**PROPRIEDADES GENÉTICAS E POTENCIAL PARA O
MELHORAMENTO DOS COMPOSTOS DE MILHO
(*Zea mays* L.) ESALQ PB-4 E ESALQ PB-5**

NELSON FERREIRA SAMPAIO

Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA F^º

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
Janeiro - 1986

A minha esposa e
filhos e
a meus pais,

DEDICO

AGRADECIMENTOS

- Ao Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho, pela orientação e apoio recebidos;
- À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária pela oportunidade de treinamento concedida;
- Aos Professores do Departamento de Genética da ESALQ pelos ensinamentos e colaborações recebidos;
- Aos funcionários do Departamento de Genética da ESALQ pela ação sempre prestativa e eficiente com que me distinguiram;
- Aos funcionários da secretaria de pós-Graduação da ESALQ pelo atendimento prestado;
- Aos colegas de curso pelo auxílio valioso e espontâneo recebido..

ÍNDICE

página

RESUMO	v
SUMMARY	viii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. O estudo dos parâmetros genéticos	4
2.2. Estimativas da variância genética aditiva ..	6
2.3. Coeficiente de herdabilidade	17
2.4. Correlação entre caracteres	18
3. MATERIAL	20
4. MÉTODOS	22
4.1. Execução experimental	22
4.2. Coleta de dados	23
4.3. Análise estatístico-genética	24
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	36
5.1. Análise geral dos dados	36
5.2. Peso de espigas	41
5.3. Altura da planta	47
5.4. Altura de inserção da espiga	52
5.5. Número de ramificações do pendão	54
5.6. Número de dias para o florescimento	57
5.7. Correlação entre caracteres	60
5.8. Progresso esperado por seleção	65
6. CONCLUSÕES	69
7. LITERATURA CITADA	71
TABELAS	81
FIGURAS	100

PROPRIEDADES GENÉTICAS E POTENCIAL PARA O MELHORAMENTO DOS
COMPOSTOS DE MILHO (*Zea mays* L.) ESALQ PB-4 e ESALQ PB-5

Autor: NELSON FERREIRA SAMPAIO

Orientador: Prof. Dr. José B. de Miranda Fº

RESUMO

No presente trabalho foram estudados os compostos ESALQ PB4 e ESALQ PB5, de milho (*Zea mays* L.), tendo em vista: a. estimar os parâmetros genéticos relativos a diversos caracteres (produção em peso de espigas, altura da planta, altura da espiga, número de ramificações do pendão e número de dias para o florescimento); b. avaliar o potencial das populações para o melhoramento intrapopulacional, fazendo-se as comparações cabíveis.

Foram conduzidos experimentos com o delineamento em látice triplo 7 x 7, testando progênies de meios irmãos, sendo sete experimentos relativos ao composto ESALQ PB4 e cinco experimentos de progênies do composto ESALQ PB5. O plantio foi feito no campo experimental do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", em Piracicaba, no período agrícola 1984/85. Como testemunha foi utilizado o híbrido duplo comercial Cargill 511.

Os dados experimentais foram submetidos a análise da variância e covariância, bem como comparação de médias entre os compostos e a testemunha, analisando os valores absolutos, os percentuais relativos e a dispersão, através de histogramas de frequência, para todos os caracteres

estudados. Estimaram-se os valores para as variâncias genéticas e fenotípicas, coeficientes de herdabilidade, coeficientes de variação genética e índice de variação θ bem como os coeficientes de correlação genética aditiva, coeficientes de correlação fenotípica, progressos esperados e respostas correlacionadas. Foi praticada uma seleção de trinta e cinco progênies em cada composto, em função do peso de espigas traduzido pelas médias ajustadas de tratamentos.

Para as variâncias genéticas e fenotípicas foram encontrados valores coerentes com os dados da literatura, estimando-se em 424,666 e 243,252 (g/planta)² a variância genética aditiva relativa ao peso de espigas, respectivamente, para os compostos ESALQ PB4 e ESALQ PB5.

Os coeficientes de herdabilidade a nível de plantas, foram baixos para o peso de espigas: 14,17% e 12,35% respectivamente, para ESALQ PB4 e ESALQ PB5. Para os demais caracteres o coeficiente de herdabilidade a nível de plantas foi superior a 54%.

Com os valores do coeficiente de variação genética e índice de variação (θ), se pode inferir a maior variabilidade genética livre do composto ESALQ PB4 para os caracteres: peso de espiga, altura da planta e altura da espiga. Com relação ao número de ramificações e dias para o florescimento não se evidenciaram diferenças sensíveis entre os dois compostos.

Os ganhos genéticos esperados e as respostas correlacionadas calculadas, são justificativas para utilização apenas do peso de espigas como critério de seleção das progênies, permitindo pressupor que os demais caracteres não serão afetados significativamente.

As seguintes conclusões básicas decorrem dos resultados obtidos: 1. a seleção para a produção deve : ser conduzida entre progênies e para altura da planta e altura da espiga, feita dentro das progênies; 2. os valores da resposta correlacionada indicam que a seleção exclusiva para a produção, entre progênies, não afeta de maneira sensível a média para os demais caracteres nos ciclos seguintes; 3. a ausência de indicação de alta correlação entre o número de ramificações do pendão e o peso de espigas sugere que a seleção para o número de ramificações do pendão não se faz necessária; 4. ambos os compostos apresentaram perspectivas de melhoramento muito promissoras, tanto em relação à produção, como para altura da planta, altura da espiga e precocidade de florescimento e 5. ESALQ PB4 apresentou o maior potencial para o melhoramento a médio prazo, compensando sua menor média original com os elevados valores obtidos para o progresso esperado.

GENETIC PROPRIETIES AND BREEDING POTENCIAL OF
MAIZE POPULATIONS (*Zea mays* L.) ESALQ PB4 AND ESALQ PB5

Author: NELSON FERREIRA SAMPAIO

Adviser: Prof. Dr. JOSÉ B. MIRANDA Fº

SUMMARY

The present work was carried out aiming to study two open pollinated maize populations, ESALQ PB4 and ESALQ PB5, in order to estimate: a. the genetic parameters for several traits (yield, plant and ear height, tassel branch number and days to flower); b. the breeding potencial for intrapopulation selection.

Seven tripple lattices 7 x 7 for ESALQ PB4 and fiye tripple lattices 7 x 7 for ESALQ PB5, were used for the: evaluation of 343 and 245 half-sib progenies, respectively, in the Instituto de Genética, ESALQ/USP. The double cross Cargill 511 was used as check.

The analysis of variance led to the estimation of several parameters of breeding interest as: additive genetic variance; coefficient of heritability; genetic variability coefficient; θ coefficient ($\theta = \sigma/\sigma_e$: standard deviation among families/standart error); expected progress from selection among families and correlation coefficients for combinations of traits and correlated response on yield. The estimates of additive genetic variance for yield were 424.666 and 243.252 (g/plant)², respectively, for ESALQ PB4 and ESALQ PB5. Genetic variability coefficient and θ coefficient values indicated greater free genetic variability for ESALQ PB4, for all traits, except for tassel branch number.

General results led to the following conclusions: 1. it is advisable that selection for yield must be done among families based on the mean performance over replicated plots, on the other hand selection for traits that showed higher heritabilities can be done among plants within families in the recombination block; 2. the expected correlated responses indicated that selection for yield do not lead to significant changes in the other traits; 3. the low additive genetic correlation coefficient for yield and tassel branch number indicated that selection for decreasing tassel size will not lead to significant change on yield; 4. the populations showed very promising perspectives to improvement yield, plant and ear height and male flowering; and 5. relatively ESALQ PB4 showed a better potencial than ESALQ PB5 for increasing yield, showing expected progress from selection among half-sib families of 12.71% in the first cycle.

1. INTRODUÇÃO

Embora a busca do aumento da produtividade ainda se mantenha como o grande objetivo do melhoramento do milho (*Zea mays* L.) outros caracteres passam a ganhar destaque. Aspectos paralelos à produtividade como o porte da planta, altura de inserção da espiga e características do pendão são levados em consideração, tendo em vista não só a sua correlação com a produção como a melhor adequação da planta aos modernos sistemas de cultivo.

Um primeiro passo para o sucesso de um programa de melhoramento é se dispor de uma população base com variabilidade conveniente. As populações resultantes de cruzamentos múltiplos entre variedades ou outros tipos de germoplasmas definidos constituem os chamados compostos e são, regra geral, utilizados como populações originais nos programas de melhoramento de milho. PATERNIANI (1968) considera que a utilização dos compostos visa o aproveitamento da variabilidade genética existente nos diferentes materiais, nele reunidos.

A caracterização da potencialidade de um composto para o melhoramento tem sido tarefa desempenhada, basi

camente, com o auxílio das técnicas genético-estatísticas da genética quantitativa.

O desenvolvimento gradativo dos métodos estatístico-genéticos têm permitido aprimorar cada vez mais o grau de previsibilidade do comportamento de uma população base, ao longo dos ciclos de melhoramento, em função das estimativas dos seus parâmetros. Fornecer informações sobre a natureza dos genes envolvidos na herança dos caracteres e sobre a base para a avaliação dos planos de melhoramento da população, são os objetivos básicos ao se estimar os parâmetros genéticos, conforme afirmam ROBINSON e COCKERHAM (1965). Através da grandeza da variância aditiva presente na população, se pode visualizar o grau de variabilidade genética explorável pela seleção e se chegar aos valores do progresso esperado por ciclo de seleção. Uma alta herdabilidade indica a possibilidade de seleção fácil e eficiente de indivíduos capazes de produzir descendência com caracteres desejáveis, o que mostra a viabilidade do uso de métodos simples de seleção. Métodos de melhoramento mais elaborados, com delineamentos estatísticos sofisticados podem ser necessários, quando o caráter apresenta um valor baixo para o coeficiente de herdabilidade. O coeficiente de variação genética identifica a porcentagem da dispersão da média da população que pode ser manipulada pelo melhoramento, quando a medida de dispersão é o desvio padrão da média para o caráter. Assim, um alto valor para o coeficiente de variação genética, mostra uma maior possibilidade de se alcançar progresso por seleção e pode se constituir em um critério básico na escolha das populações originais para o melhoramento.

O recurso experimental para se chegar às estimativas dos parâmetros genéticos é o uso de testes de progênies resultantes de sistemas de cruzamentos diversos. As progênies de meios irmãos tem sido intensamente utilizadas, sen

do mesmo sistematicamente preferidas por melhoristas consagrados. No Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" as progênies de meios irmãos tem sido utilizadas na grande maioria dos trabalhos realizados.

Os compostos planta baixa ESALQ PB-4 e ESALQ PB-5 foram obtidos no Departamento e Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", no período de 1979 a 1982, a partir de populações de polinização aberta de reconhecido potencial agrônomo. A síntese destes compostos visou fornecer duas populações de plantas baixas, sendo uma do tipo dentado e outra do tipo flint, de alto potencial agrônomo, para os trabalhos de melhoramento com objetivos tanto didáticos como aplicados à obtenção de variedades melhoradas e híbridos (MIRANDA FILHO, informação pessoal).

O objetivo deste trabalho foi, basicamente, identificar propriedades genéticas dos compostos através das estimativas dos parâmetros genéticos, bem como calcular o ganho genético esperado através da seleção e dar subsídios para a escolha de alternativas metodológicas futuras para o melhoramento destas duas populações de milho ESALQ PB-4 e ESALQ PB-5.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. O estudo dos parâmetros genéticos

MATHER e JINKS (1984) observaram que os fenótipos dos indivíduos de qualquer família, ou outro grupo apropriado, produzem duas grandezas biométricas úteis para a análise genética: a média da distribuição (um parâmetro de primeiro grau) e a variância (um parâmetro de segundo grau). Com base nas definições destes parâmetros se faz o cálculo das estimativas esperadas para as médias, variâncias e covariâncias das famílias, ou grupos, produzidos pelos experimentos. As médias, variâncias e covariâncias observadas, são então relacionadas com os valores esperados de maneira a se obter estimativas de parâmetros e testes de sua significância.

Foi FISHER (1918) quem iniciou os estudos da variância genética, em termos dos seus componentes, conforme relatam VELLO e VENCOVSKY (1974), HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) e SOUZA JUNIOR (1983). Pesquisando a covariação e a correlação entre parentes, FISHER (1918) estabeleceu formulações matemáticas próprias identificando as correlações genéticas, já indicadas por autores que o precederam através de outros recursos (WRIGHT, 1969). Assim, ficaram caracteriza-

das as componentes da variância genética: 1. variância genética aditiva, que está associada aos efeitos médios dos genes; 2. variância genética dominante decorrente dos efeitos associados às interações intraalélicas e 3. variância genética epistática decorrente dos efeitos associados as interações interalélicas. Na continuidade dos trabalhos de FISHER (1918) vários autores complementaram a teoria da genética quantitativa, como WRIGHT (1921) estudando efeitos de endogamia, COCKERHAM (1954) e KEMPTHORNE (1955) usando esquemas fatoriais que incluíam efeitos epistáticos, COCKERHAM (1956) e SCHNELL (1963) que trabalharam com efeitos de ligação, COCKERHAM e WEIR (1973) e WEIR e COCKERHAM (1976) com estudos envolvendo dois locos, conforme também citam HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) e SOUZA JUNIOR (1983).

A impossibilidade de se estudar a herança dos caracteres quantitativos através das técnicas mendelianas convencionais, comentam ROBINSON e COCKERHAM (1965), foi a grande dificuldade que impediu o reconhecimento inicial desta área da genética moderna - a genética quantitativa. As leis de Mendel forneceram as bases mas não os procedimentos para o estudo deste complexo e importante setor da genética. Somente após se ajustar os procedimentos matemáticos e estatísticos ao estudo da genética foi que se iniciou o desenvolvimento da metodologia capaz de tratar caracteres condicionados por muitos genes e flutuações ambientais.

Através de amostras de populações de genótipos e de ambientes, é possível se chegar a um certo grau de previsibilidade de comportamento destas populações, em função das estimativas dos parâmetros que se obtém. Em muitos experimentos de seleção em milho, tem-se verificado que o progresso esperado teoricamente, concorda satisfatoriamente bem com o progresso observado. As estimativas da variância genética aditiva e do progresso esperado na seleção, dão in-

formações úteis sobre os componentes do progresso quando se pratica a seleção combinada e sobre a possível redução da variância genética aditiva durante a seleção, conforme explica VENCovsky (1968 e 1969). ALLARD (1971) considera que no estudo de caracteres condicionados por muitos genes - caracteres quantitativos - empregam-se médias, variâncias e covariâncias, estatísticas estas que podem ser calculadas de forma adequada quando os dados proveêm de observações cuja distribuição é contínua. Estas estatísticas são básicas para a escolha de processos de melhoramento, pois são estimativas de certos atributos numéricos (parâmetros) do complexo genótipo-ambiente, dos quais dependem os resultados do melhoramento.

2.2. Estimativas da variância genética aditiva

No Brasil se tem utilizado, mais frequentemente, as progênies de meios irmãos como recurso para se chegar às estimativas de variância genética aditiva, conforme consideração de SOUZA JUNIOR (1983), que se confirma pelo grande número de trabalhos realizados, dentre os quais CAMPOS (1966), PATERNIANI (1967), CARMO (1969), QUEIROZ (1969), DARRAH (1969), CUNHA (1976), SUAREZ LEZCANO (1976), TORRES SEGOVIA (1976), MIRANDA FILHO (1977), LIMA e PATERNIANI (1977), GERALDI (1978), CRISÓSTOMO (1978) e RISSI (1980).

CRISÓSTOMO e ZINSLY (1977) destacam que, no caso de experimentos com famílias de meios irmãos, os parâmetros mais comumente estimados e importantes para a seleção são: a variância genética aditiva, a variância fenotípica total entre as famílias, o coeficiente de variação genética, a herdabilidade e as correlações genéticas aditiva e fenotípica.

RAMALHO (1977) considera que as progênies de

meios irmãos embora não forneçam a variância de dominância, são de grande valor porque permitem estimar a variância genética aditiva, o que viabiliza entre outras coisas, verificar quais são as possibilidades de êxito na seleção e as alterações na variância genética aditiva com o decorrer dos ciclos de seleção. Quando a avaliação de progênes de meios irmãos é feita apenas em uma época, é previsível que haja uma superestimativa da variância aditiva, devido a componente de variação resultante da interação genótipo por ambiente que não pode ser isolado, conforme considera RAMALHO (1977) a respeito da estimativa média desta variância, obtida com base numa série grande de trabalhos de autores diversos.

GARDNER (1963) referindo-se aos diversos tipos de progênes afirma que a componente de variação resultante da interação genótipo por ambiente pode atingir a mais de cinquenta por cento da variância aditiva. Para as progênes de meios irmãos, COMSTOCK e MOLL (1963) consideram que o efeito da componente de variação devido a interação genótipo por ambiente é menos importante, em função deste tipo de progênes liberar pequena quantidade de variância aditiva, determinando desta forma, uma interação também pequena.

Comparando estimativas de variâncias aditivas obtidas em apenas um ambiente com outras obtidas em mais de um ambiente, RAMALHO (1977) verificou que os valores não apresentavam grande discrepância.

Evidenciando os trabalhos de Stuber (1965) e STUBER e COCKERHAM (1966) com cruzamentos interpopulacionais, SOUZA JUNIOR (1983) destaca que a covariância genética entre parentes é função, em sua maior quantidade, da variância genética associada aos efeitos médios dos genes (variância genética aditiva). Como os processos de seleção envolvem relações entre parentes, o sucesso na seleção depende, fundamen-

talmente, da quantidade da variância genética aditiva presente em uma população.

Comparando os valores das estimativas das variâncias genéticas aditivas e de dominância em cinco tipos de populações de milho, inclusive compostos, HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) mostram que o valor da variância aditiva média, para produção, foi muito superior ao valor da variância de dominância média, caracterizando-se como 2,56 vezes maior para as populações de compostos até 1,05 vezes nas populações de híbridos intervarietais. Isto confirma a relevância das estimativas da variância genética aditiva em milho, particularmente nos compostos.

O valor de 320 para a variância aditiva média obtidas ao nível de plantas individuais para a produção em gramas, foi calculado por RAMALHO (1977) com base em estimativas relativas a trinta populações diversas. A Tabela 1 mostra os dados obtidos nos trabalhos desenvolvidos no Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". As estimativas indicam uma tendência de menor grandeza para o valor da variância genética aditiva com o avanço dos ciclos de seleção, com exceção daquelas obtidas por TORRES SEGOVIA (1976) na variedade Centralmex.

HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) trabalhando com resultados obtidos por vários autores, totalizando 99 estimativas de variância genética aditiva referentes a produção de grãos em milho em gramas a nível de média de parcela, chegaram a um valor médio de 469,1. Este valor correspondeu a 61,2% da variância genética, ficando 38,8% como correspondente a variância de dominância, já que se assumiu a ausência de epístase e de efeitos de ligação.

TABELA 1. Estimativas da variância genética aditiva (σ_A^2), da variância do erro experimental entre parcelas (σ_e^2), da média populacional ($\bar{x}$), da herdabilidade no sentido restrito (h^2), do coeficiente de variação genética (CVg%), do coeficiente de variação experimental (Cve%) e do índice de variação (vi) obtidos para produção de grãos ao nível de plantas individuais, para diferentes populações de milho do Departamento de Genética da ESALQ, USP., Piracicaba (*).

População	Nº famílias testadas	σ_A^2 (g/planta) ²	σ_e^2 (g/planta) ²	$\bar{x}$ g/planta	h ² %	CVg%	Cve%	θ CVg/Cve	Fonte
Dente Paulista original	227	753 - 111 (14,74%)	244	89,6	26,22	15,31	19,10	0,80	PATERNIANI (1967)
Dente Paulista I	300	359 - 70 (19,50%)	379	102,4	8,43	9,25	20,83	0,44	PATERNIANI (1967)
Dente Paulista II	231	212 - 37 (17,45%)	147	79,9	12,69	9,11	16,62	0,55	PATERNIANI (1967)
Dente Paulista III	288	265 - 56 (21,13%)	306	115,0	7,72	7,08	16,66	0,42	PATERNIANI (1967)
Piramez original	100	758 - 147 (19,39%)	225	130,4	28,45	10,56	12,60	0,84	PATERNIANI (1968)
Piramez I	171	157 - 41 (26,11%)	171	102,0	8,18	6,14	14,04	0,44	PATERNIANI (1958)
Piramez II	279	180 - 40 (22,22%)	222	135,0	7,23	4,97	12,09	0,41	PATERNIANI (1968)
Piramez III	292	52 - 29 (55,76%)	218	107,0	2,16	3,37	15,12	0,22	PATERNIANI (1968)
Piramez IV	294	175 - 45 (25,71%)	200	102,0	7,80	6,48	15,19	0,43	PATERNIANI (1968)
Cateto	194	145 - 45 (31,03%)	223	71,0	5,82	8,48	23,04	0,37	ZINSKY (1969)
Dente Paulista	194	552 - 115 (20,83%)	444	99,2	10,99	11,84	23,27	0,51	ZINSKY (1969)
Caincang	194	41 - 20 (48,78%)	135	65,0	2,74	4,92	19,58	0,25	ZINSKY (1969)
Comp. Dent. A x Comp. Flint (amarelas)	96	482 - 167 (34,65%)	518	143,6	8,28	7,64	17,36	0,44	CARMO (1969)
Comp. Dent. A x Comp. Flint (brancas)	96	471 - 172 (36,52%)	550	139,0	7,64	7,81	18,48	0,42	CARMO (1969)
Comp. Dentado (amarelas)	96	407 - 39 (9,58%)	204	201,2	17,35	5,01	7,78	0,64	QUEIROZ (1969)
Comp. Dentado (brancas)	96	327 - 37 (11,31%)	206	200,6	13,93	4,51	7,84	0,58	QUEIROZ (1969)
Cateto Colômbia original	188	458 - 148 (32,31%)	526	116,3	7,76	9,20	21,60	0,42	SILVA (1969)
Cateto Colômbia I	188	302 - 59 (19,54%)	153	97,6	17,17	8,90	13,88	0,64	SILVA (1969)
Composto Flint	700	440 - 59 (13,41%)	307	142,4	12,62	7,36	13,48	0,55	MIRANDA FILHO et al. (1972)
Composto Flint (brancas)	600	198 - 40 (20,20%)	270	128,0	6,56	5,50	14,06	0,39	MIRANDA FILHO et al. (1972)
Centralmex original	500	228 - 43 (18,86%)	241	127,5	8,42	5,92	13,34	0,44	SUAREZ LEZCANO (1976)
Centralmex I	285	112 - 47 (41,96%)	335	117,8	3,02	4,50	17,05	0,26	TORRES SEGÓVIA (1976)
Centralmex II	291	252 - 77 (30,56%)	505	111,3	4,48	7,13	22,12	0,32	TORRES SEGÓVIA (1976)
Centralmex III	291	116 - 66 (56,90%)	502	122,1	2,09	4,41	20,10	0,22	TORRES SEGÓVIA (1976)
Centralmex IV	284	167 - 49 (29,34%)	300	118,5	5,00	5,45	16,01	0,34	TORRES SEGÓVIA (1976)
Centralmex V	388	343 - 126 (36,73%)	636	164,8	4,84	5,62	16,76	0,34	TORRES SEGÓVIA (1976)
Centralmex VI	500	327 - 99 (30,28%)	654	142,6	4,49	6,34	19,64	0,32	TORRES SEGÓVIA (1976)
ESALQ-HVI-MII	500	389 - 73 (18,77%)	409	142,9	8,46	6,30	15,50	0,44	TORRES SEGÓVIA (1976)
ESALQ-HVI-MII-HSI	700	606 - 67 (11,06%)	301	132,2	17,50	9,31	14,38	0,65	CUNHA (1976)
Composto A	500	337 - 50 (14,84%)	245	126,6	12,12	7,25	13,54	0,53	CUNHA (1976)
Composto B	100	428 - -	346	174,9	10,93	5,90	12,17	0,48	CRISOSTOMO (1978)
Composto Branco	384	- -	247	154,2	13,61	6,35	11,60	0,55	CRISOSTOMO (1978)
Composto Flint Branco	503	83 - 74 (89,10%)	333	121,8	30,70	16,40	-	-	GERALDI (1978)
Centralmex	500	191 - 57 (30,10%)	204	124,8	43,40	12,60	-	-	GERALDI (1978)
Pirãno A	500	308 - 98 (31,90%)	337	135,6	63,10	15,30	-	-	GERALDI (1978)
Pirãno B	500	341 - 47 (13,48%)	210	151,5	14,18	6,09	8,71	0,56	RISSI (1980)
ESALQ PB-1	500	626 - 57 (9,19%)	157	135,2	28,95	9,24	10,36	0,88	RISSI (1980)
Swan	1000	285 - -	-	246,2	6,80	4,70	12,60	0,37	MIRANDA FILHO (1977)
HISF-PB	100	254 - -	56	37,9	37,30	21,03	22,80	0,92	SOUZA JUNIOR et al. (1980)
HISD-PB	200	153 - 52 (34,00%)	57	94,0	7,47	6,57	12,40	0,53	MORAN (1984)
	200	389 - 85 (21,70%)	19	112,0	9,48	8,80	11,90	0,74	MORAN (1984)

(*) Adaptado de ROLALHO (1977) com atualização dos dados.

LIMA e PATERNIANI (1977) consideram que os caracteres de produção, altura de planta, altura de inserção da espiga e acamamento se enquadram como os principais dentre as prioridades estabelecidas para o melhoramento de milho. As plantas de porte mais baixo conferem vantagens como maior resistência ao acamamento, facilidade de colheita e possibilidade de plantio mais denso.

A avaliação da variabilidade genética para altura da planta e altura de inserção de espigas, no geral é feita também com base nos experimentos considerando a produtividade e tem sido praticada por vários autores. Os resultados obtidos são apresentados na forma de estimativas da variância genética aditiva, coeficiente de herdabilidade e coeficiente de variação genética, principalmente, como recursos para se vislumbrar as perspectivas de melhoramento.

Avaliando os caracteres de altura de planta e altura de inserção de espigas em dois compostos de milho, MIRANDA FILHO *et alii* (1974) obtiveram resultados concordantes com os conhecidos da literatura. Avaliando a população do composto de milho ESALQ-PB1, já submetido a um ciclo de seleção massal estratificada e outro de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, GHINI e MIRANDA FILHO (1978) verificaram que o valor para a variância genética aditiva para a altura da planta aumentou em relação a população original, ao passo que a variância genética aditiva para a altura de inserção da espiga diminuiu. As estimativas de variância genética aditiva para altura de planta e altura de inserção da espiga em duas sub-populações de milho Piranão, obtidas por RISSI (1980) foram semelhantes às registradas para as populações de milho normal.

A Tabela 2 mostra os dados relativos as estimativas de variância genética aditiva para altura de planta

TABELA 2. Estimativas da variância genética aditiva (σ_A^2) obtidas por autores diversos, para os caracteres de altura de planta (AP) e altura de espiga (AE) ao nível de plantas.

Material	Variância genética aditiva		Fontes
	(AP) x 10 ⁻²	(AE) x 10 ⁻³	
Jarvis	2,35	1,06	ROBINSON <i>et alii</i> (1955)
Weekley	1,99	1,91	ROBINSON <i>et alii</i> (1955)
Indian Chief	2,18	1,72	ROBINSON <i>et alii</i> (1955)
Krug Yellow Dent (1956)	4,17	2,92	LINDSEY <i>et alii</i> (1962)
Krug Yellow Dent (1957)	2,34	2,11	LINDSEY <i>et alii</i> (1962)
Hays Golden (1956)	6,42	4,84	LINDSEY <i>et alii</i> (1962)
Hays Golden (1957)	4,61	2,53	LINDSEY <i>et alii</i> (1962)
Composto Dentado	5,00	4,80	QUEIROZ (1969)
Composto Dentado	2,08	2,75	MIRANDA FILHO (1974)
Composto Flint	3,08	2,24	MIRANDA FILHO (1974)
ESALQ VD-2 MIHSII	3,27	2,15	LIMA e PATERNIANI (1977)
Composto A	2,29	3,54	CRISÓSTOMO (1978)
Composto B	4,36	3,09	CRISÓSTOMO (1978)
ESALQ PB-1	3,13	1,74	GHINI e MIRANDA FILHO (1979)
ESALQ VD-opaco	1,88	1,22	TOSELLO e GERALDI (1980)
Suwan	1,76	2,24	SOUZA Jr. <i>et alii</i> (1980)
Piranão A	3,13	2,05	RISSI (1980)
Piranão B	4,44	2,58	RISSI (1980)
BR-105	2,59	0,70	SOUZA Jr. (1983)
ESALQ PB-1	2,23	0,91	SOUZA Jr. (1983)
Sintético MISF-PB	2,17	0,46	MORÁN (1984)
Sintético MISD-PB	3,41	1,42	MORÁN (1984)

e altura de inserção de espiga obtidos por vários autores. Os valores indicam que a variância genética aditiva para altura de planta é mais ampla que aquela para a altura de inserção de espiga. A amplitude dos valores obtidos, atesta a ampla diferença de variabilidade genética para estes caracteres nos diversos materiais. HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) também considerando as estimativas obtidas de 45 resultados para altura de planta e 52 resultados para altura de inserção de espigas, calcularam os valores de variância genética aditiva média de 212,9 e 152,7 para as medidas em centímetro e a nível de médias de parcelas.

Além dos caracteres relativos ao porte das plantas e altura de inserção de espigas, ao lado da produtividade, tem se procurado valorizar também as características do pendão, a inflorescência masculino do milho. Diversos autores tem destacado a importância do pendão na produtividade da planta, em termos de grãos, embora com alguns resultados contraditórios.

GROGAN (1956) cita, que já Watson (1892) e Crozier (1895) conduziram experiências de campo, mostrando o aumento de produtividade de plantas de milho despendoadas em relação às aquelas normais. Também trabalhando com comparações entre plantas de milho despendoadas e plantas normais, DUNGAN e WOODWORTH (1939) não encontraram diferenças significativas entre as populações avaliadas. Kiesselbach (1949), citado por GOODMAN e SMITH (1978), destacou o perigo que pode representar o despendoamento na produção de sementes de milho híbrido. O despendoamento precoce determinaria a remoção de parte das folhas e afetaria negativamente a produção além de permitir a infecção da lesão por fungos. Conduzindo experimentos com despendoamento em anos e locais diferentes, GROGAN (1956) concluiu que o despendoamento aumenta a produção de grãos em condições de seca, baixa fertilidade de solo

e altas densidades de plantio. Um menor número de plantas estéreis e presença de espigas maiores foram os responsáveis pelo aumento da produção nas plantas despendoadas. O DUVICK (1958) testando híbridos macho férteis e macho estéreis de origem Texas (T) e USDA (S) observou respostas variadas, afetadas pelo genótipo e pelo ambiente, de forma a sugerir que os efeitos da macho esterilidade sobre a produção não podem ser explicados apenas pela competição por nutrientes entre o pendão e a espiga. Comparando tratamentos de milho normal com despendoamento e sem despendoamento e estoques de híbridos simples isogênicos macho estéril e macho fértil, CHINWU BA et alii (1961) observaram influência significativa do pendão na produção para as populações em maior densidade de plantio. O híbrido simples macho estéril produziu mais que sua contraparte fértil, em alta densidade de plantio. O híbrido simples macho fértil e o híbrido normal, despendado mecanicamente, tiveram comportamento semelhante. Os autores concluíram, ainda, que a reação das plantas às condições desfavoráveis parece estar associada a competição por nutrientes entre as forças que levam ao desenvolvimento do pólen e do grão. JOSEPHSON e KINCER (1962) em experimentos com linhagens macho estéreis, onde se incorporou genes restauradores de fertilidade, estudaram o comportamento relativo da macho esterilidade em linhagens e híbridos. Observaram que em apenas uma das vinte comparações feitas, as plantas macho estéreis produziram mais que as suas correspondentes macho férteis, em situação de baixa produção, que eles atribuíram às condições de ambiente desfavorável. MOCK e SCHUETZ (1974) analisaram 247 linhagens endógamas originadas da variedade sintética BSSS e os cruzamentos entre duas destas linhagens, com relação ao número de ramificações do pendão. A maior importância relativa foi para os efeitos gênicos aditivos e a herdabilidade foi da ordem de 50% para os dois anos de condução dos experimentos. MOCK e PEARCE (1975) destacaram a importância da presença de pendões pequenos para se diminuir a

capacidade competitiva e o sombreamento das folhas, o que torna o caráter relevante para o melhoramento. Estudando as características do pendão de dois compostos Flint Branco e Dentado Branco e da variedade Centralmex de milho, GERALDI (1978) avaliou os parâmetros relativos ao peso, comprimento e número de ramificações do pendão. ANDRADE e MIRANDA FILHO (1979) analisaram também o comprimento, peso total e número de ramificações primárias do pendão da população de milho ESALQ PB-1, estimando os parâmetros genéticos e suas correlações. Os autores sugerem a efetividade da seleção para o número de ramificações do pendão. Na população de milho BR-105, SOUZA Jr. *et alii* (1980) estimaram parâmetros genéticos para caracteres do pendão, também concluindo pelo seu valor como recursos auxiliares da seleção para produção. MORÁN (1984) estudando os compostos de milho Composto Dentado PB e Composto Flint PB estimou os parâmetros, para o número de ramificações do pendão e suas correlações, em dois sintéticos deles derivados.

A Tabela 3 mostra os resultados obtidos pelos diversos autores, relativos aos valores de variância genética aditiva e coeficientes de herdabilidade no sentido restrito e ao nível de plantas individuais, para o número de ramificações do pendão.

Um outro caráter de importância para o melhoramento é o tempo necessário para o florescimento, pois está ligado ao interesse por cultivares mais ou menos precoces. Neste aspecto GIESBRECHT (1960) destaca a importância do melhoramento de variedades de milho para condições de maior latitude, citando áreas do norte dos Estados Unidos e do Canadá. Como recurso de especial importância, o autor cita a necessidade de se dispor de informações acerca da herança da maturidade no milho.

TABELA 3. Estimativas da variância genética aditiva (σ_A^2) e do coeficiente de herdabilidade (h^2) obtidos por diversos autores, para o número de ramificações do pendão a nível de planta.

Material	Estimativas		Fontes
	$\frac{\sigma_A^2}{2}$	$\frac{h^2}{2}$	
Iowa Stiff Stalk Synthetic	26,55	53,0%	MOCK e SCHUETZ (1974)
Composto Dentado Branco	6,50	30,7%	GERALDI (1978)
Composto Flint Branco	10,55	43,4%	GERALDI (1978)
Centralmex	15,23	63,1%	GERALDI (1978)
ESALQ PB-1	14,12	61,6%	ANDRADE e MIRANDA FILHO (1979)
Suwan	28,55	64,3%	SOUZA Jr. <i>et alii</i> (1980)
Sintético MISF-PB	23,73	48,4%	MORÁN (1984)
Sintético MISD-PB	27,68	57,5%	MORÁN (1984)

Para HALLAUER (1965) se destaca como de grande importância, o conhecimento do modo de herança para o tempo de florescimento no milho, tendo em vista sua utilidade no desenvolvimento de linhagens para um possível uso em híbridos.

A avaliação do tempo de florescimento no milho tem sido feita, em muitos trabalhos, juntamente com outros caracteres. O tempo médio de florescimento tem sido bastante variado, mesmo se considerando que os dados se referem a populações muito diversas entre si. Um exemplo disto pode ser visto nos dados de CASTRO *et alii* (1968) que encontraram uma amplitude de 76 a 109 dias para o florescimento em raças mexicanas e JAIN *et alii* (1976) que citam 44 a 67 dias para o florescimento em um grande número de populações de vários países, abrangendo três continentes. Muitos outros trabalhos abordam o caráter florescimento, dentre os quais se destacam MURTY e ROY (1957), HALLAUER (1965), COMPTON *et alii* (1965) e GENTER e EBERHART (1974).

A diferença marcante entre os valores obtidos pelos diversos autores, se deve provavelmente, não somente às diferenças genéticas entre os germoplasmas e ambientais entre os locais diversos, mas também, aos distintos critérios usados na obtenção dos dados. A forma mais comum é a consideração do tempo em dias para que aproximadamente 50% das plantas estejam soltando pólen (ROBINSON *et alii*, 1955; GOODMAN, 1965; COMPTON *et alii*, 1965; SILVA e LONNQUIST, 1968; SENTZ, 1971; SUBANDI e COMPTON, 1974) ou avaliar o florescimento em número de dias do plantio até a exteriorização inicial do estilo-estigma em pelo menos 50% das plantas (JAIN *et alii*, 1976; OTAVIANO e CAMUSSI, 1981) ou considerar o dia do mês em que pelo menos 50% das plantas da parcela estejam liberando pólen (LINDSEY *et alii*, 1962) ou fazer a avaliação a nível de planta para o número de dias do plantio a

liberação inicial do pólen ou emergência do estilo-estigma (GIESBRECHT, 1960; HALLAUER, 1965; NASPOLINI, 1975).

Em levantamento sobre parâmetros genéticos HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) calcularam o valor médio de 4,0 para a variância genética aditiva e um valor de 57,9% para a herdabilidade, também em termos de média, para o caráter número de dias para o florescimento, baseados em 48 estimativas de autores diversos. Para a variedade sintética BSSS os mesmos autores citam um valor médio de 15,0 para a variância genética aditiva e 65,5% para a herdabilidade, a partir de resultados de autores e métodos diferentes. HALLAUER (1965) analisando duas linhagens endogâmicas, as progênies F1, F2 e os retrocruzamentos, obteve valores entre 6,36 e 22,73 para a variância genética aditiva, com um valor correspondente de 10,06 na análise combinada.

2.3. Coeficiente de herdabilidade

HANSON (1963) interpreta o sentido da herdabilidade caracterizando-a como a porção da variância observada pela qual a hereditariedade é responsável, destacando que sua unidade básica de referência é o indivíduo. O conceito de herdabilidade em termos de melhoramento, leva em conta a unidade de seleção e estima a fração da variabilidade fenotípica que representa o efeito genotípico transmissível às progênies.

Caracterizando a relatividade do valor das estimativas médias de herdabilidade no melhoramento de plantas, ROBINSON (1963) enfatiza que seu valor depende estreitamente do tamanho da parcela, da densidade do plantio e do número de repetições. Segundo o autor, a comparação de estimativas de herdabilidade para um caráter particular, obtidas por vá-

rios autores, é de utilidade duvidosa. HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) a partir de um grande número de estimativas, apresentam uma herdabilidade média, a nível de parcelas, para uma série de caracteres de milho, dentre os quais: produção 18,7%; altura da planta 56,9%; altura da inserção da espiga 66,2% e dias para o florescimento 57,9%. Os autores destacam a relatividade destes valores, apresentando os dados específicos da análise da variedade sintética BSSS, onde grandes diferenças são observadas.

2.4. Correlação entre caracteres

DEMPSTER (1963) considera que a variação correlacionada de dois caracteres deve ser devida a ação similar em ambos os caracteres, por genes ou cromossomos por um lado e pelas influências ambientais pelo outro. SUBANDI e COMPTON (1974) analisando duas populações diversas e seus cruzamentos, em duas densidades de plantio, obtiveram correlações genéticas aditivas positivas e significativas nas duas densidades para os caracteres: altura de planta e dias para o florescimento; altura de planta e altura de espiga; altura de espiga e dias para o florescimento. A correlação positiva e significativa para peso de grãos e altura de espiga foi obtida apenas na condição de baixa densidade de plantio. JAIN *et alii* (1976) estudando um grande número de populações de milho de diversos países, chegaram a correlações fenotípicas consistentes, altas e significativas entre os caracteres seguintes: produção e altura de planta; altura de planta e altura de espiga; dias para o florescimento e altura de planta. HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) destacam a importância da correlação entre caracteres no melhoramento, indicando duas condições em que a seleção indireta poderia ser efetiva: 1. quando a herdabilidade do caráter secundário é maior que a herdabilidade do caráter primário e 2. quando a correlação

genética entre os caracteres é substancial. Estes autores mostram as correlações médias entre caracteres, a partir de valores registrados na literatura, dentre as quais as correlações entre a produção de grão e: altura de planta (0,26); altura de espiga (0,31); dias para o florescimento (0,14). Entre altura de planta e altura de espiga obtiveram o coeficiente de correlação de 0,81. Resultados obtidos por diversos outros autores, dentre eles ROBINSON *et alii* (1951), MURTY e ROY (1957), MIRANDA FILHO *et alii* (1974), LIMA e PATERNIANI (1977), CRISOSTOMO (1978) e RISSI (1980) atestam a correlação alta entre os caracteres de altura de planta e altura de espiga. Os valores de correlação entre a produção de grãos e altura da planta ou da espiga não são perfeitamente concordantes na literatura. A presença de correlações positivas, nulas ou negativas em diferentes populações levou MIRANDA FILHO (1974) a sugerir que a correlação entre esses caracteres seja uma característica intraracial ou intrapopulacional particular da população analisada.

As correlações relativas as características do pendão são abordadas por OBILANA e HALLAUER (1974), GERALDI (1978), SOUZA JUNIOR *et alii* (1980), ANDRADE e MIRANDA FILHO (1980), RISSI e PATERNIANI (1981). O número de ramificações do pendão tem se mostrado negativamente correlacionado com a produção e positivamente correlacionado com a altura da planta.

3. MATERIAL

As populações de milho (*Zea mays* L.) em estudo, ESALQ PB-4 e ESALQ PB-5, foram obtidas no Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ). São dois compostos resultantes do cruzamento de populações de polinização aberta, existentes no banco de germo plasma do mesmo Departamento.

Na obtenção dos compostos foram seguidas as seguintes etapas: 1. cruzamentos interpopulacionais, através de polinizações manuais, entre três populações para cada um dos compostos; 2. recombinação da geração F1, através de lotes isolados de despendoamento e 3. recombinação em lotes isolados, sem despendoamento, por dois ciclos, do material selecionado na etapa anterior.

O composto ESALQ PB-4 resultou do cruzamento das populações: Tuxpeño Crema I, MEB I e Antigua GP02, constituindo um composto de porte intermediário com predominância de grãos tipo dentado. O composto ESALQ PB-5 se originou do cruzamento das populações: Eto Blanco, Piracar e Mezcla Amarilla, resultando um composto de porte intermediário e predominância de grão tipo flint. Quanto a cor, ambas as

populações são segregantes para grãos amarelos e brancos, em bora nos ciclos de recombinação tenha sido praticada seleção para cor amarela.

Para os experimentos relativos ao trabalho pro posto, foram obtidas famílias de meios irmãos do último lote isolado, sem despendoamento, no período de 1983/1984.

Como testemunha foi utilizada a variedade C-511, um híbrido duplo comercial produzido pela firma Sementes Cargill Ltda, do tipo semi-dentado, sementes amarela, ci clo e porte intermediários.

4. MÉTODOS

4.1. Execução experimental

A instalação dos experimentos foi feita nos dias 8 e 9 de outubro de 1984, ocorrendo a germinação plena aos vinte e um dias do mesmo mes.

Utilizou-se o delineamento de lattice 7 x 7 triplo (X,Y,Z). A população ESALQ PB4 foi testada através de 343 famílias de meios irmãos, distribuidas em sete experimentos. Para a população ESALQ PB5 utilizaram-se 245 famílias de meios irmãos testadas através de cinco experimentos. A testemunha correspondeu a parcelas extras, intercaladas imediatamente após as parcelas 7ª, 21ª, 35ª e 49ª de cada repetição. As parcelas foram formadas por linhas de plantio de 4 metros de comprimento, com espaçamento de 1 metro entre elas, semeando-se 10 sementes por metro, distribuidas duas a cada vinte centímetros de sulco. Após o desbaste, foram mantidas 5 plantas por metro, uma a cada vinte centímetros, totalizando vinte plantas por parcela. Foi feita adubação regular de plantio com NPK e o controle de pragas se restringiu a eliminação de alguns saueiros, sem prejuízo para os experimentos.

4.2. Coleta de dados

- **FM - dias para o florescimento masculino** - O número de dias para o florescimento corresponde ao período da germinação plena, considerada comum para todos os experimentos, até o florescimento de 50% das plantas da parcela, caracterizada pela presença dos pendões liberando pólen.
- **NR - número de ramificações do pendão** - Para o número de ramificações do pendão considerou-se o total das ramificações de cada pendão para cinco plantas de cada parcela, obtendo-se um número médio de ramificações por parcela. A avaliação foi feita em todas as parcelas, no período da queda do pólen.
- **AP - altura da planta** - Todas as parcelas também foram avaliadas para altura da planta, também durante o período da queda de pólen. A altura da planta correspondeu a distância, em centímetros, da superfície do solo à inserção da última folha. Foram tomadas cinco plantas em cada parcela, obtendo-se uma média de altura por parcela.
- **AE - altura de inserção da espiga** - A altura de inserção da espiga, correspondeu à distância, em centímetros, da superfície do solo ao nó de inserção da espiga mais alta. Foram medidas cinco plantas por parcela, em todas elas.
- **PE - peso de espigas despalhadas** - Através do peso de espigas despalhadas, foi obtido o peso total de parcela para a produção. Todas as plantas foram colhidas e feita a correção da produção para o número ideal de vinte plantas, através de covariância. A umidade dos grãos foi medida através de amostragem, verificando-se uma média de 13,3% com amplitude de 11,5% a 24,3%. Foram tomadas 66 amostras, obtidas aleatoriamente nas duas populações, por ocasião da pesagem das

espigas. Não foi feita a correção para o teor de umidade.

- **Produção individual de plantas** - A avaliação da produção individual das plantas foi feita por amostragem, considerando-se 94 famílias ESALQ PB-4 e 98 famílias ESALQ PB-5, medindo-se a produção de cinco plantas por parcela.

4.3. Análise estatístico-genética

As análises da variância foram feitas separadamente para cada população com os dados dos experimentos individualmente e também através de análise de variância agrupada dos experimentos de cada composto, para cada um dos cinco caracteres avaliados. A análise da covariância também foi realizada, considerando-se todas as combinações possíveis entre os cinco caracteres, totalizando dez análises.

a. Análise da variância

Para a produção em peso de espigas despalhadas por parcela e produção individual através do peso da produção de grãos de cinco plantas, por parcela, as análises da variância foram realizadas com totais de parcelas e para os demais caracteres com médias de parcelas.

O modelo matemático correspondente ao delineamento em látice foi o seguinte:

$$Y_{ijk} = u + p_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ik(j)} \quad \text{onde,}$$

Y_{ijk} = total ou média da progênie i no bloco k da repetição j ;

μ = média geral;
 p_i = efeito aleatório da progênie de meios irmãos;
 r_j = efeito aleatório da repetição j ;
 $b_{k(j)}$ = efeito aleatório do bloco k da repetição j ;
 $e_{ik(j)}$ = efeito aleatório do erro experimental associado ao tratamento i dentro do bloco k da repetição j (erro intrabloco); $e_{ik(j)} \sim N(0, \sigma^2)$.

Extendendo o modelo para os efeitos dentro de parcela, tem-se:

$$Y_{ijks} = \mu + p_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ik(j)} + d_{s(ijk)}, \quad \text{onde}$$

$d_{s(ijk)}$ = efeito aleatório da planta s dentro da progênie i , do bloco k , na repetição j .

Da análise da variância resulta os seguintes componentes:

σ_p^2 = variância genética entre as progênies;
 σ_b^2 = variância ambiental entre blocos dentro de repetições;
 σ_e^2 = variância ambiental entre parcelas dentro de blocos;
 σ_d^2 = variância fenotípica entre plantas dentro das progênies.

As análises da variância dos experimentos, individualmente, foram realizadas em computador IBM-1130, segundo o procedimento dado por COCHRAN e COX (1957). A Tabela 4 mostra o quadro da análise da variância. Também foram obtidas as somas de quadrados para tratamentos ajustados, os coeficientes de variação para os delineamentos em blocos casualizados e em látice, a eficiência relativa do látice em relação a blocos casualizados e o erro efetivo.

Na análise da variância agrupada, as somas de quadrados e números de graus de liberdade para tratamentos (famílias de meios irmãos) e para o erro intrabloco, resultam da soma dos respectivos valores dos experimentos individuais, definindo os quadrados médios ponderados pelos graus

de liberdade. A Tabela 5 indica o quadro da análise da variância considerado, com as E(Q.M.) indicadas.

TABELA 4. Quadro da análise da variância para o delineamento em látice, para os caracteres avaliados, a nível de experimento individual.

F.V.	G.L.	SQ	QM
Repetições	2	SQ_1	Q_1
Tratamentos (não ajustados)	48	SQ_2	Q_2
Blocos/Repetições (ajustados)	18	SQ_3	Q_3
Erro intra blocos	78 ^{1/}	SQ_4	Q_4
Total	146		

^{1/} Para PE, gl = 77, devido correção do "stand".

As somas de quadrados dentro de progênies, foram obtidas como a diferença entre a soma de quadrado total, calculada com base nos valores Y_{ijk} , e a soma de quadrados de parcelas, calculada com base na soma dos valores obtidos para as S' plantas dentro das parcelas, ou seja:

$$SQ_d = \sum Y_{ijks}^2 - \frac{\sum Y_{ijk}^2}{s}$$

O número de graus de liberdade para a fonte de variação dentro de parcelas, corresponde a diferença entre o número de graus de liberdade total e o número de graus de liberdade de parcelas.

TABELA 5. Esperança matemática dos quadrados médios E(Q.M.) nas análises da variância, a nível de totais de parcelas, médias de parcelas e de plantas individuais.

F.V.	G.L.	Nível de totais		Nível de plantas	
		Q.M.	E(QM)	Q.M.	E(QM)
Tratamentos ajustados	g ₁ ¹	Q ₁ ¹	$\sigma_1^{2'} + J\sigma_p^2$	$Q_1 = Q_1^1/S$	$\sigma_d^2 + s\sigma_e^2 + SJ\sigma_p^2$
Erro intrablocos	g ₁ ²	Q ₂ ¹	$\sigma_2^{2'}$	$Q_2 = Q_2^1/S$	$\sigma_d^2 + s\sigma_e^2$
Dentro	g ₁ ³	-	-	Q ₃	σ_d^2

F.V.	G.L.	Nível de médias		Nível de plantas	
		Q.M.	E(QM)	Q.M.	E(QM)
Tratamentos ajustados	g ₁ ¹	Q ₁ ¹	$\sigma_1^{2''} + J\sigma_p^2$	$Q_1 = SQ_1''$	$\sigma_d^2 + s\sigma_e^2 + SJ\sigma_p^2$
Erro intrablocos	g ₁ ²	Q ₂ ¹	$\sigma_2^{2''}$	$Q_2 = SQ_2''$	$\sigma_d^2 + s\sigma_e^2$
Dentro	g ₁ ³	-	-	Q ₃	σ_d^2

$\hat{\sigma}_d^{2'} = s\hat{\sigma}_d^2 + (s)^2\hat{\sigma}_e^2$ e $\hat{\sigma}_d^{2''} = (\hat{\sigma}_d^2/s) + \hat{\sigma}_e^2$ sendo $\hat{\sigma}_e^2$ a estimativa da variância ambiental entre parcelas e $\hat{\sigma}_d^2$ a estimativa de variância fenotípica dentro de parcelas; $\hat{\sigma}_p^{2'}$ e $\hat{\sigma}_p^{2''}$ representam as estimativas da variância genética entre progênies a nível de totais e de médias de parcelas, respectivamente; J é o número de repetições e S o número de plantas avaliadas por parcela.

Preliminarmente, à análise de variância agrupada, considerou-se a relação entre o maior e o menor valor de quadrados médios dos erros intrablocos dos experimentos individuais, que foi sempre menor que 4, indicando que não diferiam muito entre si, segundo os estudos de Box (1954) citado por PIMENTEL GOMES (1982) o que permite a análise agrupada.

b. Estimativas dos componentes da variância

Foi seguida a metodologia apresentada por VENCOVSKY (1969, 1978) para estimação dos componentes da variância e de parâmetros afins.

As estimativas para todos os componentes da variância foram obtidas a nível de plantas individuais, de acordo com as esperanças dos quadrados médios explicitadas na Tabela 5.

Assim, a estimativa da variância genética entre as progênes de meios irmãos (σ_p^2) da variância do erro ambiental entre parcelas (σ_e^2) e da variância fenotípica dentro de progênes (σ_d^2) de cada população foram obtidas a partir dos quadrados médios, através das relações:

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{Q_1 - Q_2}{SR}, \quad \hat{\sigma}_e^2 = \frac{Q_2 - Q_3}{S}, \quad \hat{\sigma}_d^2 = Q_3$$

onde:

- Q_1 = quadrado médio entre progênes;
- Q_2 = quadrado médio dos erros intrablocos;
- Q_3 = quadrado médio dentro de progênes.

A estimativa da variância dentro de parcelas

($\hat{\sigma}_d^2 = Q_3$) foi obtida a partir de amostras de cinco plantas em cada parcela. Para a produção de espigas, apenas parte das parcelas foram amostradas e utilizou-se a distribuição de χ^2 que a relação SQ/σ^2 apresenta, como informação adicional para inferir a possível distorção na estimativa, causada por amostras com variância aparentemente muito alta. STEEL e TORRIE (1961) apresentam a fórmula

$$\chi^2 = \sum_i \frac{(x_i - \mu_i)^2}{\sigma^2}$$

onde x_i representariam os valores de produção das plantas individuais e μ_i a média destes valores de uma dada amostra, e o χ^2 se refere a esta amostra. Para o número de graus de liberdade da avaliação dentro, no caso quatro graus de liberdade, considera-se o valor tabelado do χ^2 que define o limite de inclusão da amostra dentro do percentual da distribuição considerado. Assume-se que o parâmetro σ^2 é satisfatoriamente estimado pela variância dos dados (produção de plantas individuais) de todas as parcelas, como um todo.

Para as estimativas da variância genética aditiva (σ_A^2) da variância fenotípica entre plantas (σ_F^2) do coeficiente de herdabilidade a nível de plantas, no sentido restrito (h^2) do coeficiente de variação experimental em porcentagem ($CV_e\%$) do coeficiente de variação genética em porcentagem ($CV_g\%$) e do índice de variação ($\theta = CV_g\%/CV_e\%$), foram utilizadas as relações:

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_p^2 \quad \hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2 \quad h^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_F^2}$$

$$CV_e\% = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_d^2/S + \hat{\sigma}_e^2}}{\bar{X}} \cdot 100$$

onde:

$\bar{X}$ = média do caráter por planta

$$CV_g \% = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2}}{\bar{X}} \cdot 100$$

onde $\bar{X}$ = média do caráter

$$\hat{\sigma}_d^2/s + \hat{\sigma}_e^2 = Q_2$$

$$\theta = \frac{CV_g \%}{CV_e \%} = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_d^2/s + \hat{\sigma}_e^2}}$$

c. Precisão das estimativas

A precisão das estimativas dos componentes da variância $\hat{V}(\hat{\sigma}_p^2)$, $\hat{V}(\hat{\sigma}_d^2)$ e $\hat{V}(\hat{\sigma}_A^2)$ 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 através das seguintes relações:

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

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

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

$$\hat{V}(\hat{\sigma}_A^2) = 16 \cdot \frac{2}{s^2 J^2} \left[\frac{Q_1^2}{gl_1 + 2} + \frac{Q_2^2}{gl_2 + 2} \right]$$

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

$$\text{onde: } \text{côv}(\hat{\sigma}_d^2, \hat{\sigma}_e^2) = -\frac{1}{S} \left[\frac{2Q_3^2}{(gl_3 + 2)} \right]$$

$$\text{côv}(\hat{\sigma}_e^2, \hat{\sigma}_p^2) = \frac{-2}{JS^2} \left[\frac{Q_2^2}{(gl_2 + 2)} \right]$$

$$\hat{V}_{(h^2_{mi})} = \left(\frac{2}{gl_1 + 2} + \frac{2}{gl_2 + 2} \right) \left(\frac{Q_2}{Q_1} \right)^2$$

d. Análise da covariância

A metodologia proposta por KEMPTHORNE (1966) foi utilizada para obtenção dos produtos médios entre os caracteres avaliados nas progênie de meios irmãos de cada população. Conforme comenta GERALDI (1977) o método permite a obtenção de estimativas de covariância através dos processos da análise da variância. Obtida a soma dos caracteres, foi realizada a análise da variância para o delineamento em lâtice. Os produtos médios (PM) foram obtidos de acordo com as relações estabelecidas, utilizando-se a notação de VENCovsky (1978), como segue:

$$PM_1 = (1/2) (F_u - F_x - F_y)$$

$$PM_2 = (1/2) (E_u - E_x - E_y)$$

onde:

x e y = caracteres em estudo;

u = $x + y$;

F_x = quadrado médio entre progênies para o caráter x ;

F_y = quadrado médio entre progênies para o caráter y ;

F_u = quadrado médio entre progênies para a soma $u = x + y$;

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

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

E_u = quadrado médio do erro entre parcelas para a soma $u = x + y$;

PM_1 = produto médio entre progênies, entre os caracteres x e y ;

PM_2 = produto médio do erro entre parcelas, entre os caracteres x e y .

A Tabela 6 indica as esperanças matemáticas dos produtos médios obtidos a nível de total de parcelas, e médias de parcelas.

As covariâncias dentro de progênies não foram obtidas.

TABELA 6. Esperança matemática dos produtos médios $E(P.M.)$ nas análises da covariância, a nível de totais de parcelas e médias de parcelas.

F.V.	G.L.	P.M.	$E(P.M.)$
Tratamentos ajustados	gl_1	P_1	$Cov_e + J Cov_p$
Erro intrablocos	gl_2	P_2	Cov_e

sendo Cov_e a covariância ambiental entre parcelas; Cov_p representa a covariância genética entre progênies; J é o número de repetições. Para peso de espigas foram utilizados os dados de totais de parcelas e para os demais caracteres, dados de médias de parcelas.

e. Correlações genéticas e fenotípicas

Os coeficientes de correlação genética aditiva (r_A) e coeficientes de correlação fenotípica (r_F) ao nível de plantas individuais, foram obtidos de acordo com as relações apresentadas por VENCovsky (1978) como segue:

$$r_A = Cov_{A(x,y)} / \sqrt{\hat{\sigma}_{Ax}^2 \cdot \hat{\sigma}_{Ay}^2}$$

$$r_F = \frac{C\hat{O}V_{F(x,y)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{Fx}^2 \cdot \hat{\sigma}_{Fy}^2}}$$

onde:

$C\hat{O}V_{A(x,y)}$ = estimativa da covariância genética aditiva entre os caracteres x e y;

$C\hat{O}V_{F(x,y)}$ = estimativa da covariância fenotípica entre os ca racteres x e y entre progênies;

$\hat{\sigma}_{Ax}^2$ = estimativa da variância genética aditiva para o caráter x;

$\hat{\sigma}_{Ay}^2$ = estimativa da variância genética aditiva para o caráter y;

$\hat{\sigma}_{Fx}^2$ = estimativa da variância fenotípica para o caráter x;

$\hat{\sigma}_{Fy}^2$ = estimativa da variância fenotípica para o caráter y.

Semelhantemente ao que foi proposto para a va riância, temos na covariância a relação:

$$C\hat{O}V_{A(x,y)} = 4 C\hat{O}V_{p(x,y)}$$

f. Progresso esperado com a seleção entre pro
gênies de meios irmãos

De acordo com HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) foram obtidos os ganhos esperados com a seleção, utilizando-se a expressão:

$$G_s = \frac{(1/4) \hat{\sigma}_A^2 \cdot ds}{\hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{J} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{SJ}}$$

onde a notação usada foi identificada anteriormente, com excessão do valor ds que corresponde ao diferencial de seleção.

O diferencial de seleção (d_s) foi utilizado tendo em vista que a seleção não foi truncada. A pressão de seleção entre as progênies foi de 10,2% para as progênies ESALQ PB4 e 14,3% para as progênies ESALQ PB5, com um total de trinta e cinco progênies selecionadas em cada população, correspondendo aos diferenciais de seleção de, respectivamente, 491 g e 337 g. Como informação adicional, foram calculados os ganhos genéticos esperados, no caso de uma seleção truncada, utilizando-se a fórmula:

$$G_s = \frac{(1/4)\hat{\sigma}_A^2 i}{\sqrt{\hat{\sigma}_P^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{J} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{SJ}}}$$

onde "i" corresponde ao diferencial de seleção "estandarizado".

g. Histogramas

As distribuições de frequências das médias dos caracteres foram apresentadas através de histogramas relativos as médias ajustadas de cada caráter.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Análise geral dos dados

Os resultados estatístico experimentais se referem a doze experimentos em látice triplo, instalados na área experimental do Departamento de Genética (ESALQ/USP) e conduzidos durante o ano agrícola de 1984/85.

Nas Tabelas 7 e 8 estão registrados os valores para a eficiência do látice (EFL%) em porcentagem, coeficiente de variação experimental (CVe%) em porcentagem e médias de progênies ($\bar{x}$) para cada experimento individualmente. Os sete primeiros experimentos (1 a 7) correspondem ao composto ESALQ PB4 e os cinco últimos (8 a 12) correspondem ao composto ESALQ PB5.

A eficiência relativa para o delineamento em látice apresenta grande amplitude de variação, tanto entre caracteres como entre experimentos para um mesmo caráter. Para a produção de espigas a variação foi de 100,18% a 140,57%, com média de 116,91%. Na altura da planta, o látice apresentou os maiores valores de eficiência, variando de 104,38% a 167,88%, com média de 133,34%. A altura de inserção da espiga

ga também apresentou altos valores de eficiência, com variação de 100,38% a 165,37%, com média de 128,29%. As menores amplitudes e médias de eficiência, foram obtidas nos dois últimos caracteres: variação de 100,30% a 137,04% com média de 109,80% para o número de ramificações do pendão e variação de 100,05% a 122,57% com média de 109,34% para o número de dias da germinação plena ao florescimento. Não houve diferença sistemática para a eficiência do látice entre os grupos de experimentos relativos as duas populações.

MORÁN (1984) também verificou menores valores para a eficiência do látice para o número de ramificações do pendão em relação aos caracteres peso de espigas, altura da planta e altura da espiga.

Os maiores valores para o coeficiente de variação experimental, foram verificados no peso de espigas. Com exceção de um experimento, onde o coeficiente de variação foi de 21,1 %, todos os demais apresentaram valores menores que 20%. Para o caráter número de ramificações do pendão, o coeficiente de variação mostrou amplitude de 8,3 % a 12,8 %. Os outros caracteres, tiveram coeficientes de variação baixos, com amplitudes de 3,6 % a 5,5 % para a altura da planta; 6,5 % a 8,4 % para a altura da espiga e 2,4 % a 3,1 % relativo ao número de dias para o florescimento. Os valores encontrados estão dentro dos limites citados por outros autores, na região.

As médias de totais de parcelas para produção de espigas ($\bar{X}$), medida em gramas, se mostraram maiores nos experimentos relativos ao composto ESALQ PB5, variando de 2208 g a 2716 g que, em relação aos totais das parcelas testemunhas ($\bar{T}$), corresponderam aos percentuais ($\bar{X}\%$) de 77,82% e 84,47%. Os experimentos relativos ao composto ESALQ PB4, com menores médias de totais de parcelas, variando de 1791 g

a 2569 g, corresponderam aos percentuais ($\bar{X}\%$) de 64,39% e 82,9% em relação a média da testemunha.

Os valores de altura da planta se mostraram bastante uniformes em termos de médias de experimentos, indicando tendência para uma maior altura da planta no composto ESALQ PB5, com média 209 cm, todas acima da testemunha, quando comparado ao composto ESALQ PB4, com média 193 cm e médias de experimentos todas abaixo da testemunha.

Para a altura da inserção da espiga os valores médio são bastante semelhantes entre as duas populações, variando de 99 cm a 107 cm no composto ESALQ PB4 e de 108 a 117 cm no composto ESALQ PB5, com médias tanto acima como abaixo da testemunha em ambos.

As médias para o número de ramificações e dias para o florescimento não mostraram tendência específica, quando comparados os dois compostos. O número de ramificações variou de 21,58 a 25,77 mostrando tendência de valores maiores em relação a testemunha. O número de dias para o florescimento apresenta maior número de médias acima da testemunha, embora próximas dela.

Os quadrados médios relativos às progênes e ao erro intra-blocos, bem como os valores do teste F, por experimento, estão registrados na Tabela 9, para os caracteres peso de espigas, altura da planta e altura da espiga, e Tabela 10, para número de ramificações do pendão e dias para florescimento. O valor F tabelado, em todos os casos, corresponde a 1,53 ao nível de probabilidade de 5%.

Apenas na produção de espigas, não houve significância para diferenças entre progênes nos experimentos 2, 10 e 12. Em todos os demais experimentos, para todos os

caracteres, os valores de F indicam significância.

De acordo com Box¹ considerou-se o valor do quociente entre o maior e o menor quadrado médio do erro dos experimentos, dentro de cada população para cada caráter, para uma visualização da homogeneidade destas variâncias. Em nenhum caso, este valor excedeu a 4 e em apenas um caso excedeu a 3, o que fez considerar válida a realização da análise agrupada dos dados experimentais, para todos os caracteres.

As Tabelas 11 e 12 mostram os resultados relativos a análise agrupada dos experimentos por caráter e por população, indicando os quadrados médios de tratamentos (QMT), quadrados médios do erro (QME), valores do teste F (F), quadrados médios dentro de parcelas (QMD), coeficientes de variação experimental ($CV_e\%$), coeficientes de variação genética ($CV_g\%$), índice de variação " θ " ($\theta = CV_g\%/CV_e\%$), média geral ($\bar{X}$), média geral da testemunha ($\bar{T}$) e porcentagem da média em relação a testemunha ($\bar{X}\%$).

Os quadrados médios de tratamentos e quadrados médios do erro foram obtidos como médias dos respectivos quadrados médios dos experimentos, a nível de totais de parcelas para peso de espigas e de médias de parcelas para os demais caracteres.

Houve significância para os valores de F, ao nível de probabilidade de 1%, para todos os caracteres, nas duas populações.

Os valores do coeficiente de variação experimental são médios para o peso de espigas (13,4 % e 16,4 %)

---

¹ citado por PIMENTEL GOMES (1982).

e número de ramificações do pendão (11,0 % e 11,0 %) e baixos para os demais caracteres: altura da planta (4,4 % e 4,5 %), altura da espiga (6,8 % e 6,6 %) e número de dias para o florescimento (2,4 % e 2,6 %); nestas comparações e nas que se seguem, os valores entre parênteses se referem às populações ESALQ PB4 e ESALQ PB5, respectivamente.

NASPOLINI (1975) encontrou coeficientes de variação experimental de 2,2 % a 2,9 % para o caráter dias de germinação ao florescimento, nos quatro grupos de populações com que trabalhou. GERALDI (1977) trabalhou com coeficientes de variação experimental de 7,4%; 7,0% e 8,7% relativos aos experimentos onde avaliou o número de ramificações do pendão para dois compostos e uma variedade cultivada. O autor destaca a escassez de informações disponíveis e relativas aos caracteres do pendão, explicando que caracteres de alta herdabilidade tendem, também, a apresentar um coeficiente de variação experimental mais baixo.

Através dos valores do coeficiente de variação genética se identificam diferenças de variabilidade entre os dois compostos, que é sensível para os caracteres peso de espigas (10,0 % e 6,2 %), altura da planta (4,6 % e 3,4 %) e altura de espiga (6,7 % e 5,4 %) e muito pequena para o número de ramificações do pendão (10,1 % e 10,9 %) e dias para florescimento (2,5 % e 2,4 %).

O índice de variação θ tem valores que, além de confirmar a situação de variabilidade genética entre os compostos, permite compará-la entre caracteres. O valor de θ indica menor variabilidade genética para o peso de espigas (0,607 e 0,459) e destaca alta variabilidade para altura de planta (1,050) e dias para florescimento (1,034) no composto ESALQ PB4, como maiores, embora todos os demais estejam acima de 0,74.

As médias gerais para peso de espigas ficaram abaixo da média da testemunha, respectivamente, 102,702 e 125,718 g/planta para os compostos ESALQ PB4 e ESALQ PB5 e a amplitude de variação destas médias foi de 54,050 g a 176,450 g e de 79,75 g a 161,45 g por planta, também respectivamente. Para os demais caracteres, os valores se aproximaram das médias da testemunha, o que indica as boas condições agrônômicas dos compostos em relação a altura da planta, altura da espiga e dias para o florescimento.

As condições de calor e umidade foram satisfatórias durante o ciclo das plantas, permitindo um desenvolvimento normal. Praticamente não houve ataque de pragas e, em termos de doenças, apenas algumas espigas isoladas apresentaram-se contaminadas com carvão (*Ustilago maydis* (DC.) Cda.).

O aumento de uma repetição poderá ser considerado para os futuros experimentos no mesmo local, como forma de se reduzir o valor dos coeficientes de variação experimental. No caso presente, o número de graus de liberdade passaria de 78, para 121 em relação ao erro intra-blocos.

5.2. Peso de espigas

As médias de peso de espigas dos compostos ESALQ PB4, ESALQ PB5 e da testemunha Cargill 511, correspondem a uma produção ideal de grãos por hectare, respectivamente, de 4108; 5028 e 5822 quilogramas, considerando um rendimento de 80% de grãos em relação ao peso de espigas, que é próximo do valor obtido através de amostragem (82%), nos dois compostos. Embora abaixo da média da testemunha, os valores de produção dos compostos mostram um desempenho que pode ser considerado muito bom, tendo em vista as razões seguintes: 1. não houve nenhum ciclo de seleção anterior; 2. em

ambas as populações existe um número de médias superiores à testemunha, chegando a alcançar valores correspondentes a 7058 kg/ha (ESALQ PB4) e 6458 kg/ha (ESALQ PB5); 3. a cultivar Cargill 511 é um híbrido duplo comercial, amplamente cultivado na região, estando entre as mais produtivas.

Uma maior variação das médias no composto ESALQ PB4 corrobora o maior valor obtido para o respectivo quadrado médio, da mesma forma que a menor variação do composto ESALQ PB5 está coerente com o menor valor do quadrado médio. A variação observada no composto ESALQ PB5 está contida entre os extremos da dispersão do composto ESALQ PB4, embora seus limites superiores sejam praticamente idênticos, conforme mostra a Figura 1.

Na Tabela 13 são apresentadas, para as duas populações, as seguintes estimativas das variâncias relativas ao peso de espigas: genética entre as famílias (σ_p^2), ambiental entre parcelas (σ_e^2), fenotípica dentro de progênies (σ_d^2), genética aditiva (σ_A^2), fenotípica total entre plantas (σ_F^2) e fenotípica entre famílias (σ_F^2) todas em (g/planta)², a nível de plantas individuais. São indicados, também, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito para plantas individuais (h^2) e para famílias (h_{mi}^2). Todas as estimativas, com exceção das variâncias fenotípicas, tem indicado o valor do desvio padrão bem como o percentual da estimativa que ele representa, caracterizando a precisão do dado.

Os valores das estimativas da variância ambiental entre parcelas 150,483 para ESALQ PB4 e 203,370 para ESALQ PB5, comparam-se aos menores valores encontrados em diversos trabalhos anteriores (Tabela 1), indicando uma maior variação para ESALQ PB5.

Os valores encontrados para as estimativas da variância fenotípica dentro de parcelas (2739,880 e 1704,899) apresentaram coeficientes de variação baixos (7,2% a 7,1%) o que segundo GERALDI (1977) se justifica pelo fato de serem variâncias fenotípicas obtidas diretamente como quadrados médios e não através de operações envolvendo diversos quadrados médios, conforme evidenciam as expressões matemáticas para o cálculo da precisão das estimativas.

As estimativas da variância genética aditiva foram 424,666 e 243,252 (g/planta)², respectivamente, para os compostos ESALQ PB4 e ESALQ PB5 e estão coerentes com aquelas obtidos pelos autores citados (Tabela 1). Quando comparadas à média de noventa e nove estimativas, calculada por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) em 469,1 (g/parcela)², a estimativa para o composto ESALQ PB4 de 424,666 (g/parcela)² se aproxima bastante, ao passo que a estimativa, referente ao composto ESALQ PB5, de 243,252 (g/parcela)² é bem inferior. Por outro lado, os valores obtidos estão bem acima do valor da estimativa da variância genética aditiva, encontrada para o sintético BSSS, de 188,0 (g/parcela)². A precisão das estimativas da variância genética aditiva, correspondentes aos coeficientes de variação 15,6% para ESALQ PB4 e 26,0% para ESALQ PB5, é satisfatória, pois autores diversos (Tabela 1), encontraram coeficientes de variação de 11,0% a 89,1%.

As estimativas da variância dentro de parcelas da produção, em milho, é comumente assumida como mantendo uma relação de 10 para 1 com a variância ambiental entre parcelas, como sugere GARDNER (1963). Para QUEIROZ (1969) a relação de 5 para 1, entre estas variâncias, pareceu mais correta. No presente trabalho, esta relação para ESALQ PB4, foi da ordem de 18 para 1, muito distante daquelas comumente citadas na literatura. Já para ESALQ PB5 a re

lação de 8 para 1 está coerente.

Como o quociente entre a soma de quadrados de cada amostra e a variância dos dados de todas as amostras em conjunto (SQ/σ^2) apresenta uma distribuição de χ^2 , três condições de inclusão das amostras "dentro" foram consideradas e obtidas as estimativas das variâncias fenotípicas dentro de parcelas, como mostra a Tabela 14. Os percentuais definem os limites da distribuição considerados no cálculo das estimativas. Assim, para 100%, são incluídas todas as amostras dentro enquanto para 99% e 95%, são incluídas apenas aquelas cujo valor do χ^2 respectivo, é menor que o valor tabelado para o mesmo percentual. Com este critério se poderia diminuir o risco de inclusão de amostras prejudicadas por acidentes que podem afetar uma ou mais medidas, elevando anormalmente a magnitude da variância.

No caso, as estimativas obtidas e as relações respectivas mostradas na Tabela 14, não indicam redução muito significativa, permanecendo grande a discrepância entre os valores da literatura e os obtidos, mesmo no caso de 95% da distribuição, para ESALQ PB4.

Quando se desdobra a variância fenotípica entre plantas dentro das parcelas, nas suas componentes, é possível se visualizar as possíveis causas que afetam a magnitude da relação entre ela e a variância ambiental entre parcelas. Esta relação pode ser apresentada como

$$\hat{\sigma}_d^2 / \hat{\sigma}_e^2 = \frac{(3/4)\hat{\sigma}_A^2 + \hat{\sigma}_D^2 + \hat{\sigma}_{da}^2}{\hat{\sigma}_e^2}$$

onde σ_D^2 e σ_{da}^2 correspondem, respectivamente, a variância de dominância e variância ambiental entre plantas dentro da parcela. Comparando-se as magnitudes do numerador e dominador,

para as duas populações em questão, fica evidente que ambos contribuem para o aumento do valor da relação na ESALQ PB4, ou seja, nela a variância fenotípica dentro da parcela é maior e a variância ambiental entre parcelas é menor. A partir da influência da variância genética aditiva maior, se coloca, provavelmente, uma variância de dominância também maior. Porém, a determinante mais importante deve estar no alto valor da variância ambiental entre plantas dentro da parcela, pois, por maior que seja a variância de dominância, não deverá estar acima daquele indicado pela estimativa de $3/4$ da variância genética aditiva. Isto sugere, que um aumento do número de plantas avaliadas dentro da parcela, por exemplo dez plantas ao invés de cinco, evitaria uma possível falha de amostragem, levando a um resultado mais confiável. Porém, não é de se esperar que esta amostra maior venha a reduzir a magnitude do quadrado médio dado o elevado número de amostras utilizado. A redução relativamente pequena da estimativa da variância fenotípica dentro, quando se considera 99% ou mesmo 95% da distribuição das amostras, sugere que o provável efeito de amplificação da variância não se deve a parcelas isoladas, mas é inerente às amostras, no seu conjunto.

Um maior valor para as estimativas da variância fenotípica também se evidenciou no composto ESALQ PB4: $2996,530 \text{ (g/planta)}^2$ entre plantas e $201,992 \text{ (g/planta)}^2$ entre progênies; em relação ao composto ESALQ PB5 onde se obtiveram as estimativas de $1969,082 \text{ (g/planta)}^2$ entre plantas e $157,018 \text{ (g/planta)}^2$ entre progênies. A variabilidade entre progênies também pode ser visualizada na Figura 1, correspondente a distribuição das médias de progênies.

Os altos valores das estimativas para a variância fenotípica a nível de plantas, são decorrentes da elevada contribuição da variância fenotípica dentro de parcelas em relação a variância experimental entre parcelas de a

variância genética aditiva entre progênies.

Para a herdabilidade no sentido restrito a nível de plantas, foram obtidos os valores de 14,17% e 12,35%, respectivamente, para os compostos ESALQ PB4 e ESALQ PB5, que são intermediários entre aqueles obtidos por outros autores e que constam da Tabela 1. Não há diferença apreciável entre os dois valores, tendo em vista sua precisão, porém eles confirmam a condição de baixos valores para as estimativas de herdabilidade relativas a produção no milho.

No caso da herdabilidade a nível de médias, também no sentido restrito, a estimativa para o ESALQ PB4 (52,56%) é maior que para o ESALQ PB5 (38,73%) em função do menor valor da estimativa da variância genética aditiva deste último.

Os coeficientes de variação genética indicados na Tabela 10, mostram os valores de 10,0 % para o composto ESALQ PB4 e 6,2 % para o composto ESALQ PB5 sugerindo um melhor potencial do primeiro, para o melhoramento. Em relação à grandeza dos coeficientes de variação genética, obtidos por vários autores (Tabela 1), verifica-se que a estimativa correspondente ao ESALQ PB4 se equipara aos maiores valores, pois somente sete deles estão acima de 10%. Em contraposição, a população ESALQ PB5 teve sua estimativa abaixo da média, embora seja superior a muitos dos valores registrados.

GERALDI (1977) cita como altos, os coeficientes de variação genética com valores acima de 10%, considerando para tanto, que as estimativas encontradas nos experimentos conduzidos no Departamento de Genética raramente excederam este limite de 10% para o caráter de produção. RISSI (1980) encontrou os valores de 6,0 % e 9,2 % para o coefici-

ente de variação genética das sub-populações de Piranão A e Piranão B, respectivamente, e os interpretou como médios em relação as estimativas citadas por RAMALHO (1978) e também constantes da Tabela 1. A conclusão do autor é que estes valores médios indicavam considerável quantidade de variabilidade genética livre. Estas referências permitem avaliar os compostos em estudo como dispendo de ampla variabilidade genética aproveitável pelo melhoramento, destacadamente o composto ESALQ PB4.

Com o valor do índice de variação (θ), podemos comparar o potencial de variabilidade disponível para o melhoramento, independentemente das médias observadas. As estimativas para as populações ESALQ PB4 (0,607) e ESALQ PB5 (0,459) confirmam a presença de elevadas quantidades de variabilidade livre, para o caráter, se comparadas aos valores mostrados na Tabela 1 e tendo em vista que tem sido raros os casos em que estes valores excedem a 0,7 nas avaliações feitas no Departamento de Genética, conforme destaca GERALDI (1977).

No seu conjunto, as estimativas obtidas permitem inferir que a variabilidade genética livre pelo menos não é fator limitante das expectativas de ganho genético por seleção, mostrando-se mesmo como muito promissora para o composto ESALQ PB4, em relação ao caráter produção. Os altos níveis de variabilidade estimados para os demais caracteres também corroboram esta inferência, de maneira indireta.

5.3. Altura da planta

A média de altura da planta para o composto ESALQ PB4 (1927 cm) e ESALQ PB5 (2094 cm) estão abaixo e acima, respectivamente, da média da testemunha (2023 cm) que sendo uma cultivar de porte intermediário, confirma a tendên

cia de planta baixa para as duas populações. Um termo de comparação para estes dados é encontrado nos valores obtidos por RISSI (1980) que encontrou 186 cm e 166 cm para a altura da planta nas duas populações de milho braquítico com que trabalhou.

Na Figura 2 o histograma da distribuição de frequência das médias mostra amplitudes semelhantes para ambos os compostos, porém, as três classes de frequências do limite inferior são exclusivas de ESALQ PB4 e as três do limite superior são correspondentemente, exclusivas de ESALQ PB5. Este último apresenta assim, tendência a maior porte, mesmo porque tem média superior.

Tal como para o peso de espigas, as estimativas das variâncias a nível de plantas e dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito, a nível de planta e a nível de média, constam da Tabela 15, sendo o centímetro a unidade de medida dos dados. A estimativa da variância do erro experimental entre parcelas (33,721 e 33,941) tem valores semelhantes para os dois compostos, em função da precisão das estimativas, com CV%, respectivamente, para ESALQ PB4 e ESALQ PB5 de 13,1 % e 19,7 %.

Para a variância fenotípica dentro de parcelas, as estimativas encontradas para ESALQ PB4 (191,267) e ESALQ PB5 (286,681) são intermediárias entre aquelas obtidas para populações braquíticas (165,930 e 149,850) e para populações normais (311,0 e 287,0) por MIRANDA FILHO (197

As estimativas da variância genética aditiva, 320,387 para ESALQ PB4 e 202,813 para ESALQ PB5, estão coerentes com os resultados obtidos por diversos autores, como mostra a Tabela 2.

GHINI e MIRANDA FILHO (1979) encontraram o valor de 313,0 para a variância genética aditiva relativa a altura da planta na população ESALQ PB1. Para comparação com outros resultados, consideraram um fator " k^2 " de ajuste para a variância, correspondente a uma diferença " k " entre as mêdias respectivas e, concluíram que a variância obtida era relativamente alta. A mesma conclusão se aplica aos resulta- dos presentes, tendo em vista que as médias são menores que aquela por eles considerada, em relação ao ESALQ PB1 (2,31 m). Destaque especial pode ser dado a população ESALQ PB4, que com a menor média possui a maior variância.

Quando se comparam os valores estimados à mêdia de quarenta e cinco estimativas, calculada por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) a nível de média de parcelas em centí- metros, para a variância genética aditiva (212,9), o compos- to ESALQ PB4 (320,4) tem valor bem mais elevado ao passo que EASLQ PB5 (202,8) está próximo dela. O coeficiente de varia- ção da estimativa média dos autores foi de 24,24%, enquanto para os resultados presentes foi de 10,16% e 15,16%, respec- tivamente, para ESALQ PB4 e ESALQ PB5.

Contrariando a tendência geral de estimativas de maior valor na população ESALQ PB4, para a variância fenotípica ela foi menor (305,085) alcançando o valor maior para ESALQ PB5 (371,326). Esta situação de maior variação para este último, também pode ser visualizada nos histogramas da Figura 2, onde as médias ESALQ PB5 tem distribuição mais ir- regular. O valor mais alto da variância dentro de parcelas foi a responsável por esta situação. Para a estimativa do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, a nível de plantas, no ESALQ PB4 encontrou-se o valor 105%.

RISSI (1980) calculou valores de 118,28% e

167,27%, respectivamente, para as sub-populações A e B de milho Piranão, relativos ao coeficiente de herdabilidade para a altura da planta a nível individual. Citando QUEIROZ (1969) aquele autor considera como causa possível dos valores acima de 100%, a presença de erro sistemático na avaliação das plantas. No caso específico do Piranão, o primeiro autor cita a presença de plantas normais, devido a contaminação pelo alelo Br-2, como causa possível destas superestimativas de herdabilidade. Comparando as estimativas da herdabilidade com aquelas obtidas para o coeficiente de correlação intraclasse, RISSI (1980) verificou que foram maiores que 0,25 e concluiu que houve avaliação defeituosa em relação as estimativas da variação genética entre progênes e/ou variância fenotípica dentro de parcelas.

No caso presente, a condição determinante da estimativa de 105% para o coeficiente de herdabilidade do composto ESALQ PB4 se deve aos valores relativamente altos da variância de progênes e relativamente baixos da variância fenotípica dentro de parcela, quando comparados com as mesmas estimativas obtidas para ESALQ PB5. A estimativa de 54,62% para o coeficiente de herdabilidade da população ESALQ PB5, está coerente com os dados da literatura. MIRANDA FILHO (1978) encontrou o valor de 62,74% para a população ESALQ PB1 e GHINI e MIRANDA FILHO (1979) apresentam o valor de 72,07% na mesma população ESALQ PB1, após dois ciclos de seleção, para o coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, a nível de plantas.

Para o coeficiente de herdabilidade entre médias de progênes, as estimativas foram 76,95% para ESALQ PB4 e 62,50% para ESALQ PB5, valores considerados altos e portanto, convenientes para a seleção entre famílias. MIRANDA FILHO (1978) e GHINI e MIRANDA FILHO (1979) encontraram os valores de 53,14% e 74,46%, respectivamente, para a popu-

lação ESALQ PB1 em dois níveis de melhoramento. HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) apresentam o valor médio de 56,9% relativo a quarenta e cinco estimativas de coeficientes de herdabilidade a nível de progênies.

Tanto a maior estimativa da variância de progênies como a menor média relativas ao composto ESALQ PB4 garantem o maior coeficiente de variação genética (4,64%) em relação ao ESALQ PB5 (3,40%). Estes valores confirmam o maior potencial do ESALQ PB4 para o melhoramento, em termos de variabilidade disponível.

Finalmente, o índice de variação (θ) caracteriza ambos os compostos como altamente promissores para o melhoramento em relação ao caráter, sendo de 1,050 para ESALQ PB4 e 0,746 para ESALQ PB5.

Embora a seleção para altura da planta não seja considerada nesta primeira etapa, o conhecimento das propriedades genéticas das populações, para este caráter, fornece subsídios para sua adoção em ciclos futuros. A importância da redução do porte das plantas nas modernas cultivares de milho tem sido justificada pela correlação observada entre esta característica e o acamamento, que sendo positiva, aumenta as perdas na colheita para as populações de maior porte, como comentam LIMA e PATERNIANI (1977). Um segundo aspecto da seleção para menor altura é viabilizar o plantio em espaçamentos mais reduzidos, levando a uma maior produtividade por área. Vale ainda considerar a relação entre os pesos de matéria seca relativa a planta como um todo e o peso de grãos (índice de colheita), que deve mostrar um valor mais conveniente quando se pratica o melhoramento para menor porte, sem perda da produtividade. JAIN *et alii* (1976) consideram que a preocupação com o índice de colheita, para o melhoramento do milho nos trópicos, tem sido pequena. A in-

clusão do critério de altura da planta na seleção, indiretamente, pode levar a obtenção de plantas com maior eficiência fisiológica para a produção de grãos.

5.4. Altura de inserção da espiga

A Figura 3 mostra o histograma da distribuição de frequência das médias de altura da espiga nos dois compostos. Da mesma forma que para altura da planta, o composto ESALQ PB5 apresentou tendência para maior altura da espiga, com média de 113 cm em relação ao composto ESALQ PB4, com média 104 cm, sendo este último equivalente ao valor apresentado pela testemunha (102 cm). Nova classes de frequência do total de treze da amplitude de variação do ESALQ PB5, estão acima da média da testemunha, representando 94,7% das médias ajustadas consideradas, dando origem a uma distribuição bastante as simétrica. Para ESALQ PB4, a distribuição é mais simétrica e sugere maior variabilidade para o caráter, com cerca de 45% das médias ajustadas consideradas, situadas em classes de frequência abaixo da média da testemunha.

Na Tabela 16 estão registradas as estimativas das variâncias e coeficientes de herdabilidade para a altura de inserção da espiga. Os valores obtidos estão coerentes com aqueles registrados na literatura. Para a variância ambiental entre parcelas, as estimativas obtidas são inferiores às registradas por MIRANDA FILHO *et alii* (1974) estudando dois compostos, um dentado e outro flint. RISSÉ (1980) também encontrou valores baixos para a variância do erro, sen do um deles negativo. A precisão para as estimativas da variância ambiental entre parcelas (16,1 % e 19,3 %) permitem verificar a semelhança destas variâncias para os dois compos tos. Estimativas para a variância genética aditiva, foram obtidas com boa precisão (2,1 % e 2,8 %) e indicaram diferenen

ças entre o composto ESALQ PB4 (194,84) e ESALQ PB5 (151,693) caracterizando uma maior variabilidade para o primeiro.

Na Tabela 2, as estimativas das variâncias genéticas aditivas de diversas fontes, mostram que os valores obtidos não podem ser considerados altos, estando no nível daqueles apresentados por GHINI e MIRANDA FILHO (1979) para a população ESALQ PB1. HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) considerando cinquenta e duas estimativas, calcularam a média correspondente a $152,7 \text{ (cm/planta)}^2$ para a variância genética aditiva, valor semelhante a da população ESALQ PB5 e abaixo do relativo a ESALQ PB4.

O valor das estimativas dos coeficientes de herdabilidade, tanto ao nível de planta quanto ao nível de progênes são altos, respectivamente, 86,29% e 74,11% para ESALQ PB4 e 65,56% e 67,00% para ESALQ PB5, concordando com os resultados registrados na literatura. Estes valores, são maiores que para a altura da planta, da mesma forma que HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) verificaram pelas médias das estimativas: 66,2% (52 estimativas) e 56,9% (45 estimativas), respectivamente, para altura da espiga e altura da planta. MIRANDA FILHO *et alii* (1974) estudando dois compostos, estimaram coeficientes de herdabilidade de 71,7% e 49,5%, respectivamente, para a altura da planta e altura da espiga no Composto Dentado e, 66,6% e 76,8%, também respectivamente para os caracteres citados, no Composto Flint. Portanto, a relação de grandeza do coeficiente de herdabilidade entre os caracteres altura da planta e altura da espiga, não pode ser generalizado, pois varia de uma população para outra.

Os valores relativos ao coeficiente de variação genética (Tabela 10) mostram uma possibilidade de maior variabilidade genética disponível para o melhoramento em re-

lação a altura da espiga, comparada a altura da planta. A estimativa para o coeficiente de variação genética no composto ESALQ PB4 foi de 6,72% e de 5,44% para ESALQ PB5. Do mesmo modo valor do índice de variação (θ) é maior para o ESALQ PB4 (0,977) em relação ao ESALQ PB5 (0,823) confirmando a maior variabilidade livre do primeiro.

Apesar das estimativas da variância genética aditiva não terem se mostrado altas em relação aos resultados da literatura, os valores correspondentes ao coeficiente de herdabilidade, coeficiente de variação genética e índice de variação θ , indicam ampla possibilidade de melhoramento, em ambas as populações, visando diminuir a altura de inserção da espiga. Em especial, no caso do composto ESALQ PB4, que apesar da menor média apresenta a maior variância, esta possibilidade se destaca.

A alta correlação entre altura de espigas e altura da planta, permite que a preocupação de seleção se verifique com apenas um destes caracteres, aproveitando-se o efeito positivo da resposta correlacionada sobre o outro.

5.5. Número de ramificações do pendão

As médias para o número de ramificações do pendão (23,91 para ESALQ PB4 e 24,25 para ESALQ PB5) foram maiores do que as obtidas por GERALDI (1978) avaliando dois compostos e a variedade Centralmex. ANDRADE e MIRANDA FILHO (1979) estudando a população ESALQ PB1 e MORÁN (1984) duas populações de sintéticos, também obtiveram valores menores que os relativos aos compostos em estudo. Os valores maiores em relação a testemunha, confirmam a tendência de maior número de ramificações das duas populações.

Na Figura 4, o histograma da distribuição de frequências das médias, indica uma amplitude para o número de ramificações do pendão semelhante entre as duas populações, porém, os limites são menores para a população ESALQ PB5 e a frequência das classes mostra uma maior dispersão.

As estimativas para as variâncias e os coeficientes de herdabilidade constam da Tabela 17. Entre as parcelas, as estimativas da variância ambiental foram baixas, incluindo o valor zero no caso do ESALQ PB-5 (-0,166) quando considerado o coeficiente de variação de 332%. Para ESALQ PB4 a estimativa (0,637) foi positiva mas baixa, o que acarreta uma precisão também baixa (69,1 %).

Contrariando a tendência geral das demais estimativas para os outros caracteres, o composto ESALQ PB5 apresentou valores mais altos para o número de ramificações do pendão, em relação ao ESALQ PB4. As estimativas da variância genética aditiva no ESALQ PB4 e no ESALQ PB5, respectivamente 23,602 e 28,170, estão próximas ou mais altas que as de maior valor obtidas por diversos autores, conforme mostra a Tabela 3. As diferenças entre as duas estimativas obtidas para os dois compostos não são estatisticamente significativas, quando se consideram os seus coeficientes de variação (10,9 % e 12,4 %) que são menores que os obtidos por MÓRAN (1984) de 21,6% e 17,1%.

A variância fenotípica maior para ESALQ PB5 (43,846) do que para ESALQ PB4 (38,405) está coerente com o aspecto do histograma de distribuição de frequências das médias, mostrados na Figura 4.

Também na Tabela 3, constam os coeficientes de herdabilidade, obtidos por autores diversos. Os valores encontrados para este coeficiente são semelhantes nas popula

ções ESALQ PB4 (61,77%) e ESALQ PB5 (64,25%) e se aproximam dos valores mais altos, citados por GERALDI (1978), ANDRADE e MIRANDA FILHO (1979) e SOUZA JUNIOR (1980). Os coeficientes de herdabilidade a nível de progênies tiveram estimativas de maior valor, sendo 71,75% para ESALQ PB-4 e 74,51% para ESALQ PB-5, mas guardam a mesma relação de semelhança entre si.

Para o coeficiente de variação genética foram encontradas estimativas de 10,1% para ESALQ PB-4 e 10,9% para ESALQ PB-5. Os valores obtidos são superiores ao relatado por GERALDI (1978) que referindo-se a uma estimativa de 8,3% para o coeficiente de variação genética do número de ramificações do pendão, concluiu ser o caráter bastante variável. Quando considerados valores encontrados por MÓRAN (1984), os relativos aos dois compostos em estudo, são intermediários.

O índice de variação (θ) foi de 0,920 para o composto ESALQ PB4 e 0,937 para o composto ESALQ PB5, sendo superiores aos obtidos por MORÁN (1984) que juntamente com as altas estimativas para o coeficiente de variação genética sugerem a existência de grande quantidade de variabilidade livre disponível para a seleção do caráter. GERALDI (1977) levando em conta a estimativa média de 1,08 para o índice de variação (θ) relativo ao número de ramificações do pendão, considera a quantidade de variabilidade genética entre progênies bem superior aquela indicada pelo mesmo índice (média de 0,45) para produção.

No milho existe uma produção de pólen aparentemente muito maior que as necessidades da polinização. A ampla variabilidade genética das características do pendão e as evidências da sua importância na eficiência de produção das plantas, recomendam sua consideração no melhoramento. GE

RALDI *et alii* (1985) destacam a conveniência da prática de seleção para os caracteres do pendão, destacadamente seu tamanho e número de ramificações, visando melhorar a eficiência da planta para produção de grãos, especialmente quando em altas densidades de plantio.

Os valores dos coeficientes de correlação genética aditiva encontrados entre o peso de espigas e o número de ramificações do pendão em ESALQ PB4 e ESALQ PB5 não estimulam a prática da seleção para menor número de ramificações do pendão nesta primeira etapa do melhoramento. Cabe destacar, porém, a tendência desta correlação apresentar este coeficiente alto e de sinal negativo, em condições de ambiente menos favorável (GROGAN, 1956). Desta forma, a preocupação com a seleção para características do pendão deverá estar presente ao longo do processo de melhoramento, na expectativa de se obter cultivares que tenham produtividade menos afetada por eventuais condições de ambiente desfavorável.

5.6. Número de dias para o florescimento

A Figura 5 mostra o histograma da distribuição de frequência das médias para o número de dias do florescimento. O composto ESALQ PB4 com maior média (54,95) também apresenta uma maior amplitude de distribuição e o mesmo limite inferior (49,59) em relação ao ESALQ PB5 (53,37). A média da testemunha (54,70) está próxima a ESALQ PB4 e é superior a ESALQ PB5. Uma tendência a maior precocidade para ESALQ PB5, em relação a ESALQ PB4, se identifica tanto pela sua menor média, como pela alta frequência de progênies mais precoces. Em relação à média da testemunha, ESALQ PB5 apresenta oito classes de frequência de progênies mais precoces, correspondendo a 73,1% do total das progênies, ao passo que ESALQ PB4, na mesma condição, apresenta 38,7% de progênies mais preco-

ces, nas classes abaixo da testemunha.

O aumento de interesse por materiais precoces no Brasil, valoriza populações como ESALQ PB5, com bom potencial de melhoramento para a precocidade de florescimento. Como o número de dias do florescimento à maturação é menos variável, a precocidade de florescimento supõe possibilidade de antecipação de colheita.

Uma das perspectivas das cultivares mais precoces, é permitir boas colheitas mesmo em anos onde o plantio se atrasa, devido a falta de chuvas. Outra vantagem está na possibilidade de se conciliar o plantio de uma segunda cultura, ainda dentro do período climático favorável. No caso das áreas de menor latitude e mesmo nos estados do Paraná e São Paulo, duas culturas de milho por ano, apresentam boas chances de sucesso, quando se utiliza cultivares precoces. O problema que se coloca é a tradicional menor produtividade das cultivares precoces, de uma maneira geral. No caso dos compostos em estudo, os baixos valores dos coeficientes de correlação da produção com o florescimento, não indicam esta tendência, permitindo considerar a possibilidade de melhoramento buscando uma cultivar precoce de alta produtividade. Se a arquitetura da planta for melhorada no sentido de permitir uma maior população de plantas por área, o aumento da produtividade será alcançado por duas vias, sem prejuízo da precocidade.

NASPOLINI (1975) estudando várias populações de híbridos simples, híbridos duplos, variedades e compostos, obteve valores médios de 74,25 ; 73,20; 74,60 e 72,22 dias para o período de dias do plantio até a emergência dos estigmas, considerada uma amostra dentro de parcelas.

Na Tabela 18 estão os resultados das estimati

vas das variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade, todas a nível de média. Ressalte-se que a avaliação a nível de plantas dentro de parcelas não foi feita.

HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) citam as médias (48 estimativas) de 4,0% e 57,9% para a variância genética aditiva e o coeficiente de herdabilidade, respectivamente, relativas ao caráter dias para o florescimento. Os valores aqui encontrados para a variância genética aditiva de 7,936 para ESALQ PB4 e 6,706 para ESALQ PB5 e de 76,18% e 70,97% para o coeficiente de herdabilidade, respectivamente, estão bem acima das médias dos autores citados, porém, abaixo das registradas por eles para a variância genética aditiva (15,0) no sintético BSSS e por HALLAUER (1965) relativos a linhagens endogâmicas, progênies F1 e retrocruzamentos, onde a amplitude para este parâmetro teve estimativas de 6,36 a 22,73.

Os valores relativamente baixos para o coeficiente de variação genética (Tabela 10) se devem ao alto valor da média do número de dias para o florescimento, em relação ao período do início ao final do florescimento, que caracteriza a variabilidade do caráter. Assim, estas estimativas não podem ser diretamente comparadas àquelas relativas a caracteres que tem médias e amplitudes de variação não tão discrepantes.

O índice de variação (θ) para os compostos ESALQ PB4 e ESALQ PB5, respectivamente, 1,034 e 0,902 não apresentam o efeito das médias, indicando a presença de altas quantidades de variabilidade genética livre nas duas populações.

O trabalho de PATERNIANI (1969) sugere a existência de ampla variabilidade genética para o florescimento em populações de milho. O autor conseguiu o isolamento re-

produtivo de duas sub-populações, através da seleção disruptiva para época do florescimento, a partir de uma população original, em poucos ciclos de seleção.

Um critério mais objetivo na obtenção dos dados, a exemplo dos procedimentos adotados por GIESBRECHT (1960), HALLAUER (1965) e NASPOLINI (1975) poderia resultar em melhor caracterização dos parâmetros relativos ao florescimento identificando, mais precisamente, a ampla variabilidade de do caráter.

5.7. Correlação entre caracteres

Na Tabela 19 estão os valores relativos aos produtos médios de progênies (PMT) e do erro experimental (PME) para os dois compostos em estudo, correspondentes a todas as combinações possíveis, dois a dois, entre os cinco caracteres avaliados.

A Tabela 20 mostra as estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva (r_A) e correlação fenotípica (r_F) entre progênies para todos os caracteres estudados.

Entre o peso de espigas e a altura da planta, para o composto ESALQ PB4, o coeficiente de correlação genética aditiva (-0,193) foi negativo e de baixo valor, ao passo que o coeficiente de correlação fenotípica (0,022) embora positivo, também foi muito baixo. Para o composto ESALQ PB5 ambos os valores foram positivos, com o coeficiente de correlação genética aditiva (0,383) bem maior que o coeficiente de correlação fenotípica (0,169) porém, sendo ambos de baixa magnitude.

Para a correlação entre o peso de espigas e a altura da espiga, o coeficiente de correlação genética aditiva (0,330) e o coeficiente de correlação fenotípica (0,301) para ESALQ PB4, foram bem superiores aqueles correspondentes na correlação peso de espigas e altura de plantas. No ESALQ PB5 os valores foram muito baixo e negativo para o coeficiente de correlação genética aditiva (-0,010) e positivo, porém baixo para o coeficiente de correlação fenotípica (0,138).

O peso de espigas e número de ramificações do pendão, apresentaram coeficientes de correlação muito baixos, positivos para ESALQ PB4 (0,070 e 0,104) e negativos para ESALQ PB5 (-0,094 e -0,060).

GERALDI (1977) não obteve valores significativos para os coeficientes de correlação genética aditiva entre produção e número de ramificações do pendão no composto Dentado Branco, enquanto no composto Flint Branco houve significância tanto para o coeficiente genético quanto fenotípico e na variedade Centralmex, apenas o coeficiente de correlação genética aditiva mostrou-se significativo, sendo todos valores negativos. Utilizando o valor médio entre as populações, o autor considera consistente a correlação negativa. MORAN (1984) também encontrou valores baixos para as correlações envolvendo o peso de espigas e os caracteres de altura da planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão, obtendo significância apenas para a correlação fenotípica entre o peso de espigas e os caracteres altura da planta e altura da espiga, a nível de média, nas populações de sintéticos com que trabalhou.

VERA e CRANE (1970) analisando duas subpopulações endogâmicas de cruzamentos diferentes, verificaram não haver correlação significativa entre a seleção para espigas

de inserção mais baixas e respostas na produção de grãos. Por outro lado RISSI (1980) encontrou valores positivos e relativamente altos para os coeficientes de correlação genética aditiva entre o peso de espigas e altura da planta e entre o peso de espigas e altura da espiga, nas duas subpopulações de Piranão, já referidas.

SOUZA JUNIOR *et alii* (1980) estudando a população de polinização livre Suwan, estimaram em 0,282; -0,030 e -0,441 os coeficientes de correlação genética aditiva entre o peso de grãos e altura de planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão, respectivamente. Para o coeficiente de correlação fenotípica entre progênies de meios irmãos, os mesmos autores, encontraram os valores 0,360; 0,097 e -0,318, também respectivamente, entre o peso de grãos e altura da planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão.

A baixa correlação entre a produção de planta e os caracteres de altura da planta e altura da espiga, confirmam a possibilidade de se fazer a seleção para maior produção sem afetar a arquitetura da planta, seriamente, conforme já destacou CRISÓSTOMO (1978).

Para a correlação entre o peso de espigas e o número de ramificações do pendão, os baixos valores dos coeficientes encontrados podem ser devidos a ausência de condições desfavoráveis durante o ciclo das plantas, conforme destacam JOSEPHSON e KINCER (1962). Também GERALDI (1977) aborda este aspecto, citando a importância da densidade de plantio na evidênciação destes coeficientes, verificada em trabalhos realizados por BUREN e ANDERSON (1970) e MOCK e BUREN (1972). Em termos da importância aplicada das correlações do número de ramificações do pendão, GERALDI (1977) concluiu em seu estudo que o elevado coeficiente de herdabilidade asso

ciado ao valor negativo e também alto do coeficiente de correlação genética aditiva para o caráter número de ramificações do pendão em relação ao peso de espigas, permite melhorar a produção de grãos através da seleção indireta.

O coeficiente de correlação genética aditiva entre o peso de espigas e dias para o florescimento para ESALQ PB4 (0,297) e ESALQ PB5 (0,242) embora baixos, foram indicativos. O coeficiente de correlação fenotípica para ESALQ PB4 (0,131) maior que para ESALQ PB5 (0,044) também foi baixo.

Tanto o coeficiente de correlação genética aditiva quanto o coeficiente de correlação fenotípica entre altura da planta e altura da espiga, mostraram valores altos: 0,817 e 0,809 para ESALQ PB4 e 0,784 e 0,765 para ESALQ PB5, respectivamente, concordando com os valores registrados na literatura. GHINI e MIRANDA FILHO (1979) encontraram 0,840 para o coeficiente de correlação genética aditiva entre a altura da planta e a altura da espiga na população ESALQ PB1. MORÁN (1984) obteve os valores de 0,981 e 1,044 para o coeficiente de correlação genética aditiva, nos sintéticos que estudou. SOUZA JUNIOR *et alii* (1980) no milho Suwan, encontraram os valores de 0,742 e 0,744, respectivamente, para o coeficiente de correlação genética aditiva e coeficiente de correlação fenotípica entre a altura da planta e a altura da espiga.

Na correlação entre altura da planta e número de ramificações do pendão, o valor dos coeficientes são positivos para ESALQ PB4, tanto o coeficiente de correlação genética aditiva (0,193) quanto o coeficiente de correlação fenotípica (0,210), embora baixos. No composto ESALQ PB5 o coeficiente de correlação genética aditiva foi negativo (-0,127) e o coeficiente de correlação fenotípico (0,001) muito baixo.

Entre os caracteres de altura da planta e dias para o florescimento, tanto o coeficiente de correlação genética aditiva quanto o coeficiente de correlação fenotípica foram positivos. Os maiores valores foram correspondentes à correlação genética aditiva: 0,498 e 0,499 e os menores à correlação fenotípica: 0,367 e 0,315; em ambos os casos, respectivamente, para os compostos ESALQ PB4 e ESALQ PB5.

Para a correlação entre a altura da espiga e o número de ramificações do pendão, se encontrou valores indicativos e coincidentes de 0,308, para os coeficientes de correlação genética aditiva e correlação fenotípica no composto ESALQ PB4 ao passo que no composto ESALQ PB5, eles apresentaram valores muito baixos. MORÁN (1984) obteve um valor negativo (-0,269) para o sintético flint e um valor positivo (0,389) para o sintético dentado; relativos ao coeficiente de correlação genética aditiva. SOUZA JUNIOR *et alii* (1980) na variedade Suwan obtiveram valores negativos entre o número de ramificações do pendão e altura da planta: -0,184 e -0,111; e altura da espiga: -0,062 e -0,037; respectivamente, para o coeficiente de correlação genética aditiva e coeficiente de correlação fenotípica.

Entre os caracteres altura da espiga e dias para o florescimento, houve valores relativamente altos para os coeficientes de correlação genética aditiva, respectivamente, 0,705 e 0,572, para os compostos ESALQ PB4 e ESALQ PB5, ao passo que para os coeficientes de correlação fenotípica encontrou-se 0,522 e 0,378, também, respectivamente.

A correlação entre o número de ramificações do pendão e dias para o florescimento apresentou coeficientes com valores indicativos para as duas populações, embora baixos.

5.8. Progresso esperado por seleção

As Tabelas 21 e 22, indicam as progênies selecionadas dentro dos experimentos, com a média ajustada ($\bar{X}_{aj}$), ordem de classificação entre as dez maiores médias ajustadas de cada experimento (OC), média não ajustada ($\bar{X}$), número médio de plantas por parcela (Stand), média das parcelas testemunhas nos experimentos ($\bar{T}$), porcentagem da média da testemunha correspondente a média selecionada ($X\%$) e identificação da origem da progênie (Origem). A seleção foi feita em função do peso de espigas, para os compostos ESALQ PB4 e ESALQ PB5, respectivamente, Tabelas 21 e 22.

As médias selecionadas pertencem ao conjunto das dez maiores médias de cada experimento, do qual foram eliminadas aquelas com menor número de plantas por parcela e/ou menor percentual de produção em relação a média da testemunha, consideradas as repetições, individualmente.

Para o composto ESALQ PB4, as trinta e cinco médias selecionadas representam 10,2% do total das progênies; para o composto ESALQ PB5 também trinta e cinco médias foram selecionadas e correspondem a 14,3% do total das respectivas progênies.

A Tabela 23 mostra os valores do progresso esperado, para os níveis de seleção citados, em valor absoluto (Gs) e em percentual da média (Gs%), calculado em função de uma seleção truncada e não truncada. No primeiro caso foram utilizados os diferenciais de seleção estandarizados 1,755 e 1,600 correspondentes aos valores tabelados para 10,2% e 14,3% de seleção, respectivamente, para ESALQ PB4 e ESALQ PB5. No segundo caso, utilizaram-se os diferenciais de seleção de 491 g e 337 g, respectivamente, para ESALQ PB4 e ESALQ PB5. As médias selecionadas não correspondem àquelas de

maior valor para cada experimento, porque se levou em conta também o número de plantas por parcela e o porcentual relativo a testemunha, a nível de repetição. As diferenças observadas entre os dois sistemas de cálculo foram muito pequenas; permitindo verificar que o procedimento usado não afetou de maneira sensível o ganho genético esperado com a seleção truncada típica.

Para o composto ESALQ PB4 o progresso esperado é de 261 g na média das progênes, correspondente ao progresso porcentual esperado de 12,71%. Estes valores fazem prever a elevação da média de progênie de 2054 g para 2315 g, o que corresponderia, em termos de quilogramas de grãos, por hectare, a elevar a produtividade de 4108 kg para 4630 kg, mantidas as mesmas condições de cultivo e ambiente dos experimentos. O progresso esperado para o composto ESALQ PB5 é de 133 g na média das progênes, correspondendo ao ganho porcentual esperado de 5,30%, elevando a média das progênes de 2514 g para 2647 g. Em quilogramas de grãos por hectare, significaria elevar a produtividade de 5028 kg para 5294 kg, também, mantidas as mesmas condições de ambiente dos experimentos.

Os resultados da literatura permitem considerar como muito promissores os indicadores obtidos. GERALDI (1977) selecionando dois compostos e a variedade Centralmex, encontrou progressos esperados variando de 1,34% a 3,90% para o esquema de seleção entre (20%) e dentro (10%) de progênes de meios irmãos para ambos os sexos. MIRANDA FILHO (1979) avaliando famílias de meios irmãos da população ESALQ PB1 no segundo ciclo de seleção, calculou progresso esperado da ordem de 3,5% para a seleção entre progênes. SOUZA JUNIOR (1983), entre outros, utilizou o método de seleção entre progênes de meios irmãos para a população ESALQ PB1 e a variedade BR-105, usando sementes remanescentes e com a sele

ção baseada no teste de progênies interpopulacionais. O progresso esperado foi de 9,21% e 6,76% para médias de 2360 g e 2257 g (20 plantas), respectivamente, para a população ESALQ PB1 e variedade BR-105.

Assim, os progressos esperados evidenciam o maior potencial do composto ESALQ PB4 para o melhoramento, confirmando a importância do alto potencial de variabilidade genética no sucesso da seleção. Embora com menor potencial o composto ESALQ PB5 ainda é altamente promissor, tanto em função da sua maior média, como do próprio progresso esperado porcentual em relação aqueles obtidos por outros autores, embora com critérios não exatamente comparáveis. Em termos de quilogramas por hectare, a diferença entre as médias de produção dos dois compostos originais era de 920 kg que, se comparada a diferença de 664 kg entre as médias projetadas em função do progresso calculado, indica a capacidade de ganhos muito significativos do composto ESALQ PB4, mesmo em termos absolutos.

A Tabela 24 mostra os valores das respostas correlacionadas em valor absoluto (RC) e em porcentual das médias respectivas (RC%) para ESALQ PB4 e ESALQ PB5. A pequena influência da seleção para o peso de espigas sobre os demais caracteres, identificada nas respostas correlacionadas, se explica pelos baixos coeficientes de correlação genética aditiva já referidos. Assim, ao progresso esperado de 12,71% para ESALQ PB4 correspondem respostas correlacionadas de 1,14%; 2,80%; 0,91% e 0,95% sendo a primeira negativa e as demais positivas, respectivamente, para altura da planta, altura da espiga, número de ramificações do pendão e dias para o florescimento. O ganho genético esperado de 5,30% relativo ao ESALQ PB5 determina respostas correlacionadas de 1,10%; 0,09%; 0,09% e 0,49% também, respectivamente, para os caracteres citados, sendo negativos o segundo e o terceiro

porcentuais.

Com os coeficientes de correlação genética aditiva e os valores de respostas correlacionadas obtidos e mais ainda o fato de ser a presente seleção, a primeira que se pratica em ambas as populações, fica plenamente justificado o procedimento de seleção para produção. Esta opção não traduz despreocupação com os demais caracteres, mas apenas uma prioridade definida para o primeiro ciclo de seleção, portanto, não se pretende fazer estritamente seleção para produção, na forma criticada por DONALD (1968).

O estudo das duas populações em paralelo, tem em vista um programa mais amplo, que supõe o estudo do melhoramento tanto intrapopulacional, como interpopulacional. Neste sentido, o presente trabalho fornece as primeiras informações básicas a respeito das propriedades genéticas dos dois compostos.

6. CONCLUSÕES

- A produtividade dos dois compostos se mostrou satisfatória, representando 72,67% e 83,92% da média da testemunha, respectivamente, para o ESALQ PB4 e ESALQ PB5.
- O composto ESALQ PB4 mostrou maior potencial genético para o melhoramento, com maiores coeficientes de variação genética (CVg) e índices de variação (θ) para os caracteres: peso de espigas, altura da planta e altura da espiga. Para o número de ramificações do pendão e dias para o florescimento não houve diferenças sensíveis entre os dois compostos.
- A baixa estimativa para o coeficiente de herdabilidade (h^2) a nível de planta, para a produção de espigas, sugere a maior ênfase da seleção entre progênies, ao passo que para os demais caracteres o alto valor desta estimativa recomenda a seleção dentro de progênies, por ocasião da obtenção das famílias de meios irmãos.
- Os baixos valores dos coeficientes de correlação genética aditiva entre o peso de espigas e os demais caracteres, justificam a seleção exclusiva para a produção entre as progê

nies, sem prejuízo para os demais caracteres, como indicam os valores obtidos para as respostas correlacionadas correspondentes.

- A baixa correlação entre o peso de espigas e o número de ramificações do pendão, sugerida pelos coeficientes encontrados, não recomenda a seleção imediata para este caráter. A ausência de condições adversas à planta durante o ciclo vegetativo deve ter condicionado os baixos coeficientes de correlação.
- O bom potencial genético relativo ao número de dias para o florescimento e o baixo valor da resposta correlacionada com a produção de espigas, abrem a possibilidade de seleção de populações mais precoces, sem prejuízo do progresso em produção.
- O progresso genético esperado para o composto ESALQ PB4 tende a compensar sua menor média original em relação ao ESALQ PB5, dando a ele a melhor perspectiva de melhoramento em relação a produtividade, no médio prazo.
- Com a maior média original e um aceitável potencial genético para o melhoramento, o composto ESALQ PB5, deverá apresentar melhores resultados a curto prazo em relação ao melhoramento para produtividade.
- Os percentuais de progresso esperado e as médias originais relativamente altas, colocam os dois compostos como muito promissores para programas de melhoramento intrapopulacional e abrem perspectivas para os métodos interpopulacionais.

7. LITERATURA CITADA

- ALLARD, R.W., 1971. *Princípios do Melhoramento Genético das Plantas*. Tradução de A. Blumenschein e outros. Ed. Edgard Blucher Ltda. São Paulo. 381 p.
- ANDRADE, J.A.C. e J.B. MIRANDA FILHO, 1979. Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres do pendão na população ESALQ PB-1 de milho. *Rel. Cient. I. Gen.*, Piracicaba, 13: 15-21.
- BARBIN, D., 1975. Variância e covariância dos componentes de variância no modelo de classificação hierárquico. Publicação do Departamento de Matemática e Estatística, ESALQ/USP. Piracicaba, 8 p. (mimeografado).
- CAMPOS, M.S., 1966. Efeitos da seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos em duas populações de milho. Piracicaba, ESALQ/USP, 42 p. (Dissertação de Mestrado).
- CARMO, C.M., 1969. Avaliação de meios irmãos em populações heterogêneas de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 48 p. (Dissertação de Mestrado).
- CASTRO, M., C.O. GARDNER e J.H. LONNQUIST, 1968. Cumulative gene effects and the nature of heterosis in maize crosses involving genetically diverse races. *Crop. Sci.*, Madison, 8: 97-101.

- CHINWUBA, P.M., C.O. GROGAN e M.S. ZUBER, 1961. Interaction of detasseling, sterility, and spacing on yields of maize hybrids. *Crop Sci.*, Madison, 1: 279-280.
- COCHRAN, W.G. e G.M. COX, 1957. *Experimental Designs*. 2ª ed. John Wiley and Sons. New York. 611 p.
- COCKERHAM, C.C., 1954. An extension of the concept of partitioning hereditary variance of analysis of covariance among relatives when epistasis is present. *Genetics*, Austin, 39: 859-882.
- COCKERHAM, C.C., 1956. Effects of linkage on the covariances between relatives. *Genetics*, Austin, 41: 138-141.
- COCKERHAM, C.C. e B.S. WEIR, 1973. Descent measures for two loci with some applications. *Theor. Pop. Biol.*, Berlin, 4: 330-304.
- 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 F1 progenies. *Crop Sci.*, Madison, 5: 505-508.
- COMSTOCK, R.E. e R.H. MOLL, 1963. Genotype-environment interactions. In H.D. Hanson e H.F. Robinson (eds.). *Statistical Genetics and Plant Breeding*. NAS-NRC. Washington.
- CRISÓSTOMO, J.R., 1978. Estimaco de parâmetros genéticos visando seleço em dois compostos de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 71 p. (Dissertaço de mestrado).
- CRISÓSTOMO, J.R. e J.R. ZINSLY, 1977. Estimaco de parâmetros genéticos em duas populaçes de milho. *Rel. Cient. I. Gen.*, Piracicaba, 11: 33-37.

- CUNHA, M.A.P., 1976. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) ESALQ HV-1. Piracicaba, ESALQ/USP, 84 p. (Dissertação de mestrado).
- DARRAH, L.L., S.A. EBERHART e L.H. PENNY, 1972. A maize breeding methods study in Kenya. *Crop. Sci.*, Madison, 12:605-608.
- DEMPSTER, E.R., 1963. Concepts and definitions in relation to selection schemes. In: H.D. Hanson e H.F. Robinson (eds.). *Statistical Genetics and Plant Breeding*. NAS-NRC. Washington.
- DONALD, C.M., 1968. The breeding of crop ideotypes. *Euphytica*, Wageningen, 17: 385-403.
- DUNGAN, G.H. e C.M. WOODWORTH, 1939. Loss resulting from pulling leaves with the tassels in detasseling corn. *Agron. Jour.*, Madison, 31: 872-875.
- DUVICK, D.N., 1958. Yields and other agronomic characteristics of cytoplasmically pollen sterile corn hybrids, compared to their normal counterparts. *Agron. Jour.*, Madison, 50: 121-125.
- FISHER, R.A., 1918. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. *Trans. Roy. Soc. Edin.*, London, Vol. LII (nº 15).
- GARDNER, C.O., 1963. Estimates of genetic panameters in cross-fertilizing plants and their implications in plant breeding. In: H.D. Hanson e H.F. Robinson (eds.). *Estatistical Genetics and Plant Breeding*. NAS-NRC. Washington.

- GERALDI, I.O., 1977. Estimaco de parmetros genticos de caracteres do pendo em milho (*Zea mays* L.) e perspectivas de melhoramento. Piracicaba, ESALQ/USP, 103 p. (Dissertaco de mestrado).
- GHINI, R. e J.B. MIRANDA FILHO, 1979. Herdabilidade da altura da planta e da espiga no segundo ciclo de seleo da populao ESALQ PB-1 de milho. *Rel. Cient. I. Gen.* Piracicaba, 13: 130-138.
- GIESBRECHT, J., 1960. The inheritance of time of silking and pollen shedding in maize. *Can. Jour. Genet. Cytol.*, Quebec, 1: 329-338.
- GROGAN, C.O., 1956. Detasseling responses in corn. *Agron. Jour.*, Madison, 48: 247-249.
- GOODMAN, M.M., 1965. Estimates of genetic variance in adapted and exotic populations of maize. *Crop Sci.* Madison, 5: 87-90.
- GOODMAN, M.M. e J.S.C. SMITH, 1978. Botnica. In: *Melhoramento e Produo do Milho no Brasil*. E. Paterniani (ed.). Fundao Cargill, Piracicaba, 650 p.
- HALLAUER, A.R., 1965. Inheritance of flowering in maize. *Genetics*, Austin, 52: 129-137.
- HALLAUER, A.R. e J.B. MIRANDA FILHO, 1981. *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. Iowa State University Press., Ames, 468 p.
- HANSON, W.D., 1963. Heritability. In: W.D. Hanson e H.F. Robinson (eds.). In: *Statistical Genetics and Plant Breeding*. NAS-NRC. Washington.

- JAIN, H.K., B.K. MUKHERJEE, R.D. SINGH e K.N. AGRAWAL, 1976.
The present basis and future possibilities of breeding
for yield in maize. *Jour. Plant Breed.*, Berlin, 76: 90-101.
- JOSEPHSON, L.M. e H.C. KINCER, 1962. Effects of male-sterile
cytoplasm on yields and other agronomic characteristics
of corn inbreds and hybrids. *Crop Sci.*, Madison, 2:41-43.
- KEMPTHORNE, O., 1955. The theoretical values of correlations
between relatives in random mating populations. *Genetics*,
Austin, 40: 153-167.
- KEMPTHORNE, O., 1966. An introduction to genetic statistics.
John While and Sons. New York, 3rd. ed. 545 p.
- LIMA, M. e E. PATERNIANI, 1977. Estimativas de parâmetros
genéticos e fenotípicas em progênes de meios irmãos de
milho (*Zea mays* L.) ESALQ VD-2 MI-HSIII e suas implica-
ções no melhoramento. *Rel. Cient. I. Gen.*, Piracicaba, 11:84-89.
- LINDSEY, M.F., J.H. LONNQUIST e C.O. GARDNER, 1962. Estima-
tes of genetic variance in open-pollinated varieties of
corn-belt corn. *Crop Sci.* Madison, 2: 105-108.
- MATHER, K. e J.L. JINKS, 1984. *Introdução a Genética Biomé-
trica*. Tradução de F.A. Moura Duarte. Soc. Bras. Gen.
Ribeirão Preto, SP. 242 p.
- MIRANDA FILHO, J.B., 1974. Cruzamentos dialélicos e síntese
de compostos de milho (*Zea mays* L.) com ênfase na produt_i-
vidade e no porte da planta. Piracicaba, ESALQ/USP, 115
p. (Tese de doutoramento).

- MIRANDA FILHO, J.B., E. PATERNIANI e R. VENCovsky, 1974. Variância genética da altura da planta e da espiga em dois compostos de milho e suas implicações no melhoramento. *Rel. Cient. I. Gen.*, Piracicaba, 8:104-108.
- MIRANDA FILHO, J.B., 1977. Avaliação de famílias de meios irmãos na população ESALQ PB-1. *Rel. Cient. I. Gen. Pira*cicaba, 11: 90-94.
- MOCK, J.J. e S.H. SCHETZ, 1974. Inheritance of tassel branch number in maize. *Crop Sci.*, Madison, 14: 885-888.
- MOCK, J.J. e R.B. PEARCE, 1975. An ideotype of maize. *Euphytica*, Wageningen, 24: 613-628.
- MÓRAN, J.F.A., 1984. Avaliação do potencial genético de linhagens e respectivos testadores obtidos de duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 118 p. (Dissertação de mestrado).
- MURTY, G.S. e N.N. ROY, 1957. Study of the Indian collection of maize varieties with reference to the relationship between yield and other characters. *Indian Jour. Gen. Plant Breed.*, New Delhi, 17: 73-89.
- NASPOLINI FILHO, V., 1975. Variabilidade fenotípica e estabilidade em híbridos simples, híbridos duplos, variedades e compostos de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 68 p. (Dissertação de mestrado).
- OBILANA, A.T. e A.R. HALLAUER, 1974. Estimating of variability of quantitative traits in BSSS. *Crop Sci.* Madison, 14: 99-103.

- OTTAVIANO, E. e A. CAMUSSI, 1981. Phenotypic and genetic relationship between yield components in maize. *Euphytica*, Wageningen, 30: 601-609.
- PATERNIANI, E., 1967. Selection among and within half-sib families in a brasilian population of maize (*Zea mays* L.). *Crop Sci.*, Madison, 7: 212-216.
- PATERNIANI, E., 1968. Formação de compostos de milho. *Rel. Cient. I. Gen.*, Piracicaba, 2: 102-107.
- PATERNIANI, E., 1969. Selection for reproductive isolation between two populations of maize, *Zea mays* L. *Evolution*, Lawrence, 23: 534-547.
- PIMENTEL GOMES, F., 1982. *Curso de Estatística Experimental*. 10ª ed. Livraria Nobel S/A. São Paulo, 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 relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. Piracicaba, ESALQ/USP, 122 p. (Tese de doutoramento).
- RISSI, R., 1980. Estimação de parâmetros genéticos em duas sub-populações da variedade de milho (*Zea mays* L.) 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. *Rev. Bras. Gen.*, Ribeirão Preto, 4: 579-592.
- ROBINSON, H.F., R.E. COMSTOCK e P.H. HARVEY, 1955. Genetic variances in open pollinated varieties of corn. *Genetics*, Austin, 40: 45-60.
- ROBINSON, H.F. e C.C: COCKERHAM, 1965. Estimación y significado de los parâmetros genéticos. *Fitotecnia Latinoamericana*, San Jose, 2: 23-38.
- ROBINSON, H.F., R.E. COMSTOCK e P.H. HARVEY, 1951. Genotypic and phenotypic correlations in corn and their implications in selections. *Agron. Jour.*, Madison, 43: 282-287.
- ROBINSON, P., 1963. Heritability: a second look. In: W.D. Handson e H.F. Robinson (eds.). *Statistical Genetics and Plant Breeding*. NAS-NRC. Washington.
- SCHNELL, F.W., 1963. The covariance between relatives in the presence of linkage. In: W.D. Hanson e H.F. Robinson (eds.). *Statistical Genetics and Plant Breeding*. NAS-NRC. Washington.
- SENTZ, J.C., 1971. Genetic variances in a synthetic variety of maize estimated by two mating designs. *Crop Sci.*, Madison, 11: 234-238.
- SILVA, J.W. e J.H. LONNQUIST, 1968. Genetic variances in populations developed from full-sib and S1 test cross progeny selection in an open-pollinated variety of maize. *Crop Sci.*, Madison, 8: 201-204.

- SOUZA JUNIOR, 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. *Rel. Cient. I. Gen.*, Piracicaba, 14: 139-145.
- SOUZA JUNIOR, C.L., 1983. Variabilidade genética em milho (*Zea mays* L.) e relações com a seleção recorrente intra e interpopulacional. Piracicaba, ESALQ/USP, 151 p. (Tese de doutoramento).
- STEEL, R.G.D. e J.H. TORRIE, 1960. *Principles and Procedures of Statistics*. McGraw Hill Book Company. New York. 481 p.
- STUBER, C.W. e C.C. COCKERHAM, 1966. Gene effects and variances in hybrid populations. *Genetics*, Austin, 54: 1279-1286.
- SUAREZ-LEZCANO, R., 1976. Seleção entre e dentro de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) Composto Flint Branco. Piracicaba, ESALQ/USP, 52 p. (Dissertação de mestrado).
- SUBANDI e W.A. COMPTON, 1974. Genetic studies in an exotic population of corn (*Zea mays* L.) cultivated in two densities. *Theor. App. Gen.* 44: 153-159.
- TORRES SEGOVIA, R., 1976. Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) Centralmex. Piracicaba, ESALQ/USP, 98 p. (Tese de doutoramento).
- VELLO, N.A. e R. VENCovsky, 1974. Variâncias associadas as estimativas de variância genética e coeficientes de herdabilidade. *Rel. Cient. I. Gen.*, Piracicaba, 8: 238-248.

- VENCOVSKY, R., 1968. Estimativas de parâmetros genéticos em três ciclos de seleção de milho. *Rel. Cient. I. Gen.*, Piracicaba, 2: 88-90.
- VENCOVSKY, R., 1969. Genética quantitativa. In: W.E. Kerr (org.). *Melhoramento e Genética*. Ed. Melhoramentos, São Paulo. 301 p.
- VENCOVSKY, R., 1978. Herança quantitativa. In: E. Paterniani (ed.). *Melhoramento e Produção do Milho no Brasil*. Fundação Cargill, Marprint. Piracicaba, 650 p.
- WEIR, V.S. e C.C. COCKERHAM, 1976. Two locus theory in quantitative genetics. *Proc. Inter. Conf. on Quant. Gen.* Ames, Iowa: 247-269.
- WRIGHT, S., 1921. Systems of mating. *Genetics*, Austin, 6: 111-178.
- WRIGHT, S., 1969. *Evolution and the Genetics of Population - The Theory of Gene Frequencies*. University of Chicago Press, Ltd. London (vol. 2). 511 p.

TABELAS

TABELA 7. Estimativas da eficiência do látice (EFL%), coeficiente de variação experimental (CVe%) e média das progênes ($\bar{X}$) para os caracteres de peso de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da inserção da espiga (AE) por experimento. Piracicaba, SP. 1984/85.

Experimentos	PE (g/parcela) ^{2/}			AP (cm)			AE (cm)		
	EFL%	CVe%	$\bar{X}$	EFL%	CVe%	$\bar{X}$	EFL%	CVe%	$\bar{X}$
1	140,57	12,0	2569	167,88	4,3	197,9	139,41	7,2	107,4
2	113,24	21,1	2056	123,97	4,5	192,6	114,64	6,8	103,2
3	121,36	17,8	1941	160,01	4,3	195,9	135,39	6,8	105,1
4	108,30	19,5	1791	104,38	4,8	193,0	113,71	7,2	105,3
5	129,53	16,0	1958	155,85	3,6	193,5	116,92	6,5	105,0
6	113,64	15,5	1868	104,51	5,0	188,1	100,38	7,3	100,8
7	112,74	19,0	2194	105,08	5,5	188,2	107,80	8,4	99,5
8	122,65	13,8	2651	119,06	4,5	211,5	125,01	6,6	113,8
9	123,16	12,2	2482	153,00	4,7	211,1	149,97	6,6	113,5
10	107,60	13,2	2716	120,24	5,0	215,5	134,47	7,4	116,6
11	100,18	13,7	2515	158,99	5,0	208,8	165,37	7,4	114,2
12	109,97	17,3	2208	127,13	4,9	200,5	136,42	7,1	108,1

^{1/} Experimentos de 1 a 7 correspondem as progênes ESALQ PB4;
e de 8 a 12, correspondem às progênes ESALQ PB5.

^{2/} Parcelas de 4 m².

TABELA 8. Estimativas da eficiência do látex (EFL%), coeficiente de variação experimental (CVe%) e média das progênies ($\bar{X}$) para os caracteres de ramificações do pendão (NR) e número de dias da germinação ao florescimento (FM) por experimento. Piracicaba, SP. 1984/85.

Experimentos ^{1/}	NR			FM		
	EFL%	CVe%	$\bar{X}$	EFL%	CVe%	$\bar{X}$
1	121,56	9,9	25,57	113,27	2,9	53,27
2	112,58	11,2	23,16	104,16	2,4	55,50
3	106,60	12,1	24,15	117,23	2,5	54,84
4	100,30	12,8	24,03	103,30	2,6	54,57
5	114,65	11,4	23,55	110,94	2,4	55,73
6	101,10	10,9	23,34	100,58	2,4	55,50
7	106,51	11,6	23,54	106,21	2,6	55,21
8	103,45	10,9	25,33	122,57	3,0	53,70
9	100,14	11,9	25,77	100,05	2,4	52,51
10	101,09	10,5	24,87	120,78	2,4	53,07
11	112,62	12,4	23,70	100,95	3,1	53,14
12	137,04	8,3	21,58	112,19	2,6	54,44

^{1/} Experimentos de 1 a 7 correspondem as progênies ESALQ PB4 e de 8 a 12 correspondem as progênies ESALQ PB5.

TABELA 9. Valores dos quadrados médios de progênes (QMT), quadrados médios do erro intrablocos (QME) e do teste de significância (F), para os caracteres de peso de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE) de ca da experimento individualmente. Piracicaba, SP. 1984/85.

Experi mentos	PE (g/planta) ²			AP (cm/planta) ²			AE (cm/planta) ²		
	QMT	QME	F	QMT	QME	F	QMT	QME	F
1	15286,0	4161,6	3,7**	2290,7	324,2	7,1**	1329,0	265,9	5,0**
2	9653,0	8570,3	1,1	1034,4	347,2	3,0**	906,2	226,0	4,0**
3	8558,6	5329,0	1,6*	1315,7	309,2	4,2**	880,6	227,7	3,9**
4	12590,8	5608,5	2,2**	2000,8	402,1	5,0**	1068,3	261,3	4,1**
5	12322,3	4362,3	2,8**	1115,3	220,0	5,1**	676,1	208,8	3,2**
6	13156,5	3784,7	3,5**	1130,0	418,1	2,7**	839,6	268,5	3,1**
7	13267,6	7194,3	1,7*	2042,3	498,1	4,1**	1177,1	322,2	3,6**
8	11251,8	5965,0	1,9**	1515,0	417,2	3,6**	1118,0	253,9	4,4**
9	11107,8	4129,4	2,7**	938,2	433,3	2,2**	589,3	244,0	2,4**
10	7275,0	5901,5	1,2	1350,0	525,6	2,6**	963,7	327,3	2,9**
11	9409,4	5842,6	1,6*	1212,0	479,7	2,5**	816,0	311,1	2,6**
12	8601,5	6652,9	1,2	1069,4	426,0	2,5**	757,8	264,0	2,9**

1/ Experimentos de 1 a 7 correspondem ao composto ESALQ PB4 e de 8 a 12 ao ESALQ PB5, e os valores dos quadrados médios estão a nível de plantas.

* significativo ao nível de 5% de probabilidade.

** significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 10. Valores dos quadrados médios de progênies (QMT), quadrados médios do erro intrablocos (QME) e o teste de significância (F) para os caracteres de número de ramificações do pendão (NR) e número de dias da germinação do floculo (FM) de cada experimento individualmente. Piracicaba, SP, 1984/85.

Experimentos ^{1/}	NR (nº ramos/planta) ²			FM (nº dias/planta) ²		
	QMT	QME	F	QMT	QME	F
1	148,557	28,538	5,2**	102,231	45,592	2,2**
2	146,417	30,520	4,8**	200,765	33,822	5,9**
3	141,026	39,659	3,6**	172,356	33,736	5,1**
4	99,354	46,914	2,1**	195,234	40,188	4,9**
5	105,148	32,825	3,2**	102,204	32,613	3,1**
6	127,191	31,200	4,1**	112,188	34,558	3,2**
7	95,853	34,330	2,8**	208,771	39,998	5,2**
8	127,647	42,695	3,0**	193,335	48,979	3,9**
9	162,836	48,524	3,4**	82,286	33,490	2,5**
10	148,918	36,290	4,1**	105,825	30,249	3,5**
11	134,615	39,098	3,4**	218,338	54,544	4,0**
12	134,871	14,084	9,6**	108,895	38,442	2,8**

^{1/} Experimentos de 1 a 7 correspondem ao composto ESALQ PB4 e de 8 a 12 ao composto ESALQ PB5, e os valores dos quadrados são a nível de planta.

* significativo ao nível de 5% de probabilidade.

** significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 11. Quadrados médios de progênies (QMT), do erro intrablocos (QME), e dentro de progênies (QMD); significância do teste F para progênies e estimativas dos coeficientes de variação experimental (CVe%) e genético (CVg%), do índice de variação (θ), das médias de tratamentos ($\bar{X}$) e testemunha ($\bar{T}$) nas análises agrupadas (nível de plantas) relativas às populações ESALQ PB4 (1 a 7) e ESALQ PB5 (8 a 12) para os caracteres de peso de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE). Piracicaba, SP. 1984/85.

Estimativas	PE			AP			AE		
	ESALQ PB4	ESALQ PB5		ESALQ PB4	ESALQ PB5		ESALQ PB4	ESALQ PB5	
QMT	12119,5 (336)	9421,1 (240)		1561,3 (336)	1216,9 (240)		982,4 (336)	848,9 (240)	
QME	5749,5 (539)	5772,3 (385)		359,8 (546)	456,4 (390)		254,4 (546)	280,1 (390)	
QMD	2739,9 (376)	1704,9 (392)		191,2 (4038)	286,7 (2932)		156,9 (4048)	171,8 (2932)	
F	2,11**	1,63**		3,34**	2,67**		3,86**	3,03**	
CVe%	16,51	13,51		4,40	4,56		6,88	6,61	
CVg%	10,03	6,20		4,64	3,40		6,72	5,44	
θ	0,607	0,459		1,050	0,746		0,977	0,823	
$\bar{X}$	102,702	125,718		192,7	209,4		103,7	113,2	
$\bar{T}$	141,329	149,780		202,3	202,3		101,8	101,8	
$\bar{X}\%$	72,67	83,93		95,25	103,51		101,87	111,20	

** significância ao nível de 1% de probabilidade; $\bar{X}\%$: porcentagem em relação à testemunha. Os números, nos parênteses, indicam os graus de liberdade correspondentes aos quadrados médios da linha superior.

TABELA 12. Quadrados médios de progênes (QMT), do erro intrablocos (QME) e dentro de progênes (QMD), significância do teste F para progênes e estimativas dos coeficientes de variação experimental (CVe%) e genético (CVg%), do índice de variação (θ), das médias de tratamentos ($\bar{X}$), e testemunha ($\bar{T}$) nas análises agrupadas (nível de plantas) relativas as populações ESALQ PB4 (1 a 7) e ESALQ PB5 (8 a 12) para os caracteres de número de ramificações do pensão (NR) e número de dias para o florescimento (FM). Piracicaba, SP. 1984/85.

Estimativas	NR		FM	
	ESALQ PB4	ESALQ PB5	ESALQ PB4	ESALQ PB5
QMT	123,364 (336)	141,777 (240)	156,250 (336)	141,730 (240)
QME	34,856 (546)	36,139 (390)	37,215 (546)	41,141 (390)
QMD	31,669 (4048)	36,969 (2932)	---	---
F	3,54**	3,92**	4,20**	3,44**
CVe%	11,04	11,08	2,48	2,69
CVg%	10,16	10,94	2,56	2,43
θ	0,920	0,937	1,034	0,902
$\bar{X}$	23,906	24,253	54,946	53,372
$\bar{T}$	23,194	23,194	54,706	54,706
$\bar{X}\%$	103,07	104,57	100,44	97,56

** significativo ao nível de 1% de probabilidade. $\bar{X}\%$: porcentagem em relação à testemunha. Os números, nos parenteses, indicam os graus de liberdade correspondentes aos quadrados médios da linha superior.

TABELA 13. Estimativas da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), da variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), da variância fenotípica dentro de progênies ($\hat{\sigma}_d^2$), da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), da variância fenotípica total entre plantas ($\hat{\sigma}_F^2$), da variância fenotípica entre progênies ($\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$), do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, a nível de planta (h^2) e a nível de progênies (h_{mi}^2) para o peso de espigas (PE) com as variâncias a nível de planta. Piracicaba, SP. 1984/85.

Estimativas ^{1/}	ESALQ PB4		ESALQ PB5	
$\hat{\sigma}_p^2$	106,167	$\pm 16,594$ (15,63%)	60,813	$\pm 15,861$ (26,08%)
$\hat{\sigma}_e^2$	150,483	$\pm 20,120$ (13,37%)	203,370	$\pm 21,619$ (10,63%)
$\hat{\sigma}_d^2$	2739,880	$\pm 199,297$ (7,27%)	1704,899	$\pm 121,469$ (7,12%)
$\hat{\sigma}_A^2$	424,666	$\pm 66,376$ (15,63%)	243,252	$\pm 63,444$ (26,08%)
$\hat{\sigma}_F^2$	2996,530		1959,344	
$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	201,992		157,018	
h^2	0,1417 $\pm$	0,023 (16,55%)	0,1235 $\pm$	0,031 (24,81%)
h_{mi}^2	53,56	$\pm 0,022$ (4,21%)	0,3873 $\pm$	0,0435 (11,23%)

^{1/} O valor das estimativas é seguido pelo desvio padrão e entre parenteses a porcentagem da estimativa que ele representa (CV%). A unidade das variâncias é (g/planta)².

TABELA 14. Relação entre as estimativas da variância fenotípica dentro de parcelas ($\hat{\sigma}_d^2$) e da variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), para três percentuais da distribuição de χ^2 das amostras referentes as populações ESALQ PB4 e ESALQ PB5. Piracicaba, SP. 1984/85.

% da distribuição	G.L.	Nº de amostras eliminadas	$\hat{\sigma}_d^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_d^2/\hat{\sigma}_e^2$
ESALQ PB4					
100%	376	0	2739,880	150,483	18,21
99%	372	1	2648,690	155,043	17,08
95%	352	6	2308,169	172,069	13,41
ESALQ PB5					
100%	392	0	1704,899	203,370	8,38
99%	392	0	1704,899	203,370	8,38
95%	372	5	1494,675	213,881	6,98

TABELA 15. Estimativas da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), da variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), da variância fenotípica dentro de progênies ($\hat{\sigma}_d^2$), da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), da variância fenotípica total entre plantas ($\hat{\sigma}_F^2$), da variância fenotípica entre progênies ($\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$), do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, a nível de planta (h^2) e a nível de progênies (h_{mi}^2) para a altura da planta (AP) com as variâncias a nível de plantas. Piracicaba, SP. 1984/85

Estima- tivas ^{1/}	ESALQ PB4			ESALQ PB5		
$\hat{\sigma}_p^2$	80,097	± 8,136	(10,16%)	50,703	± 7,689	(15,16%)
$\hat{\sigma}_e^2$	33,721	± 4,430	(13,14%)	33,941	± 6,689	(19,17%)
$\hat{\sigma}_d^2$	191,267	± 4,250	(2,22%)	286,681	± 7,485	(2,61%)
$\hat{\sigma}_A^2$	320,387	± 32,038	(10,16%)	202,813	± 30,756	(15,16%)
$\hat{\sigma}_F^2$	305,085			371,326		
$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	104,088			81,129		
h^2	1,0500	± 0,7444	(70,89%)	0,5462	± 0,0831	(15,21%)
h_{mi}^2	0,7695	± 0,0225	(2,93%)	0,6250	± 0,0433	(6,94%)

^{1/} A unidade das variâncias é (cm/planta)².

TABELA 16. Estimativas da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), da variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), da variância fenotípica dentro de progênies ($\hat{\sigma}_d^2$), da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), da variância fenotípica total entre plantas ($\hat{\sigma}_F^2$), da variância fenotípica entre progênies ($\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$), do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, a nível de planta (h^2) e a nível de progênies (h_{mi}^2) para a altura da espiga (AE) com as variâncias a nível de plantas. Piracicaba, SP. 1984/85.

Estimativas ^{1/}	ESALQ PB4	ESALQ PB5
$\hat{\sigma}_p^2$	48,536 $\pm$ 1,057 (2,18%)	37,923 $\pm$ 1,063 (2,80%)
$\hat{\sigma}_e^2$	19,484 $\pm$ 3,152 (16,18%)	21,662 $\pm$ 4,101 (19,38%)
$\hat{\sigma}_d^2$	156,969 $\pm$ 3,488 (2,22%)	171,800 $\pm$ 4,485 (2,61%)
$\hat{\sigma}_A^2$	194,142 $\pm$ 4,229 (2,18%)	151,693 $\pm$ 4,252 (2,80%)
$\hat{\sigma}_F^2$	224,989	231,386
$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	65,495	56,597
h^2	0,8629 $\pm$ 0,0183 (2,12%)	0,6556 $\pm$ 0,0284 (4,33%)
h_{mi}^2	0,7411 $\pm$ 0,0253 (3,42%)	0,6700 $\pm$ 0,0381 (5,69%)

^{1/} A unidade das variâncias é (cm/planta)².

TABELA 17. Estimativas da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), da variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), da variância fenotípica dentro de progênies ($\hat{\sigma}_d^2$), da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), da variância fenotípica total entre plantas ($\hat{\sigma}_F^2$), da variância fenotípica entre progênies ($\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$), do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, a nível de planta (h^2) e a nível de progênies (h_{mi}^2) para o número de ramificações do pendão (NR) com as variâncias a nível de plantas. Piracicaba, SP, 1984/85.

Estimativas	ESALQ PB4			ESALQ PB5		
$\hat{\sigma}_p^2$	5,900	$\pm 0,648$	(10,98%)	7,042	$\pm 0,876$	(12,44%)
$\hat{\sigma}_e^2$	0,637	$\pm 0,440$	(69,09%)	-0,166	$\pm 0,551$	(332,08%)
$\hat{\sigma}_d^2$	31,669	$\pm 0,704$	(2,22%)	36,969	$\pm 0,965$	(2,61%)
$\hat{\sigma}_A^2$	23,602	$\pm 2,592$	(10,98%)	28,170	$\pm 3,550$	(12,44%)
$\hat{\sigma}_F^2$	38,405			43,846		
$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	8,423			9,452		
h^2	0,6177	$\pm 0,0576$	(9,31%)	0,6425	$\pm 0,0699$	(10,88%)
h_{mi}^2	0,7175	$\pm 0,0276$	(3,85%)	0,7451	$\pm 0,0295$	(3,95%)

TABELA 18. Estimativas da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) e do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, a nível de progênies (h_{mi}^2), com as variâncias também a nível de progênies, para o caráter número de dias da germinação ao florescimento (FM). Piracicaba, SP.. 1984/85.

Estima tivas	ESALQ PB4		ESALQ PB5	
$\hat{\sigma}_p^2$	1,984	$\pm 0,200$ (10,10%)	1,676	$\pm 0,696$ (41,55%)
$\hat{\sigma}_A^2$	7,936	$\pm 0,802$ (10,10%)	6,706	$\pm 2,786$ (41,55%)
h_{mi}^2	0,7618	$\pm 0,0233$ (3,06%)	0,7097	$\pm 0,0336$ (4,73%)

TABELA 19. Produtos médios de progênies (PMT) e produtos médios do erro intrablocos (PME) relativos aos compostos ESALQ PB4 e ESALQ PB5, nas análises agrupadas dos experimentos correspondentes a cada um deles. Piracicaba, 1984/85.

Corre-1/ lações ^{1/}	ESALQ PB4		ESALQ PB5	
	PMT	PME	PMT	PME
PE x AP	0,001931	0,012608	0,011433	0,010013
PE x AE	0,020784	0,006576	0,007837	0,008793
PE x NR	0,025850	0,015110	-0,013974	-0,002290
PE x FM	0,179711	-0,079297	0,061381	-0,085361
AP x AE	0,020048	0,004764	0,015554	0,005244
AP x NR	0,018734	0,005933	0,000048	0,007263
AP x FM	0,181278	-0,007052	0,130775	-0,007338
AE x NR	0,021691	0,005789	0,005013	0,009896
AE x FM	0,204519	-0,003029	0,131242	-0,005493
NR x FM	0,362874	-0,022484	0,101829	-0,064228

^{1/} PE = kg/20 plantas; AP = m/planta; AE = m/planta; NR = ramos/planta x 10⁻¹; FM = dias/planta.

TABELA 20. Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva (r_A) e dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F) a nível de média de progênie, entre os caracteres estudados, nos compostos ESALQ PB4 e ESALQ PB5. Piracicaba, SP. 1984/85.

Corre- lações	ESALQ PB4		ESALQ PB5	
	r_A	r_F	r_A	r_F
PE x AP	-0,193	0,022	0,383	0,169
PE x AE	0,330	0,301	-0,010	0,138
PE x NR	0,070	0,104	-0,094	-0,060
PE x FM	0,297	0,131	0,242	0,044
AP x AE	0,817	0,809	0,784	0,765
AP x NR	0,193	0,210	-0,127	0,001
AP x FM	0,498	0,367	0,499	0,315
AE x NR	0,308	0,308	-0,100	0,073
AE x FM	0,705	0,522	0,572	0,378
NR x FM	0,369	0,258	0,161	0,262

TABELA 21. Progenies selecionadas dentro dos experimentos com a média ajustada ($\bar{X}_{aj}$), ordem de classificação entre as dez maiores (O.C.), média não ajustada ($\bar{X}$), número médio de plantas por parcela (Stand), média das parcelas testemunha no experimento ($\bar{T}$), percentual da média ajustada em relação a testemunha ($\bar{X}\%$) e identificação de origem da progênie (Origem) em função do peso de espigas, em g/parcela no composto ESALQ PB4. Piracicaba, SP, 1984/85.

Experimento	$\bar{X}_{aj}$	O.C.	$\bar{X}$	Stand	$\bar{T}$	$\bar{X}\%$	Origem
1	3529	1	3269	19,33	3100	113,84	2044
1	3227	2	3141	18,66	3100	104,10	2058
1	3114	3	3112	19,33	3100	100,45	2053
1	3062	4	3143	18,00	3100	98,77	2077
1	3046	5	3075	18,00	3100	98,26	2043
2	2456	4	2484	18,66	2987	82,22	2103
2	2438	5	2314	19,00	2987	81,62	2099
2	2373	7	2436	18,66	2987	79,44	2110
2	2338	8	2322	18,66	2987	78,27	2089
2	2278	10	2292	19,33	2987	76,26	2111
3	2533	1	2433	19,66	2851	88,85	2165
3	2442	2	2481	19,66	2851	85,65	2168
3	2382	4	2306	19,33	2851	83,55	2163
3	2172	7	2268	19,33	2851	76,18	2128
3	2155	10	2131	18,33	2851	75,59	2142
4	2558	1	2525	18,66	2784	91,88	2205
4	2230	2	2305	19,33	2784	80,10	2178
4	2225	3	2230	19,00	2784	79,92	2221
4	2173	6	2112	19,33	2784	78,05	2189
4	2163	7	2163	20,00	2784	77,69	2176
5	2888	1	2838	19,33	2477	116,59	2261
5	2479	2	2372	19,00	2477	100,08	2268
5	2458	3	2463	19,00	2477	99,23	2234
5	2454	4	2404	19,33	2477	99,07	2237
5	2354	5	2447	19,33	2477	95,03	2269
6	2406	1	2442	19,66	2529	95,14	2282
6	2399	2	2389	19,33	2529	94,86	2277
6	2299	5	2297	19,33	2529	90,90	2289
6	2219	7	2223	19,33	2529	87,74	2293
6	2163	9	2208	19,00	2529	85,53	2292
7	2996	1	2857	19,66	2856	104,90	2325
7	2847	2	2949	19,66	2856	99,68	2326
7	2783	3	2773	19,33	2856	97,44	2361
7	2776	4	2938	19,33	2856	97,20	2347
7	2679	5	2598	18,66	2856	93,80	2323
Média	2545	-	2535	19,13	2798	91,08	-

TABELA 22. Progenies selecionadas dentro dos experimentos com a média ajustada ($\bar{X}_{aj}$), ordem de classificação entre as dez maiores (O.C.), média não ajustada ($\bar{X}$), número médio de plantas por parcela (Stand), média das parcelas testemunha no experimento ($\bar{T}$), percentual da média ajustada em relação a testemunha ($\bar{X}\%$) e identificação de origem da progênie ($\bar{O}$ rigem) em função do peso de espigas, em g/parcela, no composto ESALQ PB5. Piracicaba, SP. 1984/85.

Experi- mento	$\bar{X}_{aj}$	O.C.	$\bar{X}$	Stand	$\bar{T}$	$\bar{X}\%$	Origem
8	3229	1	3328	18,66	3239	99,69	3295
8	3204	2	3181	19,00	3239	98,92	3342
8	3095	4	3074	19,33	3239	95,55	3298
8	2992	6	3054	19,00	3239	92,37	3334
8	2938	10	2977	19,33	3239	90,71	3335
9	3046	1	3099	19,33	2976	102,35	3361
9	2946	2	2805	19,00	2976	98,99	3370
9	2893	3	2848	19,00	2976	97,21	3355
9	2868	4	2849	19,00	2976	96,37	3376
9	2860	5	2811	19,00	2976	96,10	3350
9	2793	8	2908	19,66	2976	93,85	3389
9	2780	9	2753	20,00	2976	93,41	3353
9	2753	10	2743	19,66	2976	92,51	3382
10	3198	1	3227	19,00	3220	99,30	3399
10	3005	2	3054	19,00	3220	93,32	3404
10	2989	3	2923	18,33	3220	92,83	3396
10	2984	5	3033	19,33	3220	92,67	3425
10	2963	6	2956	18,66	3220	92,02	3431
10	2949	7	2922	20,00	3220	91,58	3419
10	2900	8	2904	19,33	3220	90,06	3416
10	2900	9	2892	18,33	3220	90,06	3430
11	3020	1	3032	19,66	2646	114,11	3444
11	2833	5	2839	18,66	2646	107,07	3473
11	2827	6	2847	19,33	2646	106,84	3470
11	2813	7	2807	18,66	2646	106,31	3484
11	2789	8	2780	20,00	2646	105,40	3464
11	2746	9	2754	19,66	2646	103,78	3445
11	2731	10	2728	19,33	2646	103,21	3479
12	2626	2	2760	19,66	2840	92,45	3508
12	2587	3	2639	18,66	2840	91,09	3528
12	2558	4	2597	19,33	2840	90,07	3525
12	2543	5	2665	18,33	2840	89,54	3500
12	2481	6	2511	19,66	2840	87,36	3537
12	2479	7	2510	19,33	2840	87,29	3502
12	2460	8	2347	19,00	2840	86,62	3520
Média	2851	-	2862	19,18	2984	96,03	-

TABELA 23. Progresso genético esperado em gramas por parcela (Gs) e em porcentagem da média (Gs%) para o peso de espigas em dois sistemas de cálculo, para ESALQ PB4 e ESALQ PB5. Piracicaba, SP. 1984/85.

População	(1)		(2)	
	Gs	Gs%	Gs	Gs%
ESALQ PB4	265	12,91%	261	12,71%
ESALQ PB5	158	6,30%	133	5,30%

(1) Seleção truncada, utilizando d.s. estandarizado (i) de 1,755 e 1,600 correspondentes a 10,2% e 14,3% de seleção, para ESALB PB4 e ESALB PB5, respectivamente.

(2) Seleção não truncada, utilizando diferenciais de seleção de 491 g e 337 g, também correspondentes a 10,2% e 14,3% de seleção, respectivamente para ESALQ PB4 e ESALQ PB5.

TABELA 24. Respostas correlacionadas na unidade de avaliação (RC) e em porcentagem da média (RC%) para seleção baseada no peso de espigas, sobre a altura da planta (AP), altura da espiga (AE), número de ramificações do pendão (NR) e dias para o florescimento (FM), correspondentes a seleção de 10,2% e 14,3% das progênies ESALQ PB4 e ESALQ PB5, respectivamente. Piracicaba, SP. 1984/85.

Carac teres	Respostas correlacionadas				
	Unidade	ESALQ PB4		ESALQ PB5	
		RC	RC%	RC	RC%
AP	cm	-2,2	-1,14%	2,3	1,10%
AE	cm	2,9	2,80%	-0,1	-0,09%
NR	ramificação	0,22	0,91%	-0,02	-0,09%
FM	dia	0,52	0,95%	0,26	0,49%

FIGURAS

FIGURA 1. Histogramas da distribuição de frequência, das médias ajustadas, para peso de espigas. A = ESALQ PB4; B = ESALQ PB5.

FIGURA 2. Histogramas da distribuição de frequência, das médias ajustadas, para a altura das plantas. A = ESALQ PB4; B = ESALQ PB5.

FIGURA 3. Histogramas da distribuição de frequência, das médias ajustadas, para altura da espiga. A = ESALQ PB4 e B = ESALQ PB5.

FIGURA 4. Histogramas da distribuição de frequência, das médias ajustadas, para o número de ramificações do pendão. A = ESALQ PB4 e B = ESALQ PB5.

A **B**

FIGURA 5. Histogramas da distribuição de frequência, das médias ajustadas, para número de dias para o florescimento. A = ESALQ PB4; B = ESALQ PB5.