ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM DUAS
SUBPOPULAÇÕES DA VARIEDADE DE MILHO
(*Zea mays* L.) PIRANÃO.

ROBERTO DE RISSI

Orientador: DR. ERNESTO PATERNIANI

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

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Fevereiro - 1980

Dedicatória:

*Aos meus pais, Angelo de Rissi
e Vicência de Oliveira Rissi,
pelo constante esforço e incent
tivo aos meus estudos. Aos meus
irmãos e minha esposa pelo a-
poio, incentivo e colaboração.*

AGRADECIMENTOS

Ao completar este estudo, desejo expressar minha gratidão aos professores do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", sob a direção do Prof. Dr. Ernesto Paterniani, pelos constantes estímulos e alto nível de ensino recebido durante o programa de pós-graduação.

Estou particularmente grato aos professores: Dr. Ernesto Paterniani, pelo apoio, ensinamentos e orientação na execução do presente trabalho; Dr. José Branco de Miranda Filho, pelos ensinamentos, estímulos e pelas valiosas sugestões apresentadas; Dr. Gerhard Bandel, pelos ensinamentos, amizade e iniciação científica; Drs. Roland Vencovsky e Natal Antonio Vello, pelas constantes trocas de informações a respeito de assuntos relacionados com este trabalho.

Desejo também agradecer à Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela oportunidade de treinamento a nível de pós-graduação e pela bolsa de estudo concedida. Aos colegas do curso de pós-graduação e funcionários do Departamento de Genética, pelas contribuições e auxílios concedidos durante a realização deste trabalho. À Srta. Érica Spruck, pelas contribuições feitas na qualidade de Secretária do Departamento de Genética. À Sra. Vanda Célia Zocolaro pelo paciente trabalho de datilografia do manuscrito.

BIOGRAFIA DO AUTOR

Roberto de Rissi, nasceu em 20 de julho de 1952, no Município de Guarulhos, Estado de São Paulo. Em 1975, graduou-se em Engenharia Agrônômica pela Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP. Em 1976 ingressou na Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), iniciando, a partir de março desse ano, o Curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". A partir de agosto de 1977, ingressou no Departamento de Pesquisa e Desenvolvimento de Sementes da CIBA-GEYGY Química S.A., ocupando a Chefia da Seção de Melhoramento de Milho, até a presente data.

Í N D I C E

	Pág.
1. RESUMO	1
2. INTRODUÇÃO	4
3. REVISÃO DA LITERATURA	7
3.1 - Estudos com o Gene Braquítico-2, Visando Sua Utiliza <u>ç</u> ão no Melhoramento	7
3.2 - Estimativas dos Componentes da Variância Genética em Populações de Milho	14
3.2.1 - Estimativas para o caráter produção de grãos	16
3.2.2 - Estimativas para os caracteres: altura de plan <u>ta</u> e altura da espiga	17
3.3 - Correlações Entre os Caracteres: Altura da Planta, Altura da Espiga e Produção de Grãos	19
4. MATERIAL	22
5. MÉTODOS	25
5.1 - Execução Experimental	25
5.2 - Análise de Variância	27
5.3 - Análise de Covariância	30
5.4 - Obtenção das Correlações Genéticas e Fenotípicas ...	34
5.5 - Obtenção das Estimativas dos Ganhos Genéticos Espera <u>dos</u> e das Respostas Correlacionadas à Seleção	35
5.6 - Precisão das Estimativas	36
6. RESULTADOS E DISCUSSÃO	38
6.1 - Análise de Variância	38

	Pág.
6.2 - Estimativas dos Parâmetros Genéticos e Fenotípicos	40
6.2.1 - Estimativas para o caráter produção de espigas	41
6.2.2 - Estimativas para os caracteres: altura da planta e da espiga	45
6.2.3 - Estimativas das correlações entre produção de espiga, altura da planta e altura da espiga	52
7. CONCLUSÃO	55
8. SUMMARY	57
9. LITERATURA CITADA	59
10. TABELAS	71
11. FIGURAS	84

LISTA DE TABELAS

TABELA		Pág.
1	Esperança matemática dos quadrados médio $[E(Q.M.)]$ das fontes de variação: progênies ajustadas e erro intra-bloco, obtidos das análises de variância ao nível individual de experimentos instalados em lâ-tice; e do quadrado médio dentro de progênies obti-do independentemente	29
2	Esperança matemática dos produtos médios $[E(P.M.)]$ das fontes de variação: progênies ajustadas e erro intra-bloco, obtidos das análises de covariância ao nível individual, de experimentos instalados em lâ-tice; e do produto médio dentro de progênies, obti-do independentemente	32
3	Estimativas da variância genética aditiva para os caracteres: altura da planta (AP) e altura da espi-ga (AE), em metros, segundo as fontes citadas ...	46
4	Estimativas dos componentes da variância e de parâ-metros genéticos, de algumas populações de milhos normais para altura da planta (AP) e altura da es-piga (AE), segundo as fontes citadas	47
5	Quadrados médios, ao nível de plantas, obtidos das análises individuais e conjunta de 5 experimentos em lâ-tice triplo (10 x 10), para cada subpopulação, para o caráter produção de espigas ($kg/10m^2$). Pira-cicaba, SP, 1975/76	72

TABELA

Pág.

6	Quadrados médios, ao nível de plantas, obtidos das análises individuais e conjunta de experimento em lâttice simples (10 x 10), para cada subpopulação, para os caracteres: produção de espigas (PE), em kg/10 m ² , altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), em metros. Piracicaba, SP, 1975/76	73
7	Coefficientes de variação experimental (CV%), obtidos das análises individuais e conjunta de 5 experimentos em lâttice triplo (10 x 10), para cada subpopulação, para o caráter produção de espigas. Piracicaba, SP, 1975/76	74
8	Coefficientes de variação experimental (CV%), obtidos das análises individuais e conjunta de 2 experimentos em lâttice simples (10 x 10), para cada subpopulação, para os caracteres: peso de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE). Piracicaba, SP, 1975/76	74
9	Valores e significância do teste F (tratamentos ajustados) para os caracteres: peso de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), de experimentos instalados em lâttice triplo (peso de espigas) e simples (AP e AE), para as subpopulações A e B da variedade Piranão. Piracicaba, SP, 1975/76	75

TABELA

Pág.

10	Médias obtidas para os caracteres: produção de espigas (PE), em kg/ha, altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), em cm, para as subpopulações A e B da variedade Piranão. Piracicaba, SP, 1975/76	75
11	Estimativas, obtidas ao nível de plantas, para o caráter peso de espigas (kg/planta), da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), variância do erro ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), variância fenotípica dentro de progênies ($\hat{\sigma}_d^2$), variância genética aditiva entre plantas ($\hat{\sigma}_A^2$), variância fenotípica entre plantas ($\hat{\sigma}_F^2$) e entre médias de progênies ($\hat{\sigma}_F^2$), com os respectivos desvios padrões, em valor absoluto e em porcentagem das estimativas correspondentes (CV%). As estimativas foram obtidas de 500 progênies avaliadas em 5 lâminas triplos (10 x 10). Piracicaba, SP, 1975/76 ...	76
12	Estimativas, obtidas ao nível de plantas, para o caráter altura da planta (metros), da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), variância do erro ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), variância fenotípica dentro de progênies ($\hat{\sigma}_d^2$), variância genética aditiva entre plantas ($\hat{\sigma}_A^2$), variância fenotípica entre plantas ($\hat{\sigma}_F^2$) e entre médias de progênies ($\hat{\sigma}_F^2$), com os respectivos desvios padrões, em valor absoluto e em porcentagem das estimativas correspondentes (CV%). Estimativas obtidas de 200 progênies avaliadas em 2 lâminas simples (10 x 10). Piracicaba, SP, 1975/76	77

TABELA

Pág.

- 13 Estimativas, obtidas ao nível de plantas, para o caráter altura da espiga (metros), da variância genética entre progênies (σ_p^2), variância do erro ambiental entre parcelas (σ_e^2), variância fenotípica dentro de progênies (σ_d^2), variância genética aditiva entre plantas (σ_A^2), variância fenotípica entre plantas (σ_F^2) e entre médias de progênies (σ_F^2), com os respectivos desvios padrões em valor absoluto e em porcentagem das estimativas correspondentes (CV%). Estimativas obtidas de 200 progênies avaliadas em 2 látices simples (10 x 10). Piracicaba, SP, 1975/76 76
- 14 Estimativas, obtidas ao nível de plantas, dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito, com os respectivos desvios padrões, em valor absoluto e em porcentagem das estimativas correspondentes (CV%) para os caracteres: produção de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), para as duas subpopulações. Piracicaba, SP, 1975/76 79
- 15 Estimativas obtidas entre médias de progênies dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito, para os caracteres: produção de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), para as duas subpopulações. Piracicaba, SP, 1975/76 79
- 16 Coeficientes de correlação intra-classe para os caracteres: produção de espigas (PE), altura da planta (AP)

TABELA

Pág.

	e altura da espiga (AE), para as duas subpopulações. Piracicaba, SP, 1975/76	79
17	Produtos médios, ao nível de plantas, obtidos das análises individuais e conjunta de dois experimentos em lâtigo simples (10 x 10), entre os caracteres: produção de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE). Piracicaba, SP, 1975/76	80
18	Estimativas, obtidas ao nível de plantas, para as <u>co</u> variâncias entre os caracteres: produção de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), para as duas subpopulações. Piracicaba, SP, 1975/76	81
19	Estimativas, obtidas ao nível de plantas, para os <u>coe</u> ficientes de correlação entre os caracteres: produção de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), para as duas subpopulações. Piracica <u>ba</u> , SP, 1975/76	82
20	Ganhos genéticos esperados por ciclo, em porcentagem da média, para produção de espigas (PE), nas duas subpopulações. Piracicaba, SP, 1975/76	83
21	Respostas correlacionadas para os caracteres: altura da planta (AP) e da espiga (AE), à seleção para produção de espigas (PE). Os valores referem-se aos ganhos genéticos esperados para os caracteres: altura	

TABELA

Pág.

da planta e altura da espiga, em porcentagem das médias das respectivas subpopulações, quando a seleção é praticada visando o aumento da produção de espigas (PE). Piracicaba, SP, 1975/76	83
--	----

LISTA DE FIGURAS

FIGURA		Pág.
1	Polígono de frequências para o caráter produção de espigas (ton/ha), para as subpopulações A e B da variedade Piranão. Piracicaba, SP, 1975/76	85
2	Polígono de frequências para o caráter altura da planta (metros), para as subpopulações A e B da variedade Piranão. Piracicaba, SP, 1975/76	86
3	Polígono de frequências para o caráter altura da espiga (metros), para as subpopulações A e B da variedade Piranão. Piracicaba, SP, 1975/76	87

1. RESUMO

O presente trabalho teve por objetivo a estimação de parâmetros genéticos para os caracteres: produção de espigas, altura da planta e altura da espiga, nas subpopulações A e B da variedade Piranão ($br_2\ br_2$), a fim de se obter informações sobre os componentes da variação genética, e as possibilidades de melhoramento.

A tomada de dados foi feita em ensaios de 500 famílias de meios irmãos de cada subpopulação, avaliadas em 5 látices triplos 10x10, no ano agrícola 1975/76. Após decorrido o processo normal de polinização, 5 plantas competitivas, por parcela, foram identificadas. Nessas plantas foram tomados dados de altura da planta, altura da espiga, e por ocasião da colheita, as espigas foram pesadas individualmente.

Os dados foram submetidos às análises de variância e

covariância. A partir destas, foram obtidas estimativas da variância genética aditiva, coeficientes de herdabilidade, correlações genéticas e fenotípicas, ganhos genéticos esperados e respostas correlacionadas esperadas a seleção.

A subpopulação Piranão-A apresentou valores médios mais altos que o Piranão-B, para os três caracteres estudados. Estimativas dos coeficientes de variação genético, herdabilidade e da variância genética aditiva, indicam que as duas subpopulações apresentam suficiente variabilidade genética, para a obtenção de ganhos subsequentes pela seleção. Tais estimativas, também indicam que o Piranão-B apresenta maior variabilidade genética que o Piranão-A, para os três caracteres estudados.

Os coeficientes de herdabilidade estimados para produção de espigas, ao nível de plantas, foram de 14,18% e 28,95% para o Piranão-A e B, respectivamente. Tais valores indicam que esquemas simples de seleção podem ser eficientes no melhoramento para produção de espigas, particularmente na subpopulação Piranão-B. Para os caracteres altura da planta e altura da espiga, as herdabilidades ao nível de plantas apresentam-se superestimadas. Entretanto, mostram uma tendência de apresentarem magnitudes elevadas.

As estimativas das correlações genéticas aditivas indicam que a produção de espigas e altura da planta, ou altura da espiga, são positivamente correlacionadas, bem como a altura da planta e da espiga. Tais estimativas indicam que a seleção para aumento

da produção de espigas, deve acarretar um aumento da altura da planta e da espiga. Neste particular, estimativas das respostas correlacionadas esperadas com seleção, quantificam a magnitude de tal alteração correlata.

2. INTRODUÇÃO

O melhoramento genético do milho (*Zea mays* L.), tem sido dirigido, principalmente, no sentido de se obter variedades e híbridos altamente produtivos. Entretanto, apesar dos grandes progressos obtidos, a contínua modernização da agricultura tem mostrado a necessidade do melhoramento dar ênfase a outros caracteres relacionados com a eficiência da planta, na produção de grãos. Neste aspecto, uma linha de pesquisa tem sido muito considerada e trata do melhoramento visando ideotipos (DONALD, 1968).

Possivelmente, os processos de seleção natural e domesticação levaram as plantas de milho, particularmente nas regiões tropicais, a atingirem um porte relativamente alto, consequência da competição com outras plantas, principalmente ervas daninhas. Dentro dessa tendência do melhoramento genético do milho, quer no sen-

tido de atender uma agricultura mais tecnificada, principalmente em termos de mecanização, quer no sentido de obter plantas mais eficientes, a redução na altura da planta tem mostrado ser necessária. Mesmo em regiões onde o milho apresenta altura média, como na faixa do milho nos Estados Unidos, tem havido interesse em diminuir o porte da planta. Esse interesse se deve às vantagens que as plantas baixas apresentam em relação ao acamamento, possibilidades de aumento da densidade populacional, e pelo fato de serem melhor adaptadas à colheita mecânica (LENG, 1957).

A redução na altura da planta pode ser conseguida geneticamente, através de duas alternativas: 1) utilização de poligenes que exercem um controle quantitativo no caráter; 2) utilização de genes maiores, que provocam uma drástica redução do porte da planta. No milho são conhecidos vários genes que provocam esse efeito. Entre esses, o gene braquítico-2 (br_2) é o que tem sido mais utilizado e considerado ser o mais promissor.

Nos Estados Unidos, os primeiros resultados com os milhos braquíticos (br_2br_2) não tiveram o sucesso esperado em termos de produtividade; entretanto, mostraram a alta resistência desses milhos ao acamamento. O insucesso inicial dos braquíticos em relação à produção foi motivado por uma série de fatores, apontados por CAMPBELL (1965). Esses resultados repercutiram negativamente não só nos Estados Unidos, como em outros países, no desenvolvimento de pesquisas com os milhos braquíticos.

No Brasil, entretanto, a utilização do gene br_2 , como alternativa para a redução da altura da planta, tem se mostrado bastante promissora. Diferentemente da metodologia utilizada nos Estados Unidos, o gene br_2 tem sido introduzido em populações, o que tem permitido a seleção de genes modificadores, no sentido de obter plantas com as características desejadas. A variedade Piranão(br_2br_2), assim obtida, tem apresentado resultados bastante satisfatórios, não obstante se encontre, ainda, em fase de seleção. A grande variabilidade apresentada por essa população, em relação à altura da planta, permitiu a divisão em duas outras subpopulações: o Piranão-A, de porte médio, e o Piranão-B de porte mais baixo.

Visando conhecer a estrutura genética de tais subpopulações e suas potencialidades de melhoramento, em relação à produção, altura da planta e da espiga, foram obtidas estimativas da quantidade de variação genética aditiva, coeficientes de herdabilidade, correlações genéticas e fenotípicas, ganhos genéticos esperados para produção, e as respostas indiretas na altura da planta e da espiga, quando a seleção é prática para produtividade.

3. REVISÃO DA LITERATURA

3.1 - Estudos Com o Gene Braquítico-2 (br_2), Visando Sua Utilização no Melhoramento

A introdução da característica anã, é, sem dúvida, uma das mais significativas contribuições do melhoramento de plantas. Vários exemplos são citados na literatura, mostrando o sucesso do emprego dessa característica nas plantas cultivadas. Particularmente interessantes foram os resultados satisfatórios conseguidos no trigo, arroz e sorgo. ALLARD (1971) cita que, provavelmente, nenhum fator foi mais importante do que o desenvolvimento das variedades anãs, no tocante ao sucesso final dos sorgos graníferos, para que se tornassem uma cultura de importância nos Estados Unidos.

No milho, essa característica tem sido estudada com a finalidade de resolver alguns problemas relacionados com o acama-

mento, a colheita mecânica, bem como para a obtenção de ideótipos. Nas regiões tropicais, onde o milho apresenta plantas bastante altas, a introdução dessa característica assume maior importância, principalmente nas áreas onde o acamamento, ocasionado pela ação dos ventos, é problemático, e a colheita é feita mecanicamente. Nesse aspecto, LENG (1957) salienta as vantagens dos milhos de porte baixo, considerando especialmente o gene braquítico-2.

O gene braquítico-2, localizado no braço longo do cromossomo 1 (LAMBERT, 1963), provoca uma diminuição no comprimento dos internódios, fazendo com que ocorra uma drástica redução na altura da planta, sem correspondente redução no tamanho de outras partes principais da planta (KEMPTON, 1920; LENG, 1957; ANDERSON e CHOW, 1963 e PATERNIANI, 1973). O encurtamento dos internódios ocorre devido à presença de um tipo diferente de giberelina, menos ativa na promoção do crescimento (GALTON e DAVIES, 1972)^{1/}.

Não obstante a redução da altura da planta pela utilização do gene br_2 não tenha provocado correspondente redução em outras características principais da planta, algumas alterações têm sido observadas. KEMPTON (1920), ANDERSON e CHOW (1963) e LEITE e PATERNIANI (1973) verificaram um aumento no diâmetro do colmo. KEMPTON (1920) e ANDERSON e CHOW (1963), comparando versões braquíticas com as correspondentes versões normais, não encontraram diferenças

^{1/} Citado por VALVA (1976).

significativas em relação ao número de folhas e comprimento da espiga; entretanto, observaram que as versões braquíticas apresentavam menor número de fileiras de grãos na espiga. ANDERSON e CHOW (1963) relatam, porém, que as versões braquíticas apresentaram maior número de grãos por fileira.

KEMPTON (1920) relata que o tamanho da folha, nas versões normais e braquíticas, foi semelhante; enquanto ANDERSON e CHOW (1963) encontraram um aumento significativo na largura e uma redução no comprimento das folhas, das versões braquíticas. Esses autores observaram, também, que as folhas dos braquíticos tinham maior longevidade e apresentavam um verde mais intenso. Comentam que este fato pode representar uma menor demanda de nitrogênio e uma maior tolerância a luminosidade reduzida. SCOTT e CAMPBELL (1969) verificaram que as versões braquíticas de várias linhagens e híbridos normais apresentavam menor número de internós, especialmente abaixo da espiga; entretanto, STEIN (1955) não encontrou diferenças neste sentido. ANDERSON e CHOW (1963) e TAQVA (1974) citam que o florescimento foi ligeiramente mais tardio nas versões braquíticas. Outras informações interessantes sobre os milhos braquíticos são a menor susceptibilidade à murcha bacteriana (*Xantomonas stewartii*) mostrada por dois híbridos estudados por ANDERSON e CHOW (1963) e a maior resistência à seca citada por CAMPBELL (1965), SOLONEMKO e CHALYR (1972).

Uma diferença marcante entre os milhos braquíticos

e os normais, parece ser com relação ao acamamento e ou quebramento do colmo. Trabalhos de LENG (1957), CAMPBELL (1965), PATERNIANI (1973), GALVÃO e PATERNIANI (1974), KHEHRA *et alii* (1975), SOLENKO e CHALYR (1972) e SOKOLOV *et alii* (1976) mostram a resistência dos milhos braquíuticos, em relação a estas características. ANDERSON e CHOW (1963) relatam que os híbridos braquíuticos foram muito mais resistentes ao quebramento do colmo, que as versões normais. Entretanto, o acamamento somente foi menor para um dos três híbridos estudados. Salienta que provavelmente o menor centro de gravidade das plantas mais baixas, e o fato destas plantas receberem menor ação dos ventos, além de um maior diâmetro do colmo, tenham contribuído para a maior resistência ao quebramento.

A altura das plantas braquíuticas tem sido variável de acordo com a constituição genética das plantas. ANDERSON E CHOW (1963) encontraram que a altura dos híbridos braquíuticos foram proporcionais a dos correspondentes híbridos normais, e separa o crescimento dessas plantas em dois mecanismos. Um de herança quantitativa que controla a taxa de crescimento, e um segundo que determina o crescimento total, governado pelo gene maior braquíutico-2. A existência de genes modificadores afetando o porte da planta, tem sido reconhecida em vários trabalhos (LENG, 1957; CAMPBELL, 1965; SCOTT e CAMPBELL, 1969; ANDERSON e CHOW, 1963; PATERNIANI, 1974). A variabilidade causada pelos genes modificadores tem possibilitado a obtenção de milhos braquíuticos extremamente baixos, denominados de "su

per anões" (CASTRO GIL, 1973) até milhos de porte médio ou de altura semelhante a dos normais chamados de "anões modificados" (CAMPBELL, 1965).

As características dos milhos braquíticos, especialmente com relação à altura da planta, fizeram com que melhoristas aventassem a hipótese de que tais plantas poderiam permitir um aumento na densidade populacional, a fim de elevar a produtividade. PENDLETON e SEIF (1961) relatam que a curva de produção de grãos em função da densidade populacional, nos híbridos braquíticos mostrou-se similar às curvas obtidas com plantas normais, e que em geral, a produção não foi aumentada pelo aumento muito acima das densidades atualmente recomendadas para os milhos normais na faixa do milho nos Estados Unidos. Entretanto, REEVES (1973) relata que as variedades normais foram ligeiramente mais produtivas que as anãs em baixa densidade de plantio, mas as anãs foram mais produtivas em altas densidades populacionais. CAMPBELL (1965) cita que os anões mostraram capacidade de conservar um platô de produção em densidades de plantio acima do ótimo para produção. LEITE e PATERNIANI (1973) e VALVA (1976) verificaram aumento na produção quando o espaçamento entre linhas é reduzido de 100 para 75 cm. GALVÃO E PATERNIANI (1974) relatam que a variedade Piranão (br_2br_2) apresentou maior tolerância a altas densidades de plantio do que o cultivar Centralmex, de porte normal.

Vários estudos foram feitos comparando a produção dos

híbridos normais e as respectivas versões braquíticas. LENG (1957) verificou que os híbridos braquíticos produziam 8 a 20% menos que a versão normal. Entre as possíveis causas dessa redução aponta o número insuficiente de retrocruzamentos para as linhagens originais e pouca oportunidade de seleção para capacidade de combinação. ANDERSON e CHOW (1963), comparando três híbridos, mostraram que dois deles não apresentaram diferenças significativas entre as duas versões, enquanto para um deles a versão braquítica foi significativamente maior que a normal. Comenta que certamente genes ligados ao gene br_2 tiveram seus efeitos, bem como a recombinação de genes. Entretanto, salienta que um possível efeito pleiotrópico do gene br_2 , bem como de outros genes, não pode ser ignorado. CAMPBELL (1965), comparando cinco híbridos nas duas versões, encontrou que para dois deles a versão braquítica foi mais produtiva, enquanto para os três restantes a versão normal foi superior. Cita, ainda, que a produção dos anões modificados foi melhor que a dos extremamente baixos, em todas as densidades de plantio. SOLONENKO e CHALYR (1972), comparando 10 híbridos braquíticos com um padrão normal, cita que dois deles foram superiores ao normal. TAOVA (1974) não encontrou diferenças significativas entre a versão normal e braquítica num híbrido duplo.

Nos Estados Unidos, os resultados iniciais com os milhos braquíticos foram pouco animadores, uma vez que os híbridos braquíticos eram em geral menos produtivos que as correspondentes versões normais. CAMPBELL (1965) fez uma análise dos motivos que leva-

ram a esse insucesso, apontando as seguintes causas: 1) Os trabalhos foram conduzidos em regiões onde a altura de planta e da espiga não constituem problemas sérios. 2) Os programas foram reduzidos e limitados a conversão de poucas linhagens, não tendo sido procurados novos genótipos adaptados à condição anã. 3) A pressa pelos resultados levou os melhoristas a utilizarem linhagens com somente dois ou três retrocruzamentos, quando o híbrido recuperado não apresenta o mesmo comportamento do híbrido original. 4) Os ensaios foram conduzidos com espaçamento e práticas culturais que a experiência tem indicado ser ótima para os milhos normais. Os híbridos anões podem necessitar de diferentes manejos para maximizar seu comportamento. 5) Apesar do conhecimento da importância dos genes modificadores, os programas levados a efeito não utilizaram esse potencial genético. 6) Publicações sobre a alta resistência dos híbridos anões ao acamamento, fizeram com que altas doses de fertilizantes e altas densidades de plantio fossem utilizadas, com a finalidade de quebrar recordes de produtividade, causando resultados desastrosos.

No Brasil, resultados iniciais com o gene braquítico-2, também não foram animadores. BULOW (1971), comparando três populações análogas, com diferentes dosagens do gene br_2 (Br_2Br_2 ; Br_2br_2 ; br_2br_2), não detectou diferenças significativas na produção, quando não foi feita adubação. Entretanto, com adubação a população braquítica foi inferior. PATERNIANI (1971, 1973, 1974), usando um procedimento diferente do até então utilizado, isto é, introduzindo o

gene br_2 numa população, tem conseguido resultados bastante promissores, com a síntese da variedade braquítica Piranão, ainda em fase de seleção. Em ensaios conduzidos em três locais em 1972/73, o Piranão apresentou-se superior ao híbrido AG-257 e à variedade Central-mex na densidade de 50.000 pl/ha. Em 1973/74, em ensaios de 500 famílias de meios irmãos, o Piranão foi superior aos híbridos H-6999 B e Ag 152. Resultados semelhantes, indicando o bom comportamento dessa variedade, são relatados por LEITE (1973), GALVÃO (1974) e RIS SI *et alii* (1976). Provavelmente, os resultados positivos com o gene braquítico-2, até agora relatados na variedade Piranão, são devidos ao fato desse gene ter sido introduzido numa população, onde a variabilidade presente, permite a seleção de genes modificadores e o melhoramento para produção.

Os resultados até agora obtidos com a variedade Piranão, concordam com os dados obtidos por ANDERSON e CHOW (1963), e confirmam as observações de LENG (1957), que produções satisfatórias e boa qualidade do colmo não são incompatíveis nos milhos braquíticos.

3.2 - Estimativas dos componentes da variância genética em populações de milho

Deve-se salientar, inicialmente, que todas as informações a respeito dos componentes da variância genética para os caracteres produção, altura da planta e da espiga, bem como as infor-

mações sobre a correlação entre esses caracteres, da presente revisão, referem-se a milhos que não apresentam a característica braquifítica. Isto se deve ao fato de não ter sido encontrado, na literatura, nenhum trabalho visando estimar parâmetros genéticos em material braquítico (br_2br_2).

Várias metodologias têm sido empregadas na obtenção das estimativas dos componentes da variância genética. De particular significado são os delineamentos I, II e III, propostos por COMSTOCK e ROBINSON (1948 e 1952), que permitem estimar a variância genética aditiva, a variância genética dominante e o grau médio de dominância. Utilizando tais delineamentos, estimativas dos componentes da variância genética têm sido obtidas por ROBINSON *et alii* (1949); LINDSEY *et alii* (1962), SPRAGUE (1964), EBERHART *et alii* (1966), HALLAUER e WRIGHT (1967), SENTZ (1971) e SILVA e HALLAUER (1975), entre outros.

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

3.2.1 - Estimativas para o caráter produção de grãos

Um dos exemplos mais significativos da contribuição da genética quantitativa para o melhoramento foi, sem dúvida, a obtenção dos componentes da variância genética para produtividade de grãos no milho. A obtenção de tais estimativas permitiu que hipóteses anteriormente feitas sobre a ineficácia da seleção massal e do esquema de seleção espiga por fileira fossem discutidas e tais métodos fossem reavaliados e aprimorados.

A principal hipótese discutida foi a respeito da magnitude presente da variância genética aditiva em variedades de polinização livre. HULL (1945), para justificar a falta de êxito desses dois métodos, aventou a hipótese de que a variância genética aditiva tinha se esgotado e que a sobredominância era o tipo de ação gênica mais importante para a produção. Trabalhos posteriormente desenvolvidos, entretanto, mostraram a existência da variância genética aditiva, mesmo em variedades que estão em cultivo há longo tempo, evidenciando a possibilidade de melhoramento intra-populacional.

As estimativas dos componentes da variância genética obtidas para produção de grãos, indicam que a variância genética aditiva é o componente mais importante (LINDSEY *et alii*, 1962; GOODMAN, 1965; MOLL e ROBINSON, 1966; EBERHART *et alii*, 1966; HALLAUER e WRIGHT, 1967; SUBANDI e COMPTON, 1974; SILVA e HALLAUER, 1975).

Valores inferiores a 1,0 da relação σ^2_D/σ^2_A , obtidos por ROBINSON *et alii* (1955), LINDSEY *et alii* (1962), SENTZ (1971) e

HALLAUER (1970), fornecem evidências indiretas que os locus sobredominantes não são de grande importância para variabilidade genética nas populações estudadas. Estimativas do grau médio de dominância acima de 1,0, obtidas por GARDNER *et alii* (1953) e ROBINSON *et alii* (1949), tem indicado a presença de sobredominância entre os alelos que controlam a produção. Entretanto, tais estimativas, provavelmente, apresentam-se superestimadas; em grande parte, devido a genes ligados em fase de repulsão, conforme mostram COMSTOCK e ROBINSON (1952) e GARDNER e LONNQUIST (1959).

Efeitos epistáticos significativos têm sido detectados principalmente em trabalhos que envolvem comparação entre médias de híbridos simples e triplos (BAUMAN, 1959; GORSLINE, 1961; SPRAGUE e THOMAS, 1967 e STUBER e MOLL, 1969). Entretanto, estudos com diferentes materiais e metodologias, têm mostrado que os efeitos epistáticos são negligíveis (ROBINSON *et alii*, 1955; COMPTON *et alii*, 1965; STUBER *et alii*, 1966; GARDNER e PATERNIANI, 1967 e SILVA e HALLAUER, 1975).

3.2.2.- Estimativas para os caracteres altura da planta e da espiga

Estimativas dos componentes da variância genética para a altura da planta e da espiga têm sido obtidas, paralelamente com as estimativas para produção, e assim um grande número de informações são disponíveis na literatura. As magnitudes desses componen-

tes, bem como do grau médio de dominância tem sido semelhantes para esses dois caracteres (ROBINSON *et alii*, 1949; GARDNER *et alii*, 1953; GARDNER e LONNQUIST, 1959). Estimativas da herdabilidade também não têm sido muito diferentes, e em geral altas (ROBINSON *et alii*, 1949; QUEIROZ, 1969; MIRANDA FILHO *et alii*, 1974; PATIL *et alii*, 1973; DANIEL e BAJTAY, 1975; LIMA e PATERNIANI, 1977 e CRISÓSTOMO, 1978, entre outros).

A maior parte da variância genética tem sido do tipo aditiva (ROBINSON *et alii*, 1949 e 1955; GARDNER, 1953; GARDNER e LONNQUIST, 1959; LINDSEY *et alii*, 1962; LONNQUIST *et alii*, 1966 e HALLAUER e WRIGHT, 1967). Estimativas do grau médio de dominância, tem indicado, apenas, a presença de dominância parcial (ROBINSON *et alii*, 1949; GARDNER *et alii*, 1953 e GARDNER e LONNQUIST, 1959). Estes estudos indicam que estes caracteres são controlados predominantemente por genes aditivos.

Não obstante a variância dominante e epistática tenham mostrado ser pouco importantes para a variância genética total, efeitos significativos de dominância foram detectados por CORNELIUS e DUDLEY (1976) e epistáticos por BAUMAN (1959) e GORSLINE (1961).

Um aspecto interessante de estimativa da variância genética dominante é que frequentemente ela tem sido negativa (ROBINSON *et alii*, 1955; LINDSEY *et alii*, 1962; GOODMAN, 1965; LONNQUIST *et alii*, 1966 e HALLAUER e WRIGHT, 1967). Uma possível explicação para estas estimativas negativas, é que estas resultam do er-

ro experimental na estimativa de quantidades muito pequenas, quase nulas (LINDSEY *et alii*, 1962).

3.3 - Correlações Entre os Caracteres: Altura da Planta, Altura da Espiga e Produção

Evidências da associação genética entre os caracteres altura da planta, da espiga e produção de grãos têm sido observadas desde há muito tempo nos programas de seleção, através das alterações correlatas ocorridas nesses caracteres, quando um deles é o objetivo da seleção. Evidências deste tipo são fornecidas nos trabalhos de SMITH (1909) e ACOSTA e CRANE (1972), para a associação entre altura da planta e da espiga, enquanto trabalhos de KISSELBACH (1922), GREEN (1955), HORNER *et alii* (1963), GARDNER (1969), HALLAUER e SEARS (1969), VERA e CRANE (1970), DARRAT *et alii* (1972); ARBOLEDA e LONNQUIST (1976) e YAP e TAN (1976), mostram para a associação entre produção e altura da planta e/ou da espiga.

A associação entre altura da planta e da espiga tem sido positivas. Entretanto, as associações destes caracteres com produção tem apresentado certa discrepância. Associações negativas ou nulas são evidenciadas por SMITH (1909), DARRAT *et alii* (1972) e KISSELBACH (1922). Associações positivas são fornecidas por GREEN (1955), HORNER *et alii* (1963), GARDNER (1969), HALLAUER e SEARS (1969), VERA e CRANE (1970), DARRAT *et alii* (1972) no Quênia, ARBOLEDA e LONNQUIST (1976) e YAP e TAN (1976).

Visando quantificar essas associações, inúmeros trabalhos foram conduzidos, calculando as correlações entre esses caracteres. Correlações positivas e significativas entre altura da planta e da espiga foram detectadas por ROBINSON *et alii* (1951), LONNQUIST e CASTRO (1967), QUEIROZ (1969), MIRANDA FILHO *et alii* (1974), LIMA e PATERNIANI (1977), CRISÓSTOMO (1978), entre outros. Correlações positivas entre produção e altura da planta e/ou da espiga, foram encontradas por ROBINSON *et alii* (1951), MURTY e ROY (1957), JUGENHEIMER (1958), LINDSEY *et alii* (1962), GOODMAN (1965), LONNQUIST e CASTRO (1967), TAVARES e ZINSLY (1971), entre outros. Correlações não foram significativas nos trabalhos de HALLAUER e WRIGHT (1967), QUEIROZ (1969), HALLAUER (1971), OBILANA e HALLAUER (1974), LIMA e PATERNIANI (1977) e CRISÓSTOMO (1978).

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

de dentro da espécie. Tal diversidade pode ser explicada pela quebra dos grupos de ligação, através da recombinação, e formação de populações de distintas propriedades em relação a esse parâmetro; conforme as pressões seletivas, ou efeitos de amostragem que tenham sofrido. Entretanto, deve-se considerar que para populações em equilíbrio de ligação, a presença da correlação indica que a pleiotropia seja a causa genética.

4. MATERIAL

No presente estudo foram utilizadas as subpopulações A e B da variedade Piranão (br_2br_2), sintetizadas no Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo. A subpopulação chamada Piranão-A foi formada através da recombinação de 181 progênies de meios irmãos, selecionadas com base nos ensaios de 500 famílias de meios irmãos, conduzidos no ano agrícola 1973/74, enquanto a subpopulação B foi formada por meio da recombinação de 174 famílias selecionadas dos mesmos ensaios. A produtividade média das 500 progênies foi de 7.443 kg/ha e as amostras selecionadas para a formação das subpopulações A e B apresentaram produtividades de 7.953 kg/ha e 7.266 kg/ha, respectivamente (PATERNIANI, 1970).

A variedade Piranão foi obtida através do cruzamento do milho Piramex III com uma amostra do Tuxpeño braquítico-2, obtido do Cimmyt, México. A variedade Piramex III compreende germoplas-

ma da raça Tuxpeño, tendo sido melhorada por três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. Esta variedade apresenta plantas muito altas, boa resistência ao acamamento, boa produtividade e seus grãos são amarelos dentados. O Tuxpeño braquítico-2 é do mesmo tipo racial, porém apresenta grãos brancos dentados (PATERNIANI, 1973).

Aproximadamente 600 plantas F_1 foram autofecundadas em 1966/67. Em 1967/68, na população F_2 foram eliminadas, antes do florescimento, as plantas altas, obtendo-se cerca de 1.000 plantas braquíticas. Em 1968/69, 1969/70 e 1970/71 foram realizados três ciclos de seleção massal, produzindo as populações Piranão MI, MII e MIII, respectivamente. As eventuais plantas normais foram sempre eliminadas antes do florescimento. Da população Piranão MIII foram extraídas 1.000 progênes de meios irmãos, cuja avaliação foi feita em dez látices 10 x 10 cm, três repetições, em 1971/72. Das 1.000 progênes avaliadas, foram selecionadas 127 famílias e recombinadas num lote isolado, onde cada linha feminina apresentava 50 plantas. Dentro de cada linha feminina foram selecionadas 5 plantas. A população assim produzida foi chamada Piranão MIII-HSI (três ciclos de seleção massal e um ciclo de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos).

Em 1973/74, 500 progênes de meios irmãos da população Piranão MIII-HSI foram avaliadas em 5 látices 10 x 10. Devido à grande variação observada entre progênes, particularmente em rela-

ção à altura da planta, foram selecionadas as progênies produtivas e de altura média, para formar a subpopulação chamada Piranão-A e as de porte mais baixo e de boa produtividade para formação da subpopulação Piranão-B. Em 1974/75 procedeu-se a recombinação de 181 e 174 progênies selecionadas que deram origem ao Piranão A e B, respectivamente. Para cada subpopulação foram obtidas 500 progênies de meios irmãos, cuja avaliação foi feita em 1975/76 em 5 látices triplôs 10 x 10, sendo duas repetições plantadas no distrito de Água Santa e uma repetição na ESALQ, Piracicaba, SP.

5. MÉTODOS

5.1 - Execução Experimental

A tomada dos dados, do presente trabalho, foi realizada nos ensaios de famílias de meios irmãos do programa de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, nas subpopulações A e B da variedade Piranão, desenvolvido pelo Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - USP. Para cada subpopulação foram avaliadas 500 progênies de meios irmãos em 5 latices triplos 10 x 10, com duas repetições plantadas no Bairro de Água Santa e uma na ESALQ, Piracicaba - SP. A parcela foi constituída de uma linha de 10 metros de comprimento, com espaçamento de 1 metro entre linhas e 0,40 metros entre covas. Foram plantadas três sementes por cova, tendo sido realizado o desbaste aproximadamente aos 30 dias, deixando-se 2 plantas por cova. Os tratos culturais fo

ram os mesmos utilizados para milhos normais.

Para os propósitos da presente pesquisa, foi tomada uma amostra de 200 progênies para cada subpopulação, obtida de dois latices simples 10 x 10, instalados no Bairro de Água Santa, Piracicaba - SP. Para o Piranão-A foram tomados, ao acaso, os ensaios 1 e 4 e para o Piranão-B os ensaios 2 e 5. Dentro de cada progênie foram amostradas 5 plantas competitivas, obtendo-se de uma mesma planta dados da altura da planta, da espiga e produção de espigas. Os procedimentos para a obtenção desses dados foi o seguinte: Após decorrido o processo normal de polinização, foram identificadas e marcadas 5 plantas por parcela, com spray vermelho. Aproximadamente a cada 2 metros uma planta competitiva foi identificada. Logo após, procedeu-se a tomada da altura da planta e da inserção da espiga. Por ocasião da colheita, a produção das 5 plantas foi pesada individualmente. Assim, para cada um dos caracteres e para cada subpopulação, foram obtidos 2.000 dados.

A análise de variância para altura da planta e da espiga foi feita com totais de parcelas (total de 5 plantas), e posteriormente transformada a nível individual. Para o caráter produção, a amostragem de 200 progênies e 5 plantas por progênie foi feita apenas com o objetivo de estimar a avaliação dentro. Assim, para este caráter, a análise de variância foi realizada considerando todas as 500 progênies, e feita com total de 50 plantas por parcela. Desta forma, 5 latices triplos 10 x 10, por subpopulação, foram anali-

zados. Estes dados foram corrigidos para "stand" de 50 plantas por parcela, como proposto por ZUBER (1949).

5.2 - Análise da Variância

A análise da variância foi feita de acordo com o seguinte modelo matemático:

$$X_{ijk\ell} = u + p_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ik(j)} + d_{\ell(ijk)} ,$$

onde: $X_{ijk\ell}$ = observação do indivíduo ℓ , da progênie i , no bloco k da repetição j ;

u = média geral;

p_i = efeito da progênie i ;

r_j = efeito da repetição j ;

$b_{k(j)}$ = efeito do bloco k dentro da repetição j ;

$e_{ik(j)}$ = efeito da parcela ik dentro da repetição j ;

$d_{\ell(ijk)}$ = efeito do indivíduo ℓ na parcela ijk .

Com exceção da média, todos os demais efeitos foram considerados aleatórios. Assim:

$$E(p_i) = E(r_j) = E[b_{k(j)}] = E[e_{ik(j)}] = E[d_{\ell(ijk)}] = 0$$

$$E(p_i^2) = \sigma_p^2 ; E(r_j^2) = \sigma_r^2 ; E[b_{k(j)}^2] = \sigma_b^2 ; E[e_{ik(j)}^2] = \sigma_e^2 ;$$

$$E[d_{\ell(ijk)}^2] = \sigma_d^2 ,$$

onde: σ_p^2 = variância genética entre progênies;

σ_r^2 = variância ambiental entre repetições;

σ_b^2 = variância ambiental entre blocos dentro de repetições;

σ_e^2 = variância ambiental entre parcelas;

σ_d^2 = variância fenotípica entre plantas dentro de progênieis.

A análise de variância foi feita com totais de parcelas. Os quadrados médios foram posteriormente divididos pelo número de observações dentro da parcela, permitindo a obtenção dos quadrados médios ao nível individual. O quadrado médio dentro de progênieis (QM_d) foi obtido independentemente, através da média ponderada dos quadrados médios dentro de parcelas, pelos graus de liberdade, como indica a fórmula abaixo:

$$\overline{QM}_d = \frac{\sum_{ij} (gl)_{ij} (QM_d)_{ij}}{\sum_{ij} (gl)_{ij}} = \frac{\sum_{ij} (SQ_d)_{ij}}{\sum_{ij} (gl)_{ij}} .$$

Após os ajustes dos quadrados médios, as estimativas da variância genética entre progênieis ($\hat{\sigma}_p^2$), da variância do erro ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$) e da variância fenotípica dentro de progênieis ($\hat{\sigma}_d^2$), foram obtidas através de operação algébrica dos quadrados médios da análise conjunta, de acordo com a metodologia apresentada por VENCovsky (1969). Na tabela 1 são apresentadas as esperanças matemáticas dos quadrados médios das fontes de variação utilizadas.

Tabela 1 - Esperança matemática dos quadrados médios $[E(Q.M.)]$ das F.V.: progênieis ajustadas e erro intra-bloco, obtidos das análises de variância ao nível individual, de experimentos instalados em látice e do quadrado médio dentro de progênieis, obtido independentemente.

Fonte de Variação	G.L.	Q.M.	$E(Q.M.)$
Progênieis ajustadas	gl_1	Q_1	$\sigma_d^2 + n \sigma_e^2 + nr \hat{\sigma}_p^2$
Erro intra-bloco	gl_2	Q_2	$\sigma_d^2 + n \hat{\sigma}_e^2$
Dentro de progênieis	gl_3	Q_3	σ_d^2

onde: n = número de plantas por parcela;

r = número de repetições;

σ_p^2 = variância genética entre progênieis, ao nível individual;

σ_e^2 = variância do erro ambiental entre parcelas ao nível individual;

σ_d^2 = variância fenotípica entre plantas dentro de progênieis.

Desta forma,

$$\hat{\sigma}_p^2 = (Q_1 - Q_2)/nr$$

$$\hat{\sigma}_e^2 = (Q_2 - Q_3)/n$$

$$\hat{\sigma}_d^2 = Q_3$$

A análise de variância conjunta foi obtida através da ponderação pelos graus de liberdade, dos quadrados médios das análises de variância de cada experimento.

As estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), da variância fenotípica entre plantas ($\hat{\sigma}_F^2$), da variância fenotípica entre médias de progênies ($\hat{\sigma}_F^2$) e do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas (h^2), foram obtidas da seguinte forma:

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4 \hat{\sigma}_p^2$$

$$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2$$

$$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2/r + \hat{\sigma}_d^2/nr = Q_1/nr$$

$$h^2 = \hat{\sigma}_A^2 / \hat{\sigma}_F^2 \quad .$$

5.3 - Análise de Covariância

A análise de covariância entre os caracteres: produção, altura da planta e da espiga, foi feita conforme metodologia relatada por KEMPTHORNE (1966). Por esta metodologia, pode-se obter a análise da covariância, apenas com a utilização da análise de variância. Assim, para a obtenção da covariância entre duas características x e y , deve-se obter a análise de variância de x , y e u , sendo $u = x + y$. Desta forma,

$$\begin{aligned} E(u^2) &= E(x + y)^2 = E(x^2 + 2xy + y^2) = E(x^2) + E(2xy) + E(y^2) \\ &= E(x^2) + 2E(xy) + E(y^2) \quad . \end{aligned}$$

Sendo,

$$E(u^2) = \sigma_u^2 \quad ,$$

$$E(x^2) = \sigma_x^2 ,$$

$$E(y^2) = \sigma_y^2 ,$$

$$E(xy) = \text{cov}(x,y) ,$$

tem-se:

$$\sigma_u^2 = \sigma_x^2 + 2 \text{cov}(x,y) + \sigma_y^2 .$$

Portanto,

$$\text{cov}(x,y) = \frac{\sigma_u^2 - (\sigma_x^2 + \sigma_y^2)}{2} .$$

Como feito para a obtenção das estimativas dos componentes da variância, as análises de variância foram feitas com totais de parcelas, tanto para os caracteres isoladamente (x e y), como para a análise de variância da soma dos caracteres ($u = x + y$). Posteriormente os quadrados médios foram transformados ao nível individual, através da divisão pelo número de observações dentro da parcela. Quando o número de observações dentro da parcela, em cada caráter apresentava-se diferente, a transformação de u para o nível individual foi realizada dividindo-se os quadrados médios pelo número de observações dentro da parcela do caráter que apresentava menor número de observações, conforme demonstrado por GERALDI (1978). Tal procedimento acha-se ilustrado na tabela 2, juntamente com a Esperança dos Produtos Médios das Fontes de Variação utilizadas.

Tabela 2 - Esperança matemática dos produtos médios $E(P.M.)$, das fontes de variação: progênies ajustadas e erro intra-bloco, obtidos das análises de covariância ao nível individual, de experimentos instalados em látice, e do produto médio dentro de progênies, obtido independentemente.

F.V.	G.L.	Ao nível de totais		Ao nível individual	
		P.M.	E(P.M.)	P.M.	E(P.M.)
Progênies Ajust.	g_1	P'_1	$cov'_e + r \cdot cov'_p$	$P_1 = P'_1/m$	$cov_d + n \cdot cov_e + nr \cdot cov_p$
Erro intra-bloco	g_2	P'_2	cov'_e	$P_2 = P'_2/m$	$cov_d + n \cdot cov_e$
Dentro	g_3		----	P_3	cov_d

onde: g_1, g_2, g_3 = graus de liberdade associados às fontes de variação;

P'_1 e P'_2 = produto médio para progênies ajustados e erro intra-bloco, ao nível de totais, respectivamente;

P_1 e P_2 = produto médio para progênies ajustados e erro intra-bloco, ao nível individual, respectivamente;

P_3 = produto médio dentro de progênies, ao nível individual;

cov'_p e cov'_e = covariância genética entre progênies e do erro ambiental entre parcelas, ao nível de totais, respectivamente;

cov_p e cov_e = covariância genética entre progênies e do erro ambiental entre parcelas, ao nível individual, respectivamente;

cov_D = covariância fenotípica entre plantas dentro de progênies;

r = número de repetições;

m e n = número de plantas por parcela para os dois caracteres, sendo $m \leq n$.

Os produtos médios dentro de progênies foram obtidos independentemente, de maneira similar aos quadrados médios dentro de progênies. A análise de covariância conjunta dos dois experimentos em cada subpopulação e para cada caráter, foram obtidos pela ponderação pelos respectivos graus de liberdade, dos produtos médios das análises individuais.

As estimativas das covariâncias genéticas e fenotípicas entre os caracteres em estudo, ao nível individual, foram obtidos através de operação algébrica dos produtos médios, considerando suas respectivas esperanças matemáticas, mostradas na tabela 2.

$$\begin{aligned} cov_D &= P_3 \\ cov_e &= \frac{(P_2 - P_3)}{n} \\ cov_p &= \frac{(P_1 - P_2)}{nr} \end{aligned} ,$$

onde, cov_D = covariância fenotípica entre plantas dentro de progênies;

cov_e = covariância do erro ambiental entre parcelas;

cov_p = covariância genética entre progênies.

As estimativas da covariância genética aditiva ($\hat{c}ov_A$), covariância fenotípica entre plantas ($\hat{c}ov_F$) e entre médias de produções ($\hat{c}ov_{\bar{F}}$) foram obtidas da seguinte maneira:

$$\hat{c}ov_A = 4 \hat{c}ov_p$$

$$\hat{c}ov_F = \hat{c}ov_p + \hat{c}ov_e + \hat{c}ov_d$$

$$\hat{c}ov_{\bar{F}} = \hat{c}ov_p + \hat{c}ov_e/r + \hat{c}ov_d/nr = P_1/nr$$

5.4 - Obtenção das Correlações Genéticas e Fenotípicas

As estimativas das correlações genéticas e fenotípicas, entre os três caracteres considerados: produção, altura de planta e da espiga, foram obtidas de acordo com o procedimento relatado por FALCONER (1964) e KEMPTHORNE (1966). Assim:

$$r_A(x,y) = \frac{\hat{c}ov_A(x,y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_{Ax}^2 \cdot \hat{\sigma}_{Ay}^2}}$$

$$r_F(x,y) = \frac{\hat{c}ov_F(x,y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_{Fx}^2 \cdot \hat{\sigma}_{Fy}^2}}$$

$$r_{\bar{F}}(x,y) = \frac{\hat{c}ov_{\bar{F}}(x,y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_{\bar{F}x}^2 \cdot \hat{\sigma}_{\bar{F}y}^2}}$$

onde: $r_A(x,y)$ = estimativa do coeficiente de correlação genética aditiva entre os caracteres x e y;

$r_F(x,y)$ = estimativa do coeficiente de correlação fenotípica

entre os caracteres x e y, entre plantas;

$r_F(x,y)$ = estimativa do coeficiente de correlação fenotípica
entre os caracteres x e y, entre médias de progê-
nies.

5.5 - Obtenção das Estimativas dos Ganhos Genéticos Esperados e das Respostas Correlacionadas à Seleção

Os ganhos genéticos esperados à seleção foram calculados conforme metodologia relatada por VENCovsky (1969). Os esquemas de seleção considerados foram: seleção massal e seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, com recombinação de sementes remanescentes. As expressões utilizadas foram as seguintes:

$$\Delta G_1 = i \times \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2}}$$

$$\Delta G_2 = i_1 \times \frac{\frac{1}{4} \hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{r} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{nr}}} + i_2 \times \frac{\frac{3}{8} \hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_d^2}},$$

onde, ΔG_1 = ganho genético esperado com seleção massal em ambos os sexos;

ΔG_2 = ganho genético esperado com seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, em ambos os sexos.

As respostas correlacionadas esperadas à seleção, foram calculadas conforme procedimentos apresentados por FALCONER (1964), QUEIROZ (1969) e GERALDI (1978). As expressões utilizadas foram:

$$RC_1(y/x) = i_1 \times \frac{\hat{c}ov_A(x,y)}{\sqrt{(\hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2)x}}$$

$$RC_2(y/x) = i_2 \times \frac{\frac{1}{4} \hat{c}ov_A(x,y)}{\sqrt{(\hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{r} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{nr})x}}$$

onde: $RC(y/x)$ = resposta correlacionada esperada no caráter y , quando a seleção é praticada no caráter x ;

$RC_{1,2}$ = correspondem respectivamente aos esquemas de seleção: seleção massal em ambos os sexos e seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em ambos os sexos.

5.6 - Precisão das Estimativas

A precisão das estimativas dos componentes da variância e dos coeficientes de herdabilidade, foi calculada através da obtenção dos respectivos desvios padrões, conforme metodologia apresentada por BARBIN (1975). Tal metodologia é específica para a obtenção das variâncias associadas às variâncias; obtidas de acordo

com as esperanças dos quadrados médios apresentados na Tabela 1.

Assim:

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

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

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

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

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

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

6. RESULTADOS E DISCUSSÃO

6.1 - Análise de Variância

Os resumos das análises de variância para produção, altura da planta e da espiga, para as duas subpopulações, são apresentados nas tabelas 5 e 6. Os coeficientes de variação experimental (CV%), mostrados nas tabelas 7 e 8, são classificados como baixos e médios, conforme PIMENTEL GOMES (1970).

Os coeficientes de variação para produção oscilaram entre 7,18% e 12,71% nas análises individuais. Nas análises conjuntas os valores foram 10,85% para o Piranão-A e 10,61% para o Piranão-B. Os caracteres altura da planta e da espiga apresentaram coeficientes de variação bastante reduzidos. Nas análises individuais os valores variaram entre 3,38% e 4,30%, para altura da planta, e de 6,66% e 7,63% para altura da espiga. Nas análises conjuntas para

altura da planta os valores foram 3,87% e 4,16% no Piranão-A e B, respectivamente. Para altura da espiga os valores foram 7,22% no Piranão-A e 6,75% no Piranão-B. Os coeficientes de variação experimental obtidos no presente trabalho indicam uma boa precisão dos dados para as três características estudadas.

Nas duas subpopulações o caráter produção foi o que apresentou coeficientes de variação mais elevado, seguido pela altura da espiga e altura da planta. Um fato interessante é a consistência com que o caráter altura da espiga apresenta coeficiente de variação mais altos que os da altura da planta; não obstante as mensurações tenham sido feitas na mesma planta. ANDERSON e CHOW (1963), estudando híbridos nas versões braquítica e normal, também observou o mesmo fato. Em milhos normais, dados apresentados por SILVA e LONNQUIST (1968), MÔRO *et alii* (1974), MIRANDA FILHO e RISSI (1975), RISSI *et alii* (1976), entre outros, mostram essa mesma tendência.

O teste F para os três caracteres estudados são apresentados na tabela 9. A precisão dos experimentos foi suficiente para detectar diferenças altamente significativas entre progênies, para os três caracteres, nas duas subpopulações, indicando a existência de variação genética. As magnitudes do teste F, nas duas subpopulações, foram consistentemente maiores para os caracteres: altura da planta, altura da espiga e peso de espigas. Tais resultados dão indícios de que as duas subpopulações apresentam maior variação genética para altura da planta, altura da espiga e produção de espiga.

gas, respectivamente.

Os valores médios para peso de espigas foram relativamente altos. A produção média para o Piranão-A foi de 7.574 kg/ha e 6.768 kg/ha, para o Piranão-B. A média geral para altura da planta e da espiga foi respectivamente 186 cm e 96 cm para o Piranão-A e 166 cm e 82 cm para o Piranão-B. Estes valores são apresentados na tabela 10.

As médias obtidas para os três caracteres indicam que as duas subpopulações são bastante promissoras sob o ponto de vista de utilização pelos agricultores, uma vez que a produção de espigas é relativamente alta, e apresentam a vantagem de possuírem a altura da planta e da espiga num nível desejável. Comparativamente, o Piranão-A mostra-se mais promissor. As diferenças entre as duas subpopulações, com relação aos três caracteres estudados, devem ser atribuídas, muito provavelmente, ao efeito da seleção disruptiva praticada na população original.

6.2 - Estimativas dos Parâmetros Genéticos e Fenotípicos

As estimativas obtidas no presente trabalho foram calculadas a partir de experimentos conduzidos em apenas uma localidade (Piracicaba-SP), e num único ano. Assim, possivelmente elas tenham sido superestimadas, devido ao componente de variação relativo à interação genótipo por ambiente, que evidentemente não pode ser isolado nestas condições. Segundo GARDNER (1963), este componente po

de causar um erro de mais de 50% no valor da estimativa da variância genética aditiva. Entretanto, MIRANDA FILHO e VENCovsky (1972) e RAMALHO (1978), comparando estimativas obtidas por vários autores, num único ambiente, com as obtidas em mais de um ambiente, observaram que os valores foram semelhantes. COMSTOCK e MOLL (1963) argumentaram que o efeito da interação genótipo por ambiente é maior em famílias que exibem maior variância genética aditiva. Desta forma, estimativas obtidas de famílias de meios irmãos teriam uma pequena influência da interação dos efeitos aditivos por ambiente, uma vez que esse tipo de família libera pouca variância genética aditiva.

6.2.1 - Estimativas para o caráter produção de espigas

Estimativas obtidas ao nível de plantas para o caráter produção de espigas, da variância genética entre progênies (σ_p^2), da variância do erro ambiental entre parcelas (σ_e^2), da variância fenotípica dentro de progênies (σ_d^2), da variância genética aditiva entre plantas (σ_A^2), da variância fenotípica entre plantas (σ_F^2) e entre médias de progênies (σ_F^2), das duas subpopulações, são apresentadas na tabela 11.

A variância genética aditiva (σ_A^2) apresentou valores de $3,4091 \times 10^{-4}$ para o Piranão-A e $6,2604 \times 10^{-4}$ para o Piranão-B. Estes valores mostram que o Piranão-B apresenta-se mais variável para os efeitos gênicos aditivos. RAMALHO (1978) obteve uma estimativa média da variância genética aditiva para 30 populações locais de

milhos normais de $3,20 \times 10^{-4}$, onde os extremos foram $0,41 \times 10^{-4}$ (Caingang) e $7,58 \times 10^{-4}$ (Piramex original). Comparativamente, os dados obtidos no presente trabalho indicam que as duas subpopulações apresentam, relativamente, grande quantidade de variação genética aditiva para produção de espigas. Isto torna-as promissoras em relação ao melhoramento intrapopulacional, particularmente a subpopulação Piranão-B.

A proporção $\hat{\sigma}_d^2/\hat{\sigma}_e^2$ foi de 10,05 para o Piranão-A e 11,75 para o Piranão-B. Estes valores concordam com os obtidos por ROBINSON *et alii* (1949) e GARDNER (1961), em milhos normais, cujo valor obtido foi aproximadamente igual a 10. QUEIROZ (1969) obteve para o Composto Dentado o valor de 5 para esta relação. Comenta que provavelmente para as condições locais este valor seja mais próximo da realidade. Não obstante o presente trabalho tenha sido feito com material braquítico, o valor obtido (≈ 10) não confirma tal hipótese. Mais estudos deveriam ser conduzidos, visando fornecer dados que permitam estabelecer de forma mais precisa a proporção $\hat{\sigma}_d^2/\hat{\sigma}_e^2$ para este caráter, sob nossas condições. Como em ensaios de produção são registrados apenas os totais de parcelas, torna-se impossível isolar os componentes $\hat{\sigma}_d^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$ e, conseqüentemente, a obtenção da herdabilidade no sentido restrito.

A variância fenotípica ao nível de plantas foi ligeiramente superior para o Piranão-A. Tal superioridade deve-se à maior magnitude dos componentes $\hat{\sigma}_e^2$ e $\hat{\sigma}_d^2$, uma vez que o componente $\hat{\sigma}_p^2$ foi

aproximadamente 50% do valor estimado para o Piranão-B. Desta forma, a maior variação fenotípica entre plantas, detectada para o Piranão-A, deve-se à maior influência de fatores ambientais. Isto sugere que o Piranão-B tenha maior homeostase populacional que o Piranão-A. Isto, em princípio, era de esperar, devido à maior variação genética apresentada pelo Piranão-B, como pode ser observado pelos valores da variação genética aditiva (tabela 11) e pelos coeficiente de variação genético.

O coeficiente de variação genético (C.V. gen.%), para o Piranão-A foi de 6,09% e 9,24% para o Piranão-B. Para populações locais de milhos normais, essa mensuração tem variado de 3,37% a 15,31%, com uma média de 7,31%, conforme mostrado por RAMALHO (1978). Assim, os valores obtidos para as duas subpopulações podem ser classificados como médios, indicando a presença de considerável quantidade de variabilidade genética livre. Devido à diferença entre as médias das duas subpopulações, uma comparação entre os coeficientes de variação genético fica prejudicada. Entretanto, uma boa comparação pode ser feita através do coeficiente b , proposto por VENCOVSKY (1975)^{2/}. O coeficiente b é a proporção entre o coeficiente de variação genético (C.V. gen) e o coeficiente de variação experimental (C.V. e), isto é, $b = CV_{gen}/CV_e$. Desta forma, a média do caráter não influi na comparação da variabilidade genética das duas subpopulações. Para o Piranão-A o valor de b foi de 0,56, enquanto

^{2/} Citado por GERALDI (1978).

para o Piranão-B o valor foi de 0,88. Conforme mostrado por RAMALHO (1978), o valor desse coeficiente para populações locais de milhos normais, tem variado de 0,22 a 0,84, com uma estimativa média de 0,45. Estes resultados mostram que as duas subpopulações apresentam grande quantidade de variabilidade genética livre para produção de espigas, particularmente a subpopulação Piranão-B.

As estimativas de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas, foram de 14,18% para o Piranão-A e 28,95% para o Piranão-B (tabela 14). Conforme mostrado por RAMALHO (1978), a herdabilidade média para produção, nas populações locais, tem apresentado o valor de 9,67%. Comparativamente, as estimativas obtidas nas duas subpopulações podem ser consideradas altas. Isto indica que os métodos de melhoramento intrapopulacionais devem apresentar bons resultados, particularmente na subpopulação Piranão-B. Neste sentido, são apresentados na tabela 20 os ganhos genéticos esperados, praticando-se seleção massal e seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. Para a seleção massal com uma intensidade de 10%, o ganho genético esperado para o Piranão-A é de 4,04% e 8,72% para o Piranão-B. Para o esquema de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, com dois ciclos por ano, com uma intensidade de seleção da ordem de 20% entre, e 10% dentro, os ganhos esperados são de 9,20% e 17,74% para o Piranão-A e B, respectivamente.

6.2.2 - Estimativas para os caracteres: altura da planta e da espiga

Nas tabelas 12 e 13 são apresentadas, para esses dois caracteres, as estimativas da variância genética entre progênes ($\hat{\sigma}_p^2$), da variância do erro ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), da variância fenotípica dentro de progênes ($\hat{\sigma}_d^2$), da variância genética aditiva entre plantas ($\hat{\sigma}_A^2$), da variância fenotípica entre plantas ($\hat{\sigma}_F^2$) e entre médias de progênes ($\hat{\sigma}_F^2$), das duas subpopulações.

A variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) foi maior para altura da planta do que para altura da espiga nas duas subpopulações. Para altura da planta os valores foram $3,0171 \times 10^{-2}$ e $4,6896 \times 10^{-2}$ respectivamente para o Piranão-A e B. Para altura da espiga as estimativas foram $2,0492 \times 10^{-2}$ e $2,5847 \times 10^{-2}$. Observa-se que as magnitudes das estimativas para as duas características são maiores para o Piranão-B, tal como ocorreu para o caráter produção.

Estimativas da variância genética aditiva em milhos normais, para essas duas características, têm sido calculadas por vários autores. Alguns desses dados são apresentados na tabela 3. Observa-se que os valores obtidos nas duas subpopulações apresentam magnitudes semelhantes aos obtidos em milhos normais.

O valor da relação $\hat{\sigma}_d^2/\hat{\sigma}_e^2$ para altura da planta e altura da espiga foi aproximadamente igual a 12 nas duas subpopulações. Em algumas populações locais de milhos normais essa relação tem variado de 1 a 12 para altura da planta, e de 6 a 10 para altura da espiga, como mostrado na tabela 4.

Tabela 3 - Estimativas da variância genética aditiva para os caracteres altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), em metros/planta, segundo as fontes citadas.

MATERIAL	Variância genética aditiva (σ_A^2)		FONTES
	AP (metros)	AE (metros)	
Composto Dentado	$5,00 \times 10^{-2}$	$4,80 \times 10^{-2}$	QUEIROZ, 1969
Composto Dentado	$2,08 \times 10^{-2}$	$2,75 \times 10^{-2}$	MIRANDA FILHO, 1974
Composto Flint	$3,08 \times 10^{-2}$	$2,24 \times 10^{-2}$	MIRANDA FILHO, 1974
ESALQ-VD-2 MIHSII	$3,27 \times 10^{-2}$	$2,15 \times 10^{-2}$	LIMA e PATERNIANI, 1977
Composto A	$2,29 \times 10^{-2}$	$3,54 \times 10^{-2}$	CRISÓSTOMO, 1978
Composto B	$4,36 \times 10^{-2}$	$3,09 \times 10^{-2}$	CRISÓSTOMO, 1978
Jarvis	$2,35 \times 10^{-2}$	$1,06 \times 10^{-2}$	ROBINSON <i>et alii</i> , 1955
Weekley	$1,99 \times 10^{-2}$	$1,91 \times 10^{-2}$	ROBINSON <i>et alii</i> , 1955
Indian Chief	$2,18 \times 10^{-2}$	$1,72 \times 10^{-2}$	ROBINSON <i>et alii</i> , 1955
Krug Yellow Dent (1956)	$4,17 \times 10^{-2}$	$2,92 \times 10^{-2}$	LINDSEY <i>et alii</i> , 1962
Krug Yellow Dent (1957)	$2,34 \times 10^{-2}$	$2,11 \times 10^{-2}$	LINDSEY <i>et alii</i> , 1962
Hays Golden (1956)	$6,42 \times 10^{-2}$	$4,84 \times 10^{-2}$	LINDSEY <i>et alii</i> , 1962
Hays Golden (1957)	$4,61 \times 10^{-2}$	$2,53 \times 10^{-2}$	LINDSEY <i>et alii</i> , 1962
MÉDIA	$3,40 \times 10^{-2}$	$2,74 \times 10^{-2}$	

Tabela 4 - Estimativas de componentes da variancia, parametros geneticos e correlacao intraclasses (r) de algumas populações de milhos normais para altura da planta (AP) e da espiga (AE), segundo as fontes citadas.

MATERIAL	AMOSTRA		$\hat{\sigma}_p^2 \times 10^{-4}$		$\hat{\sigma}_g^2 \times 10^{-4}$		$\hat{\sigma}_d^2 \times 10^{-4}$		r		$\hat{\sigma}_d^2 / \hat{\sigma}_g^2$		h^2		FONTE
	Dentro	Entre	AP	AE	AP	AE	AP	AE	AP	AE	AP	AE	AP	AE	
Composto Dentado	5	200	52	68	57	31	311	285	0,14	0,19	5	9	49,5	71,7	MIRANDA FILHO, 1974
Composto Fl1nt	5	200	77	57	37	36	287	244	0,21	0,19	8	7	76,8	66,6	MIRANDA FILHO, 1974
ESALQ-VD-2 MISHII	10	50	82	54	30	38	370	324	0,18	0,14	12	9	67,9	51,9	LIMA e PATERNIANI, 1977a
Composto-A	10	100	57	89	78	73	376	454	0,13	0,16	5	6	44,8	57,5	CRISÓSTOMO, 1978
Composto-B	10	100	109	77		36	365	352	0,23	0,18	1	10	59,7	65,5	CRISÓSTOMO, 1978
MÉDIA	--	--	75	69	51	43	342	332			6	8	60	63	

Os valores obtidos no presente trabalho, para estas duas características, apresentam-se dentro da amplitude de variação observada nessas populações com tendência a se concentrarem acima da média. Neste particular, comparando-se os valores das estimativas dos parâmetros $\hat{\sigma}_d^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$, obtidas no Piranão-A e B, com as obtidas em algumas populações de milhos normais, nota-se grande discrepância. Para altura da planta, os valores obtidos de $\hat{\sigma}_d^2$ foram de $165,93 \times 10^{-4}$ e $149,85 \times 10^{-4}$ para o Piranão A e B, respectivamente. Para altura da espiga esses valores foram de $158,08 \times 10^{-4}$ e $142,28 \times 10^{-4}$. Tais resultados, comparados com os apresentados na tabela 4, cuja média para altura da planta é de 342×10^{-4} e 332×10^{-4} para altura da espiga, mostram que as estimativas $\hat{\sigma}_d^2$, obtidas para as duas subpopulações, apresentam uma redução da ordem de 50%.

Duas hipóteses podem ser aventadas: 1) amostragem tendenciosa dentro de parcelas; 2) competição entre plantas pela luz. Não obstante a forma de amostragem não tenha, muito possivelmente, tido influência na redução da variação dentro de parcelas, estudos visando determinar a melhor combinação entre o número de progênies e o número de plantas dentro de progênies a ser amostrado, deveriam ser levados a efeito. As estimativas mostradas na tabela 4, juntamente com as obtidas neste trabalho, sugerem que uma amostragem de 5 plantas dentro de parcelas em 200 progênies contribui para uma redução da variação dentro, quando comparada com a tomada de 10 plantas por parcela em 100 progênies.

Os coeficientes de variação genético (CV gen%), para altura da planta, foram 4,67% e 6,52%, respectivamente para o Piranão-A e B. Para altura da espiga esses valores foram 7,46% e 9,80%. Os índices b (CV%/CVgen%), conforme proposto por VENCOVSKY (1975)^{3/}, foram de 1,21 e 1,57 para altura da planta no Piranão-A e B, respectivamente. Para altura da espiga esse índice foi de 1,03 no Piranão-A e 1,45 no Piranão-B. Observa-se que a variabilidade genética para esses dois caracteres é maior na subpopulação Piranão-B. Tais resultados indicam a presença de suficiente variabilidade genética entre progênies para a obtenção de ganhos subsequentes pela seleção.

A estimativa do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, ao nível de plantas individuais, para altura da planta, foi de 118,28% no Piranão-A e 167,27% no Piranão-B. Para altura da espiga os valores foram de 91,99% e 125,37% para o Piranão-A e B, respectivamente. Os valores acima de 100% evidentemente são teoricamente impossíveis. Entretanto, deve-se salientar que estimativas da herdabilidade acima de 100% para altura da planta e da espiga têm sido obtidas por outros pesquisadores. QUEIROZ (1969) obteve valores de 101,10% e 130,21% para altura da planta e 112,76 para altura da espiga no Dentado Composto-A. Como fonte de tendência nessas estimativas, o autor sugere o grande erro nos componentes de variância. Comenta que tais erros poderiam ocorrer devido a expansões ou

^{3/} Citado por GERALDI (1978).

encurtamentos da escala fenotípica em decorrência das interações com o ambiente.

No presente trabalho, um fator que deve ser considerado como possível causa das estimativas da herdabilidade acima de 100%, para a altura da planta e da espiga, é a presença de famílias contaminadas com o alelo normal Br_2 . Sendo a característica "braquitica" conferida pelo alelo recessivo br_2 em dupla dose, a presença do alelo normal Br_2 provoca o aparecimento de plantas normais que, evidentemente, apresentam porte mais alto que as plantas recessivas para o gene br_2 . Este fato poderia inflacionar a estimativa da variância genética entre progênies, e consequentemente forçar uma superestimativa da variância genética aditiva.

Dados obtidos por outros autores, mostrando estimativas da herdabilidade acima de 100% ou extremamente altas, sugerem que fatores sistemáticos devem estar provocando estimativas tendenciosas da herdabilidade para os caracteres altura da planta e da espiga.

Embora as estimativas da herdabilidade obtidas para a altura da planta e da espiga tenham sido, em realidade, superestimadas, a herdabilidade para esses dois caracteres, nas duas subpopulações, mostra uma tendência de ser bastante elevada. Tal fato, aliado à magnitude da variância genética aditiva, ao coeficiente de variação genético e à distribuição das médias dessas duas características, mostradas nas figuras 2 e 3, indicam que elas apresentam uma

estrutura genética que permite o direcionamento da seleção, tanto para a obtenção de milhos denominados super-anões (CASTRO GIL, 1975), até os chamados anões modificados (CAMPBELL, 1965).

As correlações intra-classe para os três caracteres estudados no presente trabalho são apresentadas na tabela 16. Tais valores mostram a proporção entre a variância genética entre progênies (σ_p^2) e a soma das variâncias: genética entre progênies (σ_p^2) e dentro de progênies (σ_d^2), conforme STEEL e TORRIE (1960). O componente σ_p^2 , de natureza genética, é equivalente a $1/4 \sigma_A^2$; por outro lado, σ_d^2 é um componente em parte devido às diferenças genéticas entre indivíduos da mesma progênie (σ_{hd}^2) e em parte devido à heterogeneidade ambiental dentro de parcelas (σ_{ed}^2). Como mostrado por VENCOVSKY (1969, $\sigma_{hd}^2 = 3/4 \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + 15/16 \sigma_{AA}^2 + \dots$). Admitindo-se a ausência de heterogeneidade ambiental dentro de progênies ($\sigma_{ed}^2 = 0$) e a ausência das variações genéticas de dominância ($\sigma_D^2 = 0$) e de epistasia ($\sigma_{AA}^2, \dots = 0$), tem-se $\sigma_d^2 = 3/4 \sigma_A^2$. Desta forma, o valor teórico máximo do coeficiente de correlação intra-classe seria 0,25, como mostrado a seguir:

$$r_{\text{(intra-classe)}} = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_p^2 + \sigma_d^2} = \frac{1/4 \sigma_A^2}{1/4 \sigma_A^2 + 3/4 \sigma_A^2} = 0,25 \quad .$$

Observando-se os valores apresentados na tabela 16, nota-se que para produção os coeficientes de correlação intra-classe são bastante baixos. No entanto, para altura da planta e da espí

ga esses valores excedem o valor máximo teórico e estão muito acima dos obtidos a partir de dados apresentados por outros autores (tabela 4). Comparando-se as magnitudes das herdabilidades com as dos coeficientes de correlação intra-classe, observa-se uma correspondência direta entre esses valores. Estes dados indicam que as estimativas dos componentes σ_p^2 e ou σ_d^2 apresentam-se defeituosas.

6.2.3 - Estimativas das correlações entre produção de espigas, altura da planta e altura da espiga

As correlações genéticas aditivas e fenotípicas entre plantas e entre médias de progênies, para os três caracteres estudados, nas duas subpopulações, são apresentadas na tabela 19.

As correlações genéticas aditivas entre produção de espigas e altura da planta e ou altura da espiga, são positivas, relativamente altas e de magnitudes semelhantes. Os valores obtidos para o Piranão-A são mais altos que o Piranão-B. Estes valores indicam que a seleção para alta produtividade deve causar elevação na altura da planta ou da espiga, nas duas subpopulações. Neste sentido, são apresentadas na tabela 21 as respostas correlacionadas para altura da planta e da espiga, à seleção para produção de espigas.

Em milhos normais a correlação positiva entre produção e altura da planta ou altura da espiga tem se constituído num dos principais problemas para a obtenção de milhos de porte baixo, através da seleção em milhos normais. Isto porque a seleção de plan

tas de porte baixo tem acarretado diminuição na produção, como mostrado nos trabalhos de GREEN (1955), HORNER *et alii* (1963), GARDNER (1969), VERA e CRANE (1970), ARBOLEDA e LONNQUIST (1976), entre outros.

Em populações braquíticas, entretanto, a correlação positiva entre altura da planta e produção favorece a utilização do gene br_2 no melhoramento do milho em dois aspectos: 1) como alternativa na produção de milhos de porte baixo; 2) como um meio complementar para o aumento do potencial de produção da planta de milho.

Com relação ao desenvolvimento de milhos de porte baixo, os dados obtidos no presente trabalho são concordantes com os obtidos por CAMPBELL (1965) e indicam que o gene br_2 é promissor para o desenvolvimento de milhos chamados anões modificados. Para programas de melhoramento, visando diminuir a altura da planta, a utilização de populações braquíticas que apresentam correlação positiva entre produção e altura da planta deve ser considerada como um fator positivo. Isto porque a drástica redução do porte da planta, causada pelo gene br_2 , exige que seja feita seleção de genes modificados para o aumento da altura da planta, o qual leva a um ganho adicional na produção, devido à correlação positiva entre esses dois caracteres. Desta forma, a introdução do gene br_2 em populações pode, inicialmente, provocar uma queda na produção. Entretanto, a seleção para produção, aliada à seleção para um porte um pouco mais alto, leva a uma gradual recuperação da queda de produção. Compara-

tivamente a outra alternativa de obtenção de milhos de porte baixo, isto é, através da seleção em milhos normais, o emprego de populações com tal estrutura genética leva a uma gradual queda na produção, caso durante o processo de seleção não seja considerada a correlação entre esses dois caracteres.

Um outro aspecto que merece estudos com o gene br_2 é a sua utilização visando o aumento do potencial de produção da planta de milho, em populações onde a altura da planta já atinge um ponto crítico (excessivamente altas), e apresentem correlação genética positiva entre altura da planta e produção. Em tais populações a seleção para produção deve elevar ainda mais a altura da planta, caso não seja considerada tal correlação, durante o processo de seleção. Sob tais condições, a conversão dessas populações para a condição braquítica fornece ao melhorista um material de porte reduzido, que pode ser submetido à seleção para produção, por vários ciclos, até que a altura da planta torne-se crítica novamente. Durante estes ciclos, a correlação positiva pode ser utilizada de forma favorável.

As estimativas das correlações genéticas aditivas, fenotípicas e entre médias de progênies, entre altura da planta e da espiga, para as duas subpopulações, são apresentadas na tabela 19. Os valores são semelhantes para as duas subpopulações, e caracterizam-se por serem positivos e de magnitude elevada. Os dados obtidos são semelhantes aos citados na literatura para milhos normais.

7. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos no presente trabalho permitem apontar as seguintes conclusões:

a) A seleção disruptiva praticada na população original, para a formação das subpopulações Piranão-A e Piranão-B, foi efetiva. As médias das características: produção de espigas, altura da planta e da espiga, mostram uma nítida separação, sendo que o Piranão-A apresentou valores mais altos para as três características.

b) As estimativas dos parâmetros: coeficiente de variação genético, herdabilidade e variância genética aditiva, indicam que as duas subpopulações apresentam suficiente variabilidade genética para a obtenção de ganhos genéticos relativamente altos, por seleção, nos três caracteres estudados, principalmente o Piranão-B.

c) Os valores da herdabilidade para produção de espigas, iguais a 14,18% para o Piranão-A e 28,95% para o Piranão-B, indicam que esquemas simples de melhoramento, como seleção massal, podem ser eficientes na alteração da média dessas populações, particularmente no Piranão-B.

d) O valor médio da proporção $\hat{\sigma}_d^2/\hat{\sigma}_e^2$, para produção de espigas foi ≈ 11 , sendo semelhante ao encontrado para altura da planta e da espiga, que foi aproximadamente 12.

e) A estimativa da variância fenotípica dentro de progênies ($\hat{\sigma}_d^2$), e da variância do erro ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), comparativamente aos dados apresentados na literatura, com milhos normais, apresentou uma redução da ordem de 50% e 70%, respectivamente.

f) As correlações genéticas aditivas entre produção de espigas e altura da planta, ou altura da espiga, nas duas subpopulações, são positivas, relativamente altas e de magnitudes semelhantes. Essas correlações são da ordem de 0,40 para o Piranão-A e 0,30 para o Piranão-B.

g) As correlações genéticas aditivas entre altura da planta e altura da espiga são positivas e de magnitudes da ordem de 0,70 nas duas subpopulações.

h) As estimativas dos parâmetros genéticos, obtidas nas duas subpopulações, se encontram dentro da amplitude de variação das estimativas obtidas com milhos normais, citadas na literatura.

8. SUMMARY

Estimates of Genetic parameters in two sub-populations of the variety of maize (*Zea mays* L.) Piranão

Two sub-populations obtained from a brachytic population called Piranão M-III-HSI (three cycles of mass selection and one cycle of selection among and within half-sibs) were used. These were respectively Piranão A, obtained through the combination of 181 half-sib families of medium plant height, and Piranão B formed through the combination of 174 half-sib families of shorter plant height. Grain yield, plant and ear height had higher values for Piranão A in relation to Piranão B. The coefficients of heritability in the narrow sense for grain yield were 14.2% and 29.0% respectively for Piranão A and for Piranão B. For plant height these estimates were too high, above

100%. The estimates of additive genetic variances for those characters were similar to the usually found in the literature for corn of normal plant height. On the other hand the components σ_d^2 and σ_e^2 were much lower. The additive genetic correlation between grain yield and plant height or ear height were of the order of 0.40 for Piranão A and 0.30 for Piranão B. Between plant height and ear height these correlations were of the order of 0.70 for the two sub-populations. There are enough variation for improvement of grain yield using simple selection techniques. Also there is indication that selection for grain yield will result in an increase in plant and ear height in the two sub-populations, and specially for Piranão B.

9. LITERATURA CITADA

- ACOSTA, A.E. e P.L. CRANE, 1972. Further selection for lower ear height in maize. Crop Science, Madison, 12: 165-167.
- ALLARD, R.W., 1971. Princípios do melhoramento genético de plantas. São Paulo, Editora Edgar Blucher Ltda. 318 p.
- ANDERSON, J.C. e P.N. CHOW, 1963. Phenotypes an grain yield associated with brachytic-2 gene in single cross hybrids of dent corn. Crop Science, 3: 111-113.
- ARBOLEOA, R.F. e J.H. LONNQUIST, 1976. Evaluation of progress in mass selection of two maize subpopulations. In: Plant breeding Abstracts, 46(10): 751.
- BARBIN, O., 1969. Variância e covariância dos componentes de variância no modelo de classificação hierárquica. Publicação didática do Departamento de Matemática e Estatística, ESALQ/USP, Piracicaba. 8 p. (Mimeografado).

- BAUMAN, L.F., 1959. Evidence of non-allelic gene interaction in determining yield, ear height and kernel row number in corn. Agro-
nomy Journal, Madison, 51: 531-534.
- BULOW, J.F.W.V., 1971. Efeito do gene braquítico-2 em populações análogas e em híbrido de milho (*Zea mays*, L.). Pesq. Agrop.Bras., Brasília, 6: 155-161.
- CAMPBELL, C.M., 1965. News dwarfs and modifiers. Proceedings of the 20th Annual Hybrid Corn Industry-Research Conference, 20: 22-29.
- CARMO, C.M., 1969. Avaliação de progênies de meios irmãos em populações heterogêneas de milho (*Zea mays*, L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 48 p. (Dissertação de Mestrado).
- CASTRO, G.M., 1973. Maíces "Super enanos" para el Bajío. México, Universidade de Coahuila. 20 p. (Boletim).
- 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 Science, Madison, 5: 505-508.
- COMSTOCK, R.E. e H.F. ROBINSON, 1948. The components of genetic variance in populations. Biometrics, Raleigh, 4: 254-256.
- COMSTOCK, R.E. e H.F. ROBINSON, 1952. Estimation of average dominance of genes. In: J.W. GROWEN. Heterosis, Ames, Iowa State College Press, 494-516.
- COMSTOCK, R.E. e R.H. MOLL, 1963. Genotype-environment interactions. In: HANSON, W.O. e H.F. ROBINSON, Ed. Statistical genetics and plant breeding. Washington, National Academy of Sciences - National Research Council, nº 82, p. 164-196.

- CORNELIUS, H.F. e J.W. OUDLEY, 1976. Genetic variance components and predicted response to selection under selfing and Full-sib mating in a maize populations. Crop Science, Madison, 16: 333-339.
- CRISOSTOMO, J.R., 1978. Estimacão de parâmetros genéticos visando seleção em dois compostos de milho (*Zea mays*, L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 71 p. (Dissertação de Mestrado).
- CUNHA, M.A.P., 1976. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays*, L.) ESALQ-HV-1. Piracicaba, ESALQ/USP. 84 p. (Tese de Doutorado).
- DANIEL, L. e I. BATJAY, 1977. The expression of some quantitative characters in a diallel cross of eleven inbred lines of sweet corn (*Zea mays*, L.). In: Plant breeding Abstracts, 47(9): 716.
- DARRAH, L.L.; S.A. EBERHART e L.H. PENNY, 1972. A maize breeding methods study in Kenya. Crop Science, Madison, 12: 605-608.
- DONALD, C.M., 1968. The breeding of crop ideotypes. Euphytica, Wageningen, 17: 385-403.
- EBERHART, S.A.; R.H. MOLL; H.F. ROBINSON e C.C. COCKERHAM, 1966. Epistatic and other variances in two varieties of maize. Crop Science, Madison, 6: 275-280.
- FALCONER, D.S., 1964. Introduction to quantitative genetics. 3a. imp. New York, The Ronald Press Company, 365 p.
- GALSTON, A.W. e P.J. DAVIES, 1972. Mecanismos de controle no desenvolvimento vegetal. São Paulo, Editora Edgar Blucher, 171 p.

- GALVÃO, J.D., 1974. Comportamento do milho Piranão (braquítico-2) e de milhos de porte normal, em diferentes níveis de nitrogênio e populações de plantas. Piracicaba, ESALQ/USP, 106 p. (Tese de Doutorado).
- GARDNER, C.O.; P.H. HARVEY; R.E. COMSTOCK e H.F. ROBINSON, 1953. Dominance of genes controlling quantitative characters in maize. Agronomy Journal, Madison, 45: 186-191.
- GARDNER, C.O. e J.H. LONNQUIST, 1959. Linkage and the degree of dominance of genes controlling quantitative characters in maize. Agronomy Journal, Madison, 51: 524-528.
- GARDNER, C.O., 1961. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. Crop Science, Madison, 1: 241-245.
- GARDNER, C.O. e E. PATERNIANI, 1967. A genetic model use to evaluate the breeding potencial of open-pollinated varieties of corn. Ciência e Cultura, São Paulo, 19: 95-101.
- GARDNER, C.O., 1969. The role of mass selection and mutagenic treatment in modern corn. Proc. of the 24th Annual Corn and Sorghum Res. Conf., pp. 15-21.
- GERALDI, I.O., 1978. Estimação de parâmetros genéticos de caracteres do pendão em milho (*Zea mays*, L.) e perspectivas de melhoramento. Piracicaba, ESALQ/USP. 103 p. (Dissertação de Mestrado).
- GOODMAN, M.M., 1965. Estimates of genetic variance in adapted and exotic populations of maize. Crop Science, Madison, 5: 87-90.

- GORSLINE, G.W., 1961. Phenotypic epistasis for ten quantitative characters in maize. Crop Science, Madison, 1: 55-58.
- GREEN, V.E. Jr., 1955. Asociación de altura de planta y cosecha em maiz tropical. Turrialba, 5: 83-90.
- HALLAUER, A.R. e J.A. WRIGHT, 1967. Genetics variances in the open pollinated variety of maize. Iowa Ideal der Zuchter. Berlin, 37: 178-185.
- HALLAUER, A.R. e J.H. SEARS, 1969. Mass selection for yield in two varieties of maize. Crop Science, Madison, 9: 47-50.
- HALLAUER, A.R., 1970. Genetic variability for yield after four cycles of reciprocal recurrent selections in maize. Crop Science, Madison, 10: 482-485.
- HALLAUER, A.R., 1971. Change in genetic variance for seven plant and ear traits after four cycles of reciprocal recurrent selection for yield in maize. Iowa State J. Sci., 13: 327-330.
- HORNER, E.S.; H.W. LUNDY; M.C. LUTRICK e R.W. WALLAGE, 1963. Relative effectiveness of recurrent selection for specific and general contribining ability in corn. Crop Science, Madison, 3: 63-66.
- JUGENHEIMER, R.W., 1958. Hybrid maize breeding and seed production. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Rome, pp. 100-103.
- KEMPTHORNE, O., 1966. An introduction to genetic statistics. 3a. imp. New York, John Wiley & Sons, 545 p.

- KEMPTON, J.H., 1920. Heritable characters in maize. III-brachytic culms. The Journal of Heredity. Washington, D.C., 11: 111-115.
- KHEHRA, A.S.; V.V. MALHOTRA; V.K. SAXENA e B.S. OHILLON, 1975. Role of brachytic-2 in genetic improvement of maize. Egyptian Journal of genetics and cytology, Ludhiana, 4: 430-432.
- KISSELBACH, T.A., 1922. Corn investigations. Neb. Agric. Exp. Sta. Res. Bull., 20: 151 pp.
- LAMBERT, R.J., 1963. Location of brachytic-2 dwarf. Maize Genet. Coop. News Lett., 37: 41-42.
- LEITE, D.R., 1973. Comportamento do milho (*Zea mays*, L.) braquíptico-2 em diferentes densidades de plantio. Piracicaba, ESALQ/USP. 60 p. (Dissertação de Mestrado).
- LENG, E.R., 1957. Genetic production of short stalked hybrids. Proceedings of the 12th Annual Hybrid Corn Industry Research Conference, 80-86.
- LIMA, M. e E. PATERNIANI, 1977a. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em progênies de meios irmãos de milho (*Zea mays*, L.) ESALQ.VD-2 MI-HSIII e suas implicações no melhoramento. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética. ESALQ/USP, Piracicaba, nº 11: 84-89.
- LIMA, M. e E. PATERNIANI, 1977b. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos na população de milho (*Zea mays*, L.) ESALQ-VD-2. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 11: 82-83.

- LINDSEY, M.F.; J.H. LONNQUIST e C.O. GARDNER, 1962. Estimates of Genetic Variance in open-pollinated varieties of corn beet corn-belt corn. Crop Science, Madison, 2: 105-108.
- LONNQUIST, J.H.; O.A. COTA e C.O. GARDNER, 1966. Effect of mass selection and thermal neutrons irradiation on genetic variances in a variety of corn (*Zea mays*, L.). Crop Science, Madison, 6: 330-332.
- MIRANDA FILHO, J.B. e R. VENCOVSKY, 1972. Estimativas da variância genética aditiva de diversas populações locais. In: Relatório Científico do Departamento de Genética, ESALQ/USP. Piracicaba, n° 6: 61-66.
- MIRANDA FILHO, J.B.; R. VENCOVSKY e E. PATERNIANI, 1972. Variância genética aditiva da produção de grãos em dois compostos de milho e sua implicação no melhoramento. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP. Piracicaba, n° 6: 67-73.
- MIRANDA FILHO, J.B.; E. PATERNIANI e R. VENCDOVSKY, 1974. Variância genética aditiva da altura da planta e da espiga em dois compostos de milho e sua implicação nos melhoramentos. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, n° 8: 104-108.
- MIRANDA FILHO, J.B. e R. RISSI, 1975. Interação de efeitos genéticos com anos em um cruzamento dialélico intervarietal em milho, In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, n° 9: 102-114.

- MIRANDA FILHO, J.B., 1974. Cruzamentos dialélicos e síntese de compostos de milho (*Zea mays*, L.) com ênfase na produtividade e no porte da planta. Piracicaba, ESALQ/USP, 115 p. (Tese de Doutorado).
- MOLL, R.H. e H.F. ROBINSON, 1966. Observed and expected response in four selection experiments in maize. Crop Science, Madison, 6: 319-324,
- MÔRO, J.R.; J.R. ZINSLY e E. PATERNIANI, 1974. Seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos germanos de milho (*Zea mays*, L.). In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 8: 139-147.
- MURTY, G.S. e N.N. ROY, 1957. Study of the Indian collection of maize varieties with special reference to the relationship between yield and others characters. Indian Journal of Genetics & Plant breeding, New Delhi, 17: 73-89.
- OBILANA, A.T. e A.R. HALLAUER, 1974. Estimation of variability of quantitative traits in BSSS by using unselected maize imbred lines. Crop Science, Madison, 14: 99-103.
- PATERNIANI, E., 1967. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays*, L.). Crop Science, 7: 212-216.
- PATERNIANI, E., 1973. Origem e comportamento do milho Piranão. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 7: 148-161.

- PATERNIANI, E., 1974. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho Piranão. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 8: 174-179.
- PATIL, S.J.; R.T. SWAMY e A. RAMANURTHY, 1973. Genetic variation, heritability and genetic advance of quantitative characters in maize. In: Plant Breeding Abstracts, 43(5): 293.
- PENDLETON, J.W. e R.D. SEIF, 1961. Plant population and row spacing studies with brachytic-2 dwarf corn. Crop Science, 1: 433-435.
- PIMENTEL GOMES, F., 1973. Curso de Estatística Experimental, 5a. imp., São Paulo, Editora Livraria Nobel S/A, 430 p.
- QUEIROZ, M.A., 1969. Correlações genéticas e fenotípicas em progênies de meios irmãos de milho (*Zea mays*, L.) e suas implicações no melhoramento. Piracicaba, ESALQ/USP, 71 p. (Dissertação de Mestrado).
- RAMALHO, M.A.P., 1978. Eficiência de alguns processos de seleção intra populacional no milho baseados em famílias não endógamas. Piracicaba, ESALQ/USP, 122 p. (Tese de Doutorado).
- RISSI, R.; G.P. VIEGAS; E. PATERNIANI e J.B. MIRANDA FILHO, 1976. Comportamento de híbridos e populações de milho (*Zea mays*, L.) de porte baixo, em duas densidades de plantio e em quatro locais. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 10: 186-196.
- ROBINSON, H.F.; R.E. COMSTOCK e P.H. HARVEY, 1949. Estimates of heritability and the degree of dominance in corn. Agronomy Journal, Madison, 41: 353-359.

- ROBINSON, H.F.; R.E. COMSTOCK e P.H. HARVEY, 1951. Genotypic and phenotypic correlations in corn and their implications in selections. Agronomy Journal, Madison, 43: 282-287.
- ROBINSON, H.F.; R.E. COMSTOCK e P.H. HARVEY, 1955. Genetic variances in open pollinated varieties of corn. Genetics. Austin, 40: 45-60.
- SCOTT, G.E. e C.M. CAMPBELL, 1969. Intermode lenght and brachytic-2 maize imbeds and single cross. Crop Science, Madison, 9: 293-295.
- SENTZ, J.C., 1971. Genetic variances in a synthetic variety of maize estimated by two matting designs. Crop Science, Madison, 11: 234-238.
- SILVA, W.J. e J.H. LONNQUIST, 1968. Genetic variances in populations from full-sib and open-pollinated variety of maize. Crop Science, Madison, 8: 201-204.
- SILVA, J.C., 1969. Estimativas dos efeitos gênicos epistáticos em cruzamentos intervarietais de milho e suas gerações avançadas. Universidade Federal de Viçosa, 61 p. (Dissertação de Mestrado).
- SILVA, J.C. e A.R. HALLAUER, 1975. Estimation of epistatic variance in Iowa stiff stalk synthetic maize. The Journal of Heredity, Washington, 66: 290-296.
- SMITH, L.H., 1909. The effect of selection upon certain characters in the corn plant. Illinois Agr. Exp. Bull., nº 137: 47-62.

- SOKOLOV, B.P.; P.P. DOMASHNEV e L.I. PAVLENKO, 1976. Results of work on the production of short maize forms. In: Plant breeding Abstracts, 46(4): 277.
- SOLOMONENKO, T.A. e T.S. CHALYR, 1975. A study of dwarf maize hybrids. In: Plant breeding Abstracts, 45(5): 279.
- SPRAGUE, G.F., 1964. Estimates of genetic variations in two open-pollinated varieties of maize and their reciprocal F_1 hybrids. Crop Science, Madison, 4: 332-334.
- SPRAGUE, G.F. e W.I. THOMAS, 1967. Further evidence of epistasis in single and tree-way cross yields of maize (*Zea mays*, L.). Crop Science, Madison, 7: 355-356.
- STEIN, O.L., 1955. Rates of leaf initiation in two mutants of *Zea mays* L., dwarf-1 and brachytic-2. American Journal Bot., 42:885-892.
- STUBER, C.W.; R.H. MOLL e W.D. HANSON, 1966. Genetic variances and interrelationships of six traits in a hybrid population of *Zea Mays* L. Crop Science, 6: 455-458.
- STUBER, C.W. e R.H. MOLL, 1969. Epistasis in maize (*Zea mays*, L.). I: F_1 hybrids and their S_1 progeny. Crop Science, Madison, 9: 124-127.
- SUAREZ LEZCANO, R., 1976. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays*, L.) Composto Flint Branco. Piracicaba, ESALQ/USP, 52 p. (Dissertação de Mestrado).

- SUBANDI, e W.A. COMPTON, 1974. Genetic studies in a exotic population of corn (*Zea mays*, L.), grown under two plant densities. I. Estimates of genetic parameters. Theoretical and Applied Genetics, Berlin, 44: 145-149.
- TAVARES, F.C.A. e J.R. ZINSLY, 1971. Correlações fenotípicas em variedades de milho e respectivos híbridos. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 5: 159-167.
- TAOVA, L.A., 1975. A dwarf hybrid of maize VIR 338. In: Plant Breeding Abstracts, 45(5): 279.
- TORRES SEGOVIA, R., 1976. Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays*, L.) Centralmex. Piracicaba, ESALQ/USP, 98 p. (Tese de Doutorado).
- VALVA, F.D., 1976. Heterose em híbrido intervarietal de milho (*Zea mays*, L.) br₂br₂ (braquítico-2). Piracicaba, ESALQ/USP. (Dissertação de Mestrado).
- VENCOVSKY, R., 1969. Genética quantitativa. In: KERR, W.E., org. Melhoramento e Genética. São Paulo, Edições Melhoramentos, p. 17-38.
- VERA, G.A. e P.L. CRANE, 1970. Effects of selection for lower ear height in synthetic populations of maize. Crop Science, Madison, 10: 286-288.
- YAP, T.C. e S.T. TAN, 1976. Evaluation of recurrent selection based on rouging S₁ progeny test and S₁ line breeding a sweet corn variety. In: Plant Breeding Abstracts, 46(10): 757.

10. TABELAS

Tabela 5 - Quadrados médios, ao nível de plantas, obtidos das análises individuais e conjunta de 5 experimentos em lática tripo (10 x 10), para cada subpopulação, para o caráter produção de espigas (kg/10m²). Piracicaba, SP, 1975/76.

F.V.	G.L.	Exp. 1	Exp. 2	Exp. 3	Exp. 4	Exp. 5	G.L.	Conjunta
P I R A N ã O - A								
Progênes aj.	99	0,017417	0,025577	0,024432	0,021101	0,038414	495	0,025388
Erro intra-bloco	171	0,008316	0,010438	0,013538	0,013772	0,016958	855	0,012604
P I R A N ã O - B								
Progênes aj.	99	0,031969	0,038698	0,03973	0,040176	0,022144	495	0,033192
Erro intra-bloco	171	0,011436	0,004392	0,010352	0,011584	0,010812	855	0,009715

Tabela 6 - Quadrados médios, ao nível de plantas, obtidos das análises individuais e conjunta de dois experimentos em látice simples (10 x 10), para cada subpopulação, para os caracteres: produção de espigas (PE), em kg/10m², altura da planta (PA), em metros, e altura da espiga (AE), em metros. Piracicaba, SP, 1975/76.

F.V.	G.L.	EXP. 1			EXP. 2			G.L.	CONJUNTA				
		PE	AP	AE	PE	AP	AE		PE	AP	AE		
P I R A N ã O - A													
Progênie aj.	99	0,015132	0,070055	0,069967	0,017917	0,127710	0,077566	198	0,016525	0,098883	0,073767		
Erro intra-bloco	81	0,005936	0,018674	0,019933	0,009289	0,028236	0,025141	162	0,007613	0,023455	0,022537		
Dentro	800	0,002081	0,015479	0,015423	0,002138	0,017708	0,016193	1600	0,002110	0,016594	0,015808		
P I R A N ã O - B													
Progênie aj.	99	0,024022	0,107219	0,068814	0,015108	0,170320	0,088142	198	0,019565	0,138770	0,078478		
Erro intra-bloco	81	0,008776	0,021835	0,014590	0,008603	0,021235	0,013131	162	0,008690	0,021535	0,013861		
Dentro	800	0,001857	0,015499	0,014594	0,001841	0,014471	0,013861	1600	0,001849	0,014985	0,014228		

Tabela 7 - Coeficientes de variação experimental (CV%), obtidos das análises individuais e conjuntas de 5 experimentos em látice triplo (10 x 10), para cada subpopulação, para o caráter produção de espigas (PE). Piracicaba, SP, 1975/76.

População	Exp. 1	Exp. 2	Exp. 3	Exp. 4	Exp. 5	Conjunta
Piranão-A	8,36	9,76	11,36	11,96	12,71	10,85
Piranão-B	10,66	7,18	11,34	11,73	11,64	10,61

Tabela 8 - Coeficientes de variação experimental (CV%), obtidos das análises individuais e conjunta de 2 experimentos em látice simples (10 x 10), para cada subpopulação, para os caracteres: peso de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE). Piracicaba, SP, 1975/76.

População	Exp. 1 ^(a)			Exp. 2 ^(b)			Conjunta		
	PE	AP	AE	PE	AP	AE	PE	AP	AE
Piranão-A	7,22	3,38	6,77	10,27	4,30	7,63	8,71	3,87	7,22
Piranão-B	9,62	4,09	6,83	11,18	4,23	6,66	10,36	4,16	6,75

(a) Corresponde ao experimento identificado na tabela anterior como Exp. 1 para o Piranão-A e Exp. 2 para o Piranão-B.

(b) Corresponde ao experimento identificado na tabela anterior como Exp. 4 para o Piranão-A e Exp. 5 para o Piranão-B.

Tabela 9 - Valores e significância do teste F (tratamentos ajustados) para os caracteres: peso de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), de experimentos instalados em látice triplo (peso de espigas) e simples (AP e AE), para as subpopulações A e B da variedade Piranão. Piracicaba, SP, 1975/76.

População	Caráter	Exp. 1	Exp. 2	Exp. 3	Exp. 4	Exp. 5	Conjunta
Piranão-A	PE	2,09**	2,45**	1,80**	1,53**	2,26**	2,01**
	AP	3,75**	--	--	4,52**	--	4,22**
	AE	3,51**	--	--	3,09**	--	3,27**
Piranão-B	PE	2,80**	8,81**	3,18**	3,47**	2,05**	3,42**
	AP	4,91**	--	--	--	8,02**	6,44**
	AE	4,71**	--	--	--	6,71**	5,66**

Tabela 10 - Médias obtidas para os caracteres: produção de espigas (PE), em kg/ha, altura da planta (AP), em cm, e altura da espiga (AE), em cm, para as subpopulações A e B da variedade Piranão. Piracicaba, SP, 1975/76.

População	PE ⁽¹⁾ (kg/ha)	PE (kg/ha)	AP (cm)	AE (cm)
Piranão-A	7.574	7.481	156	96
Piranão-B	6.762	6.612	166	82

(1) Estimativas obtidas a partir de 500 progênies ensaiadas. As demais estimativas referem-se a 200 progênies ensaiadas.

Tabela 11 - Estimativas, obtidas ao nível de plantas, para o caráter peso de espigas (kg/planta), da variação genética entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), variância do erro ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), variância fenotípica dentro de progênies ($\hat{\sigma}_d^2$), variância genética aditiva entre plantas ($\hat{\sigma}_A^2$), variância fenotípica entre plantas ($\hat{\sigma}_F^2$) e entre médias de progênies ($\hat{\sigma}_F^2$), com os respectivos desvios padrões, em valor absoluto e em porcentagem das estimativas correspondentes (CV%). As estimativas foram obtidas de 500 progênies avaliadas em 5 látices triplos (10 x 10). Piracicaba, SP, 1975/76.

	P i r a n ã o - A		P i r a n ã o - B	
$\hat{\sigma}_p^2$	$0,8523 \times 10^{-4} \pm 1,1490 \times 10^{-5}$	(13,48%)	$1,5651 \times 10^{-4} \pm 1,4390 \times 10^{-5}$	(9,19%)
$\hat{\sigma}_e^2$	$2,0988 \times 10^{-4} \pm 1,2290 \times 10^{-5}$	(5,86%)	$1,5732 \times 10^{-4} \pm 0,9490 \times 10^{-5}$	(6,03%)
$\hat{\sigma}_d^2$ (1)	$21,0980 \times 10^{-4} \pm 7,4540 \times 10^{-5}$	(3,53%)	$18,4890 \times 10^{-4} \pm 6,5330 \times 10^{-5}$	(3,53%)
$\hat{\sigma}_A^2$	$3,4091 \times 10^{-4}$		$6,2604 \times 10^{-4}$	
$\hat{\sigma}_F^2$	$24,0490 \times 10^{-4}$		$21,6270 \times 10^{-4}$	
$\hat{\sigma}_F^2$	$1,6925 \times 10^{-4}$		$2,2128 \times 10^{-4}$	

(1) Estimativa obtida de 200 progênies avaliadas em látice simples (10 x 10).

Tabela 12 - Estimativas, obtidas ao nível de plantas, para o caráter altura da planta (metros), da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), variância do erro ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), variância fenotípica dentro de progênies ($\hat{\sigma}_d^2$), variância genética aditiva entre plantas ($\hat{\sigma}_A^2$), variância fenotípica entre plantas ($\hat{\sigma}_F^2$) e entre médias de progênies ($\hat{\sigma}_F^2$), com os respectivos desvios-padrões, em valor absoluto e porcentagem das estimativas correspondentes (CV%). Estimativas obtidas de 200 progênies avaliadas em 2 látices simples (10 x 10). Piracicaba, SP, 1975/76.

	P i r a n ã o - A		P i r a n ã o - B	
$\hat{\sigma}_p^2$	$7,5428 \times 10^{-3} \pm 10,2214 \times 10^{-4}$	(13,55%)	$11,7240 \times 10^{-3} \pm 14,0790 \times 10^{-4}$	(12,01%)
$\hat{\sigma}_e^2$	$1,3722 \times 10^{-3} \pm 5,3082 \times 10^{-4}$	(38,68%)	$1,3100 \times 10^{-3} \pm 4,8695 \times 10^{-4}$	(37,17%)
$\hat{\sigma}_d^2$	$16,5930 \times 10^{-3} \pm 5,8630 \times 10^{-4}$	(3,53%)	$14,9850 \times 10^{-3} \pm 5,2947 \times 10^{-4}$	(3,53%)
$\hat{\sigma}_A^2$	$30,1710 \times 10^{-3}$		$46,8960 \times 10^{-3}$	
$\hat{\sigma}_F^2$	$25,5080 \times 10^{-3}$		$28,0190 \times 10^{-3}$	
$\hat{\sigma}_F^2$	$9,8883 \times 10^{-3}$		$13,8770 \times 10^{-3}$	

Tabela 13 - Estimativas, obtidas ao nível de plantas, para o caráter altura da espiga (metros), da variância genética entre progênies (σ_p^2), variância do erro ambiental entre parcelas (σ_e^2), variância fenotípica dentro de progênies (σ_d^2), variância genética aditiva entre plantas (σ_A^2), variância fenotípica entre plantas (σ_F^2) e entre médias de progênies (σ_F^2), com os respectivos desvios-padrões em valor absoluto e em porcentagem das estimativas correspondentes (CV%). Estimativas obtidas de 200 progênies avaliadas em 2 látices simples (10×10). Piracicaba, SP, 1975/76.

	P i r a n ã o - A		P i r a n ã o - B	
σ_p^2	$5,1230 \times 10^{-3} \pm 7,7849 \times 10^{-4}$	(15,19%)	$6,4617 \times 10^{-3} \pm 7,9955 \times 10^{-4}$	(12,37%)
σ_e^2	$1,3458 \times 10^{-3} \pm 5,0999 \times 10^{-4}$	(37,89%)	$-0,0734 \times 10^{-3} \pm 3,2223 \times 10^{-4}$	(439,00%)
σ_d^2	$15,8080 \times 10^{-3} \pm 5,5855 \times 10^{-4}$	(3,53%)	$14,2280 \times 10^{-3} \pm 5,0272 \times 10^{-4}$	(3,53%)
σ_A^2	$20,4920 \times 10^{-3}$		$25,8470 \times 10^{-3}$	
σ_F^2	$22,2770 \times 10^{-3}$		$20,6160 \times 10^{-3}$	
σ_F^2	$7,3767 \times 10^{-3}$		$7,8478 \times 10^{-3}$	

Tabela 14 - Estimativas obtidas ao nível de plantas, dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito, com os respectivos desvios padrões, em valor absoluto e em porcentagem das estimativas (CV%), para os caracteres: produção de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), para as duas subpopulações. Piracicaba, SP, 1975/76.

	P i r a n ã o - A	P i r a n ã o - B
PE	0,1418 ± 0,0192 (13,54%)	0,2895 ± 0,0264 (9,12%)
AP	1,1828 ± 0,1231 (10,41%)	1,6737 ± 0,1274 (7,61%)
AE	0,9199 ± 0,1173 (12,75%)	1,2537 ± 0,1150 (9,17%)

Tabela 15 - Estimativas obtidas entre médias de progênes dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito para os caracteres: produção de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), para as duas subpopulações. Piracicaba, SP, 1975/76.

	P i r a n ã o - A	P i r a n ã o - B
PE	0,5035	0,7073
AP	0,7628	0,8449
AE	0,6945	0,8234

Tabela 16 - Coeficiente de correlação intra-classe para os caracteres: produção de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), para as duas subpopulações. Piracicaba, SP, 1975/76.

	P i r a n ã o - A	P i r a n ã o - B
PE	0,0388	0,0780
AP	0,3125	0,4390
AE	0,2448	0,3123

Tabela 17 - Produtos médios, ao nível de plantas, obtidos das análises individuais e conjunta de dois experimentos em látice simples (10 x 10), entre os caracteres: produção de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE). Piracicaba, SP, 1975/76.

F.V.	G.L.	EXP. 1			EXP. 2			G.L.	CONJUNTA				
		PEXAP	PEXAE	APxAE	PEXAP	PEXAE	APxAE		PEXAP	PEXAE	APxAE		
P I R A N Ã O - A													
Progênie aj.	99	0,034310	0,037029	0,049156	0,071960	0,047839	0,082335	198	0,053135	0,042434	0,065746		
Er.intra-bloco	81	0,013920	0,008607	0,012456	0,021632	0,017921	0,021072	162	0,017776	0,013264	0,016764		
Dentro	800	0,000943	0,000587	0,009271	0,001397	0,000651	0,009528	1600	0,001170	0,000619	0,009400		
P I R A N Ã O - B													
Progênie aj.	99	0,042847	0,028826	0,051027	0,065791	0,047753	0,107246	198	0,054319	0,038290	0,079137		
Er.intra-bloco	81	0,006788	0,008694	0,016792	0,013849	0,008036	0,010929	162	0,010319	0,008365	0,013861		
Dentro	800	0,000513	0,000180	0,008758	0,000892	0,000216	0,007497	1600	0,000703	0,000198	0,008128		

Tabela 18 - Estimativas, obtidas ao nível de plantas, para as covariâncias entre os caracteres: produção de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), para as duas subpopulações. Piracicaba, SP, 1975/76.

	PIRANÃO-A			PIRANÃO-B		
	$PE \times AP$ $\times 10^{-4}$	$PE \times AE$ $\times 10^{-4}$	$AP \times AE$ $\times 10^{-4}$	$PE \times AP$ $\times 10^{-4}$	$PE \times AE$ $\times 10^{-4}$	$AP \times AE$ $\times 10^{-4}$
$c\hat{ov}_p$	3,5359	2,9170	48,9820	4,4000	2,9925	65,2760
$c\hat{ov}_e$	3,3212	2,5291	14,7290	1,9232	1,6335	11,4680
$c\hat{ov}_d$	11,6910	6,1872	93,9930	7,0253	1,9750	81,2680
$c\hat{ov}_A$	14,1440	11,6680	195,9300	17,6000	11,9700	261,1000
$c\hat{ov}_F$	18,5480	11,6330	157,7000	13,3490	6,6010	158,8010
$c\hat{ov}_{\bar{F}}$	5,3135	4,2434	65,7460	5,4319	3,8290	79,1370

$c\hat{ov}_p$ = covariância genética entre progênies;

$c\hat{ov}_e$ = covariância do erro ambiental entre parcelas;

$c\hat{ov}_d$ = covariância fenotípica dentro de progênies;

$c\hat{ov}_A$ = covariância genética aditiva entre plantas;

$c\hat{ov}_F$ = covariância fenotípica entre plantas;

$c\hat{ov}_{\bar{F}}$ = covariância fenotípica entre médias de progênies.

Tabela 19 - Estimativas, obtidas ao nível de plantas, para os coeficientes de correlação entre os caracteres: produção de espigas (PE), altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), para as duas subpopulações. Piracicaba, SP, 1975/76.

	PIRANÃO-A			PIRANÃO-B		
	PE x AP	PE x AE	AP x AE	PE x AP	PE x AE	AP x AE
r_A	0,4410	0,4415	0,7880	0,3248	0,2976	0,7500
r_F	0,2368	0,1589	0,6616	0,1715	0,0989	0,6574
$r_{\bar{F}}$	0,4107	0,3798	0,7698	0,2181	0,2906	0,7583

r_A = estimativa da correlação genética aditiva entre plantas;

r_F = estimativa da correlação fenotípica entre plantas;

$r_{\bar{F}}$ = estimativa da correlação fenotípica entre médias de progênies.

Tabela 20 - Ganhos genéticos esperados por ciclo, em porcentagem da média, para produção de espigas, nas duas subpopulações. Piracicaba, SP, 1975/76.

E s q u e m a	Piranão-A	Piranão-B
Seleção massal ^(a)	4,04%	8,72%
Seleção entre e dentro de famílias ^(b) de meios irmãos (1 ciclo/2 anos)	9,20%	17,74%

(a) Intensidade de seleção de 10%.

(b) Intensidade de seleção de 20% entre e 10% dentro.

Tabela 21 - Respostas correlacionadas para os caracteres altura da planta e da espiga, à seleção para produção de espigas. Os valores referem-se aos ganhos genéticos esperados para os caracteres altura da planta e da espiga, em porcentagem das médias das respectivas subpopulações, quando a seleção é praticada visando o aumento da produção de espigas. Piracicaba, SP, 1975/76.

E s q u e m a		Piranão-A	Piranão-B
Seleção massal ^(a)	AP	1,35%	2,00%
	AE	2,18%	2,76%
Seleção entre e dentro de famílias ^(b) de meios irmãos (1 ciclo/2 anos)	AP	3,10%	4,06%
	AE	4,96%	5,59%

(a) Intensidade de seleção de 10%.

(b) Intensidade de seleção de 20% entre e 10% dentro.

11. FIGURAS

Fig. 1 - Polígono de frequências para o caráter produção de espigas (ton/ha), para as subpopulações A e B da variedade Piranão. Piracicaba, SP, 1975/76.

Fig. 2 - Polígono de frequências para o caráter altura da planta (cm), para as subpopulações A e B da variedade Piranão. Piracicaba, SP, 1975/76.

Fig. 3 - Polígono de frequências para o caráter altura da espiga (cm) para as subpopulações A e B da variedade Piranão. Piracicaba, SP, 1975/76.