (3) a seleção recorrente de irmãos-germanos dentro dos tipos de porte alto. Como resultado, foram produzidos tipos de porte mais baixo, tendo os anões genéticos apresentado o maior contraste quanto à altura da planta. CIMMYT (1970), também considera que o melhor enfoque pode ser uma melhor recuperação dos grãos produzidos, em contraste com as grandes perdas ocasionadas pelo acamamento no material original.

JOSEPHSON e KINCER (1977), consideram que outro meio de reduzir o acamamento é efetuar seleção para reduzir a altura da espiga sem diminuir a altura da planta, devido à força de alavanca que exerce uma espiga localizada muito alto no colmo.

Quanto ao uso de genes maiores, nos Estados Unidos, os primeiros resultados com milho braquítico (br_2br_2) não tiveram o sucesso esperado em termos de produtividade; entretanto, mostraram alta resistência ao acamamento. O insucesso inicial dos braquíticos em relação à produção foi motivado por uma série de fatores, apontados por CAMPBELL (1965). Esses resultados repercutiram negativamente não só nos Estados Unidos, mas em outros países, no desenvolvimento de pesquisa com milho braquítico.

RISSI (1980), indica que no Brasil, a utilização do gene br_2 como alternativa para a redução da altura da planta, tem-se mostrado bastante promissora. Diferentemente da metodologia utilizada nos Estados Unidos, PATERNIANI (1973, 1974), introduziu o gene br_2 em populações permitindo a seleção de genes modificadores, no sentido de obter plantas com as características desejadas. A variedade "Piranão

($br_2 br_2$)", assim obtida, tem apresentado resultados bastante satisfatórios, não obstante se encontre ainda em fase de seleção. A grande variabilidade apresentada por essa população, em relação à altura da planta, permitiu a divisão em duas outras subpopulações: o "Piranão A", de porte médio e, o "Piranão B", de porte mais baixo.

Quanto ao uso de poligenes para a redução do porte da planta, como citado em CIMMYT (1972), iniciou-se em 1968 no México um programa de seleção recorrente de irmãos-germanos e introdução do gene braquítico para a redução da altura da planta na população denominada "Tuxpeño Crema I". A seleção recorrente de irmãos-germanos dentro de populações de ampla base genética, tem demonstrado ser uma forma rápida e efetiva para reduzir a altura da planta, já que os materiais selecionados por esse método são comparáveis em altura da planta à versão tipo braquítico-2, do mesmo material; em uma comparação preliminar o material "Tuxpeño planta baixa" teve um rendimento de 4,326 t/ha e uma altura da planta e da espiga de 2,06 e 1,10 m, respectivamente; em contrapartida, o "Tuxpeño br_2 " teve um rendimento de 4,175 t/ha e 2,03 e 1,09 m para a altura da planta e da espiga, respectivamente. Ainda, segundo o CIMMYT (1973), soube-se que a redução na altura da planta não foi acompanhada por redução no rendimento, quando comparada com a população original. PATERNIANI (1978), fez um estudo similar, e observou superioridade dos materiais braquíticos sobre os materiais de porte baixo de natureza poligênica, sendo esses últimos precoces.

O CIAT (1975), também relata sobre um esquema de seleção similar à do CIMMYT, para a redução do porte da planta, relatando que os materiais braquíticos são mais estáveis que os materiais de planta baixa controlados por genes menores, quanto à expressão da altura da planta sob as condições de fotoperíodo e temperatura da Colômbia. Porém, o milho com essas características não é adequado ao cultivo con-

sorciado com feijão e inhame, por apresentar internódios muito reduzidos que inibem o desenvolvimento vegetativo e impedem as plantas trepadoras de aderir-se (CIAT, 1976).

MOSHI (1983), avaliou 5 dos 18 ciclos de seleção recorrente de irmãos-germanos para redução da altura da planta da população "Tuxpeño Crema I", obtida pelo CIMMYT. O autor comprovou que os 18 ciclos de seleção reduziram a altura em 53% e observou respostas correlacionadas entre acamamento reduzido, altura da planta e precocidade. Também verificou considerável variabilidade genética para altura da planta, produção e início do florescimento no décimo oitavo ciclo, mas a variabilidade genética para acamamento e o número de espigas por planta foram reduzidas.

Outra linha de pesquisa utilizando poligenes é a seleção para redução da altura de inserção da espiga. Vários pesquisadores, têm demonstrado que a altura da inserção da espiga pode ser reduzida por seleção. THOMPSON e RAWLINGS (1960), indicam que para o desenvolvimento de híbridos com espigas baixas, a seleção inicial das linhagens é baseada na altura da espiga. A seleção seguinte se baseia na avaliação das linhagens em combinações híbridas com um testador. GIESBRECHT (1961), ao selecionar para espiga baixa, observou que a altura da planta, o número total de internódios e o número de internódios abaixo da espiga foram reduzidos e também indicou uma correlação negativa entre o comprimento e o número de internódios. Do mesmo modo, VERA e CRANE (1970), selecionaram plantas para espiga baixa em uma população sintética e depois de efetuarem dois ciclos de seleção, com uma intensidade de seleção de 50%, obtiveram uma redução de 4,5% em altura por ciclo com uma ligeira redução da produção. Em outro estudo, ACOSTA e CRANE (1972), reduziram a altura da espiga em 6% por ciclo, com outros dois ciclos de seleção no mesmo material, mas aplicando uma intensidade de seleção de 20%. A altura da planta foi reduzida em menor grau

e os materiais selecionados produziram menos do que a testemunha em cada ciclo de seleção.

JOSEPHSON e KINCER (1977), fizeram uma seleção de 10 ciclos para espiga baixa, com o fim de obterem sintéticos com uma alta relação entre a altura da planta e altura da espiga sem diminuir a altura total da planta e mantendo a maturidade similar à população original. Os autores determinaram que o efeito da seleção foi encurtar os internódios, sendo que as espigas foram produzidas em um nó mais abaixo e não houve alteração no número de dias até o florescimento, mas a produção de grãos diminuiu nos ciclos sucessivos. HARVILLE *et alii* (1978), ao testar os ciclos 1, 3, 5, 7, 8, 9 e 10 do mesmo material confirmaram os resultados de JOSEPHSON e KINCER (1977), em que a altura da espiga pode ser reduzida sem redução da altura da planta.

Outros aspectos relacionados com a seleção para altura da espiga são também mencionados na literatura. MOLL *et alii* (1975), determinaram que a associação genética entre a produção e altura da espiga pode não ser linear e que pode existir um ótimo de altura da espiga para a máxima produção. VEGA (1972), observou que a relação entre altura da espiga e altura da planta em 8 linhagens e 4 híbridos simples não variou com a alteração do meio ambiente, recomendando que essa relação seja usada como um critério na seleção de plantas de porte baixo. PATERNIANI (1968), ao praticar seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, observou que a seleção entre famílias foi efetiva para reduzir a altura da espiga e, a seleção dentro somente foi efetiva para a resistência ao acamamento e às doenças.

Outro enfoque diferente dentro da utilização de poligenes para a redução do porte das plantas é a formação de compostos. MIRANDA FILHO (1974), iniciou um programa de melhoramento de milho visando produtividade e porte baixo da planta e da espiga. Foram utilizadas nove populações de

polinização livre, sendo duas de porte normal (Compostos "Dentado" e "Flint") e sete de porte reduzido. A seleção foi feita considerando-se principalmente a produção de grãos no composto sintetizado a partir de sete variedades de altura reduzida de planta e de espiga, atualmente designada de ESALQ-PB1. VIEGAS e MIRANDA FILHO (1980), citam que a população "ESALQ-PB1", produziu em média 14,3% mais do que a variedade "Piranão", citada na parte inicial dessa revisão. Em dois compostos sintetizados a partir de cruzamentos entre variedades de porte normal e variedades de porte baixo o enfoque maior foi para a redução da altura da planta e da espiga.

MIRANDA FILHO (1974), informou que os compostos a partir do cruzamento entre variedades de porte normal e variedades de porte baixo, atualmente chamados de "Compostos Flint PB" ou ESALQ PB 3 e "Composto Dentado PB ou ESALQ PB 2", apresentariam maior produção que a população ESALQ PB 1. MIRANDA FILHO (1983) relata que em um cruzamento dialélico parcial os compostos ESALQ PB 2 e ESALQ PB 3 produziram 100,7% e 110,7%, respectivamente mais do que a população ESALQ PB1, as três populações foram submetidas a seleção após síntese, sendo que o ESALQ PB 1 tem sofrido mais ciclos de seleção.

2.2. Testadores e capacidade de combinação

A utilização da heterose via endogamia-hibridização, constitui o esquema fundamental de exploração de híbridos, conforme delineado por SHULL (1909), mas só foi utilizada quando JONES (1918), propôs o uso de híbridos simples para produzir híbridos duplos.

De 1920 até 1930, devido ao pequeno número de linhagens disponíveis, as avaliações em combinações híbridas eram feitas em todas as $n(n-1)/2$ combinações possíveis (MAT-

ZINGER, 1953). Entretanto, à medida que o número de linhagens aumentava no programa de melhoramento, esse procedimento tornou-se proibitivo.

DAVIS (1927), introduziu o uso de "top-crosses" para a avaliação de linhagens endogâmicas, sendo um tipo de teste de progênie que consiste no cruzamento de uma linhagem com uma variedade para avaliar a capacidade de combinação da linhagem. LINDSTROM (1931), verificando que algumas linhagens destacavam-se pelo seu comportamento em combinações, sugeriu que fosse utilizado o esquema de "top-cross" para avaliação. JENKINS e BRUNSON (1932), encontraram altas correlações entre a produção das linhagens e dos "top-crosses". Então, o uso de "top-cross" se tornou o método geral para avaliar o comportamento preliminar das linhagens, principalmente para capacidade de combinação.

JENKINS (1934), St. JOHN (1934) e JOHNSON e HAYES (1936), indicaram aumento na eficiência na seleção de linhagens para produção, avaliados pelo método de "top-cross", devido ao grande número de linhagens que podem ser descartadas com base em um teste preliminar, sendo possível a avaliação das linhagens selecionadas em combinações de híbridos simples ou duplos.

Recentemente, BAKTASH *et alii* (1981), ao estimar coeficientes de correlação entre "top-crosses" e cruzamentos dialélicos, obtidos do cruzamento de dez linhagens, observaram correlações positivas e significativas entre os "top-crosses" e os híbridos simples para produção de grãos, número de grãos por espiga e comprimento da espiga, indicando que o método de "top-cross" pode ser usado eficientemente na avaliação das linhagens.

SPRAGUE e TATUM (1942), introduziram os conceitos de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), surgindo então novas modifi-

cações para o uso dos "top-crosses". Na seleção para capacidade geral de combinação é usado como testador uma população de ampla base genética e, quando o testador tem uma base genética estreita, diz-se que a seleção é para capacidade específica de combinação.

Os termos "capacidade geral" e "capacidade específica de combinação" são muitas vezes mal empregados na literatura (KEMPTHORNE, 1966). A capacidade geral de combinação de uma linhagem não é uma propriedade fixa da mesma, pois depende da constituição genética da população utilizada como testador (KEMPTHORNE e CURNOW, 1961). Além disso, GARDNER e EBERHART (1966) mostram que em um cruzamento dialélico de linhagens ou de variedades, a capacidade geral de combinação de uma delas (g_j) depende também de h_j , um parâmetro que mede a heterose da linhagem quando cruzada com uma mistura de todas as outras, sendo portanto, função dos efeitos de dominância que se manifestam nos cruzamentos.

Segundo HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981, p. 267), o uso de "top-crosses" ou "test-crosses", em melhoramento de milho tem os seguintes objetivos: (1) avaliação da capacidade de combinação de linhagens endogâmicas num programa de melhoramento de híbridos e, (2) avaliação do valor genético dos genótipos da população a melhorar. Mas, em cada caso, o problema da escolha do testador, que promove a melhor discriminação entre os genótipos de acordo com os propósitos de seleção, é essencialmente o mesmo.

Para HALLAUER e LOPEZ-PEREZ (1979), o melhorista considera várias alternativas na seleção de um testador: (1) ampla base genética vs. estreita base genética, (2) alta frequência vs. baixa frequência gênica, (3) capacidade geral de combinação (CGC) vs. capacidade específica de combinação (CEC) e, (4) alta produção vs. baixa produção. Os autores, também indicam que outros fatores a se considerar na escolha de um testador podem ser: (5) o estágio de desenvol-

vimento do programa, (6) a disponibilidade de testadores, (7) os tipos de materiais sob teste e, (8) os tipos de híbridos para os quais as linhagens sob estudo serão usadas.

Os testadores têm sido definidos de diferentes formas e, MATZINGER (1953), definiu um "testador desejável" como sendo aquele que combina simplicidade no uso com máxima informação do rendimento das linhagens. Um "bom testador" foi definido por RAWLINGS e THOMPSON (1962), como o que classifica corretamente, referindo-se ao rendimento das linhagens e discriminando eficientemente entre o material testado. ALLISON e CURNOW (1966), consideram que o "melhor testador" é aquele que maximiza a produção média esperada de uma variedade sintética produzida por cruzamento ao acaso de genótipos selecionados. HALLAUER (1975), considera que um "testador adequado" deve incluir: (a) simplicidade no uso, (b) informação que corretamente classifique o mérito relativo das linhagens e (c) maximização do ganho genético.

Os testadores de base genética ampla têm sido usados sob a hipótese de que a superioridade das linhagens selecionadas é devida à sua maior capacidade geral de combinação, a qual está associada principalmente aos efeitos gênicos aditivos. HALLAUER e LOPEZ-PEREZ (1979), indicaram que a vantagem do uso de um testador de base genética ampla é: a presença de menor influência devida às interações linhagem x ambiente e linhagem x testador. No entanto, os testadores de base genética estreita não possuem os problemas de amostragem dos gametas de um testador de base ampla.

Diversos experimentos têm sido conduzidos visando a obtenção de evidências para orientação na escolha acertada de testadores, tanto para a seleção de linhagens em um programa de híbridos, como para a seleção de genótipos dentro de uma população (GREEN, 1948; KELLER, 1949; LONNQUIST e RUMBAUGH, 1958; HORNER *et alii*, 1963; LONNQUIST e LINDSEY, 1964; HORNER *et alii*, 1969). Outros pesquisadores

como RAWLINGS e THOMPSON (1962), COMSTOCK (1964), ALLISON e CURNOW (1966), associaram seus resultados a uma base teórica de genética quantitativa. De um modo geral, tanto os estudos teóricos como as evidências experimentais, estão a favor da superioridade de um testador homozigoto recessivo ou de uma variedade com baixa frequência dos genes importantes, conforme preconiza a hipótese de HULL (1945).

ALLISON e CURNOW (1966), apresentaram considerações teóricas para a escolha de testadores no melhoramento de populações; os autores concordam com RAWLINGS e THOMPSON (1962) que o melhor testador é um homozigoto recessivo para todos os loci, mas indicam que na prática a frequência gênica e, a quantidade e direção da dominância no testador são desconhecidos, e portanto sugerem o uso da variedade parental como sendo a melhor escolha para fins de testador. O uso de outras variedades como testadores pode não ser desejável devido ao fato que a outra variedade pode ter frequências gênicas contrastantes.

Em um programa de seleção recorrente recíproca não existe oportunidade para a escolha dos testadores, porque cada população é um testador natural da população contrastante, embora existam variações quanto à representatividade das populações como testadores.

No entanto, os resultados conseguidos por DARAH *et alii* (1972) e HORNER *et alii* (1973), em dois programas de seleção recorrente em milho, mostraram que a variância genética entre famílias de "test-crosses" foi aproximadamente duas vezes maior para um testador endogâmico que para a população parental usada como testador; nesse caso o ganho por seleção, poderia ser maior com o uso de um testador endogâmico, embora a interação genótipo x ambiente, seja esperada como sendo ligeiramente maior para os "test-crosses" feitos com testador endogâmico. Tais suposições levaram RUSSEL e EBERHART

(1975), a propor que os avanços em seleção recorrente recíproca, poderiam ser maiores se linhagens endogâmicas fossem extraídas da população parental, para usá-las como testadores em vez da própria população, conforme originalmente proposto por COMSTOCK *et alii* (1949). Resultados recentes de SPRAGUE e EBERHART (1977) e WALEJKO e RUSSELL (1977), concordam no uso de linhagens endogâmicas como testadores. Os autores sugerem que, com o progresso dos programas de seleção as linhagens usadas como testadores podem ser substituídas por melhores linhagens sem resultados deletérios relativos à população melhorada, devido a que nenhuma pressão de seleção pode ser aplicada em loci onde o testador é fixado para alelos favoráveis.

Entretanto, COMSTOCK (1979) apresentou comparações teóricas em relação ao procedimento proposto por RUSSELL e EBERHART (1975), demonstrando que não existem razões para esperar melhores resultados usando uma linhagem como testador em vez da população original, pois o fato de testadores endogâmicos resultarem em maior variância genética entre "test-crosses" não leva necessariamente a um maior aumento na alteração das frequências alélicas.

Ainda em relação à escolha de testadores, HAL LAUER e MIRANDA FILHO (1981, p. 260), mencionam outros estudos que têm sido conduzidos visando determinar: (1) a relação entre o rendimento das linhagens e o rendimento dos híbridos; (2) a efetividade da seleção visual para o desenvolvimento de linhagens que tenham boa capacidade de combinação; (3) a diversidade genética das linhagens sendo testadas; (4) o estágio apropriado do desenvolvimento das linhagens endogâmicas para testar a capacidade de combinação e, (5) a importância relativa das capacidade geral e específica de combinação. Os autores indicam que estudos relacionando cada um dos cinco itens acima citados, não têm sido abrangentes em todos os casos e que os resultados são frequentemente

conflitantes. O trabalho de HALLAUER e LOPEZ-PEREZ (1979), tentou abranger vários desses aspectos e, para isso foi conduzido um estudo que incluiu 50 linhagens S_1 e S_8 não selecionadas; linhagens S_8 obtidas por descendência direta de uma única planta a partir das linhagens S_1 . Essas linhagens foram cruzadas com cinco testadores escolhidos por suas supostas diferenças nas frequências gênicas para produção. Os testadores foram: (1) a população original; (2) uma linhagem melhorada obtida da população original e com produção média; (3) uma linhagem S_8 derivada da população base e classificada como sendo de baixa produção; (4) uma linhagem de alta produção; sendo todas elas relacionadas às linhagens sob avaliação e, (5) uma linhagem de alta produção não relacionada com as linhagens sendo avaliadas.

Para os testadores relacionados, a maior variação entre "test-crosses" foi para os testadores de base genética estreita, esses resultados concordam com a hipótese de HULL (1945), sendo que os testadores com baixa frequência de alelos favoráveis mostraram a maior variabilidade entre as linhagens em ambos os níveis de endogamia. Porém, o testador não relacionado, de alta produção, obteve a maior produção em ambos os níveis e a variabilidade entre "test-crosses" foi similar aos testadores de baixa produção. Os autores sugerem que o testador não relacionado pode identificar as linhagens que têm boa capacidade de combinação com as linhagens da população contrastante.

Outro problema relacionado à avaliação de linhagens se refere ao estágio de teste para capacidade de combinação. JENKINS (1935) e SPRAGUE (1939, 1946), consideram que o processo de endogamia por 5 ou 7 gerações acompanhadas de seleção visual é um processo estático e por isso sugeriram a avaliação precoce das linhagens. O teste precoce difere do procedimento usual em dois aspectos: (1) as plantas S_0 são cruzadas com um testador por ocasião da primeira autofecundação, permitindo assim a avaliação da capacidade de com-

binação e do comportamento geral dos "top-crosses" e, (2) o primeiro descarte, permite maior concentração de esforços nas linhagens promissoras durante as gerações S_1 e S_2 , quando existe maior oportunidade para a seleção dentro das linhagens (SPRAGUE, 1946). Para VIEGAS e MIRANDA FILHO (1980), o referido teste é baseado em duas premissas: (1) existe uma grande diferença na capacidade de combinação entre plantas de uma mesma população e, (2) a amostra, com base no teste de capacidade de combinação, dará mais segurança em selecionar melhores progênies do que aquelas obtidas com base na seleção fenotípica.

RICHEY (1945), levantou dúvidas quanto ao valor de seleção baseado no teste prococe devido aos seguintes argumentos: (a) o "test-cross" permite avaliar o comportamento de uma linhagem em qualquer estágio do programa, mas não existem bons indicadores da capacidade de combinação de uma linhagem antes que ela atinja um nível razoável de homozigose; (b) o comportamento de uma progênie autofecundada não é bom critério para capacidade de combinação antes de eliminar, por seleção, os genes recessivos de maior efeito individual e menor frequência. O autor considera que com a eliminação dos genes recessivos e progresso para maior homozigose, os resultados obtidos pelos testes das progênies autofecundadas ou cruzadas, serão mais consistentes; também considerou que pela autofecundação é possível selecionar dentro de famílias, enquanto que na avaliação em cruzamentos a seleção é feita so-mente entre famílias.

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 progênies S_2 são cruzadas com um testador apropriado, para serem avaliadas quanto à sua capacidade de combinação, sendo que as melhores progênies podem ainda ser avaliadas em S_3 ou S_4 . Apesar da grande quantidade de estudos sobre testadores,

ainda existem muitos aspectos que deverão ser esclarecidos para se chegar a um critério seguro sobre o uso de testadores no melhoramento do milho. Na maioria dos casos, os melhoristas utilizam critérios próprios e subjetivos para a escolha de testadores nos seus programas de melhoramento.

2.3. Estimativas de parâmetros genéticos em populações de milho

Deve-se salientar inicialmente que devido aos objetivos desse trabalho somente são incluídos nesta revisão, os estudos sobre os componentes da variância genética para os caracteres produção de grãos, altura da planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão, bem como informações sobre a correlação entre esses caracteres.

OBILANA e HALLAUER (1974), indicam que a principal razão, no melhoramento de plantas para estimar as variâncias genéticas é o seu valor na escolha do método mais efetivo e eficiente de seleção e melhoramento, como também o conhecimento sobre a natureza e quantidade da variação genética. Segundo OBILANA e HALLAUER (1977), melhoristas e geneticistas têm usado a divisão de variância genética para estudar as características quantitativas. Os mesmos autores reportam que várias metodologias e diferentes tipos de materiais genéticos têm sido usados para obter estimativas dos parâmetros genéticos.

Entre as metodologias empregadas na obtenção das estimativas dos componentes da variação genética, os delineamentos I, II e III propostos por COMSTOCK e ROBINSON (1948 e 1952) têm grande significado, pois permitem estimar a variância genética aditiva, a variância genética dominante, o grau médio de dominância e variância epistática. Utilizando tais delineamentos, estimativas dos componentes da variância têm sido obtidas por ROBINSON *et alii* (1949), SPRAGUE (1964), EBERHART *et*

alii (1966), OBILANA e HALLAUER (1977) e REGAZZI *et alii* (1979, 1980) entre outros.

Outra metodologia frequentemente empregada é a obtenção da variância genética aditiva, através de famílias de meios-irmãos. No Brasil, vários trabalhos têm sido feitos utilizando tal metodologia, podendo-se citar: QUEIROZ (1969), PATERNIANI (1967), CARMO (1969), SILVA (1969), MIRANDA FILHO *et alii* (1972), SUAREZ LEZCANO (1976), GERALDI (1977), CRISOSTOMO (1978), e RISSI (1980).

2.3.1. Estimativas para o caráter produção de grãos

Vários autores (LINDSEY *et alii*, 1962; GOODMAN, 1965; MOLL e ROBINSON, 1966; EBERHART *et alii*, 1966; SUBANDI e COMPTON, 1974; SILVA e HALLAUER, 1975), têm obtido estimativas dos componentes da variância genética para produção de grãos, indicando que a variância genética aditiva é o componente mais importante.

RAMALHO (1977), ao fazer um levantamento das estimativas dos parâmetros genéticos obtidas com os delineamentos propostos por COMSTOCK e ROBINSON (1948 e 1952), de populações F_2 , variedades de polinização livre e sintéticos, observou que os resultados obtidos para a produção de grãos e outros caracteres no milho mostram que existe variância genética aditiva mesmo em variedades que estão em cultivo há longo tempo. O autor também observou que as estimativas do grau médio de dominância ($\bar{a}$), utilizando populações F_2 , foram, em quase todos os casos, maiores que 1 para a produção de grãos, indicando a presença de sobredominância entre os alelos que controlam essa característica. Com respeito a isso, HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981, p. 122), indicam que estimativas do grau médio de dominância maiores que 1 em populações F_2 são devidas a efeitos de ligação em fase de repul-

são e por isso a ligação subestima a variância aditiva e superestima a variância dominante, sendo que os efeitos de ligação podem ser dissipados durante vários ciclos de seleção.

Nas variedades de polinização livre e variedades sintéticas, as estimativas do grau médio de dominância não podem ser obtidas diretamente, uma vez que não se conhece a frequência alélica da população. Nesses casos, a relação variância dominante/variância aditiva é empregada como uma maneira de se avaliar a importância relativa dos tipos de ação gênica. Nos levantamentos efetuados por RAMALHO (1977) e HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981, p. 116), na maioria dos casos estimados, essa relação foi inferior a 1,0 e bem inferior à observada para as populações F_2 , os autores concluem que os loci sobredominantes não são de grande importância para a variabilidade genética das populações estudadas.

RAMALHO (1977), também realizou um levantamento das estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para produção de grãos obtidos de ensaios de famílias de meios-irmãos, resumindo trinta estudos do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" e, observou que o intervalo das estimativas da variância genética aditiva foi de $7,58 \times 10^{-4}$ até $0,41 \times 10^{-4}$, com uma estimativa média da variância genética das trinta populações de $3,20 \times 10^{-4}$, sendo a produção estimada em kg/planta. Indicou que os problemas dessas estimativas consistem no fato que por serem obtidas de famílias de meios-irmãos não é possível ter estimativas da variância de dominância (σ_D^2) e, além disso, as mesmas foram obtidas de ensaios na maioria dos casos, em apenas uma localidade e num único ano e, portanto foram superestimados devido ao componente de variação resultante da interação genótipo x ambiente (σ_{AE}^2), que não pode ser isolado. O autor comparou as estimativas antes citadas com outro levantamento de estimativas que isolaram a componente σ_{AE}^2 , e

observou que apesar das estimativas da variância genética aditiva estarem superestimadas, os valores foram semelhantes e bem inferiores às estimativas obtidas por LINDSEY *et alii* (1962) e GOODMAN (1965). MIRANDA FILHO e VENCovsky (1972), utilizando algumas das populações do levantamento de RAMALHO (1977) chegaram à mesma conclusão. Uma das razões para o fato que as estimativas apresentadas por RAMALHO (1977), obtidas de famílias de meios-irmãos, não estejam fortemente superestimadas, foi fornecida por COMSTOCK e MOLL (1963); estes pesquisadores argumentam que os resultados mais críticos da interação genótipo x ambiente, são obtidos usando tipos de famílias que exibem maior variância genética. Assim sendo, as famílias de meios-irmãos liberam pouca variância genética aditiva e conseqüentemente é pequena a interação dos efeitos aditivos x ambiente.

Efeitos epistáticos significativos têm sido detectados principalmente em trabalhos que envolvem comparação entre médias de híbridos simples e triplos (BAUMAN, 1959; GORSLINE, 1961; SPRAGUE e THOMAS, 1967; e STUBER e MOLL, 1969), mas não se mostraram importantes em termos de componentes de variância conforme mostrado por diversos autores (ROBINSON *et alii*, 1955; COMPTON *et alii*, 1965; STUBER *et alii*, 1966; GARDNER e PATERNIANI, 1967 e SILVA e HALLAUER, 1975).

2.3.2. Estimativas para os caracteres altura da planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão

Segundo SHEHATA (1975), entre os pesquisadores de milho, existem diferentes pontos de vista quanto ao valor de análise de componentes na interpretação de produção. O autor determinou que caracteres como altura da planta, altura da espiga e dias ao florescimento são relacio

nados a aspectos agronômicos. Os resultados de SHEHATA (1975), foram parcialmente confirmados por FAKOREDE (1979) ao analisar 18 caracteres pelos métodos de fator análise, correlação e regressão. Por essa razão se explica que as estimativas da variância genética para altura da planta e da espiga sejam obtidas paralelamente com as estimativas para produção. As magnitudes das estimativas dos componentes da variância genética para os caracteres altura da planta e da espiga, têm sido semelhantes para esses dois caracteres (ROBINSON *et alii*, 1949; GARDNER *et alii*, 1953; GARDNER e LONNQUIST, 1959).

HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981, p. 116), num levantamento de 45 estimativas para altura da planta e 52 para altura da espiga verificaram que a maior parte da variância genética para esses caracteres têm sido do tipo aditivo, observando que as estimativas do grau médio de dominância indicam apenas a presença de dominância parcial. Quanto às estimativas da herdabilidade desses caracteres, os autores observaram que são similares e com valores altos.

CORNELIUS e DUDLEY (1976), detectaram efeitos significativos de dominância para altura da planta e da espiga e RAMAMURTHY (1980), somente para altura da planta.

Vários autores (ROBINSON *et alii*, 1955; LINDSEY *et alii*, 1952; GOODMAN, 1965; e LONNQUIST *et alii*, 1966), têm encontrado estimativas negativas da variância dominante, para as quais LINDSEY *et alii* (1952), têm explicado que essas resultam do erro de estimativas de quantidades muito pequenas, quase nulas.

MOCK e SCHUETZ (1974), consideram que o tamanho do pendão é um dos caracteres relacionados à eficiência das plantas de milho, e que o melhor critério para se avaliar esse caracter é o número de ramificações do pendão. Os autores determinaram que: (1) o número de ramificações do

pendão é herdado com um mínimo de oito fatores genéticos, (2) um número alto de ramificações é dominante comparando-se com o número baixo (3) os efeitos gênicos aditivos são importantes para esse caráter e, (4) a herdabilidade do caráter está em torno de 50%.

OBILANA e HALLAUER (1974), GERALDI (1977) e ANDRADE e MIRANDA FILHO (1979), têm estimado componentes da variância para o número de ramificações do pendão, obtendo valores de variância aditiva que vão de 6,5012 até 15,2320 e herdabilidade de 45,8% a 61,6%.

2.3.3. Correlações entre os caracteres: altura da planta, altura da espiga, número de ramificações do pendão e produção de grãos

Um aspecto genético de grande importância para o melhoramento de plantas é a correlação entre caracteres, pois a seleção para um caráter pode aumentar ou diminuir a expressão de um outro caráter, dependendo da correlação genética aditiva entre elas; a esse efeito indireto, FALCONER (1964), chamou de resposta correlacionada à seleção.

Na literatura disponível, existe ampla evidência da associação genética entre os caracteres altura da planta, da espiga e produção de grãos, mas informações sobre a associação desses caracteres com o número de ramificações do pendão são escassas devido ao fato que esse caráter só adquiriu importância recentemente nos programas de melhoramento.

HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981, p. 151), fizeram um levantamento das estimativas de correlação genética entre 13 caracteres de milho, estimadas até 1981. Os autores mostram alta correlação entre os caracteres altura da planta, altura da espiga e produção, sendo que entre esses

caracteres, o caráter mais correlacionado com a produção é a altura da espiga (0,31) e entre os 13 caracteres citados a altura da planta e da espiga são os que apresentam a maior correlação (0,81).

Correlações positivas e significativas entre altura da planta e da espiga foram verificados por ROBINSON *et alii* (1951), QUEIROZ (1969), MIRANDA FILHO *et alii* (1974), LIMA e PATERNIANI (1977), CRISOSTOMO (1978), e RISSI (1980). Correlações positivas entre produção e altura da planta e/ou espiga foram encontradas por ROBINSON *et alii* (1951), LINSEY *et alii* (1962), GOODMAN (1965), TAVARES e ZINSLY (1971), RISSI (1980); enquanto que correlações não significativas foram encontradas por QUEIROZ (1969), HALLAUER (1971), OBILANA e HALLAUER (1974), LIMA e PATERNIANI (1977) e CRISOSTOMO (1976).

Os resultados até agora relatados indicam que altura da planta é positivamente correlacionada com a altura da espiga. A produção mostra uma forte tendência de correlação com a altura da planta e da espiga; entretanto, essa correlação tem sido variável de acordo com o material em estudo. Sob esse aspecto, MIRANDA FILHO (1974), salientou que é provável que a correlação entre esses caracteres seja uma propriedade intrapopulacional ou intraracial. RISSI (1980), também indicou que os resultados dão indícios de que provavelmente genes ligados sejam a principal causa genética dessa correlação na espécie, uma vez que, determinadas populações apresentam correlações negativas, nulas ou positivas, demonstrando uma diversidade dentro da espécie.

O interesse pelo tamanho do pendão tem aumentado desde que DUNCAN *et alii* (1967) e HUNTER *et alii* (1969), indicaram sua influência sobre a produtividade de grãos observando que o pendão compete com a espiga pelos nutrientes disponíveis, além de um efeito prejudicial de sombreamento. Estudos adicionais mostraram que pendões pequenos são benéfi

cos para produção mais alta, especialmente em condições adversas (MOCK e BUREN, 1972; BUREN *et alii*, 1974).

As correlações genéticas entre a produção de grãos e o número de ramificações do pendão têm-se mostrado negativas; evidências desses resultados são apresentadas por OBILANA e HALLAUER (1974), GERALDI (1977), SOUZA JR. *et alii* (1980) e PATERNIANI (1981). OBILANA e HALLAUER (1977), encontraram uma correlação quase nula entre esses caracteres em uma população obtida a partir de 10 gerações de irmãos-germanos seguida de três gerações de autofecundação.

OBILANA e HALLAUER (1974), utilizando 247 linhagens S_6 não selecionadas, determinaram as correlações genéticas entre o número de ramificações do pendão e altura da planta e/ou da espiga, observando que é maior a correlação entre altura da espiga e o número de ramificações. ANDRADE e MIRANDA FILHO (1980), obtiveram resultados semelhantes aos de OBILANA e HALLAUER (1974) sendo que as estimativas foram 4 vezes maiores.

As perspectivas de melhoramento para o tamanho do pendão e uma previsão de suas consequências, são apresentadas por GERALDI (1977) e GERALDI *et alii* (1984).

3. MATERIAL

A finalidade principal deste trabalho foi a avaliação de linhagens endogâmicas quanto à capacidade de combinação quando em cruzamento com um testador. Assim, foram utilizadas 264 linhagens S_4 do "Composto Flint-PB" e 364 linhagens S_4 do "Composto Dentado-PB". As linhagens de cada população foram cruzadas com um testador proveniente da população contrastante. Assim, obtiveram-se 628 híbridos "top-cross" que se constituíram no material experimental do presente estudo. Simultaneamente, foram avaliadas 400 famílias de meios-irmãos, sendo 200 de cada testador (SIN Flint-PB e SIN Dentado-PB).

A seguir, são apresentadas as descrições dos materiais utilizados no presente estudo. Os itens 3.1., 3.2. e 3.3. referem-se à descrição e origem dos materiais básicos, sobre os quais recaem as inferências do presente estudo. Os itens 3.4., 3.5. e 3.6. referem-se à descrição dos materiais experimentais utilizados.

3.1. Populações "Composto Dentado-PB" e "Composto Flint-PB"

A descrição e origem das populações-base são apresentadas por MIRANDA FILHO (1974, 1979) e são apresentadas resumidamente a seguir. As populações "Composto Dentado-PB" e "C. Flint-PB" foram obtidas a partir do cruzamento das populações Composto Dentado e Composto Flint, respectivamente, com sete variedades que apresentam porte reduzido da planta, como característica poligênica; tais variedades são: (1) Tuxpeño Crema-I; (2) Piracar-I; (3) MEB-I; (4) Mezcla amarilla; (5) Eto Blanco; (6) Antigua Gpo. 2; e (7) Cateto Argentina-Uruguai; e são descritas por MIRANDA FILHO (1974). A população C. Dentado foi obtida no Instituto de Genética (ESALQ-USP) a partir de 12 populações de milho, brancos e amarelos, representativas de germoplasmas do México, da América Central e da América do Sul. O "C. Flint" foi obtido simultaneamente a partir de cruzamentos entre 18 populações de milho, brancos e amarelos de endosperma duro, originários principalmente da América Central, Colômbia e Brasil. Maiores detalhes sobre o C. Dentado e C. Flint são fornecidos por QUEIROZ (1969).

Assim, as populações "C. Dentado-PB" e "C. Flint-PB" foram obtidas a partir dos híbridos F_1 já mencionados, cujos cruzamentos foram realizados em 1971/72. Em 1972/73 os híbridos F_1 , referentes a cada uma das populações, foram plantadas em lote isolado com despendoamento, sendo as linhas femininas (despendoadas) representadas pelos híbridos e, as linhas masculinas (polinizadoras) constituídas de uma mistura de igual quantidade de sementes dos híbridos correspondentes. Na colheita, foi tomada uma amostra de igual número de espigas por fileira feminina e mesmo número de sementes por espiga. Nos anos seguintes (1973/74 e 1974/75), as populações foram plantadas em lotes isolados de re-

combinação, procedendo-se a seleção branda para características agronômicas desejáveis (altura da espiga, resistência ao acamamento, resistência a doenças, etc.). Em 1975/76, iniciou-se um programa de seleção controlada, em ambas as populações, através da seleção massal estratificada em lotes isolados, obtendo-se 662 espigas para o "C. Dentado-PB" e 645 espigas para o "C. Flint-PB", após seleção no campo e no laboratório (MIRANDA FILHO, 1979).

3.2. Linhagens S_4 do "C. Dentado-PB" e "C. Flint-PB"

As espigas selecionadas de cada população em 1975/76, foram plantadas em espiga por fileira no ano de 1977/78, sem repetições e utilizando-se o híbrido duplo Hmd-7974 como testemunha intercalar. Foi feita a seleção entre famílias e das melhores plantas dentro de cada família, antes do florescimento; as plantas selecionadas, foram em seguida, autofecundadas, resultando 980 espigas S_1 do "C. Dentado-PB" e 940 espigas S_1 do "C. Flint-PB". Nos três anos subsequentes, continuou-se o processo de autofecundação, com seleção entre e dentro de famílias endogâmicas (MIRANDA FILHO, 1979). Assim, em 1980/81 foram plantadas as linhas S_3 , que após seleção e autofecundação, resultaram em 392 e 270 linhagens S_4 para as populações "C. Dentado-PB" e "C. Flint-PB", respectivamente, e que se constituíram no material básico do presente estudo.

3.3. Testadores "SIN Dentado-PB" e "SIN Flint-PB"

Dos lotes de seleção massal estratificada plantados em 1975/76, tomou-se uma amostra de sementes de cada espiga selecionada para representar as populações "C. Dentado-PB" e "C. Flint-PB". As amostras foram divididas em

duas subamostras, sendo uma delas irradiada (R) com raios-gama (bomba de Cobalto a 12 Kr) e a outra mantida como controle (C). As sub-populações passaram a ser designadas de "C. Dentado-PB (R)", "C. Dentado-PB (C)", "C. Flint-PB (R)", "C. Flint-PB (C)", respectivamente. As quatro sub-populações foram autofecundadas, obtendo-se linhas S_1 em 1977/78, que foram plantadas em 1978/79. Esses materiais fazem parte de outro projeto, mas deles se originaram os testadores utilizados no presente estudo. Assim, em 1979 foram selecionadas linhas S_1 de boas características agronômicas (porte, vigor, resistência ao acamamento, resistência a doenças), boas características da espiga (forma, aspecto, sanidade) e dos grãos (coloração, textura, forma). A linha (S_1) de nº 4552 do "C. Dentado-PB (R)" deu origem a uma linha S_2 , enquanto que a linha (S_1) de nº 3629 do "C. Flint-PB (C)", deu origem a 3 linhas S_2 ; esses foram os materiais selecionados para dar origem aos testadores. Assim, em 1980/81 foram feitos os cruzamentos fraternais entre plantas da mesma linha, obtendo-se dois sintéticos de base genética estreita e que foram designados de "SIN Dentado-PB" e "SIN Flint-PB", respectivamente.

3.4. "Top-crosses": linhagens x testador

No ano de 1981/82, foram plantadas as linhagens S_4 em lotes isolados para a obtenção dos híbridos "top-crosses". As linhagens foram plantadas como linhas femininas (despendoadas), intercaladas de linhas masculinas (testador) na proporção de 2:1. Assim, em um lote isolado foram plantadas 364 linhas S_4 do "C. Dentado-PB" como fêmeas, intercaladas com o testador "SIN Flint-PB". Do mesmo modo, as 264 linhas S_4 do "C. Flint-PB" foram plantadas em outro lote isolado intercaladas com o testador "SIN Dentado-PB". Desse modo, obtiveram-se 628 híbridos "top-crosses", referentes

às duas populações, os quais serão citados como "CDPB(S4) x SFPB" e "CFPB(S4) x SDPB", respectivamente, e que constituem parte do material experimental do presente estudo.

3.5. Famílias de meios-irmãos dos testadores.

Nos lotes de polinização mencionados em 3.4., as linhas masculinas, representadas pelos testadores, foram polinizadas ao acaso pelo próprio testador. Assim, as espigas tomadas ao acaso das linhas masculinas de cada lote, deram origem a famílias de meios-irmãos representativas dos respectivos testadores. Deste modo, obtiveram-se 400 famílias de meios-irmãos, sendo 200 de cada um dos testadores "SIN Dentado-PB" e "SIN Flint-PB", os quais serão citados como "MISD-PB" e "MISF-PB", respectivamente e, que completaram o material experimental utilizado no presente estudo.

3.6. Testemunha: Híbrido duplo "Cargill 511"

O híbrido duplo comercial C-511, da companhia de sementes "Cargill Agrícola Ltda.", foi utilizado como testemunha no presente estudo. Trata-se de um híbrido atualmente comercializado, de porte e ciclo intermediários e de boa produtividade.

4. METODOS

4.1. Execução experimental

No ano agrícola 1982/83, foram avaliados 628 híbridos "top-crosses", sendo 264 de C. Flint-PB(S₄) x SIN Dentado-PB ou CFPB(S₄) x SDPB e 364 de C. Dentado-PB(S₄) x SIN Flint-PB ou CDPB(S₄) x SFPB; e 400 famílias de meios-irmãos, sendo 200 do SIN Flint-PB ou MISF-PB e 200 do SIN Dentado-PB ou MISD-PB, na Estação Experimental do Departamento de Genética ESALQ/USP no município de Piracicaba, Estado de São Paulo, em 11 experimentos, segundo o delineamento de lâ-tice simples com duas repetições, sendo nove 10 x 10 e dois 8 x 8. Nos 11 experimentos, em cada repetição, intercaladamente a cada vinte tratamentos foi plantada a testemunha "Cargill 511". Utilizaram-se parcelas de cinco metros, com um espaçamento de 0,90 m entre linhas e 0,20 m entre covas. Cada cova recebeu duas sementes, deixando-se uma planta por cova após o desbaste, o que corresponde a 25 plantas por parcela, totalizando uma população de 55 mil plantas por hecta-re.

Em todos os experimentos foram tomados e ana-lisados dados de produção de grãos e sobrevivência, peso de cinco espigas, altura da planta e altura da espiga. Adicionalmente

te nas progênies de meios-irmãos foram tomados dados referentes ao número de ramificações do pendão.

A obtenção dos dados iniciou-se em janeiro de 1983, após decorrido o período mais intenso do processo normal de polinização. Foram identificadas 5 plantas competitivas dentro de cada parcela, tomando-se nessas plantas dados referentes a: altura da planta (metros), medida do solo até a inserção da última folha; altura da espiga (metros), medida do solo até a inserção da primeira espiga (superior); peso de cinco espigas (quilogramas) foi tomado durante a pesagem da produção de cada parcela, quando foram escolhidas 5 espigas representativas. O número de ramificações do pendão foi tomado através de contagem, no laboratório, das ramificações primárias dos pendões coletados na amostra de cinco plantas.

Considerando os propósitos do presente estudo foi tomada, antes da colheita, uma amostra de 25% das progênies de meios-irmãos de cada população e dentro de cada progênie a produção das 5 plantas etiquetadas foi pesada individualmente. Depois da colheita, o peso das espigas amostradas foi adicionado à produção total das parcelas correspondentes. Essas amostragem foi feita apenas com o objetivo de estimar a variação dentro de parcelas, do caráter produção de grãos.

Para o caráter produção de grãos, tomou-se o peso total de espigas despalhadas por parcela. Durante a pesagem foram coletadas amostras de grãos de cada parcela para a determinação da umidade de cada progênie. Logo depois se efetuou a correção para 15,5% de umidade. Pelo fato dos ensaios apresentarem variação quanto ao "stand" final, foram feitas correções da produção total para um "stand" ideal de 25 plantas utilizando-se o método de correção por covariância (STEEL e TORRIE, 1960), introduzindo-se uma modificação

de metodologia. Assim, foram efetuadas as análises da variância como blocos casualizados para o "stand" e análise de covariância como blocos casualizados para "stand" x produção. Desta análise foi estimado o coeficiente de regressão linear (b), calculado com a soma de quadrados residual da análise de variância para "stand" (SQ_x) e com a soma de produtos residual da análise de covariância "stand" x produção (SP_{xy}), isto é SP_{xy}/SQ_x , sendo x e y representativos do "stand" e da produção, respectivamente. A correção foi feita a nível de parcelas individuais, ao invés de médias de tratamentos. Assim, o peso de campo corrigido (Pcc) foi obtido da seguinte maneira:

$$Pcc = Pc - b(x - 25)$$

sendo:

Pc : o peso de campo corrigido para 15,5% de umidade.

b : o coeficiente de regressão linear do peso de campo em relação às variações de "stand".

x : "stand" observado.

A correção dos dados de produção pelo método da covariância mostrou-se superior ao método que utiliza a fórmula de ZUBER (1942), no que diz respeito às magnitudes dos coeficientes de variação experimental. Pelo método de correção utilizado, o coeficiente b é calculado com base na variação residual e na análise pelo delineamento em látice equivale à variação ambiental entre blocos e à variação (erro) intrabloco.

4.2. Análise estatístico-genética

Os dados experimentais dos híbridos "top-crosses" e das progênies de meios-irmãos de cada população foram analisados obedecendo ao delineamento em látice.

A fim de se obterem estimativas dos parâmetros genéticos e ambientais utilizados nesse estudo, foram realizadas as análises de variância para todos os caracteres nos dois tipos de progênies. Adicionalmente, nas progênies de meios-irmãos foram feitas análises de covariância entre a combinação de todos os caracteres considerados.

4.2.1. Análise da variância

As análises da variância foram realizadas com totais de parcelas (produção total de grãos e peso de cinco espigas) ou com médias de parcelas (altura da planta e da espiga e, número de ramificações do pendão). Em ambos os casos, o modelo matemático utilizado foi o referente ao delineamento em látice:

$$Y_{ijk} = \mu + p_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ik(j)}$$

onde tem-se:

- Y_{ijk} = total ou médias da progênie i no bloco k da repetição j ;
 μ = média geral;
 p_i = efeito aleatório da progênie ("top-cross" ou família de meios-irmãos) i , $E(p_i) = \sigma_p^2$;
 r_j = efeito aleatório da repetição j ;
 $b_{k(j)}$ = efeito aleatório do bloco k da repetição j ;
 $e_{ik(j)}$ = erro intrablocos, ou seja, erro experimental associado

ciado ao tratamento i dentro do bloco k da repetição j ; $e_{ik(j)} \sim N(0, \sigma^2)$.

Nos experimentos com progênies de meios-irmãos foram também calculados os quadrados médios entre plantas dentro de progênies ($\overline{QM_d}$), em uma amostra de 25% das progênies para a produção total de grãos e em todas as progênies para os demais caracteres.

As análises da variância foram realizadas em computador IBM-1130, segundo o procedimento dado por COCHRAN e COX (1957). Os esquemas das análises da variância são mostrados nas tabelas 1 e 2, incluindo-se os quadrados médios dentro de progênies para o caso dos experimentos com famílias de meios-irmãos. Os quadrados médios dentro de progênies foram calculados por:

$$\overline{QM_d} = \frac{\sum_{ij} g_{ij} Q_{ij}}{\sum_{ij} g_{ij}} = \frac{\sum_{ij} S_{ij}}{\sum_{ij} g_{ij}}$$

sendo:

Q_{ij} = quadrados médios dentro de parcelas;

S_{ij} = somas de quadrados dentro da parcela ij ;

g_{ij} = graus de liberdade dentro da parcela ij ;

A análise de variância conjunta dos experimentos referentes a cada população (C. Dentado-PB e C. Flint-PB) e ao tipo de progênie ("top-crosses" e meio-irmão) foi feita através da ponderação pelos graus de liberdade, dos quadrados médios obtidos nas análises de variância individuais de cada experimento ("pooled").

As esperanças matemáticas dos quadrados médios assim obtidos estão apresentados nas tabelas 1 e 2.

4.2.2. Estimativas dos componentes da variância

4.2.2.1. Híbridos "top-cross"

Todas as estimativas da variância genética foram obtidas a nível de plantas individuais. De acordo com as esperanças dos quadrados médios das tabelas 1 e 2, a estimativa da variância genética entre "top-crosses" de cada população (σ_{pTC}^2) foi obtida a partir dos quadrados médios, pelo seguinte processo:

$$\sigma_{pTC}^2 = \frac{(Q_1 - Q_2)}{nr}$$

sendo: $n = 25$ nas análises feitas com totais de parcelas, e $n = 5$ nas análises feitas com médias de parcelas.

As estimativas do coeficiente de Variação genética (CVg), do coeficiente de variação experimental (CVe) e o índice de variação "b" foram obtidos pelas seguintes expressões:

$$CVg = \frac{\sqrt{\sigma_{pTC}^2}}{\bar{x}} \times 100$$

$$CVe = \frac{\sqrt{Q_2}}{\bar{x}} \times 100$$

$$b = \frac{CVg}{CVe}$$

TABELA 1. Esperança matemática dos quadrados médios E(Q.M.), nas análises de variância segundo o delineamento em látice, para os caracteres produção total de grãos e peso de cinco espigas, a nível de totais de parcelas e a nível de plantas individuais.

F.V.	G.L.	A nível de totais		A nível de plantas	
		Q.M.	E(Q.M.)	Q.M.	E(Q.M.)
Progênie	g_1	Q'_1	$\sigma^{2'} + r\sigma_p^2$	$Q_1 = Q'_1/n$	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + nr\sigma_p^2$
Erro intrabloc	g_2	Q'_2	$\sigma^{2'}$	$Q_2 = Q'_2/n$	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2$
Dentro	g_3	-	-	Q_3	σ_d^2

$\sigma^{2'} = n\sigma_d^2 + n\sigma_e^2$, sendo σ_e^2 a variância ambiental entre parcelas e σ_d^2 a variância fenotípica dentro de parcelas; $\sigma^{2'}$ e σ_p^2 representam a variância genética entre progênie a nível de totais e de plantas individuais, respectivamente; r é o número de repetições e n o número de plantas por parcela ($n = 25$ para produção de grãos e $n = 5$ para peso de cinco espigas).

TABELA 2. Esperança matemática dos quadrados médios E(Q.M.), nas análises de variância segundo o delineamento em látice, para os diversos caracteres cujas análises de variância foram feitas com médias de parcela, a nível de médias de parcelas e a nível de plantas individuais.

F.V.	A nível de médias		A nível de plantas		F	
	G.L.	Q.M.	E(Q.M.)	Q.M.		
Progênes ajustadas	g_1	Q_1'	$\sigma^2 + r\sigma_p^2$	$Q_1 = nQ_1'$	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2 + nr\sigma_p^2$	Q_1/Q_2
Erro intrabloco	g_2	Q_2'	σ^2	$Q_2 = nQ_2'$	$\sigma_d^2 + n\sigma_e^2$	Q_2/Q_3
Dentro	g_3	-	-	Q_3	σ_d^2	

$\sigma^2 = \sigma_d^2/n + \sigma_e^2$, sendo σ_e^2 a variância ambiental entre parcelas e σ_d^2 a variância fenotípica dentro de parcelas; σ^2 e σ_p^2 representam a variância genética entre progênes a nível de médias e de plantas individuais, respectivamente; r é o número de repetições em o número de plantas por parcela ($n = 5$ para altura da planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão).

A estimativa da variância fenotípica ($\sigma_{\bar{F}TC}^2$) e do coeficiente de herdabilidade ($h_{\bar{X}TC}^2$) associados às médias de "top-crosses" foram obtidas da seguinte maneira:

$$\sigma_{\bar{F}TC}^2 = Q_1 / nr ; \quad h_{\bar{X}TC}^2 = \sigma_{pTC}^2 / \sigma_{\bar{F}TC}^2$$

A estimativa da variância associada à estimativa da variância genética entre "top-crosses" [$\hat{V}(\sigma_{pTC}^2)$] foi obtida de acordo com a metodologia de VELLO e VENCovsky (1974) e BARBIN (1975), a partir dos quadrados médios e, estimativas de variância a nível de plantas (tabelas 1 e 2), da seguinte maneira:

$$\hat{V}(\sigma_p^2) = \frac{2}{n^2 r^2} \left[\frac{Q_1^2}{(gl_1 + 2)} + \frac{Q_2^2}{(gl_2 + 2)} \right]$$

4.2.2.2. Progênies de meios-irmãos.

As estimativas das variâncias genéticas e ambientais foram também obtidas a nível de plantas individuais. De acordo com as esperanças dos quadrados médios das tabelas 1 e 2, as estimativas de variância genética entre progênies de meios-irmãos (σ_{pMI}^2), da variância do erro ambiental entre parcelas (σ_e^2) e da variância fenotípica dentro de progênies de meios-irmãos (σ_{dMI}^2) de cada população foram obtidas a partir dos quadrados médios, pelo seguinte processo:

$$\sigma_{pMI}^2 = \frac{(Q_1 - Q_2)}{nr} ; \quad \sigma_e^2 = \frac{(Q_2 - Q_3)}{n} ; \quad \sigma_{dMI}^2 = Q_3$$

As estimativas do CVg, CVe e b foram calculadas da mesma forma que para os híbridos "top-cross".

As estimativas da variância genética aditiva (σ_A^2) da variância fenotípica entre plantas (σ_F^2), da variância fenotípica entre médias de progênies (σ_{FMI}^2) e do coeficiente de herdabilidade a nível de plantas (h_{MI}^2) e de médias de progênies (h_{XMI}^2), foram obtidos da seguinte forma:

$$\sigma_A^2 = 4\sigma_{pMI}^2 ; \quad \sigma_F^2 = \sigma_{pMI}^2 + \sigma_e^2 + \sigma_{dMI}^2 ; \quad \sigma_{FMI}^2 = Q_1/nr$$

$$h^2 = \sigma_A^2/\sigma_F^2 ; \quad h_{XMI}^2 = \sigma_{pMI}^2/\sigma_{FMI}^2$$

A precisão das estimativas dos componentes da variância $\hat{V}(\sigma_{pMI}^2)$, $\hat{V}(\sigma_{dMI}^2)$ e $\hat{V}(\sigma_A^2)$ e dos coeficientes de herdabilidade $\hat{V}(h^2)$, foi calculada conforme a metodologia de VELLO e VENCovsky (1974) e BARBIN (1975), a partir dos quadrados médios e estimativas de variância a nível de plantas (tabela 1 e 2), da seguinte maneira:

$$\hat{V}(\hat{\sigma}_p^2) = \frac{2}{n^2 r^2} \left[\frac{Q_1^2}{(gl_1 + 2)} + \frac{Q_2^2}{(gl_2 + 2)} \right]$$

$$\hat{V}(\hat{\sigma}_e^2) = \frac{2}{n^2} \left[\frac{Q_2^2}{(gl_2 + 2)} + \frac{Q_3^2}{(gl_3 + 2)} \right]$$

$$\hat{V}(\hat{\sigma}_d^2) = \frac{2Q_3^2}{(gl_3 + 2)}$$

$$\hat{V}(\sigma_A^2) = 16 \left[\frac{2}{n^2 r^2} \left(\frac{Q_1}{g1_1 + 2} + \frac{Q_2^2}{g1_2 + 2} \right) \right]$$

$$\hat{V}(\bar{h}^2) = \frac{16}{(\hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2)^4} \cdot \left[\begin{aligned} & (\hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2)^2 \cdot \hat{V}(\hat{\sigma}_p^2) + (\hat{\sigma}_p^2)^2 \cdot [\hat{V}(\hat{\sigma}_d^2) + \\ & + \hat{V}(\hat{\sigma}_e^2) + 2 \text{côv}(\hat{\sigma}_d^2, \hat{\sigma}_e^2)] - 2 \hat{\sigma}_p^2 (\hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_e^2) \cdot \\ & \cdot [\text{côv}(\hat{\sigma}_e^2, \hat{\sigma}_p^2)] \end{aligned} \right]$$

$$\text{onde: } \text{côv}(\hat{\sigma}_d^2, \hat{\sigma}_e^2) = - \frac{1}{n} \left[\frac{2Q_3^2}{(g1_3 + 2)} \right]$$

$$\text{côv}(\hat{\sigma}_e^2, \hat{\sigma}_p^2) = \frac{-2}{rn^2} \left[\frac{Q_2^2}{(g1_2 + 2)} \right]$$

4.2.3. Análise de covariância nas progênes de meios-irmãos

Os produtos médios entre os caracteres incluídos nas progênes de meios-irmãos de cada população foram obtidos pelo método relatado por KEMPTHORNE (1966). Esse método permite a obtenção das estimativas de covariância utilizando-se apenas os processos de análise de variância. Assim, inicialmente foi feita uma análise de variância da soma dos caracteres, segundo o delineamento em lâtiçe. O produto médio entre os caracteres foi obtido a partir do quadrado médio da soma dos caracteres e dos quadrados médios individuais de cada caráter da seguinte maneira, para cada fonte de

variação.

	Quadrados médios			Produtos médios
	x	y	u	x . y
Progêñies	QMP_x	QMP_y	QMP_u	$PMP_{x,y} = 1/2(QMP_u - QMP_x - QMP_y)$
Erro	QME_x	QME_y	QME_u	$PME_{x,y} = 1/2(QME_u - QME_x - QME_y)$

Sendo:

x e y = caracteres em estudo;

u = x + y

QMP_x = quadrado médio entre progêñies para o caráter x;

QMP_y = quadrado médio entre progêñies para o caráter y;

QMP_u = quadrado médio entre progêñies para a combinação
u = x + y;

QME_x = quadrado médio do erro entre parcelas para o caráter x;

QME_y = quadrado médio do erro entre parcelas para o caráter y;

QME_u = quadrado médio do erro entre parcelas para a combinação
u = x + y

$PMP_{x,y}$ = produto médio entre progêñies, entre os caracteres x e y;

$PME_{x,y}$ = produto médio do erro entre parcelas, entre os caracteres x e y.

Os produtos médios dentro de progêñies de meios-irmãos de cada população foram obtidos independentemente, de maneira semelhante aos quadrados médios dentro de pro

gênes, isto é, através das médias ponderadas pelos graus de liberdade, das estimativas das covariâncias individuais dentro de parcelas.

As análises de covariância conjuntas dos experimentos referentes a cada população e tipo de progênie foram obtidas através da ponderação pelos respectivos números de graus de liberdade, dos produtos médios obtidos nas análises individuais, para cada fonte de variação ("pooled").

Considerando que as análises para produção de grãos e peso de cinco espigas foram efetuadas com totais de parcelas ($n = 25$ e $m = 5$ plantas por parcela, respectivamente) e as análises para altura da planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão foram efetuadas com médias de parcela ($m = 5$ plantas por parcela), utilizou-se o processo para estimação dos componentes de covariância entre caracteres avaliados com números diferentes de indivíduos por parcela, conforme proposto por GERALDI *et alii* (1978). Dessa maneira, as esperanças matemáticas obtidas para os produtos médios, a nível de plantas acham-se apresentadas nas tabelas 3, 4 e 5.

4.2.4. Estimativas dos componentes da covariância de progênes de meios-irmãos

De acordo com as tabelas 3, 4 e 5, as estimativas das covariâncias genética aditiva (Cov_A), fenotípica entre médias de progênes (Cov_F) e fenotípica entre plantas (Cov_F), entre os caracteres estudados foram obtidas a partir dos produtos médios das análises conjuntas de maneira análoga à utilizada para a estimação dos componentes da variância.

TABELA 3. Esperança matemática dos produtos médios E(P.M.), nas análises de covariância segundo o delineamento em látice, para os diversos caracteres estudados, a nível de totais de parcelas e a nível de plantas individuais.

F.V.	G.L.	A nível de totais		A nível de plantas	
		P.M.	E(P.M.)	P.M.	E(P.M.)
Progêñies ajustadas	g_1	P'_1	$COV' + rCOV'_p$	$P_1 = P'_1/m$	$COV_d + nCOV_e + nrCOV_p$
Erro intrablocó	g_2	P'_2	COV'	$P_2 = P'_2/m$	$COV_d + nCOV_e$

$Cov' = mCov_d + mnCov_e$, sendo Cov_d a covariância fenotípica entre caracteres dentro de progêñies e Cov_e a covariância ambiental entre parcelas; Cov'_p e Cov_p representam a covariância genética de progêñies entre caracteres a nível de total e de plantas individuais, respectivamente; r é o número de repetições; n e m representam o número de plantas por parcela para os dois caracteres ($n = 25$ para produção de grãos e $m = 5$ para peso de 5 espigas).

TABELA 4. Esperança matemática dos produtos médios E(P.M.), nas análises de covariância segundo o delineamento em látice, para os diversos caracteres estudados, a nível de totais-médias e a nível de plantas.

F.V.	G.L.	A nível de totais-médias		A nível de plantas	
		P.M.	E(P.M.)	P.M.	E(P.M.)
Progênes ajustadas	g_1	mP'_1	$mnCOV' + mnrcOV'_p$	P'_1	$COV_d + nCOV_e + rnCOV_p$
Erro intrabloco	g_2	mP'_2	$mnCOV'$	P'_2	$COV_d + nCOV_e$
Dentro	g_3	-	-	P_3	COV_d

$Cov' = Cov_d/n + nCov_e$, sendo Cov_d a covariância fenotípica entre caracteres dentro de progênes e Cov_e a covariância ambiental entre parcelas; Cov'_p e Cov_p representam a covariância genética de progênes entre caracteres a nível de totais-médias e de plantas individuais, respectivamente; r é o número de repetições; m e n representam o número de plantas por parcela para os dois caracteres, sendo $m \leq n$ ($n = 25$ para produção de grãos, $n = 5$ para peso de 5 espigas e $m = 5$ para altura da planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão).

TABELA 5. Esperança matemática dos produtos médios E(P.M.), nas análises de covariância segundo o delineamento em látice, para os diversos caracteres estudados, a nível de médias e a nível de plantas individuais.

F.V.	G.L.	A nível de médias		A nível de plantas	
		P.M.	E(P.M.)	P.M.	E(P.M.)
Progênes ajustadas	g_1	P'_1	$COV' + rCOV'_p$	$P_1 = mP'_1$	$COV_d + mCOV_e + rmCOV_p$
Erro intrabloco	g_2	P'_2	COV'	$P_2 = mP'_2$	$COV_d + mCOV_e$
Dentro	g_3	-	-	P_3	COV_d

$Cov' = Cov_d/m + Cov_e$, sendo Cov_e a covariância ambiental entre parcelas e Cov_d a covariância fenotípica dentro de parcelas; Cov'_p e Cov_p representam a covariância genética entre progênes a nível de médias e de plantas individuais, respectivamente; r é o número de repetições; m representa o número de plantas por parcela para os dois caracteres, sendo $m = 5$.

4.2.5. Correlações genéticas e fenotípicas entre caracteres de meios-irmãos

Os coeficientes de correlação genética aditiva (r_A), fenotípica entre médias ($r_{\bar{F}}$) e fenotípica a nível de plantas individuais, foram calculados pelas seguintes fórmulas:

$$r_A = \text{CÔV}_{A_{x,y}} / \sqrt{\sigma_{A_x}^2 \cdot \sigma_{A_y}^2}$$

$$r_{\bar{F}} = \text{CÔV}_{\bar{F}_{x,y}} / \sqrt{\sigma_{\bar{F}_x}^2 \cdot \sigma_{\bar{F}_y}^2}$$

$$r_F = \text{CÔV}_{F_{x,y}} / \sqrt{\sigma_{F_x}^2 \cdot \sigma_{F_y}^2}$$

4.2.6. Ganhos esperados com a seleção entre progênies de meios-irmãos

Os ganhos esperados com a seleção foram calculados a partir do procedimento relatado por VENCovsky (1980) e HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981). Para tal, foi considerada a seleção entre progênies de meios-irmãos com uma intensidade de 20% nos caracteres produção de grãos e altura da planta. Dessa maneira o ganho esperado com seleção foi calculado de acordo com a seguinte expressão:

$$GS_{MI} = i \cdot \frac{(1/4)\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_p^2 + \sigma_e^2/r + \sigma_d^2/nr}}$$

sendo: GS_{MI} = ganho esperado com seleção entre progênies de meios-irmãos, em ambos os sexos (um ciclo a cada dois anos).

σ_A^2 = variância aditiva da população-base.

i = coeficiente associado à porcentagem de indivíduos selecionados. Corresponde ao diferencial de seleção, em unidade de desvio padrão da unidade de seleção; para 20% de seleção, $i = 1,3998$.

4.2.7. Distribuição de frequência das médias dos caracteres dos híbridos "top-crosses"

Foi também apresentada a distribuição de frequência dos híbridos "top-crosses" de cada população para todos os caracteres em estudo, que foi efetuada a partir da determinação de porcentagem das médias ajustadas de cada caráter em cada experimento, com relação à média da testemunha "Cargill 511", a fim de mostrar a amplitude de variação e permitir a comparação entre as duas populações.

5. RESULTADOS

5.1. Avaliação geral dos dados

A apresentação que se segue resume uma análise geral dos resultados estatísticos experimentais, referentes a onze experimentos em látice simples, instalados na Estação Experimental do Departamento de Genética (ESALQ/USP) durante o ano agrícola de 1982/83.

Na Tabela 6, são apresentados, para cinco caracteres: a eficiência do experimento em látice (EFL%) sobre blocos casualizados; o coeficiente de variação experimental (CVe%); as médias de tratamentos nas unidades originais ($\bar{X}$) e em porcentagem de testemunha ($\bar{X}\%$) e, as médias de testemunha ($\bar{T}$).

Com relação a EFL%, observa-se uma grande variação entre experimentos e entre caracteres, com amplitude de variação de 104,3 a 157,9 para produção de grãos (PG), de 102,0 a 155,8 para peso de cinco espigas (PE), de 103,7 a 201,2 para altura de planta (AP), de 102,4 a 171,5 para altura da espiga (AE) e de 104,1 a 116,1 para número de ramificações do pendão (NR). O caráter NR somente foi avaliado em quatro experimentos e foi o que apresentou menor variação pa

ra EFL%.

Os coeficientes de variação experimental (CVe%) variaram de 10,5 a 17,9 para PG, e são considerados médios de acordo com a herdabilidade do caráter. Para PE, a variação foi de 12,9 a 26,8%, indicando que uma amostra de cinco espigas por parcela resulta em maior sensibilidade à variação não controlável do que o peso total de grãos da parcela (PG). A AP e AE são menos sensíveis às variações ambientais e às variações do CVe% (3,8 a 8,9% e, 5,4 a 10,2%, respectivamente). Considerando a alta herdabilidade obtida para NR, este caráter apresentou os valores mais altos de CVe% (11,8 a 14,0%).

A média da testemunha apresentou valores diferenciados entre os onze experimentos, para todos os caracteres em estudo, sendo mais consistente para o número de ramificações do pendão. Para PG e PE, os menores valores foram obtidos nos experimentos 6 e 7 (109,3 g/pl e 115,1 e 148,2 e 167,4 g/pl, respectivamente). A diferença de comportamento da testemunha é mais evidente quando é comparada com a média de cada experimento e dentro de grupos de experimentos para os diferentes caracteres. Os experimentos 1, 2 e 3 que constituem 264 híbridos "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB apresentaram os maiores valores tanto para a média da testemunha como para a média dos tratamentos nesse grupo de experimentos e não diferem muito entre si. Os experimentos 4, 5, 6 e 7 que constituem 364 híbridos "top-crosses" CDPF(S4) x SFPB, diferem muito entre si, mostrando dois sub-grupos distintos, ou seja, experimentos 4 e 5 tendo comportamento superior aos experimentos 6 e 7, sendo que essa superioridade se evidencia também na média da testemunha, nos diferentes caracteres. Nos experimentos 8 e 9 que constituem 200 progênies de meios-irmãos do MISF-PB, o experimento 8 apresentou magnitudes superiores de médias de tratamentos e da testemunha, com a exceção da produção de grãos, no qual a média de tratamentos do

experimento 9 se mostrou um pouco superior (94,4 g/pl). Os experimentos 10 e 11, que constituem 200 progênies de meios-irmãos do SD-PB, os tratamentos apresentaram média superior no experimento 11 para todos os caracteres exceto PE; as testemunhas também apresentaram uma média maior no experimento 11 para os caracteres PG, AP e AE sendo que para PE e NR foram inferiores ao experimento 10.

Devido às diferenças apresentadas no comportamento da testemunha nos diferentes experimentos, as médias dos caracteres foram expressas em porcentagem da média da testemunha de cada experimento. Para os caracteres PG e PE, os experimentos de avaliação dos testadores (Experimentos 8, 9, 10 e 11) apresentaram médias ($\bar{X}\%$) nitidamente menores do que os experimentos de avaliação dos "top-crosses"; para AP e AE as diferenças não foram consistentes. Os experimentos 10 e 11 também apresentaram médias ($\bar{X}\%$) nitidamente superiores aos experimentos 8 e 9, para todos os caracteres.

5.2. Avaliação dos "top-crosses"

Nas Tabelas 7 e 8, são apresentados os resultados da análise da variância, agrupados por experimento da mesma população, e estimativas de parâmetros estatísticos que constituem uma base de comparação entre populações quanto às suas propriedades intrínsecas.

Neste item são apresentadas, para cada caráter, somente as duas primeiras linhas, referentes aos conjuntos de "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB e CDPB(S4) x SFPB.

Na Tabela 7, encontram-se os valores e significâncias dos quadrados médios, coeficiente de variação experimental, coeficiente de variação genética, índice de variação "b", média de tratamentos "top-crosses" ($\bar{X}$), média da testemunha ($\bar{T}$), média de tratamentos em porcentagem da testemunha ($\bar{X}\%$) e amplitude, obtidos de análises da variância agrupadas de três experimentos (1, 2 e 3) para os "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB (264 tratamentos) e de quatro experimentos (4, 5, 6 e 7) para os "top-crosses" CDPB(S4) x SFPB (364 tratamentos).

Os quadrados médios de tratamentos mostraram significância pelo teste F, a nível de 1% de probabilidade, com exceção da produção de grãos e peso de cinco espigas dos "top-crosses" CDPB(S4) x SFPB, que tiveram significâncias a nível de 5% de probabilidade.

Os coeficientes de variação experimental de acordo ao coeficiente de herdabilidade de cada caráter são considerados como médios para PG (11,0% a 15,8%) e PE (13,2% a 20,6%) e de baixos para AP (4,6% a 6,6%) e AE (6,1% a 8,8%), sendo que as análises de produção de grãos apresentaram maior precisão do que as análises de peso de cinco espigas.

O coeficiente de variação genética e o índice de variação "b" foram maiores para os "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB do que para os "top-crosses" CDPB(S4) x SFPB e, os maiores valores de coeficiente de variação genética foram obtidos para PE (7,67 e 6,39%, respectivamente), no entanto mostraram os menores valores para o índice de variação "b" (0,58 e 0,31, respectivamente).

As estimativas do índice de variação "b" dos "top-crosses" CFPB(S4) e SDPB foram quase o dobro das estima

tivas dos "top-crosses" CDPB(S4) x SFPB, Os valores de "b" para AP e AE são superiores aos outros dois caracteres, sendo que as maiores estimativas foram obtidas para AE (0,92 e 0,50, respectivamente).

Os valores médios por planta dos "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB foram maiores em todos os caracteres. Mesmo com as médias em porcentagem da testemunha, os "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB foram superiores com exceção de PG.

As figuras 1, 2, 3 e 4, mostram a distribuição dos 4 caracteres nas duas populações em porcentagem com relação à média da testemunha. Nota-se que a média de cada população nos quatro caracteres difere um pouco em relação ao apresentado na Tabela 7; isto se deve ao fato que as médias de cada experimento foram ajustadas de acordo com o valor da testemunha apresentado em cada experimento. Observa-se nas figuras 1 e 2, que os caracteres produção de grãos e peso de cinco espigas obtiveram médias inferiores à testemunha (100%). Os "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB foram superiores à média da testemunha quanto à altura da planta e da espiga (figuras 3 e 4).

As figuras 1, 2, 3 e 4, também mostram a intensidade de seleção (k) ou porcentagem dos tratamentos selecionados como superiores (produção de grãos e peso de cinco espigas) ou inferiores (altura da planta e altura da espiga) à média da testemunha. Nos "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB foram selecionados 13,25%; 44,69%; 24,24% e 28,03% e nos "top-crosses" GDPB(S4) x SFPB 21,70%; 29,39%; 59,89% e 67,86% para produção de grãos, peso de cinco espigas, altura da planta e altura da espiga, respectivamente.

A Tabela 8, complementa a informação da Figura 1, fornecendo uma descrição dos tratamentos selecionados das duas populações, observando-se que maiores produções por

planta não corresponderam em todos os casos a maiores porcentagens em relação à média da testemunha. Nos "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB foram selecionados 35 tratamentos (13,25%) e nos "top-crosses" CDPB(S4) x SFPB foram selecionados 79 tratamentos (21,70%).

As estimativas das variâncias genéticas entre progênes juntamente com os desvios padrões correspondentes em valor absoluto e em porcentagem das estimativas; variância fenotípica entre médias de progênes e o coeficiente de herdabilidade a nível de médias para os quatro caracteres de híbridos "top-crosses", são apresentados na Tabela 9.

Observa-se que para os 4 caracteres em estudo, as duas populações diferem muito quanto à variação genética dos "top-crosses"; nota-se que as estimativas dos "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB são cerca de duas vezes as estimativas dos "top-crosses" CDPB(S4) x SFPB, fato também observado nos valores do índice de variação "b". Nas duas populações, os maiores valores das estimativas, juntamente com os menores valores de desvio padrão em porcentagem foram apresentadas pela altura da planta ($74,1273 \pm 15,4\%$ e $39,0189 \pm 28,2\%$). Nos "top-crosses" CDPB(S4) x SFPB, foram observados os menores valores de estimativas juntamente com os maiores valores de desvio padrão em porcentagem para produção de grãos ($0,3363 \pm 58,8\%$) e peso de cinco espigas ($1,011 \pm 62,8\%$).

As diferenças entre as estimativas da variância fenotípica entre médias de progênes entre as duas populações foram baixas, sendo 0,49% para produção de grãos 8,68% para peso de cinco espigas, 1,88% para altura da planta e 6,95% para a altura da espiga. Na maioria dos casos as estimativas dos "top-crosses" CFPB(S4) e SDPB foram maiores do que os "top-crosses" CDPB(s4) x SFPB, com exceção do peso de cinco espigas (5,7553 e 6,2551, respectivamente).

Os coeficiente de herdabilidade a nível de

médias foram relativamente maiores para os "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB (44,78%; 40,35%; 61,29% e 63,00%) e menores para os "top-crosses" CDPB(S4) x SFPB (17,21%; 16,16%, 32,86% e 33,51%) respectivamente para produção de grãos, peso de cinco espigas, altura da planta e altura da espiga. Observa-se também, que dentro de cada população os coeficientes de herdabilidade a nível de médias apresenta valores semelhantes entre produção de grãos e peso de cinco espigas (sendo maiores os valores de produção de grãos) e entre altura da planta e da espiga (sendo maiores os valores da altura da espiga).

Geralmente, ocorre que a produção de grãos apresenta coeficientes de herdabilidade mais baixos. No presente estudo, o peso de cinco espigas apresentou maiores valores de variância genética que a produção de grãos, mas também apresentou valores mais altos quanto à variância fenotípica entre médias, resultando maiores os valores de herdabilidade a nível de médias para a produção de grãos.

Os coeficientes variação experimental (Tabela 7), apresentaram relação com o coeficiente de herdabilidade a nível de médias (Tabela 9), sendo que o menor coeficiente de variação experimental corresponde à maior herdabilidade a nível de médias.

5.3. Avaliação dos testadores

Os parâmetros genético-estatísticos referentes às progênies de meios-irmãos das populações SIN Flint-PB (MISF-PB) e SIN Dentado-PB (MISD-PB) estão apresentados na Tabela 7, juntamente com os parâmetros dos híbridos "top-crosses", já considerados no item 5.2.

Observa-se na Tabela 7, que todos os quadrad^{os} médios de tratamentos para os cinco caracteres mostraram significância a nível de 1% de probabilidade com exceção do peso de cinco espigas para MISF-PB que teve significância a 5% de probabilidade.

Os quadrados médios do resíduo para produção de grãos, altura da planta e número de ramificações do pendão dos MISF-PB e, altura da planta e da espiga dos MISD-PB foram significativos a 1% de probabilidade; para número de ramificações dos MISD-PB foi significativo a 5% de probabilidade. Para produção de grãos do MISD-PB e altura da espiga do MISF-PB não se detectou significância para o resíduo. Para o peso de cinco espigas, não se fez teste de hipótese quanto ao erro experimental, pois não foi estimada a variação dentro de parcelas para este caráter.

Os coeficientes de variação experimental das populações MISF-PB e MISD-PB, relacionados à herdabilidade do caráter são considerados baixos para altura da planta e altura da espiga (5,6% e 7,6% e, 6,1% e 10,0%, respectivamente); médios para produção de grãos (12,38% e 11,93%, respectivamente) e, altos para peso de cinco espigas e número de ramificações do pendão (22,1% e 22,1% e, 12,9% e 13,0%, respectivamente). Os MISD-PB apresentaram os maiores coeficientes de variação experimental, com exceção da produção de grãos.

Os coeficientes de variação genética dos MISD-PB foram maiores do que os apresentados pelos MISF-PB; esses coeficientes em comparação com os obtidos nas duas populações de híbridos "top-crosses", também foram maiores, com exceção da altura de espiga. Deve-se mencionar que dentro das populações de "top-crosses", a que obteve os maiores valores de coeficiente de variação genético foi aquela que usou como testador o SIN Dentado-PB (CFPB(S4) x SDPB), do qual são estimados parâmetros genéticos através dos MISD-PB.

Quanto ao índice de variação "b", os MISD-PB foram superiores quanto à produção de grãos (0,74), peso de cinco espigas (0,60) e número de ramificações do pendão (0,92); por outro lado, os valores de "b" para MISF-PB foram superiores quanto à altura da planta (0,79) e da espiga (0,63). Os maiores e os menores valores do coeficiente de variação genética e o índice de variação "b" apresentaram o mesmo comportamento mostrado nos híbridos "top-crosses".

A amplitude de variação para os cinco caracteres também foi maior para os MISD-PB. Os MISD-PB foram superiores para todos os caracteres com exceção do número de ramificações do pendão quanto à porcentagem da média da população em relação à média da testemunha.

Os MISD-PB foram superiores quanto a valores médios por planta nos cinco caracteres, sendo que obtiveram valores da mesma ordem de magnitude dos "top-crosses" CDPB(S4) x SFPB. Nota-se que não se apresentou a mesma relação mostrada nos "top-crosses", ou seja, que o maior coeficiente de variação genético não correspondeu à maior média do caráter. Essa diferença se apresenta mais evidente em termos de porcentagem da média da população com relação à média de testemunha, mostrando que para todos os caracteres, os "top-crosses" foram superiores.

Na Tabela 9, são apresentadas as estimativas a nível de plantas individuais das variâncias genéticas entre progênies: erro ambiental entre parcelas, fenotípica dentro de progênies, genética aditiva, fenotípica entre médias de progênies, fenotípica entre plantas e os coeficientes de herdabilidade a nível de médias e de plantas individuais, juntamente com as estimativas dos desvios padrões em valor absoluto e porcentagem associados às estimativas dos diversos parâmetros, nas populações MISF-PB e MISD-PB para cinco caracteres em estudo.

Para o peso de cinco espigas somente se apresentam as variâncias genéticas e fenotípicas entre médias de progênies e o coeficiente de herdabilidade a nível de médias, pelo fato de não ter sido obtida a variação dentro de progênies.

Inicialmente observa-se que, com exceção do número de ramificações do pendão, todos os parâmetros são maiores para os MISD-PB, com a mesma tendência dos "top-crosses" onde participou o SIN Dentado-PB como testador (CFPB(S4) x SDPB).

As variâncias genéticas dos MISD-PB para produção de grãos, peso de cinco espigas, altura da planta e altura da espiga foram de 155,02%; 275,56%; 57,19% e 208,52% (respectivamente), em relação às estimativas obtidas nos MISF-PB. Esses resultados têm a mesma tendência das estimativas da variância genética dos "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB onde participou como testador o SIN Dentado-PB, que foram de 161,4%; 129,7%; 70,0% e 101,3% em relação às estimativas dos "top-crosses" CDPB(S4) x SFPB onde participou como testador o SIN Flint-PB. Os valores das estimativas de variância genética dos meios-irmãos foram superiores às dos "top-crosses", com exceção da altura da espiga.

Como observado nos "top-crosses", os maiores valores das estimativas de variância genética junto com os menores valores de desvio padrão em porcentagem foram apresentados pela altura da planta e, os menores valores junto com os maiores valores de desvio padrão em porcentagem foram apresentados para produção de grãos ($0,3815 \pm 34,0\%$) e peso de cinco espigas ($1,0878 \pm 55,9\%$) para MISF-PB.

Antes de apresentar os resultados da variância genética aditiva, deve-se lembrar que os MISF-PB foram obtidos do SIN Flint-PB que foi desenvolvido a partir da recombinação de 3 progênies S_2 provenientes de uma única planta S_0 e os MISD-PB foram obtidos do SIN Dentado-PB que foi desenvolvido a partir da recombinação de uma progênie S_2 proveniente de uma única planta S_0 irradiada.

As estimativas das variâncias genéticas aditivas (valores multiplicados $\times 10^{-4}$) dos caracteres produção de grãos, peso de cinco espigas, altura da planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão para MISF-PB foram 1,5261; 4,3512; 217,4553; 46,1367 e 23,7292; e para MISD-PB foram: 3,8917; 16,3416; 341,8267; 142,3393 e 27,6757, respectivamente. Observa-se que existe maior variância genética aditiva nos MISD-PB, desenvolvidos a partir de uma única progênie S_2 para todos os caracteres.

As variâncias fenotípicas entre médias de progênies e entre plantas diferem muito entre as duas populações, o que não aconteceu nas populações de "top-crosses", onde as estimativas da variância fenotípica entre médias não diferiram muito entre as duas populações.

Para MISD-PB observaram-se as maiores estimativas da variância fenotípica entre médias com respeito às populações de meios-irmãos. Do mesmo modo, os valores dessa população, quando comparada com as mesmas estimativas nos

"top-crosses" CFPB(S4) x SDPB, somente foram superados pela estimativa de produção de grãos.

Quanto às estimativas de herdabilidade a nível de plantas individuais, a produção de grãos apresentou os menores valores sendo de 7,47% e 9,48% para MISF-PB e MISD-PB, respectivamente. O número de ramificações do pendão apresentou os maiores valores como sendo 48,44% e 67,48%, respectivamente.

Observa-se que para produção de grãos, as populações de meios-irmãos apresentaram maiores coeficientes de herdabilidade a nível de médias do que os apresentados pelos híbridos "top-crosses"; mas somente sete progênies de MISD-PB e nenhuma progênie de MISF-PB foram superiores à média da testemunha; além disso deve-se mencionar que essas populações apresentaram maior variabilidade; sendo porém progênies de meios-irmãos de uma população de base genética estreita, seria pouco provável a sua superioridade em relação a um híbrido duplo atualmente comercializado.

As estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva, fenotípica entre médias de progênies e fenotípica entre plantas, estão apresentadas na Tabela 11 sendo que a covariância entre os caracteres foram calculados a partir da Tabela 10. Deve-se salientar que somente foi estimada a significância das correlações fenotípicas entre médias através do teste de t. Nas combinações de caracteres envolvendo o peso de cinco espigas somente foi possível obter os coeficientes de correlação genética aditiva e fenotípica entre médias de progênies.

Os maiores valores de correlação genética aditiva foram obtidos entre a altura da planta e altura da espiga (0,9809 e 1,044) e os menores valores entre a produção de grãos e o número de ramificações do pendão (-0,0279 e 0,0396, respectivamente para MISF-PB e MISD-PB).

Entre os caracteres correlacionados com a produção de grãos somente o número de ramificações do pendão não se comportou igualmente nas duas populações, sendo que o peso de cinco espigas é o mais correlacionado. Quanto aos caracteres correlacionados com peso de cinco espigas, com exceção da produção de grãos, os valores das correlações foram sempre superiores para MISD-PB. As correlações da altura da planta e da espiga com o número de ramificações do pendão são contrastantes entre as duas populações, sendo negativas as correlações em MISF-PB e positivas as correlações em MISD-PB.

As estimativas das correlações fenotípicas entre médias e fenotípicas entre plantas são maiores para os MISD-PB. Em quatro das combinações de caracteres em MISF-PB (PG x AE, PG x NR, PE x AP, e PE x NR) e duas em MISD-PB (PG x PE, e PG x NR) os valores das correlações fenotípicas entre médias são um pouco maiores que os valores das correlações genética aditiva.

Na Tabela 12, são apresentados os progressos esperados com seleção por ciclo, devido ao ganho por seleção direta, visando o aumento da produção e a diminuição da altura da planta, considerando-se a seleção de 20% entre famílias de meios-irmãos em ambos os sexos nas duas populações de meios-irmãos. Observa-se que, por esse esquema de seleção esperam-se ganhos relativamente maiores para produção de grãos nos MISD-PB (4,98 gr/pl) do que nos MISF-PB (2,60 gr/pl); os ganhos por planta para a diminuição da altura da planta são semelhantes nas duas populações, sendo que os ganhos em porcentagem da média são maiores para os MISF-PB (-2,31%) sendo que esta população já é naturalmente mais baixa do que os MISD-PB (Tabela 7).

6. DISCUSSÃO

6.1. Análise geral e precisão experimental

O ano agrícola 1982/83, durante o qual foi realizado o presente estudo, foi considerado irregular devido ao excesso de precipitação pluvial e ocorrência de fortes ventos.

Além disso, ocorreram problemas de irregularidade de "stand", em parte devido a problemas de excesso de precipitação pluvial e qualidade das sementes; ressalte-se que as sementes dos "top-crosses" foram obtidas em lotes de despendoamento, onde as linhagens endogâmicas foram utilizadas como fêmeas. Além da irregularidade de topografia da área experimental, problemas de erosão contribuíram para diminuir a precisão experimental. Devido ao elevado número de tratamentos (1.028), não foi possível aumentar o número de repetições para melhorar a precisão das médias de tratamentos.

Tendo em vista os objetivos desse trabalho, que se prendem essencialmente à avaliação da variabilidade de linhagens avaliadas em "top-crosses" e de populações, procurou-se avaliar, além da produção de grãos, outros caracte

terres que, segundo a literatura, são menos influenciados pelo ambiente como altura da planta, altura da espiga e o número de ramificações do pendão; a análise de tais caracteres serviu para complementar as inferências sobre o potencial de variabilidade do material em estudo.

Devido aos problemas de "stand", foi decidido avaliar o peso de cinco espigas, como um caráter complementar à produção de grãos, prevendo-se uma baixa precisão experimental com os dados da produção total, mesmo que corrigidos para as variações de "stand". Entretanto, o ajuste para as variações de stand, através do método da covariância resultou em razoável precisão experimental para o peso total de grãos.

SOUZA JR. *et alii* (1978) e ZINSLY *et alii* (1982), recomendam a utilização de testemunha intercalar a cada duas parcelas de "top-crosses" quando o número de tratamentos é grande. Em vez dessa técnica, optou-se pelo uso de duas repetições com uma testemunha (híbrido duplo Cargill 511) intercalada a cada vinte tratamentos.

Conforme mostrado na apresentação dos resultados, a testemunha apresentou diferenças mais ou menos pronunciadas entre experimentos para todos os caracteres dando indicações de heterogeneidade ambiental na área experimental. Segundo MIRANDA FILHO (1981), na experimentação em melhoramento de plantas a heterogeneidade do solo e do material experimental são duas causas importantes do erro experimental. Considerando este ponto de vista, serão discutidos em sequência as causas das diferenças observadas nos experimentos.

Uma análise dos experimentos individuais para parâmetros como coeficiente de variação experimental, eficiência do látice, média da população e média da testemunha, que deveriam apresentar valores semelhantes para cada caráter

ter dentro de cada grupo de experimentos, indicam que a heterogeneidade do solo foi a responsável pelas diferenças observadas nesses parâmetros. Esses resultados também sugerem que o grupo de experimentos dos "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB (experimentos 1, 2 e 3) estiveram em melhores condições experimentais do que os outros experimentos; corrobora esta dedução a comparação dos erros associados às estimativas da variância genética e os valores dos coeficientes de herdabilidade a nível de médias entre experimentos do mesmo grupo.

No entanto, o comportamento observado para o número de ramificações do pendão (Tabela 6) foi semelhante nos quatro experimentos individuais de progênies de meios-irmãos de duas populações; pelo coeficiente de herdabilidade a nível de plantas, deduz-se que é um caráter pouco influenciado pelo ambiente.

Também merece ser ressaltada a relação existente entre as populações de "top-crosses" e a avaliação de seu respectivo testador através de progênies de meios-irmãos, quanto à estimativa da variância genética; os maiores e os menores valores da variância genética dos "top-crosses" correspondem aos maiores e os menores valores das variâncias genéticas das respectivas populações de meios-irmãos derivadas do testador utilizado nos "top-crosses", mostrando que apesar das diferenças ambientais observadas entre os grupos de experimentos as diferenças de natureza genética são evidenciadas.

Os valores das estimativas de variância fenotípica entre médias das duas populações de "top-crosses" diferem pouco, o que mostra que o ambiente teve uma influência diferenciada nas duas populações.

Com relação às estimativas obtidas a partir dos experimentos agrupados (Tabela 7), obtiveram-se coeficientes de variação experimental baixos para os caracteres al-

tura da planta e da espiga; médios para produção de grãos e altos para número de ramificações do pendão e peso de cinco espigas. Os valores dos coeficientes de variação experimental para o número de ramificações do pendão são maiores que os obtidos por GERALDI (1977), em 3 populações de polinização livre e semelhante aos reportados por OBILANA e HALLAUER (1974, 1977) em linhagens com alta endogamia. Para a produção de grãos, os coeficientes de variação experimental (entre 10,96 e 15,80%) indicam uma precisão experimental satisfatória. Tais coeficientes encontram-se em torno da média obtida para os coeficientes de variação experimental nas nossas condições para esse caráter (RAMALHO, 1977) e são menores que os obtidos por IDE (1983) ao avaliar 1.000 linhagens S_2 e 64 linhagens S_5 no esquema de "top-crosses".

Segundo GERALDI (1977), os caracteres de alta herdabilidade apresentam coeficientes de variação experimental mais baixos, fato que se comprovou com os caracteres altura da planta e da espiga. Mas o peso de cinco espigas obteve os menores valores dos coeficientes de herdabilidade a nível de médias e os maiores valores dos coeficientes de variação experimental pelo que se deduz que é necessário um maior número de observações a fim de se obter estimativas mais precisas.

Em condições experimentais mais adequadas, Martins, C.S., (informação pessoal) obteve coeficientes de variação entre 10,69% a 15,76% para o peso de cinco espigas, na avaliação de híbridos simples entre duas populações de milho braquítico; também observou uma alta correlação (0,830) entre este caráter e o peso total de grãos da parcela.

A literatura não é muito vasta no que se refere à precisão de estimativas (BOGYO, 1964; GORDON *et alii*,

1972; e VELLO e VENCOVSKY, 1974). GERALDI (1977), afirma que nada se pode dizer categoricamente quanto à precisão dessas estimativas, já que são obtidas através dos componentes da variância que estão associados a erro relativamente altos.

Para VELLO e VENCOVSKY (1974), o valor de uma estimativa afeta a magnitude do erro a ela associada, esperando-se erros maiores para as estimativas de menores magnitudes. Esse aspecto foi comprovado no presente estudo, já que em geral os maiores erros padrões associados às menores estimativas foram obtidos nos "top-crosses" CDPB(S4) x SFPB e em MISF-PB para todos os caracteres.

Comprovou-se a observação feita por GERALDI (1977), no sentido que os coeficientes de herdabilidade apresentaram erros de estimativas semelhantes às estimativas das variâncias genéticas entre progênes correspondentes.

Nos erros associados às estimativas da variância fenotípica dentro de progênes em MISD-PB e MISF-PB, observaram-se dois resultados: (1) foram os mais baixos e, (2) tais coeficientes, para produção de grãos (7,4% e 7,2%, respectivamente) foram o dobro dos valores apresentados para a altura da planta, altura da espiga e o número de ramificações do pendão. Tais fatos têm três explicações; (1) as estimativas da variância fenotípica dentro de progênes foram obtidas diretamente dos quadrados médios e não através dos componentes da variância; (2) a variância fenotípica dentro de progênes para produção de grãos foi obtida a partir de uma amostra de 25% das progênes enquanto que para altura da planta, altura da espiga e o número de ramificações do pendão foram obtidos a partir de todas as progênes, também deve-se considerar que a herdabilidade para produção de grãos é menor e, (3) essa fonte de variação apresentou número alto de graus de liberdade.

Finalmente os erros relativamente altos asso-

ciados à estimativas da variação ambiental entre parcelas (119,33% e 102,8%), são conforme evidenciam BOGYO (1964) e VELLO e VENCOVSKY (1974), devidos ao fato que tais valores estimam parâmetros muito pequenos ou nulos.

Ainda com relação à precisão de estimativas, deve-se ressaltar o fato dos coeficientes de correlação genética aditiva entre os caracteres altura da planta e altura da espiga terem obtido valores de 0,9809 para MISF-PB e 1,044 para MISD-PB. Neste caso deve-se considerar que as variâncias genéticas aditivas dos dois caracteres já estão superestimadas por terem sido obtidas de experimentos com apenas duas repetições em uma só localidade e, ambas apresentam coeficientes de variação que oscilam de 20% a 32,9%. Porém, os resultados reportados por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981, pag. 151), a partir de um levantamento de 22 estudos para a correlação entre esses caracteres indicam um valor alto (0,81). Além disso, o valor da correlação fenotípica entre médias de progênies não ultrapassou de 1 e foi relativamente alto (0,7436 e 0,9190, respectivamente).

6.2. Avaliação dos "top-crosses"

As linhagens avaliadas provêm de duas populações de base genética ampla, o Composto Dentado - Planta Baixa e o Composto Flint - Planta Baixa. O processo de seleção das linhagens foi iniciado em 1975/76 (MIRANDA FILHO, 1979). Até a geração S_4 a seleção das linhagens consistiu de 6 fases distintas em material e metodologia. MIRANDA FILHO (1979), descreve as particularidades das quatro primeiras fases. Resumidamente, as fases consistiram de: (1) seleção massal estratificada, (2) seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos e, (3) seleção entre e dentro das famílias S_1 até S_4 .

Um problema relacionado à avaliação de linhagens se refere ao estágio de teste para capacidade de combinação, e, quanto a isso, existem posições radicais e intermediárias. JENKINS (1935) e SPRAGUE (1939, 1946), considerando o processo de endogamia um processo estático e, sugerem a avaliação precoce. RICHEY (1945) é contra o teste precoce porque considera que com autofecundações por 7 a 8 gerações existe eliminação de genes recessivos, os materiais são mais homozigóticos e é possível selecionar entre e dentro de famílias. IDE (1983), indica que a avaliação e seleção de progênies na geração S_2 é um procedimento adequado e eficiente para a obtenção de progênies S_5 com alta capacidade de combinação. RUSSEL (1975), informou que, a despeito de qualquer avaliação precoce, o valor real de uma linhagem não é conhecido em sua totalidade até que as avaliações sejam feitas em combinações híbridas.

No presente programa de seleção, a avaliação e seleção de linhagens está sendo conduzida segundo o esquema tradicional, sendo que o presente estudo inclui a avaliação da capacidade de combinação das linhagens.

A escolha de um testador para a avaliação do potencial de uma linhagem para utilização em híbridos, é um dos aspectos discutíveis no melhoramento (HALLAUER, 1975). Os estudos teóricos, bem como as evidências experimentais, são em favor da superioridade de um testador homozigoto recessivo ou de uma variedade com baixa frequência dos genes importantes, conforme preconiza a hipótese de HULL (1945). HALLAUER e LOPEZ-PEREZ (1979), avaliaram linhagens não selecionadas S_1 e S_8 em cruzamento com quatro testadores relacionados à população e um testador não relacionado, de diferente base genética. Os resultados mostraram que o testador de baixa produção e relacionado à população (linhagem S_7) e, o testador não relacionado e de alta produção (linhagem MO 17) foram os melhores, sendo o primeiro concordante com a hipótese de HULL (1945).

No presente programa os propósitos se resumem na exploração de duas populações geneticamente divergentes, como fonte de linhagens para a utilização de híbridos (MIRANDA FILHO, 1979). Os testadores usados neste estudo, para cada grupo de linhagens, foram desenvolvidos a partir de uma planta S_1 selecionada de cada população contrastante; por esse motivo são de base genética estreita, possivelmente com alta frequência de alelos favoráveis e produtividade relativamente alta. Não existem na literatura trabalhos que tenham avaliado linhagens pelo método de "top-crosses", juntamente à avaliação das propriedades genéticas do respectivo testador; sendo assim, na presente discussão alguns dos resultados obtidos na avaliação dos "top-crosses" serão acompanhados de inferências parciais da possível influência do testador.

As populações originais, de onde foram extraídas as linhagens em estudo, não foram incluídas nos ensaios pelo fato de não mais existirem como tais, pois passaram por um processo de seleção que as descaracterizou mais ou menos intensamente. Além disso, as finalidades deste estudo estão mais relacionadas com o valor das linhagens avaliadas em cruzamentos. Entretanto, algumas comparações podem ser de interesse.

MIRANDA FILHO (1974), apresentou os valores preditos de produção de grãos, altura da planta e altura da espiga para os Compostos Dentado-PB e Flint-PB. Após vários ciclos de seleção, MIRANDA FILHO (1983), apresentou os valores observados para aqueles caracteres nas populações ESALQ-PB 2 e ESALQ-PB 3, obtidas por seleção dos Compostos Dentado-PB e Flint-PB, respectivamente. Para fins comparativos, são apresentadas a seguir os resultados de MIRANDA FILHO (1974, 1983) juntamente com as médias dos "top-crosses" do presente estudo.

População	Produção		Alt.planta		Alt.Espiga		Fonte
	t/ha	%	m	%	m	%	
C. Flint-PB	4,33	100,0	2,19	100,0	1,28	100,0	MIRANDA FILHO (1974)
C.Dentado-PB	4,49	103,7	2,21	100,9	1,27	99,2	
ESALQ-PB 3	3,71	100,0	2,51	100,0	1,48	100,0	MIRANDA FILHO (1983)
ESALQ-PB 2	4,07	109,7	2,48	98,8	1,44	97,3	
GFPB(S4) x SDPB	7,39	100,0	2,10	100,0	1,15	100,0	(Presente estudo)
CDPF(S4) x SFPB	7,63*	103,3	2,00*	95,2	1,07*	93,0	

* Valor corrigido de acordo com a média da testemunha.

Os resultados mostrados por MIRANDA FILHO (1974, 1983), embora não comparáveis diretamente, mostram que, em termos relativos, a população C. Dentado-PB apresenta superioridade de produção sobre C. Flint-PB, antes e após seleção; com relação à altura da planta e da espiga os valores praticamente se equivalem para as duas populações. Inferre-se destes resultados que linhagens endogâmicas da população C. Flint -PB deveriam apresentar um menor potencial de produtividade do que as linhagens de C. Dentado-PB, fato que foi confirmado na avaliação dos "top-crosses" do presente estudo.

Devido às variações de comportamento da testemunha nos diferentes experimentos os valores médios para cada população não podem ser usados para efetuar comparações entre os materiais avaliados, sendo que é mais adequado usar a porcentagem da média de cada população em relação à média da testemunha e distribuição de médias em porcentagem da média da testemunha. Em termos desses parâmetros, os "top-crosses" CDPB(S4) x SFPB mostram a maior amplitude de variação para todos os caracteres e a maior média em relação à testemunha para produção de grãos, sendo que nas progênies de meios-irmãos os MISD-PB mostraram a maior amplitude de variação e as maiores médias para todos os caracteres. Esses resultados sugerem o maior potencial das linhagens C. Dentado-PB e do testador SIN Dentado-PB.

A superioridade dos "top-crosses" de cada população, para produção de grãos é indicada pelo número de "top-crosses" selecionados; 35 ou 13,3% para CFPB(S4) x SDPB e 79 ou 21,7% para CDPB(S4) x SFPB. Quanto aos outros caracteres, com exceção do peso de cinco espigas sempre foram selecionados uma maior porcentagem de "top-crosses" em CDPB(S4) x SFPB. As diferenças de seleção entre as duas populações de "top-crosses" contrastam com os correspondentes coeficientes de herdabilidade a nível de médias, pois os "top-crosses" CDPB(S4) x SFPB apresentaram maior número de tratamentos selecionados e os menores coeficientes de herdabilidade e vice-versa para os "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB. Esses resultados mostram a influência do testador na avaliação das linhagens e indicam que a avaliação da capacidade de combinação efetuada pelo testador SIN Flint-PB não foi eficiente. Para fins práticos, a média e a variabilidade são os reais indicadores do potencial de populações no que diz respeito à ocorrência de genótipos superiores. O coeficiente de herdabilidade é indicador da eficiência da seleção mas

não diretamente da variabilidade (FALCONER, 1964).

Para comparar a variabilidade genética de diferentes populações e diferentes caracteres, tem-se usado o coeficiente de variação genético (GERALDI, 1977). No presente estudo, devido à variação no comportamento da testemunha e considerando as diferenças apresentadas nos coeficientes de variação experimental dos caracteres estudados, este parâmetro não foi utilizado pelo fato de ser influenciado pela média. Por exemplo, os MISF-PB, apresentaram a menor média para produção de grãos mas foram maiores que os "top-crosses" CDPB(S4) x SFPB quanto ao coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação experimental. Vencovsky (1975) ^{1/} sugere a comparação da variabilidade das populações através do índice de variação "b" que corresponde ao quociente entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação experimental, eliminando assim a influência da média do caráter nas comparações. GERALDI (1977) utilizou este procedimento na comparação de três populações de milho.

Nas populações de "top-crosses" do CFPB(S4) x SIN Dentado-PB apresentaram os maiores valores do índice de variação b, sendo que nas populações de meios-irmãos, os MISD-PB apresentaram estimativas maiores para produção de grãos e peso de cinco espigas tanto comparadas à outra população como com os "top-crosses" e, foram menores que os MISF-PB quanto à altura da planta e altura da espiga. Esses resultados apresentaram a mesma tendência dos coeficientes de herdabilidade a nível de médias e mostram que o testador SIN Dentado-PB é superior ao testador SIN Flínt com respeito à quantidade relativa de variação genética entre progênies

^{1/} citado por GERALDI (1977).

para produção de grãos e peso de cinco espigas e é um pouco inferior para a altura da planta e da espiga.

A variância genética que se expressa entre "top-crosses", é do tipo aditiva ou seja, é definida em função do efeito médio de substituição de genes e refere-se ao nível interpopulacional, sendo portanto homólogo da variância aditiva ao nível intrapopulacional.

As variâncias entre "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB foram aproximadamente o dobro das estimativas da variância genética dos "top-crosses" CDPB(S4) x SFPB, para todos os caracteres.

De acordo com HALLAUER (1975), a capacidade de combinação das linhagens selecionadas para cada população não foi alterada pelo uso dos testadores já que a capacidade de combinação é primeiramente selecionada para efeitos aditivos. Mesmo considerando-se testadores de base ampla vs base estreita, a capacidade de combinação não é grandemente afetada (RUSSELL e EBERHART, 1975; WALEJKO e RUSSEL, 1977). De acordo com os resultados de RUSSELL e EBERHART (1975), a variância genética entre "test-crosses" foi cerca de duas vezes maior usando um testador de base genética estreita e não relacionado à população base, em relação a um testador de base genética ampla. A esse respeito HALLAUER (1975), indicou que linhagens relacionadas e não relacionadas e a população parental têm sido usadas como testadores, dependendo dos objetivos do programa. O presente programa se resume na exploração de linhagens de duas populações para a formação de híbridos duplos. Sendo assim, a seleção dos testadores concorda com o pensamento de HALLAUER e LOPEZ-PEREZ (1979), que sugerem que um testador não relacionado de base genética estreita pode identificar linhagens com boa capacidade de combinação com as linhagens da população contrastante. O uso

de testadores de base genética estreita também tem aspectos favoráveis com relação à amostra de gametas, pois poucos cruzamentos individuais podem representar satisfatoriamente um determinado "test-cross" (LOPEZ-PEREZ, 1979). No entanto, os objetivos do presente trabalho foram avaliar a capacidade de combinação das linhagens e como parte complementar estimar parâmetros genéticos dos testadores utilizados; sendo assim as inferências que se seguem não devem ser consideradas como conclusivas.

A superioridade dos "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB sobre CDPB(S4) x SFPB e de MISD-PB sobre MISF-PB, no que diz respeito à média e à variabilidade, indicam claramente uma influência do testador sobre o comportamento dos "top-crosses". Quanto à média, a contribuição do testador é evidente, pois os "top-crosses" de linhagens extraídas ao acaso de uma população em cruzamentos com um testador, apresentaram a mesma média do testador; a média de tal cruzamento interpopulacional é função da média das populações parentais e da heterose do cruzamento.

Quanto à variabilidade, sabe-se que a nível de um loco, a variância de "top-crosses" é definida por $\sigma_c^2 = p(1-r)\alpha^2$ e a variância genética do testador por $\sigma_t^2 = 1/2[r(1-r)\alpha^2]$, sendo p a frequência gênica da população parental das linhagens endogâmicas e r a frequência gênica no testador; α é o efeito médio de substituição gênica (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981). Embora ambos tenham um componente comum (α^2), as variações de p e r são independentes quando a população e testador não são relacionados; daí resulta que σ_c^2 e σ_t^2 não são correlacionadas em termos de esperança matemática.

Entretanto, no presente caso, as populações-base e os respectivos testadores são parcialmente relaciona-

dos. Ambas as populações base se originaram de cruzamentos com as mesmas variedades de porte baixo (MIRANDA FILHO, 1974). Do mesmo modo, cada testador se originou de seleção da respectiva população-base. Assim, cada testador é relacionado geneticamente com a população-base e em menor grau, com a população contrastante. Deste modo é possível uma interferência parcial da variabilidade do testador sobre a variabilidade dos "top-crosses". Contudo pelo fato das linhagens terem sido obtidas de maneira mais ou menos aleatória, não se pode excluir a hipótese de que a maior variabilidade dos "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB seja devida principalmente à maior variabilidade das linhagens CFPB(S4) em relação às linhagens CDPB(S4). Para ser conclusivo neste aspecto, tal estudo deveria incluir as populações parentais como testadores.

6.3. Propriedades dos testadores

A escolha de testadores de base genética estreita, para utilização no presente estudo, se deve a uma série de aspectos: (1) na função de testadores, os de base genética estreita apresentam menos problemas de amostragem de gametas (LOPEZ-PEREZ, 1979); (2) os testadores de base estreita também se prestam para avaliar a capacidade de combinação (RUSSELL e EBERHART, 1975) e, (3) os testadores de base estreita, mesmo geneticamente heterogêneos, são reproduzíveis em um certo grau, o que lhes confere a possibilidade de participar como progenitor de híbridos comerciais.

Os testadores do presente estudo são considerados de base estreita, com base em sua genealogia, apresentada no item 3.3. O testador SIN Flint-PB foi obtido a partir de três progênies S_2 , sendo uma planta S_0 o último ancestral comum. O testador SIN Dentado-PB foi obtido a partir

de uma progênie S_2 , também representado por uma única planta S_0 . Em ambos os casos, os sintéticos foram obtidos a partir de cruzamentos fraternais dentro de progênies S_2 . Os níveis reais de endogamia em cada caso, são imprevisíveis, pois dependem do grau de heterozigose das plantas S_1 amostradas para obtenção das progênies S_2 ; pode-se apenas afirmar que, em média, as progênies S_1 apresentam pelo menos 50% de homozigose. De qualquer modo, a drástica redução do tamanho efetivo leva, sem dúvida, à homozigose ou fixação de alelos. Entretanto, para as finalidades deste estudo, consideram-se os sintéticos como populações com estrutura genética e características próprias, as quais foram submetidas à avaliação.

Convém ressaltar que os testadores usados neste estudo são de natureza um pouco diferente de outros testadores de base genética estreita como linhagens relacionadas, linhagens não relacionadas ou híbridos simples, conforme têm sido mencionados na literatura. As populações F_2 provenientes do cruzamento de duas linhagens puras também podem ser consideradas de base estreita, e têm sido utilizadas em estudos sobre a herança de caracteres quantitativos, sendo particularmente adequadas para a estimação do grau médio de dominância (COMSTOCK e ROBINSON, 1948); também, nestes casos, as populações F_2 são consideradas como tais, com características próprias, independentemente de considerações sobre a endogamia e tamanho efetivo populacional.

6.3.1. Parâmetros genéticos e fenotípicos

a. Produção de grãos e peso de cinco espigas

Os valores médios em porcentagem da testemunha para produção de grãos e peso de cinco espigas foram maiores para os MISD-PB; essa população também apresentou o maior número de tratamentos que ultrapassaram a média da testemunha, indicando a superioridade desta população sobre os MISF-PB.

As produções mais baixas dos sintéticos SDPB e SFPB, em relação às médias dos "top-crosses" podem ser devidas às seguintes causas: (1) contribuição das linhagens endogâmicas, como progenitores dos "top-crosses"; (2) nível de heterose nos "top-crosses"; (3) propriedades intrínsecas dos sintéticos, no que diz respeito às suas constituições genéticas como resultantes do próprio processo de seleção; (4) nível de endogamia, e consequentemente de homozigose, nos sintéticos. Embora seja difícil prever quais causas têm maior ou menor contribuição, pode-se inferir que o grau de endogamia dos sintéticos seja uma causa importante de menor produção. Por outro lado, a maior produção do SIN Dentado-PB em relação ao SIN Flint-PB pode ser devida às causas (3) e (4) como acima mencionadas; porém, a superioridade do material dentado tem sido constatada desde a sua síntese, que em termos percentuais foram de 21% do C. Dentado sobre o C. Flint (MIRANDA FILHO, 1974) e de 22,2% para a mesma comparação em uma avaliação mais ampla (MIRANDA FILHO e VENCovsky, 1984); de 3,7% do C. Dentado-PB sobre o C. Flint-PB, em termos de produções preditas por MIRANDA FILHO (1974); e de 9,7% do sintético ESALQ-PB2 sobre ESALQ-PB3 (MIRANDA FILHO, 1983); Assim, a superioridade do SIN Dentado-PB sobre o SIN Flint-PB de 19,1% para produção de grãos e de 27% para peso de cinco espigas corresponde à expectativa com base nas observações anteriores.

As estimativas da variância genética aditiva para produção de grãos dos MISD-PB é superior ao valor médio citado por RAMALHO (1977), obtido a partir de 30 populações; também é superior à relatada por MIRANDA FILHO (1979) para a população ESALQ-PB-1; porém é inferior à apresentada por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981), obtidos a partir do levantamento de 99 estimativas, e à apresentada por GARDNER (1963) para progênies F_2 de híbridos simples. Por outro lado, as estimativas dos MISF-PB foram inferiores a todas as estimati-

vas comparadas.

No entanto, considera-se que as comparações com as estimativas reportadas por RAMALHO (1977) e MIRANDA FILHO (1979) são mais adequadas, visto que esses autores usaram progênies de meios-irmãos para a obtenção das variâncias genéticas aditivas. Por outro lado, as estimativas não são diretamente comparáveis se forem considerados os diferentes níveis de endogamia. As estimativas de RAMALHO (1977) e MIRANDA FILHO (1979), pressupõem coeficiente de endogamia $F = 0$, sendo que no presente estudo o efeito de endogamia deve ser levado em conta. Para populações em equilíbrio a variância aditiva aumenta na proporção $1 + F$, podendo ser, para valores de F de 0,5 a 1,0, de 1,5 a 2,0 vezes a variância da população não endôgama. Também deve-se considerar, neste caso a influência de frequência gênica sobre a variância genética aditiva. HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981, p. 31) mostram que, para ausência de dominância a máxima variância aditiva ocorre para a frequência gênica $p = 0,5$. As progênies S_1 , obtidas por autofecundação de plantas S_0 , apresentam frequência $p = 0,5$ para todos os locos segregantes. No caso do testador SIN Dentado-PB, que se originou de uma única progênie S_2 , os locos segregantes também apresentam frequência $p = 0,5$, dando, deste modo, grande contribuição para a variância devida aos locos sem dominância. Do mesmo modo, as frequências alélicas de locos segregantes não devem diferir muito de $p = 0,5$ se três progênies S_2 representarem razoavelmente uma progênie S_1 . Para locos com dominância, a variância aditiva máxima ocorre para frequências alélicas menores do que $p = 0,75$, sendo que para dominância completa a máxima variância ocorre para $p = 0,25$ (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981).

A comparação efetuada dos MISD-PB e MISF-PB quanto à variância genética aditiva indicam um potencial médio para os MISD-PB e, baixo para os MISF-PB. Porém, quan

do se comparam com respeito à quantidade relativa de variação genética medida pelo índice de variação "b", os MISD-PB e os MISF-PB são sensivelmente superiores aos reportados por RAMALHO (1977) e MIRANDA FILHO (1979). Deve-se indicar que nos experimentos conduzidos no Departamento de Genética em Piracicaba, este índice raramente excede de 0,7.

Os valores de herdabilidade a nível de plantas são inferiores aos reportados por RAMALHO (1977) nas populações locais e também à população relacionada ESALQ-PB1, conforme MIRANDA FILHO (1979).

Esses fatos apresentados em conjunto indicam que o potencial genético para produção de grãos é de baixo a médio para MISF-PB e médio para os MISD-PB. Os resultados também confirmam que, apesar de ter diminuído drasticamente o tamanho populacional, as populações ainda mostram uma boa parcela de variabilidade genética, suficiente para apresentar resposta à seleção.

Convém ressaltar que a superioridade dos MISD-PB em relação a parâmetros de variabilidade foi confirmada não só para produção de grãos, mas também para os outros caracteres; essa superioridade não é explicada pelo número de progênie que formaram os sintéticos, nem tampouco pelo número de populações que formaram as populações parentais, pois em ambos os casos os MISF-PB incluíram maior número do que os MISD-PB. É possível que a irradiação no C. Dentado-PB tenha contribuído para uma maior variabilidade no SDPB.

Não existem na literatura, referências para comparar a variância genética aditiva do peso de cinco espigas; no entanto, esse caráter apresentou a mesma tendência

mostrada para produção de grãos, isto é, maiores valores para os MISD-PB, sendo que a diferença em porcentagem das estimativas das duas populações foi muito alta. Devido ao alto erro associado à estimativa dos MISF-PB, como já ressaltado, este caráter apresentou os maiores valores dos coeficientes de variação experimental pelo que se conclui que na avaliação de híbridos "top-crosses" e progênies de meios-irmãos, há a necessidade de uma amostra maior para a avaliação deste caráter.

b. Altura da planta e altura da espiga

Uma análise dos valores médios em porcentagem da testemunha dos MISD-PB, mostraram valores maiores do que os MISF-PB. Conforme mostrados em 6.2., nas populações ancestrais o material "Dentado" foi ligeiramente inferior ao "Flint" para estes caracteres. Portanto, as maiores médias para MISD-PB são atribuídas ao efeito da seleção por ocasião da obtenção dos sintéticos.

Tal como ocorreu com os resultados de produção de grãos e peso de cinco espigas, também para altura da planta e altura da espiga as estimativas dos parâmetros genéticos encontradas nos MISD-PB foram superiores às dos MISF-PB; apenas com relação à herdabilidade a nível de plantas para altura da planta foi superior nos MISF-PB, o que confirma a superioridade dos MISD-PB.

No presente estudo, foram encontradas maiores variâncias genéticas aditivas para altura da planta do que altura da espiga, sendo que os MISD-PB (material dentado) apresentou os maiores valores. Esse resultado contrasta em

certo grau com os dados obtidos por MIRANDA FILHO *et alii* (1974), ao avaliar as duas populações que contribuíram com 50% na formação dos compostos de onde foram obtidos os MISF-PB e MISD-PB. MIRANDA FILHO *et alii* (1974), observaram maior variância genética aditiva para altura da planta no C. Flint e maior variância genética aditiva para altura da espiga no C. Dentado. A maior variância aditiva do MISD-PB também é atribuída à origem desta população conforme já discutido para a produção de grãos.

Parâmetros genéticos para a altura da planta e da espiga na população ESALQ-PB1 foram estimados por MIRANDA FILHO (1978) e GHINI e MIRANDA FILHO (1979), e diferem em magnitude, sendo maiores os resultados reportados por GHINI e MIRANDA FILHO (1979). Entre os parâmetros estimados no presente trabalho somente a variância genética aditiva dos MISD-PB foi superior ao relatado por aqueles autores.

Dos parâmetros de variabilidade estimados para altura da planta e da espiga, pode-se concluir que existe suficiente variabilidade genética para ambos os caracteres em ambas as populações, para propiciar um melhoramento destes caracteres, contribuindo assim para melhorar a arquitetura da planta dos testadores.

c. Número de ramificações do pendão

Quanto aos valores médios por planta e em porcentagem da testemunha, observa-se que os MISF-PB apresentam maior número de ramificações do pendão, o que deve ser uma característica genética dos materiais de grãos duros, também observado por GERALDI (1977) no C. Flint Branco.

Estimativas de parâmetros genéticos para o número de ramificações do pendão de milho não são tão frequentes na literatura. No Departamento de Genética da ESALQ/USP, a partir da observação de GERALDI (1977) de que esse caráter está negativamente correlacionado com a produção de grãos, tem-se dado mais ênfase aos caracteres do pendão. Quanto às variâncias genéticas aditivas, os MISD-PB foram superiores aos MISF-PB; conseqüentemente, também um maior coeficiente de herdabilidade a nível de plantas foi apresentado pelos MISD-PB.

Os MISF-PB são materiais de tipo "flint" (endosperma duro) e os MISD-PB são do tipo "dentado" e, ao se comparar os coeficientes de herdabilidade a nível de plantas destas populações com os resultados reportados por GERALDI (1977), observa-se que as estimativas do C. Flint Branco são semelhantes às do MISF-PB e, do mesmo modo, as estimativas para a variedade Centralmex (tipo dentado) assemelha a MISD-PB; sendo que os coeficientes de herdabilidade são 11% e 6% superiores para os MISF-PB e MISD-PB, respectivamente, o que indica que o caráter número de ramificações do pendão tem diferente controle gênico nessas populações. Essa comparação, é muito significativa para o presente estudo, já que as populações C. Flint Branco e a variedade Centralmex são de base genética ampla, o que nos leva a concluir que apesar dos MISF-PB e os MISD-PB apresentarem uma base genética estreita, possuem uma ampla variabilidade, sendo que essa variabilidade se deve a que cada planta S_0 foi isolada do C. Flint-PB e do C. Dentado-PB e deve ter apresentado uma alta heterozigosidade.

Convém ressaltar que nas comparações acima apresentadas não se considerou o índice de variação "b", que para GERALDI (1977) é sensivelmente superior aos índices dos MISF-PB e MISD-PB; porém essa superioridade se deve aos bai-

xos coeficientes de variação experimental obtidos por GERALDI (1977). Por outro lado, os valores da variância genética aditiva dos MISF-PB e MISD-PB são o dobro dos valores obtidos por GERALDI (1977).

Ainda com referência ao coeficiente de herdabilidade a nível de plantas LORDELÔ (1982) e ANDRADE e MIRANDA FILHO (1979), encontraram valores mais altos deste parâmetro somente com relação aos MISF-PB. No entanto, LORDELÔ (1982), trabalhou com duas populações braquíticas uma de tipo duro (Piranão VF-2) e outra tipo dentado (Piranão VD-2), sendo que os valores do coeficiente de herdabilidade foram quase iguais (57,42% e 57,72%, respectivamente).

6.3.2. Correlações genéticas e fenotípicas e, progressos esperados por seleção

Como já ressaltado no item 6.1., os maiores valores de correlação genética aditiva foram obtidos entre altura da planta e altura da espiga, sendo que são de maior magnitude com relação à estimativa média obtida por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981, p. 151). Ainda assim, são válidas, já que HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981, p. 152), indicam que esses caracteres são altamente associados, pelo que em certos estudos poder-se-ia eliminar a avaliação da altura da planta, visto que é mais fácil a avaliação da altura da espiga e as implicações por seleção em outros caracteres correlacionados com a altura da espiga também seriam válidas para altura da planta.

As magnitudes das correlações genética aditiva, fenotípica entre médias e fenotípica entre plantas são maiores para o material tipo dentado (MISD-PB) do que os materiais tipo duro (MISF-PB); essa mesma tendência também foi

observada por LORDELÔ (1982), ao avaliar o Piranão VD-2 e Piranão VF-1. Além disso, todas as correlações são superiores e positivas para os MISD-PB, o que indica que a seleção de um caráter afetará aos demais caracteres em maior ou menor intensidade, o que pode causar problemas para o melhoramento desta população.

As correlações genéticas e fenotípicas entre peso de cinco espigas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NR) com a produção de grãos (PG), foram positivas em MISF-PB, com exceção de PG x NR; este comportamento também foi observado por LORDELÔ (1982). O comportamento diferenciado de populações com relação às correlações entre caracteres pode ser atribuído às mudanças da estrutura genética das populações, causadas pela introdução do gene braquítico (LORDELÔ, 1982) ou pela diminuição drástica do tamanho efetivo populacional, como no presente estudo.

O caráter mais correlacionado com PG foi PE; entretanto as magnitudes da correlação fenotípica entre médias foram inferiores à obtida por Martins (informação pessoal).

Entre os demais caracteres, além de PE, os mais correlacionados com PG são AP e AE, sendo que as maiores magnitudes dessas correlações foram verificadas nos MISD-PB. Consequentemente, a seleção para elevação do nível de produção de grãos, acarretará mais alterações nos caracteres do porte nos MISD-PB. Nesse mesmo sentido, a seleção para redução do porte pode acarretar uma queda da produção de grãos. Além disso, os "top-crosses" das linhagens C. Flint-PB(S4) em cruzamento com o testador SIN Dentado-PB e, os MISD-PB já apresentam médias em porcentagem superior à testemunha, quanto à altura da planta e da espiga. O progresso esperado por seleção direta para a produção de grãos (ganho

por ciclo) pode ser considerado alto em relação ao relatado por MIRANDA FILHO (1979), mas apresenta o inconveniente de um correspondente aumento da altura da planta, em consequência de resposta correlacionada à seleção.

No entanto, considerando as menores médias em porcentagem para produção de grãos e altura da planta e da espiga dos MISF-PB a seleção para aumento da produção de grãos nos MISF-PB seria vantajosa devido ao fato que, com vários ciclos de seleção recorrente direta para aumento da produção de grãos os MISF-PB atingiriam valores semelhantes aos MISD-PB quanto à produção de grãos e altura da espiga.

As correlações entre PG e NR, apresentaram baixas magnitudes e diferente comportamento nas duas populações, sendo negativos em MISF-PB, com significância a 5% de probabilidade para a correlação fenotípica entre médias de progênies (r_F^-); e positivos em MISD-PB, não significativos para r_F^- . A mesma situação foi observada por LORDELÔ (1982), sendo que suas estimativas foram um pouco maiores. GERALDI (1977), reportou correlações genéticas aditivas negativas e significativas a 5%, entre aqueles caracteres para duas populações de grãos dentados e uma de grãos "flint".

Além de PG, os demais caracteres correlacionados com PE mostraram correlações sempre superiores para os MISD-PB. Martins (informação pessoal), obteve correlações fenotípicas entre médias, superiores aos MISF-PB e inferiores aos MISD-PB. Os dados obtidos indicam ainda que a correlação entre PE e AE é a mais intensa para os MISD-PB o que indica os mesmos problemas citados para aumento da produção de grãos, devido a alta associação entre PG e PE e, AE e AP.

A correlação genética aditiva e fenotípica entre NR com AP e AE, constituem o maior contraste entre as correlações obtidas, visto que as magnitudes das correlações

dos MISF-PB são menores e negativas para a correlação genética aditiva e não são significativas para a correlação fenotípica entre médias e, vice-versa para os MISD-PB; esta tendência também foi reportada por LORDELÔ (1982), sendo que as diferenças entre as correlações das duas populações que esse autor estudou são menores, isto é, são inferiores às correlações do MISF-PB e menores as correlações dos MISD-PB. ANDRADE e MIRANDA FILHO (1980), apresentaram valores semelhantes em magnitude à correlação genética aditiva entre AP e NR e, superior à correlação genética aditiva entre AE e NR dos MISD PB; no entanto suas correlações fenotípicas entre médias são menores.

As observações acima apresentadas confirmam que nem através da seleção de NR nos MISD-PB, pode ser alcançada uma maior produção, visto que a associação é bem fraca e não é significativa, como também devido às correlações positivas entre NR e AP e AE. No entanto nos MISF-PB, uma seleção para diminuir o NR aumentaria pouco a produção de grãos sendo que não afetaria muito AP e AE como o faria a seleção direta para aumento da produção de grãos.

Algumas tendências discrepantes com relação à correlação de caracteres nos dois testadores estudados, são atribuídas às diferenças de sua constituição genética, pela sua natureza de base genética estreita.

7. CONCLUSÕES

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

1. Apesar das diferenças ambientais observadas entre os grupos de experimentos, as diferenças de natureza genética foram evidenciadas pelo uso de caracteres de alta herdabilidade, permitindo assim mostrar a relação existente entre as populações de "top-crosses" e seus respectivos testadores.
2. O número de ramificações do pendão é um caráter de alta herdabilidade, menos influenciado pelo ambiente do que outros caracteres como a altura da planta e altura da espiga, que apresentaram um coeficiente de herdabilidade semelhante.
3. Na avaliação de híbridos "top-crosses" e progênies de meios-irmãos que apresentam grande variação dentro de progênies, o caráter peso de cinco espigas não é muito preciso, necessitando por isso, de um maior número de observações a fim de se obter estimativas mais precisas e seja

um caráter complementar na avaliação da produção dos materiais sendo testados.

4. A maior amplitude de variação para todos os caracteres e a maior média em relação à testemunha, para produção de grãos dos "top-crosses" GDPB(S4) x SFPB e, a maior amplitude de variação e as maiores médias para todos os caracteres nos MISD-PB, sugerem o maior potencial das linhagens C. Dentado-PB(S4) e do testador SIN Dentado-PB.
5. A superioridade dos "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB sobre GDPB(S4) x SFPB e de MISD-PB sobre MISF-PB referente à variabilidade, indicam claramente uma influência do testador sobre o comportamento dos "top-crosses". Entretanto, pelo fato das linhagens terem sido obtidas de uma forma aleatória, não se pode excluir a hipótese de que a maior variabilidade dos "top-crosses" CFPB(S4) x SDPB seja devida à maior variabilidade das linhagens CFPB(S4), em relação às linhagens GDPB(S4).
6. Ainda que os MISF-PB e MISD-PB tenham base genética estreita devido a ter diminuído drasticamente o tamanho populacional, apresentaram uma boa parcela de variabilidade, suficiente para apresentar respostas à seleção; sendo que, quando comparados com a variabilidade de milhos normais, os MISF-PB são classificados com potencial genético de baixo a médio e os MISD-PB de médio potencial genético.
7. As produções mais baixas dos sintéticos SDPB e SFPB em relação à média dos híbridos "top-crosses" foram parcialmente devidas ao grau de endogamia dos sintéticos, como re-

sultante de redução do tamanho efetivo populacional.

8. Para o MISD-PB, os coeficiente de correlação genética aditiva encontrados foram todos positivos e de maior magnitude aos apresentados por MISF-PB, o que limita as possibilidades de melhoramento desta população; pois o melhoramente de um caráter afetará aos demais caracteres em maior ou menor intensidade.
9. Para o MISF-PB as magnitudes das correlações foram menores, sendo que o número de ramificações do pendão foi negativamente correlacionado com produção de grãos, altura da planta e altura da espiga. Considerando as menores médias em porcentagem para produção de grãos e altura da planta e da espiga, a seleção para aumento da produção de grãos seria vantajosa devido ao fato que, com vários ciclos de seleção recorrente direta para produção de grãos, o SIN Flint-PB atingiria valores semelhantes ao SIN Dentado-PB quanto à produção de grãos e altura da planta.
10. Pelo fato de 13,3% e 21,7% respectivamente dos "top-crosses" CFPB(S4) x SIN Dentado-PB e CDPB(S4) x SIN Flint-PB terem superado a média da testemunha quanto à produção de grãos, os testadores SIN Flint-PB e SIN Dentado-PB, são considerados com bom potencial para ser progenitores de híbridos.
11. As discrepâncias encontradas entre as correlações dos caracteres nos dois testadores são atribuídas às diferenças de sua constituição genética pela sua base genética estreita. É possível, portanto, que no processo de sele

ção de linhagens sejam obtidas combinações favoráveis de caracteres para a obtenção de híbridos, explorando-se as correlações fenotípicas favoráveis dentro de progênies no início do processo de seleção.

8. LITERATURA CITADA

- ACOSTA, A.E. e P.L. CRANE, 1972. Further selection for lower height maize. *Crop Science*, Madison, 12: 165-167.
- ALLISON, J.C.S. e R.N. CURNOW, 1966. On the choice of tester parent for the breeding of synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.) *Crop Science*, Madison, 6: 541-544.
- 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. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba n^o 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. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, n^o 14: 5-10.
- BAKTASH, F.Y.; M.A. YOUNIS; A.H. AL-YOUNIS e B.A. AL-ITHAWI, 1981. Correlation coefficients between top-crosses and diallel crosses in corn (*Zea mays* L.). *Mesopotamia Journal of Agriculture*, 16: 51-58.

- BARBIN, D., 1975. Variância e covariância dos componentes de variância no modelo de classificação hierárquica. Publicação didática do Departamento de Matemática e Estatística, ESALQ/USP, Piracicaba, 8 p. (mimeografado).
- BAUMAN, L.F., 1959. Evidence of non-allelic gene interaction in determining yield, ear height and kernel row number in corn. *Agronomy Journal*, Madison, 51: 531-534.
- BOGYO, T.P., 1964. Coefficients of variation of heritability estimates obtained from variance analysis. *Biometrics*, Raleigh, 20: 122-129.
- BUREN, L.L., J.J. MOCK e I.C. ANDERSON, 1974. Morphological and physiological traits in maize associated with tolerance to high plant density. *Crop Science*, Madison, 14: 426-429.
- CAMPBELL, C.M., 1965. News dwarfs and modifiers. *Proceeding of the 20th. Annual Hybrid Corn Industry-Research Conference*, Washington, 20: 22-29.
- CARMO, C.M., 1969. Avaliação de progênies de meios-irmãos em populações heterogêneas de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 48 p. (Dissertação de Mestrado).
- CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL (CIAT), 1975. Informe Anual 1974. Cali, 260 p.
- CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL (CIAT), 1976. Informe Anual 1975. Cali, 275 p.
- CENTRO INTERNACIONAL DE MEJORAMIENTO DE MAIZ Y TRIGO (CIMMYT), 1972. Informe 1970-71. Mexico. 114 p.
- CENTRO INTERNACIONAL DE MEJORAMIENTO DE MAIZ Y TRIGO (CIMMYT), 1973. Informe anual 1972. Mexico, 152 p.
- COCHRAN, W.G. e G.M. COX, 1957. *Experimental designs*. 2a. ed. New York, John Wiley and Sons. 611 p.

- COMPTON, W.A., C.O. GARDNER e J.H. LONNQUIST, 1965. Genetic variability in two open-pollinated varieties of corn (*Zea mays* L.) and their F_1 progenies. *Crop Science*, Madison, 5: 505-508.
- COMSTOCK, R.E., 1964. Selection procedures in corn improvement. *Proceeding of the 19th. Annual Hybrid Corn Industry-Research Conference*, Washington, 19: 87-94.
- COMSTOCK, R.E., 1979. Inbred lines vs. the populations as tester in reciprocal recurrent selection. *Crop Science*, Madison, 19: 881-886.
- COMSTOCK, R.E. e R.H. MOLL, 1963. Genotype-environment interactions. In: Hanson, W.D. e H.F. Robinson (Ed.). *Statistical genetics and plant breeding*. Washington, National Academy of Sciences, p. 164-196.
- COMSTOCK, R.E. e H.F. ROBINSON, 1948. The components of genetic variance in populations. *Biometrics*, Raleigh, 4: 254-256.
- COMSTOCK, R.E. e H.F. ROBINSON, 1952. Estimation of average dominance 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: 360-367.
- CORNELIUS, P.L. e J.W. DUDLYE, 1976. Genetic variance components and predicted response to selection under selfing and full-sib mating in a maize populations. *Crop Science*, Madison, 16: 333-339.

- CRISOSTOMO, J.R., 1978. Estimaco de parmetros genticos visando seleo em dois compostos de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 71 p. (Dissertao de Mestrado).
- DARRAH, L.L., S.A. EBERHART e L.H. PENNY, 1972. A maize breeding methods study in Kenya. *Crop Science*, Madison, 12: 605-608.
- DAVIS, R.L., 1927. Report of the plant breeder. Report of the Puerto Rico Agricultural Experimentation Station, p. 14-15.
- DUNCAN, W.G., W.A. WILLIAMS e R.S. LOOMIS, 1967. Tassels and the productivity of maize. *Crop Science*, Madison, 7: 37-39.
- EBERHART, S.A., R.H. MOLL, H.F. ROBINSON e C.C. COCKERHAM, 1966. Epistatic and other variances in two varieties of maize. *Crop Science*, Madison, 6: 275-280.
- FAKOREDE, M.A.B., 1979. Interrelationships among grain yield and agronomic trait in a synthetic population of maize. *Maydica*, Bergamo, 24: 181-192.
- FALCONER, D.S., 1964. *Introduction to quantitative genetics*. 3a. Imp. New York, The Ronald Press Company, 365 p.
- GARDNER, C.O., 1963. Estimates of genetic parameters in cross-fertilizing plant and their implications in plant breeding. In: HANSON, W.D. e H.F. ROBINSON (Coord.). *Statistical genetic and plant breeding*. Washington. National Academy of Sciences. p. 225-252.
- GARDNER, C.O. e S.A. EBERHART, 1966. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related population. *Biometrics*, Raleigh, 22: 439-452.

- GARDNER, C.O., P.H. HARVEY, R.E. COMSTOCK e H.F. ROBINSON, 1953. Dominance of genes controlling quantitative characters in maize. *Agronomy Journal*, Madison, 45: 186-191.
- GARDNER, C.O. e J.H. LONNQUIST, 1959. Linkage and the degree of dominance of genes controlling quantitative characters in maize. *Agronomy Journal*, Madison, 51: 524-528.
- GARDNER, C.O., E. PATERNIANI, 1967. A genetic model use to evaluate the breeding potencial of open-pollinated varieties of corn. *Ciência e Cultura*, São Paulo, 19: 95-101.
- GERALDI, I.O., 1977. Estimacão de parâmetros genéticos de caracteres do pendão em milho (*Zea mays* L.) e perspectivas de melhoramento. Piracicaba, ESALQ/USP, 103 p. (Dissertação de Mestrado).
- GERALDI, I.O., J.B. MIRANDA FILHO e R. VENCovsky, 1984. Estimates of genetic parameters of tassel characteristics in maize (*Zea mays* L.) and breeding perspectives. *Maydi-ca*. Bergamo. (no prelo)
- GERALDI, I.O., R. VENCovsky e J.B. MIRANDA FILHO, 1978. Processo para estimacão dos componentes de covariância entre caracteres com números diferentes de indivíduos por parcela. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 12:84-91.
- GHINI, R. e J.B. MIRANDA FILHO, 1979. Herdabilidade da altura da planta e da espiga no segundo ciclo de seleçao da população ESALQ-PB 1 de milho. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 13: 130-137.

- GIESBRECHT, J., 1961. The inheritance of ear height in *Zea mays*. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*, Ottawa 3: 26-33.
- GOODMAN, M.M., 1965. Estimates of genetic variance in adapted and exotic populations of maize. *Crop Science*, Madison, 5: 87-90.
- GORDON, I.L., D.E. BITH e L.N. BALAAM, 1972. Variance of heritability ratios estimated from phenotypic variance components. *Biometrics*. Raleigh, 28: 401-415.
- GORSLINE, G.W., 1961. Phenotypic epistasis for ten quantitative characters in maize. *Crop Science*, Madison 1: 55-58.
- GREEN, J.M., 1948. Relative value of two testers for estimating topcross performance in segregating maize progenies. *Journal of American Society of Agronomy*, Madison, 40: 45-57.
- HALLAUER, A.R., 1971. Change in genetic variance for seven plant and ear traits after four cycles of reciprocal recurrent selection for yield in maize. *Iowa State J. Sci.*, 13: 327-330.
- HALLAUER, A.R., 1975. Relation of gene action and type of tester in maize breeding procedures. *Corn and Sorghum Research Conference*, Washington, 30: 150-165
- HALLAUER, A.R. e E. LOPEZ-PEREZ, 1979. Comparisons among testers for evaluating lines of corn. *Proceedings of the Annual Hybrid Corn Industry Research Conference*, Washington, 34: 57-75.
- HALLAUER, A.R. e J.B. MIRANDA FILHO, 1981. *Quantitative genetics in maize breeding*. Iowa State University Press, 468 p.

- HARVILLE, B.G., L.M. JOSEPHSON e H.C. KINCER, 1978. Diallel analysis of ear height and associated characters in corn. *Crop Science*, Madison, 18: 273-275.
- HORNER, E.S., W.H. CHAPMAN, M.C. LUTRICK e H.W. LUNDY, 1969. Comparison of selection based on yield of topcross progenies and of S_2 progenies in maize. *Crop Science*, Madison, 9: 539-543.
- HORNER, E.S., H.W. LUNDY, M.C. LUTRICK e W.A. CHAPMAN, 1973. Comparisons of three methods of recurrent selection in maize. *Crop Science*, Madison, 13: 485-489.
- HORNER, E.S., H.W. LUNDY, M.C. LUTRICK e R.W. WALLACE, 1963. Relative effectiveness of recurrent selection for specific and general combining ability in corn. *Crop Science*, Madison, 3: 63-66.
- HULL, F.H., 1945. Recurrent selection for specific combining ability in corn. *Journal of American Society of Agronomy*, Madison, 37: 134-145.
- 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: 405-406.
- IDE, F., 1983. Avaliação da capacidade de combinação de progênies S_2 e S_5 de milho (*Zea mays* L.) obtidas do Composto ESALQ VD-2. Piracicaba, ESALQ/USP. 66 p. (Dissertação de Mestrado).
- JENKINS, M.T., 1934. Methods of estimating the performance of double crosses in corn. *Journal of American Society of Agronomy*, Madison, 26: 199-204.

- JENKINS, M.T., 1935. The effect of inbreeding and selection within inbred lines of maize upon the hybrids made after successive generations of selfing. *Iowa State Coll. J. Sci.* 6: 429-450.
- JENKINS, M.T. e A.M. BRUNSON, 1932. Methods of testing inbred lines of maize in crossbred combinations. *Journal of American Society of Agronomy*, Madison, 24: 523-530.
- JOHNSON, I.J., e H.K. HAYES, 1936. The combining ability of inbred lines of Golden Bantam sweet corn. *Journal of American Society of Agronomy*, Madison, 26: 246-252.
- JONES, O.F., 1918. The effects of inbreeding upon development. Connecticut Agricultural Experimentation Station Bulletin. 207: 1-100.
- JOSEPHSON, L.M. e H.C. KINCER, 1977. Selection for lower ear placement in two synthetic population of maize. *Crop Science*, Madison, 17: 499-502.
- KELLER, K.R., 1949. A comparison involving the number of, and relationship between, testers in evaluating inbred lines of maize. *Agronomy Journal*, Madison, 41: 323-331.
- KEMPTHORNE, O., 1966. *An introduction to genetic statistic*. 3ª Imp. New York, John Wiley & Sons. 545 p.
- KEMPTHORNE, O. e R.W. CURNOW, 1961. The partial diallel cross. *Biometrics*, Raleigh, 17: 229-250.
- 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. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 11: 84-89.

LINDSEY, M.F., J.H. LONNQUIST e C.O. GARDNER, 1962.

Estimates of genetic variance in open-pollinated varieties of cornbelt corn. *Crop Science*, Madison, 2: 105-108.

LINDSTROM, E.W., 1931. Prepotency of inbred lines on commercial varieties of maize. *Journal of American Society of Agronomy*, Madison, 23: 652-661.

LONNQUIST, J.H., O.A. COTA e C.O. GARDNER, 1966. Effect of mass selection and thermal neutrons irradiation of genetic variance in a variety of corn (*Zea mays* L.). *Crop Science*, Madison, 6: 330-332.

LONNQUIST, J.H. e M.F. LINDSEY, 1964. Topcross versus S_1 line performance in corn (*Zea mays* L.). *Crop Science*, Madison, 4: 580-584.

LONNQUIST, J.H. e M.D. RUMBAUGH, 1958. Relative importance of test sequence for general and specific combining ability in corn breeding. *Agronomy Journal*, Madison, 50: 541-544.

LORDELÔ, 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).

MATZINGER, D.F., 1953. Comparison of three types of testers for the evaluation of inbred lines of corn. *Agronomy Journal*, Madison, 45: 493-495.

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., 1979a. Avaliação de híbridos "crípticos" $S_0 \times S_0$ entre duas populações de milho braquíticos. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 13: 149-158.

- MIRANDA FILHO, J.B., 1979b. Obtenção de linhagens endogâmicas em dois compostos de milho. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP. Piracicaba. n° 13: 172-179.
- MIRANDA FILHO, J.B., 1980. Princípios de experimentação e análise estatística. In: PATERNIANI, E. (Coord.) *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. 2ª Imp. Piracicaba, Marprint. p. 621-650.
- MIRANDA FILHO, J.B., 1983. Avaliação de híbridos intervarietais de milho no esquema de cruzamento dialélico parcial. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, n° 17 (no prelo).
- MIRANDA FILHO, J.B., E. PATERNIANI e R. VENCovsky, 1974. Variância genética aditiva da altura da planta e de espiga em dois compostos de milho e sua implicação nos melhoramentos. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, n° 8:104-108.
- MIRANDA FILHO, J.B. e R. VENCovsky, 1972. Estimativas da variância genética aditiva de diversas populações locais. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética. ESALQ/USP, Piracicaba, n° 6: 61-66.
- MIRANDA FILHO, J.B. e R. VENCovsky, 1984. Analysis of diallel crosses among open-pollinated varieties of maize (*Zea mays* L.). Maydica (no prelo).
- MIRANDA FILHO, J.B., R. VENCovsky e E. PATERNIANI, 1972. Variância genética aditiva da produção de grãos em dois compostos de milho e sua implicação no melhoramento. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, n° 6: 67-73.

- MOCK, J.J. e L.L. BUREN, 1972. Classification of maize (*Zea mays* L.) inbreds for population tolerance by general combining ability. *Iowa State Journal of Science*, Ames, 46: 395-404.
- MOCK, J.J. e S.H. SCHUETZ, 1974. Inheritance of tassel branch number in maize. *Crop Science*, Madison, 14: 885-888.
- MOLL, R.H., C.W. STUBER e W.D. HANSON, 1975. Correlated responses and responses to index selection involving yield and ear height of maize. *Crop Science*, Madison, 15: 243-248.
- MOLL, R.H. e H.F. ROBINSON, 1966. Observed and expected response in four selection experiments in maize. *Crop Science*, Madison, 6: 319-324.
- MÔRO, J.R., V. NASPOLI FILHO, R. TORRES VIANA e E.E. GOMEZ e GAMA, 1981. Introdução de novos germoplasmas de milho no Brasil. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira*. Brasília. 16: 867-882.
- MOSHI, A.J., 1983. Effects of selection for reduced plant height in a tropical maize population. In: Dissertation Abstracts International, Madison, B 43(8) 2412B.
- OBILANA, A.T. e A.R. HALLAUER, 1974. Estimating of variability of quantitative traits in BSSS by using unselected inbred lines. *Crop Science*, Madison, 14: 99-103.
- OBILANA, A.T. e A.R. HALLAUER, 1977. Comparisons of estimates of genetic variability in Iowa Stiff Stalk Synthetic of maize, *Maydica*, Bergamo, 22: 159-172.

- PATERNIANI, E., 1967. Selection among and within half sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays* L.). *Crop Science*, Madison, 7: 212-215.
- PATERNIANI, E., 1968. Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento do milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 92 p. (Tese para cargo de Professor catedrático).
- PATERNIANI, E., 1973. Origem e comportamento do milho Piranão. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 7: 148-160.
- PATERNIANI, E., 1974. Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho Piranão. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética. ESALQ/USP, Piracicaba, nº 8: 174-179.
- PATERNIANI, E., 1978. Avaliação de cultivares de milho de planta baixa. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética. ESALQ/USP, Piracicaba, nº 12: 162-167.
- PIMENTEL GOMES, F., 1973. *Curso de Estatística Experimental*. 5ª imp. São Paulo, Livraria Nobel S/A. 430 p.
- QUEIROZ, M.A., 1969. Correlações genéticas e fenotípicas em progênies de meios-irmãos de milho (*Zea mays* L.) e suas implicações no melhoramento. Piracicaba, ESALQ/USP, 71 p. (Dissertação de Mestrado).
- RAMALHO, M.A.P., 1977. Eficiência de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas, Piracicaba, ESALQ/USP, 122 p. (Tese de Doutorado).

- RAMAMURTHY, A., 1980. Genetic analysis of some quantitative characters in maize (*Zea mays* L.). Mysore Journal of Agriculture Science, India, 14: 126.
- RAWLINGS, J.C. e D.L. THOMPSON, 1962. Performance level as criterion for the choice of maize testers. *Crop Science*, Madison, 2: 217-220.
- REGAZZI, A.J., J.C. SILVA, J.T.L. THIÉBAUT, J.D. GALVÃO e L. M. de OLIVEIRA, 1979. Índices de seleção para várias características num composto de milho (*Zea mays* L.). *Revista Ceres*, Viçosa, 26: 291-301.
- REGAZZI, A.J., J.C. SILVA, J.T.L. THIÉBAUT, L.M. de OLIVEIRA e J.D. GALVÃO, 1980. Variâncias, covariâncias e correlações fenotípicas, genotípicas e genéticas aditivas num composto de milho (*Zea mays* L.). *Revista Ceres*, Viçosa, 27: 32-46.
- RICHEY, F.D., 1945. Isolating better foundation inbreds for using in corn hybrids. *Genetics*, Austin, 30: 455-471.
- RISSI, R., 1980. Estimacão de parâmetros genéticos em duas subpopulações da variedade de milho (*Zea mays* L.) Piranão. Piracicaba, ESALQ/USP, 87 p. (Dissertação de Mestrado).
- RISSI, R. e E. PATERNIANI, 1981. Estimates of genetics parameters in two sub-populations of the variety of maize (*Zea mays* L.) Piranão. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto. 4: 579-592.
- ROBINSON, H.F., R.E. COMSTOCK e P.H. HARVEY, 1949. Estimates of heritability and the degree of dominance in corn. *Agronomy Journal*, Madison, 41: 353-359.

- ROBINSON, H.F., R.E. COMSTOCK e P.H. HARVEY, 1951. Genotypic and phenotypic correlations in corn and their implications in selections. *Agronomy Journal*, Madison, 43: 282-287.
- ROBINSON, H.F., R.E. COMSTOCK e P.H. HARVEY, 1955. Genetic variances in open pollinated varieties of corn. *Genetics*, Austin, 40: 45-60.
- RUSSELL, W.A., 1975. Obtenção e avaliação de linhagens de milho. Publicação Fundação Cargill, 53 p.
- RUSSELL, W.A. e S.A. EBERHART, 1975. Hybrid performance of selected maize lines from reciprocal recurrent and test cross selection programs. *Crop Science*, Madison, 15: 1-4.
- SHEHATA, A.H., 1975. Associations among metric attributes in varietal maize populations in relation to their future improvement. *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*, Alexandria, 4: 66-89.
- SHULL, G.H., 1909. A pure line method of corn breeding. *American Breeders Association Report*, 5: 51-59.
- SILVA, J.C., 1969. Estimativas dos efeitos gênicos epistáticos em cruzamentos intervarietais de milho e suas gerações avançadas. Universidade Federal de Viçosa, 61 p. (Dissertação de Mestrado).
- SILVA, J.C. e A.R. HALLAUER, 1975. Estimation of epistatic variance in Iowa Stiff Stalk Synthetic maize. *The Journal of Heredity*. Washington, 66: 290-296.

- SOUZA Jr., C.L., I.O. GERALDI e J.R. ZINSLY, 1980. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de alguns caracteres na população de milho (*Zea mays* L.) Suwan. In: Relatório Científico do Departamento de Genética. Piracicaba, nº 14: 139-145.
- SOUZA Jr., C.L., T.C. PEIXOTO, R. VENCovsky e J.R. ZINSLY, 1978. Considerações e resposta do número de repetições utilizado na avaliação de progênies. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 12: 185-193.
- SPRAGUE, G.F., 1939. An estimation of the number of top-crossed plants required for adequate representation of a corn variety. *Journal of American Society of Agronomy*. Madison, 31: 11-16.
- SPRAGUE, G.F., 1946. Early testing of inbred lines of corn. *Journal of American Society of Agronomy*, Madison, 38: 108-117.
- SPRAGUE, G.F., 1964. Estimates of genetic variations in two open pollinated varieties of maize and their reciprocal F₁ hybrids. *Crop Science*, Madison, 4: 332-334.
- SPRAGUE, G.F. e S.A. EBERHART, 1977. Corn Breeding. In: SPRAGUE, G.F. (Coord.). *Corn and Corn improvement*. Madison, American Society Agronomy, p. 305-354.
- SPRAGUE, G.F. e L.A. TATUM, 1942. General and specific combining ability in single crosses of corn. *Journal of American Society of Agronomy*, Madison, 34: 923-932.
- SPRAGUE, G.F. e W.I. THOMAS; 1967. Further evidence of epistasis in single and three-way cross yields of maize (*Zea mays* L.). *Crop Science*, Madison, 7: 355-356.

- STEEL, R.G.D. e J.H. TORRIE, 1960. *Principles and procedures of statistic*. New York, McGraw-Hill book Company, 481 p.
- St. JOHN, R.R., 1934. A comparison of reciprocal topcrosses in corn. *Journal of American Society of Agronomy*. Madison, 26: 721-724.
- STUBER, C.W. e R.H. MOLL, 1969. Epistasis in maize (*Zea mays* L.) I. F_1 hybrids and their S_1 progeny. *Crop Science*, Madison, 9: 124-127.
- STUBER, C.W., R.H. MOLL e W.D. HANSON, 1966. Genetic variances and interrelationships of six traits in a hybrid population of *Zea mays* L. *Crop Science*, Madison, 6: 455-458.
- SUAREZ LEZCANO, R., 1976. Seleção entre e dentro da famílias de meios-irmãos no milho (*Zea mays* L.) composto Flínt Branco. Piracicaba, ESALQ/USP, 52 p. (Dissertação de Mestrado).
- SUBANDI, e W.A. COMPTON, 1974. Genetic studies in a exotic population of corn (*Zea mays* L.) grown under two plant densities. I. Estimates of genetic parameters. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, 44: 145-149.
- TAVARES, F.C.A. e J.R. ZINSLY, 1971. Correlações fenotípicas em variedades de milho e respectivos híbridos. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, EIALQ/USP, Piracicaba, nº 5: 159-167.
- THOMPSON, D.L. e J.D. RAWLINGS, 1960. Evaluation of four testers of different ear height of corn. *Agronomy Journal*, Madison, 52: 617-620.
- VEGA, O.P.C., 1972. Efecto del medio ambiente sobre la relación altura de mazorca-altura de planta en el maíz (*Zea mays* L.). *Agronomia Tropical*, Venezuela, 22: 461-474.

- VELLO, N.A. e R. VENCovsky, 1974. Variâncias associadas às estimativas de variância genética e coeficientes de herdabilidade. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 8: 238-248.
- VENCovsky, R., 1980. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Coord.). *Melhoramento e produção de milho no Brasil*, 2ª Imp. Piracicaba, Marprint p. 122-201.
- VERA, G.A. e P.L. CRANE, 1970. Effects of selection for lower ear height in synthetic populations of maize. *Crop Science*; Madison, 10: 286-288.
- VIEGAS, G.P. e J.B. MIRANDA FILHO, 1980. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E. (Coord.) *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. 2ª Imp. Piracicaba, Marprint, p. 257-309.
- WALEJKO, R.M. e W.A. RUSSELL, 1977. Evaluation of recurrent selection for specific combining ability in two open pollinated maize cultivars. *Crop Science*, Madison, 17: 647-651.
- ZINSLY, J.R., J.R. MÔRO e F. IDE, 1982. Uma nova metodologia para avaliação de progênies de milho. Resumo XIV Congresso Nacional de Milho e Sorgo. Florianópolis SC., p. 65.
- ZUBER, M.S., 1942. Relative efficiency of incomplete block design using corn uniformity trial data. *Journal of The American Society of Agronomy*. Madison, 34: 30-47.

TABELAS E FIGURAS

TABLELA 6. Eficiência do látice (EFLZ), coeficiente de variação experimental (Cve), média da população ($\bar{X}$), média da testemunha ($\bar{T}$) e porcentagem em relação à média da testemunha ($\bar{X}\%$) para cinco caracteres em onze experimentos de látice simples. Milho. Piracicaba, SP, 1982/83.

Experimento ^{a/}	EFL(Z)	Cve (Z)	$\bar{X}$	$\bar{T}$	$\bar{X}\%$
Produção de grãos (gramas/planta)					
1	118,3	10,5	130,6	144,7	90,3
2	139,0	10,7	138,0	152,4	90,5
3	139,1	12,0	134,4	158,8	84,7
4	157,9	12,7	129,0	138,8	93,0
5	115,4	17,9	128,7	131,8	97,6
6	139,7	16,1	94,6	109,3	86,5
7	104,3	15,4	96,7	115,1	84,1
8	126,3	13,3	93,6	142,4	65,7
9	114,4	11,4	94,4	137,6	68,6
10	132,7	11,5	95,6	140,8	67,9
11	114,9	12,0	128,5	151,5	84,8
Peso de cinco espigas (gramas/espiga)					
1	102,0	12,9	196,4	200,4	98,0
2	115,2	13,5	204,2	203,6	100,3
3	121,7	12,9	193,2	210,0	92,0
4	155,8	16,0	175,2	192,8	90,9
5	136,6	19,9	168,6	184,0	91,6
6	142,8	23,2	145,6	148,2	98,3
7	111,8	26,8	130,6	167,4	78,0
8	132,9	19,3	127,2	206,2	61,7
9	124,8	25,1	114,0	198,8	57,3
10	117,4	18,6	155,2	230,2	67,4
11	118,7	25,3	151,2	204,8	73,8
Altura da planta (metros/planta)					
1	135,2	3,8	2,08	1,99	104,5
2	119,9	4,8	2,13	2,08	102,4
3	135,7	5,4	2,10	2,01	104,5
4	201,2	5,4	1,93	1,92	100,5
5	134,8	8,9	1,91	2,01	95,0
6	131,6	5,4	1,93	1,94	99,5
7	115,2	6,0	1,80	1,84	97,8
8	103,7	5,5	1,70	1,85	91,9
9	111,3	5,6	1,65	1,84	89,7
10	131,5	6,7	1,97	1,90	103,7
11	116,4	8,3	2,03	2,08	97,6
Altura da espiga (metros/planta)					
1	133,3	5,4	1,14	1,07	106,5
2	128,8	5,6	1,18	1,15	102,6
3	129,3	7,8	1,12	1,04	107,7
4	171,5	8,7	1,04	1,06	98,1
5	120,8	9,7	1,06	1,10	96,4
6	128,3	8,1	1,05	1,07	98,1
7	102,5	8,6	0,93	0,96	96,9
8	102,4	6,7	0,91	1,02	89,2
9	114,6	5,3	0,86	0,95	90,5
10	111,7	10,1	1,07	0,99	108,1
11	116,7	10,0	1,12	1,13	99,1
Número de ramificações do pendão (ramificações/planta)					
8	117,8	11,8	26,0	23,5	110,6
9	104,1	14,0	25,0	22,6	110,6
10	114,1	13,7	21,7	22,1	98,2
11	116,1	12,3	22,1	21,8	101,4

a/ Experimentos: 1, 2 e 3: C. Flint-PB (S4) x SIN Dentado-PB
 4, 5, 6 e 7: C. Dentado-PB (S4) x SIN Flint-PB
 8 e 9: Meios-Irmãos SIN Flint-PB
 10 e 11: Meios-Irmãos SIN Dentado-PB.

TABELA 7. Valores e significâncias dos quadrados médios a nível de plantas individuais de tratamentos (QMT), do resíduo (QMR) e dentro (QMD); coeficiente de variação experimental (Cve); coeficiente de variação genética (CVg); índice da variação "b" (CVg/Cve), média da população ($\bar{X}$), média da testemunha ($\bar{T}$); porcentagem em relação à testemunha ($\bar{X}\%$) e amplitude em porcentagem para cinco caracteres em quatro populações. Milho. Piracicaba, SP, 1982/83.

População $\frac{a}{b}$	QMT (gl ₁)	QMR (gl ₂)	QMD (gl ₃)	Cve (%)	CVg (%)	b	$\bar{X}$	$\bar{T}$	$\bar{X}\%$	Amplitude em %
Produção de grãos (quilogramas/planta exceto $\bar{X}$ e $\bar{T}$ em gramas/planta) $\frac{a}{b}$										
CFPB(S4) x SDPB	0,009816**	0,005420		11,0	6,98	0,64	134,3	151,5	88,7	63,9 - 112,6
CDPB(S4) x SFPE	0,009768*	0,008026		15,8	5,10	0,32	113,8	124,2	91,6	53,9 - 123,8
MISF-PB	0,005291**	0,003383**	0,001947	12,4	6,57	0,53	94,0	140,0	67,1	46,4 - 90,7
MISD-PB	0,009333**	0,004468ns	0,003988	11,9	8,80	0,74	112,0	146,1	76,6	49,8 - 117,6
Peso de cinco espigas (quilogramas/espiga exceto $\bar{X}$ e $\bar{T}$ em gramas/planta) $\frac{a}{b}$										
CFPB(S4) x SDPB	0,005755**	0,003423		13,2	7,67	0,58	198,6	204,4	97,2	44,2 - 130,6
CDPB(S4) x SFPE	0,006255*	0,005244		20,6	6,39	0,31	157,4	173,4	90,8	44,6 - 166,7
MISF-PB	0,004642*	0,003555		22,1	8,65	0,39	120,6	202,4	59,6	32,2 - 91,2
MISD-PB	0,009825**	0,005740		22,1	13,19	0,60	153,2	217,6	70,4	29,5 - 108,8

TABELA 7. continuação

CVa CVg b										
X										
Altura da planta (metros/planta) b/										
CFPB(S4) x SDPB	0,120952**	0,046824	4,6	4,10	0,89	2,10	2,03	103,5	82,3	- 119,8
CDPB(S4) x SFPB	0,118715**	0,079696	6,6	3,29	0,49	1,90	1,93	98,5	75,2	- 114,7
MISF-PB	0,097548**	0,043184**	0,028721	5,6	4,42	0,79	1,67	1,85	90,3	77,8 - 110,8
MISD-PB	0,199932**	0,114475**	0,048911	7,6	4,62	0,61	2,00	1,99	100,5	74,7 - 123,6
Altura da espiga (metros/planta) b/										
CFPB(S4) x SDPB	0,066502**	0,024608	6,1	5,63	0,92	1,15	1,09	105,5	79,9	- 140,2
CDPB(S4) x SFPB	0,062182**	0,041343	8,8	4,43	0,50	1,03	1,05	98,1	72,5	- 136,5
MISF-PB	0,025896**	0,014362ns	0,012754	6,1	3,86	0,63	0,88	0,98	89,8	76,7 - 115,6
MISD-PB	0,096119**	0,060534**	0,027966	10,0	5,42	0,54	1,10	1,07	102,8	77,4 - 133,9
Número de ramificações do pendão (ramificações/planta) b/										
MISF-PB	113,419682**	54,096694**	40,287807	12,9	9,54	0,74	25,5	23,1	110,5	68,0 - 154,5
MISD-PB	109,796106**	40,606933*	32,467717	13,0	12,01	0,92	21,9	22,0	99,6	41,4 - 131,6

a/ Soma dos quadrados obtidos com totais de parcela, exceto SQ(dentro) obtidos com dados de plantas individuais de uma amostra de 25% das progênies de meios-irmãos.

b/ Soma dos quadrados obtidos com médias de parcelas, exceto SQ(dentro) obtidos com dados de plantas individuais de todas as progênies de meios-irmãos.

c/ Populações CFPB(S4) x SDPB = C. Flint-PB x SIN Dentado-PB; CDPB(S4) x SFPB = C. Dentado-PB x SIN Flint-PB; MISF-PB = Meios irmãos SIN Flint-PB; MISD-PB = Meios-irmãos SIN Dentado-PB.

g¹ Graus de liberdade para progênies CFPB(S4) x SDPB = 261; CDPB(S4) x SFPB = 360; MISF-PB = 198 e MISD-PB = 198.

g² Graus de liberdade para resíduo: CFPB(S4) x SDPB: 211, exceto produção de grãos 208; CDPB(S4) x SFPB: 292, exceto produção de grãos, 268; MISF-PB e MISD-PB: 162, exceto produção de grãos, 160.

g³ Graus de liberdade para a variação dentro: com amostra de 25% das progênies 400; com todas as progênies 1600.

ns: não significativo.

* e **: significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente.

TABELA 8. Produção de grãos (PG) e porcentagem em relação à média da testemunha ($\bar{X}\%$) dos "top-crosses" selecionados de duas populações. Milho. Piracicaba, SP, 1982/83.

CFPB(S4) x SDPB			CDPB(S4) X SFPB					
trat.*	PG**	$\bar{X}\%$	trat.*	PG**	$\bar{X}\%$	Trat.*	PG**	$\bar{X}\%$
197	179,0	117,4	192	171,1	129,8	73	148,5	107,0
242	185,6	117,0	142	165,5	125,6	10	148,1	106,7
90	164,0	113,3	92	168,6	121,5	151	140,1	106,3
54	162,8	112,5	270	132,7	121,4	79	147,4	106,2
163	170,0	111,6	181	158,3	120,1	166	139,9	106,2
174	169,7	111,3	111	156,0	118,4	49	146,9	105,9
53	160,4	110,9	114	155,3	117,8	55	146,5	105,6
153	168,8	110,7	39	163,4	117,7	86	146,5	105,5
181	168,6	110,6	186	154,2	117,0	339	121,4	105,5
35	157,5	108,9	187	154,1	116,9	232	115,0	105,3
140	165,1	108,3	170	153,1	116,2	350	120,9	105,1
92	153,2	105,9	189	152,9	116,0	121	138,4	105,0
58	153,1	105,8	43	160,8	115,9	303	120,4	104,7
99	152,7	105,5	78	160,0	115,3	65	144,7	104,2
118	160,6	105,4	197	151,0	114,5	205	113,6	104,0
70	152,2	105,2	211	124,5	113,9	19	143,9	104,0
32	150,8	104,3	146	149,7	113,5	81	143,8	103,6
23	150,5	104,0	16	157,2	113,3	271	113,0	103,4
142	158,0	103,7	178	148,3	112,5	147	135,9	103,2
26	149,9	103,6	64	155,8	112,3	195	135,9	103,1
188	157,0	103,0	102	147,3	111,8	290	111,6	102,1
115	156,4	102,6	54	154,4	111,3	44	141,4	101,9
57	149,6	103,4	266	121,1	110,8	124	134,3	101,9
34	148,2	102,4	80	153,5	110,6	71	141,3	101,8
102	156,2	102,4	112	145,2	110,2	118	134,0	101,7
21	148,1	102,4	196	144,6	109,8	159	133,8	101,6
189	154,9	101,6	164	144,4	109,3	4	140,9	101,5
44	146,8	101,5	288	119,5	109,3	250	110,7	101,3
134	154,2	101,1	141	143,8	109,1	322	116,4	101,1
154	154,1	101,1	193	143,7	109,1	248	110,5	101,1
62	146,2	101,1	116	143,4	108,3	57	140,2	101,0
74	146,0	100,9	278	118,7	108,6	282	110,4	101,0
168	153,3	100,6	334	124,7	108,4	108	133,0	100,9
60	145,3	100,4	188	142,8	108,3	158	132,7	100,7
37	145,2	100,3	127	142,6	108,2	132	132,6	100,6
			287	118,2	108,2	246	109,8	100,4
			167	142,2	107,9	72	139,4	100,4
			163	141,8	107,6	321	115,4	100,3
			171	141,2	107,1	74	139,2	100,3
			161	140,7	107,8			

* Trat. = tratamento;

** PG = gramas/planta.

TABELA 9. Estimativas $\hat{\sigma}^2$ e nível de plantas individuais das variações genéticas entre progênies (σ_p^2), fenotípica dentro de progênies (σ_d^2), genética aditiva (σ_A^2), fenotípica entre médias de progênies (σ_P^2), fenotípica entre plantas (σ_F^2) e coeficiente de herdabilidade h^2 a partir de médias e de plantas individuais (h^2 e h^2 , respectivamente) para cinco caracteres, em quatro populações. Milho. Piracicaba, SP, 1982/83.

População	σ_p^2	σ_d^2	σ_A^2	σ_P^2	σ_F^2	h^2
Produção de grãos (quilogramas/planta)						
CPB (S4) x SDP	0,8751 $\pm$ 0,2012 (22,9) ^f			1,4531		0,4478
CPB (S4) x SPP	0,3363 $\pm$ 0,1577 (38,8)			1,5535		0,1721
MISF-PB	0,3815 $\pm$ 0,1298 (34,0)	0,5743 $\pm$ 0,1610 (28,0)	1,5261 $\pm$ 0,5192 (34,0)	1,0581	20,4272	0,3006
MISD-PB	0,9729 $\pm$ 0,2114 (21,7)	0,1921 $\pm$ 0,2292 (119,33)	3,8917 $\pm$ 0,8457 (21,7)	1,8665	41,0425	0,5212
Peso de cinco espigas (quilogramas/espiga)						
CPB (S4) x SDP	2,3222 $\pm$ 0,6021 (25,9)			3,7555		0,4055
CPB (S4) x SPP	1,0110 $\pm$ 0,6350 (62,8)			6,2551		0,1616
MISF-PB	1,0878 $\pm$ 0,6079 (55,9)	4,3512 $\pm$ 2,4316 (55,9)		4,6423		0,2343
MISD-PB	4,0851 $\pm$ 1,1693 (38,6)	16,3416 $\pm$ 4,6772 (28,6)		9,8254		0,4138
Altura da planta (metros/planta)						
CPB (S4) x SDP	74,1273 $\pm$ 11,4821 (15,4)			120,0521		0,6129
CPB (S4) x SPP	39,0153 $\pm$ 11,0032 (28,2)			115,7153		0,3286
MISF-PB	54,3678 $\pm$ 10,8587 (20,0)	28,9262 $\pm$ 9,7680 (33,8)	217,4553 $\pm$ 43,4349 (20,0)	97,5480	370,5005	0,5373
MISD-PB	85,4567 $\pm$ 25,6546 (27,7)	131,1203 $\pm$ 25,5256 (19,5)	489,1052 $\pm$ 17,5409 (5,6)	199,9518	705,6911	0,4274
Altura da espiga (metros/planta)						
CPB (S4) x SDP	41,8924 $\pm$ 6,2704 (15,0)			56,5019		0,6300
CPB (S4) x SPP	20,3489 $\pm$ 5,7437 (27,6)			62,1819		0,3351
MISF-PB	11,5242 $\pm$ 3,0587 (36,3)	3,2171 $\pm$ 3,3073 (102,8)	46,1267 $\pm$ 12,1470 (26,3)	25,5965	142,2887	0,4454
MISD-PB	35,5618 $\pm$ 11,7079 (32,9)	65,1359 $\pm$ 13,5193 (20,8)	279,6592 $\pm$ 10,0295 (3,6)	96,1187	380,3799	0,3702
Número de ramificações do pendão (ramificações/planta)						
MISF-PB	5,9323 $\pm$ 1,2319 (21,6)	2,7618 $\pm$ 1,2323 (44,6)	40,2878 $\pm$ 1,5087 (3,7)	11,3420	48,9818	0,5230
MISD-PB	6,9189 $\pm$ 1,1860 (17,1)	1,6276 $\pm$ 0,5272 (57,0)	32,4677 $\pm$ 1,7766 (3,6)	10,9796	41,0145	0,6302

^f valores multiplicados por 10⁻⁴, exceto o caráter ramificações do pendão, as estimativas de herdabilidade e os desvios padrões em porcentagem

a/ Populações: idem Tabela 7.

f erros associados às estimativas em valor absoluto e em porcentagem (entre parênteses).

TABELA 10. Produtos médios a nível de plantas individuais, nas análises conjuntas de dois experimentos de cada população, entre combinações dos seguintes caracteres: produção de grãos (PG), peso de cinco espigas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NR). Milho. Piracicaba, SP, 1982/83.

Caracteres	Progenie	Erro	Dentro
	Meios-irmãos Sintéticos Flint-PB		
PG x PE $\frac{a/}{b/}$	0,007069	0,004860	-
PG x AP $\frac{b/}{b/}$	0,019309	0,007892	0,001112
PG x AE $\frac{b/}{b/}$	0,009682	0,003941	0,000966
PG x NR $\frac{b/}{c/}$	0,272024	0,292996	0,009509
PE x AP $\frac{c/}{c/}$	0,005618	0,003825	-
PE x AE $\frac{c/}{c/}$	0,002984	0,002009	-
PE x NR $\frac{c/}{d/}$	0,090417	0,080245	-
AP x AE $\frac{d/}{d/}$	0,037376	0,012813	0,010264
AP x NR $\frac{d/}{d/}$	0,065347	0,148320	0,093270
AE x NR $\frac{d/}{d/}$	-0,038285	0,184528	0,056440
Meios-Irmãos Sintéticos Dentado-PB			
PG x PE $\frac{a/}{b/}$	0,015568	0,008370	-
PG x AP $\frac{b/}{b/}$	0,045873	0,013519	0,003190
PG x AE $\frac{b/}{b/}$	0,029954	0,009113	0,002461
PG x NR $\frac{b/}{c/}$	0,254887	0,203578	0,061490
PE x AP $\frac{c/}{c/}$	0,019842	0,007065	-
PE x AE $\frac{c/}{c/}$	0,012641	0,004069	-
PE x NR $\frac{c/}{d/}$	0,138309	0,061736	-
AP x AE $\frac{d/}{d/}$	0,127396	0,069824	0,028368
AP x NR $\frac{d/}{d/}$	1,352927	0,471257	0,191219
AE x NR $\frac{d/}{d/}$	0,852218	0,242370	0,142757

a/ Produtos médios obtidos com totais de parcela, com número diferente de indivíduos amostrados, sendo $m < n$.

b/ Produtos médios obtidos com totais-médias de parcela, exceto P.M.(Dentro) obtidos com dados de plantas individuais de uma amostra de 25% das progênies da população, com número diferente de indivíduos amostrados, sendo $m < n$.

c/ Produtos médios obtidos com totais-médias de parcela, com número igual de indivíduos amostrados.

d/ Produtos médios obtidos com médias de parcelas com número igual de indivíduos amostrados; exceto P.M.(Dentro) obtidos com dados de plantas individuais de todas as progênies da população.

Observação: Os graus de liberdade são iguais à Tabela 7.

TABELA 11. Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva (r_A), fenotípica entre médias de progênies (r_F) e fenotípica entre plantas (r_F) entre os caracteres produção de grãos (PG), peso de cinco espigas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NR) obtidas das análises conjuntas de dois experimentos de cada população. Milho. Piracicaba, SP, 1982/83.

Caracteres	r_A	r_F	r_F
<u>Meios-irmãos Sintético Flint-PB</u>			
PG x PE	0,6859	0,6379 **	-
PG x AP	0,5014	0,3801 **	0,1858
PG x AE	0,5473	0,3699 **	0,2225
PG x NR	-0,0279	0,1570 *	0,0646
PE x AP	0,2331	0,2639 **	-
PE x AE	0,2753	0,2721 **	-
PE x NR	0,0400	0,1246 ns	-
AP x AE	0,9809	0,7436 **	0,5762
AP x NR	-0,0462	0,0196 ns	0,0712
AE x NR	-0,2694	0,0223 ns	0,0716
<u>Meios-irmãos Sintético Dentado-PB</u>			
PG x PE	0,7221	0,7271 **	-
PG x AP	0,7097	0,4749 **	0,2497
PG x AE	0,7084	0,4472 **	0,2516
PG x NR	0,0396	0,1126 ns	0,1662
PE x AP	0,6838	0,4477 **	-
PE x AE	0,7109	0,4113 **	-
PE x NR	0,1440	0,1332 ns	-
AP x AE	1,0440	0,9190 **	0,8187
AP x NR	0,3626	0,2888 **	0,1971
AE x NR	0,3887	0,2623 **	0,1791

* e ** = significativo a 5 e 1% de probabilidade;

ns = não significativo.

TABELA 12. Progressos esperados, por ciclo de seleção direta*, em porcentagem das médias dos caracteres, produção de grãos e altura da planta. Milho. Piracicaba, SP, 1982/83.

População	Produção de grãos ^{1/}		altura da planta ^{2/}	
	g/pl(1)	%	m/pl(2)	%
MISF-PB	2,60	2,76	- 0,04	- 2,31
MISD-PB	4,98	4,45	- 0,04	- 2,12

¹ g/pl = gramas por planta; seleção para aumento do caráter;

² m/pl = metros por planta; seleção para diminuição do caráter;

* = intensidade de seleção: k = 20% em ambos os casos.

FIGURA 1. Distribuição de médias de produção de grãos de híbridos "top-crosses" em porcentagem com relação à testemunha "Cargill 511": (A) C. Flint-PB(S4) x SIN Dentado-PB e (B) C. Dentado-PB(S4) x SIN Flint-PB. ($\bar{X}$: médias dos "top-crosses"; T: média da testemunha; IC: intervalo de classe; s = desvio padrão e i% porcentagem de tratamentos selecionados). Milho. Piracicaba, SP, 1982/83.

FIGURA 2. Distribuição de médias de peso de cinco espigas de híbridos "top-crosses" em porcentagem com relação à testemunha "Cargill 511": (A) C. Flint-PB(S4) x SIN Dentado-PB e (B) C. Dentado-PB(S4) x SIN Flint-PB. ($\bar{X}$ = médias dos "top-crosses"; T = média da testemunha; IC = intervalo de classe; s = desvio padrão e $i\%$ = porcentagem de tratamentos selecionados). Milho. Piracicaba, SP, 1982/83.

FIGURA 3. Distribuição de médias de altura da planta de híbridos "top-crosses" em porcentagem com relação a testemunha "Cargill 511": (A) C. Flint-PB(S4) x SIN Dentado-PB e (B) C. Dentado-PB(S4) x SIN Flint-PB. ($\bar{X}$ = médias dos "top-crosses"; T = média de testemunha; IC = intervalo de classe; s = desvio padrão e i% = porcentagem de tratamentos selecionados). Milho. Piracicaba, SP, 1982/83.

FIGURA 4. Distribuição de médias de altura da espiga de híbridos "top-crosses" em porcentagem com relação à testemunha "Cargill 511": (A) C. Flint-PB x SIN Dentado-PB e (B) C. Dentado-PB x SIN Flint-PB; ($\bar{X}$ = médias dos "top-crosses"; $\bar{T}$ = média da testemunha; IC = intervalo de classe; s = desvio padrão e $i\%$ = porcentagem de tratamentos selecionados). Mílo. Piracicaba, SP, 1982/83.