

COMPARAÇÃO ENTRE MÉTODOS DE SELEÇÃO EM MILHO CV. CENTRALMEX¹

AFONSO CELSO CANDEIRA VALOIS² e JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO³

RESUMO - A cultivar de milho (*Zea mays* L.) Centralmex MI-VI foi plantada em quatro blocos contíguos, nos quais foram avaliados os seguintes tipos de progênes, visando a seleção recorrente: cruzamento recíproco de primeira espiga e autofecundação da segunda espiga; cruzamento recíproco da primeira espiga, sem autofecundação; cruzamento em cadeia e autofecundação das primeiras espigas. Os esquemas de seleção foram baseados na avaliação de progênes de irmãos germanos para os blocos 1, 2 e 3, e avaliação de progênes S₁ para o bloco 4. As comparações foram feitas quanto ao progresso esperado, com base no diferencial de seleção observado e estandardizado, estimado em função da intensidade de seleção; progresso esperado, considerando constante a intensidade de seleção com tamanho efetivo variável e vice-versa; índice de variação, e coeficiente de herdabilidade. Em todas as comparações efetuadas, os resultados mostraram superioridade do esquema S₁.

Termos para indexação: tamanho efetivo populacional, intensidade de seleção, herdabilidade, índice de variação.

COMPARISON AMONG SELECTION METHODS IN MAIZE CV. CENTRALMEX

ABSTRACT - The maize (*Zea mays* L.) cv. Centralmex was planted in four contiguous blocks. Four mating schemes were used: reciprocal crosses of the upper ears and selfing of the lower ears; reciprocal crosses of the upper ears without selfing; sequential pollination or chain crosses and selfing of the upper ears. Selection schemes were based on full-sib progeny evaluation for blocks 1, 2 and 3 and on S₁ progeny evaluation for block 4. Comparisons were made by taking into account expected progress based on observed and standardized differential of selection estimated as a function of selection intensity; expected progress by making constant the selection intensity with varying effective population size and vice-versa; variation index and coefficient of heritability. In all realized comparisons the results showed superiority of the S₁ progeny evaluation.

Index terms: effective population size, selection intensity, heritability, variation index.

INTRODUÇÃO

De uma maneira geral, os métodos de melhoramento genético de populações de milho estão reunidos em grupos que visam o melhoramento intrapopulacional e interpopulacional. Para a elaboração e execução dos programas de melhoramento, o principal fator é escolher, entre os vários métodos disponíveis, quais aqueles que são capazes de apresentar as maiores eficiências em relação às populações de genótipos a serem trabalhadas. Um método é considerado mais eficiente do que outro quando tem capacidade de mostrar progressos maiores ou iguais, em menor espaço de tempo, e

com dispêndio inferior de recursos e esforços.

Embora a escolha certa do esquema de seleção constitua um passo decisivo para que sejam obtidos incrementos significativos dos progressos genéticos na população em estudo, ao melhorista cabe ainda reconhecer quais os parâmetros metodológicos que contribuem para a maior eficiência de cada método. Assim, na execução das comparações, devem ser considerados aspectos de intensidade de seleção e tamanho efetivo populacional, dentre outros, que, direta ou indiretamente, estão relacionados com o sucesso do programa.

O procedimento baseado na igualdade de intensidade de seleção torna-se mais importante quando se deseja comparar progressos em programas de seleção de curta duração, pois o objetivo é minimizar o ganho em poucas gerações de seleção. Enquanto isso, a comparação de esquemas, levando em consideração a igualdade do tamanho efetivo, tem melhor aplicação para os casos em que o melhorista visa um programa de seleção de longa duração, no qual a variabilidade genética da população não deve

¹ Aceito para publicação em 27 de dezembro de 1983. Parte da tese de Doutorado do primeiro autor, apresentada à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" para obtenção do Grau de Doutor.

² Eng^o - Agr^o, M.Sc., Dr., Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), Supercenter Venâncio 2000, 9^o andar - CEP 70333 - Brasília, DF.

³ Eng^o - Agr^o, M.Sc., Dr., Professor-Adjunto da ESALQ/USP, Caixa Postal 83 - CEP 13400 - Piracicaba, SP.

ser reduzida drasticamente em poucas gerações, se forem esperados contínuos progressos durante o desenrolar do programa.

Como caminhos alternativos para que sejam realizadas comparações entre os diversos métodos, podem ser utilizados os seguintes procedimentos: a. emprego da Genética Quantitativa tendo em vista o fornecimento das bases teóricas dos diferentes modos, através dos quais a eficiência de um método pode ser aumentada, além da comparação propriamente dita dos diversos esquemas; b. efetuar a comparação dos vários esquemas empregados, de posse dos resultados obtidos por diferentes pesquisadores e em diferentes condições experimentais; c. aplicação simultânea de vários métodos de melhoramento em uma mesma população e em condições experimentais semelhantes.

A fundamentação teórica com o emprego de processos inteiramente biométricos traz, às vezes, inconveniências, pois um determinado método pode ser considerado teoricamente superior por proporcionar progressos elevados, mas ser julgado inconveniente sob outros aspectos, tais como intensidade de trabalho, recursos envolvidos, intervalo do ciclo de seleção. A duração de ciclo de seleção é um aspecto importante, pois não só interfere com o progresso médio por ano, como também tem implicações com a interação genótipo x ambiente (anos), pois sendo a seleção praticada em um único ano, este pode não ser representativo dos demais anos que envolvem um ciclo de seleção. Por outro lado, a utilização dos diferentes resultados obtidos por diferentes pesquisadores na comparação dos diversos métodos pode tornar-se inconveniente em virtude de fatores como: a. diferentes constituições genéticas das populações; b. variação nas metodologias empregadas na condução dos ensaios experimentais; c. diferenças na avaliação dos resultados.

Além das diferenças de cunho genético das populações, os procedimentos que mais diferem entre os melhoristas, referem-se ao tamanho da amostra, intensidade de seleção e pesos relativos, quando a seleção é aplicada para vários caracteres. Por seu turno, a comparação dos métodos através das aplicações simultâneas em uma mesma população é a mais adequada, pois permite a obtenção de resultados mais consistentes em relação às outras

duas opções. No entanto, é mais trabalhosa, o que tem conduzido a sua pouca utilização pelos melhoristas de milho. Entretanto, dentro de um contexto metodológico mais plausível na comparação de diversos métodos de melhoramento genético, o procedimento mais seguro e eficaz, talvez, seja associar a aplicação simultânea dos vários métodos, em uma mesma população, em igualdade de condições experimentais, aos processos biométricos dados pela Genética Quantitativa. Tal procedimento assegura uma quantidade mais ampla de informações, pois associa aspectos teóricos a resultados experimentais para a avaliação das hipóteses inerentes à metodologia de comparação de métodos de melhoramento genético.

Em vista do exposto, o presente trabalho refere-se ao estudo comparativo de quatro métodos de seleção em uma população melhorada de milho, utilizando processos biométricos aplicados a resultados de experimentos conduzidos especificamente para tal finalidade. Assim, são estudadas as eficiências dos esquemas de irmãos germanos com autofecundação da segunda espiga, irmãos germanos sem autofecundação, irmãos germanos com cruzamentos em cadeia e avaliação de progênies S_1 .

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi desenvolvido com utilização da variedade Centralmex oriunda de seis ciclos de seleção recorrente entre e dentro de famílias de meios-irmãos. O campo de milho foi plantado em 1977/78, na área experimental do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", em Piracicaba, SP. Foi dividido em quatro lotes nos quais foram conduzidos os esquemas de seleção, assim definidos:

- lote 1: cruzamento recíproco com autofecundação da segunda espiga (método de avaliação de progênies de irmãos germanos); esquema IGRS;
- lote 2: cruzamento recíproco sem autofecundação (método de avaliação de progênies de irmãos germanos); esquema IGR;
- lote 3: cruzamento em cadeia - $1 \times 2, 2 \times 3, \dots (n-1) \times n, n \times 1$ (método de avaliação de progênies de irmãos germanos); esquema IGC;
- lote 4: autofecundação das primeiras espigas (método de avaliação de progênies S_1). Esquema S_1 .

Após a colheita e tratamento adequado das sementes, foram conduzidos oito experimentos de avaliação no ano agrícola de 1978/79, também, em Piracicaba, sendo dois experimentos para cada esquema de seleção (1 e 2: IGRS;

3 e 4: IGR; 5 e 6: IGC; 7 e 8: S₁). A Tabela 1 contém o resultado geral das análises efetuadas.

Em seguida foram selecionados, somente com base na produção de grãos, os seguintes número de progênies para cada método (identificados por lote):

- lote 1: 16 progênies (diferencial de seleção estandardizado $n/N = 24,24\%$);
 lote 2: 27 progênies (diferencial de seleção estandardizado $n/N = 26,73\%$);
 lote 3: 26 progênies (diferencial de seleção estandardizado $n/N = 19,55\%$);
 lote 4: 28 progênies (diferencial de seleção estandardizado $n/N = 21,21\%$).

Em seguida, foi realizada a estimação dos componentes da variância. Em virtude de os experimentos de avalia-

ção constarem de diferentes números de tratamentos e de repetições, houve a necessidade de utilizar médias ponderadas para, em seguida, ser aplicado o método de quadrados mínimos. Na Tabela 2, estão contidos os dados que serviram de base para a comparação propriamente dita dos quatro esquemas de seleção.

Para isso, primeiramente, levou-se em consideração o ganho genético de seleção esperado para cada método. Em seguida, foi efetuada a comparação entre os métodos através da utilização do mesmo diferencial de seleção estandardizado (i) por um lado, e por outro, usando o mesmo tamanho efetivo (N_e) da população e os ganhos genéticos esperados. Para o caso de i , este foi fixado em 25% com os diferentes tamanhos efetivos usados para cada método. Em seguida, foi fixado o mesmo tamanho

TABELA 1. Caracterização dos experimentos de avaliação de progênies com relação aos parâmetros: média geral (t/ha), coeficientes de variação (CV) dos delineamentos em blocos casualizados e em látice, quadrados médios do resíduo (blocos casualizados) e erro intrabloc (látice), erro-padrão da média, eficiência do látice, número de tratamentos e de repetição e teste F. Piracicaba, 1978/79.

Parâmetros	Exp. 1	Exp. 2	Exp. 3	Exp. 4	Exp. 5	Exp. 6	Exp. 7	Exp. 8
Média geral	7,704	7,028	7,644	7,520	7,776	7,624	4,568	4,882
CV - blocos (%)	15,1	15,3	14,8	12,8	14,1	14,3	22,3	21,5
CV - látice (%)	-	14,9	14,5	-	14,0	14,1	22,1	21,5
Resíduo	0,3389	0,2886	0,3186	0,2273	0,3023	0,2964	0,2584	0,2761
Erro intrabloc	-	0,3128	0,2939	-	0,3594	0,2695	0,2477	0,2682
Erro-padrão (m)	0,2377	0,3102	0,2524	0,3372	0,3175	0,3850	0,2934	0,1381
Efic. do látice (%)	-	105,0	103,2	-	101,8	102,4	100,1	100,3
Nº de tratamentos	36	36	81	25	100	36	100	36
Nº de repetições	6	3	5	2	3	2	3	2
Teste F	2,70**	4,21**	2,52**	2,39**	1,17(n.s.)	2,08*	3,29**	4,29**

* significativo ao nível de 5% de probabilidade

** significativo ao nível de 1% de probabilidade

n.s. = não-significativo

TABELA 2. Estimativas da variância genética ($\hat{\sigma}_p^2$), variância residual ($\hat{\sigma}^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) e variância genética dominante ($\hat{\sigma}_D^2$) para peso de grãos, para os quatro esquemas de seleção.

Esquema de seleção	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}^2$	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{\sigma}_A^2$ (kg/5 m ²)	$\hat{\sigma}_D^2$ (kg/5 m ²)
Lote 1 - Esquema IGRS	0,153568	0,301408	0,219820	0,281760	0,050752
Lote 2 - Esquema IGR	0,112273	0,301408	0,187259	0,205994	0,037104
Lote 3 - Esquema IGC	0,075828	0,301408	0,186711	0,139126	0,025060
Genótipos	0,015674	-	0,080563	-	-
Prog./genótipos	0,029004	-	0,129779	-	-
Lote 4 - Esquema S ₁	0,218561	0,301408	0,319146	0,209143	0,037672

Análise global: $\hat{\sigma}_A^2 = 0,209339$ em kg/5 m², ou seja, $3,3494 \times 10^{-4}$ em kg/planta

$\hat{\sigma}_D^2 = 0,037707$ em kg/5 m², ou seja, $0,6033 \times 10^{-4}$ em kg/planta

Relação $\hat{\sigma}_D^2/\hat{\sigma}_A^2 = 0,180124$

efetivo das populações em relação ao método de irmãos germanos com autofecundação da segunda espiga ($N_e = 16$), como também, para as famílias de progênies S_1 ($N_e = 28$), e calculados os diferentes is. Para isso, o número de progênies selecionadas nos lotes 1 e 4 (que envolvem recombinação de progênies S_1) foi multiplicado pelo fator 1, enquanto que o número daquelas selecionadas nos lotes 2 e 3 (progênies de irmãos germanos) foi multiplicado pelo fator 2 (Vencovsky 1978a). Para o caso da população do lote 1, o tamanho efetivo equivale ao de progênies S_1 (obtidas da autofecundação da segunda espiga) por terem constituído a unidade de recombinação. De posse desses dados, foram calculados os ganhos genéticos de seleção e efetuadas as devidas comparações.

Para fins comparativos, considerou-se, também, a quantidade e o rendimento do trabalho envolvidos em cada esquema de seleção. Considerando-se que foi realizado o número possível de polinizações em cada lote, o número de progênies avaliadas e o número de repetições possíveis com a quantidade de sementes disponíveis constituíram, também, fatores que foram levados em conta nas comparações.

Para cada método de seleção foram ainda calculados os seguintes parâmetros para efeito comparativo:

a. Coeficiente de variação experimental (CVe): calculado com a média dos quadrados médios residuais de dois experimentos, ponderado pelos graus de liberdade (\bar{Q}_3) e com a média de produção de grãos (\bar{Y}), ponderada pelo número de repetições. Assim, tem-se $CVe = \sqrt{\bar{Q}_3/\bar{Y}}$.

b. Coeficiente de variação genética (CVg): calculado a partir da estimativa ponderada da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_{P12}^2$) e com a média de produção de grãos (\bar{Y}), ponderado pelo número de repetições. Assim, tem-se: $CVg = \sqrt{\hat{\sigma}_{P12}^2/\bar{Y}}$.

c. Índice de variação (b): este coeficiente foi calculado pela fórmula $b = CVg/CVe$, onde CVg e CVe representam os coeficientes de variação genética e experimental, respectivamente.

d. Coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, ao nível de parcelas (h_p^2): para cada método os cálculos foram efetuados de acordo com as seguintes fórmulas:

$$\text{Esquemas 1, 2 e 3: } h_p^2 = (1/2) \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_F^2}$$

$$\text{Esquema 4: } h_p^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_F^2}$$

e. Ganho genético esperado por seleção truncada ($G_{s(E)}$): utilizou-se o diferencial de seleção estandardizado (i), aplicado à fórmula geral do progresso esperado por seleção, ou seja, $G_{s(E)} = i c \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_F^2}}$, onde c é um coeficiente variável para cada esquema de seleção: $c = 1/2$ para progênies de irmãos germanos (lotes 1 e 2) e $c = 1$ para progênies S_1 (lote 4), segundo Hallauer & Miranda Filho (1981). Para o esquema de seleção IGC, onde tem-se seleção entre genótipos (pares de progênies) e seleção entre progênies dentro de genótipos, o valor de c é $1/4$,

em ambos os casos, pois se aproxima do coeficiente da variância genética aditiva do delineamento I de Comstock & Robinson (1948), utilizado para a estimação dos componentes de variância do esquema IGC.

Os valores de $\hat{\sigma}_A^2$ e $\hat{\sigma}_F^2$ são aqueles incluídos na Tabela 2. Os valores de i foram calculados, considerando-se seleção truncada, a partir das Tabelas 1 e 2 de Fisher & Yates (1971). Para o caso particular de seleção entre progênies dentro de genótipos (esquema IGC), utilizou-se a Tabela 20 dos mesmos autores. Em ambos os casos, seguiu-se a seqüência dada por Hallauer & Miranda Filho (1981).

f. Ganho esperado por seleção realizada ($G_{s(R)}$): calculado para fins de comparação com os valores do item e. Utilizou-se a fórmula geral de progresso esperado: $G_{s(R)} = ds \cdot c \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_F^2}$, cujos elementos têm os mesmos significados dados no item e, exceto ds que representa o diferencial de seleção observado. Os coeficientes da variância aditiva têm valor $c = 1/2$ para os esquemas 1, 2, e 3, e $c = 1$ para o esquema 4. O valor $c = 1/2$ para o esquema 3 decorre do fato de que a seleção truncada entre genótipos e entre progênies dentro de genótipos tem o mesmo significado de uma seleção não truncada entre progênies individuais, sobre as quais o progresso esperado é calculado.

O diferencial de seleção utilizado em cada esquema de seleção foi calculado através da ponderação pelo número de progênies de cada experimento. Assim, tem-se

$$ds = \frac{n_1 ms_1 + n_2 ms_2}{n_1 + n_2} \cdot \frac{N_1 m_1 + N_2 m_2}{N_1 + N_2}, \text{ sendo}$$

ds : diferencial de seleção médio;

n_1 e n_2 : número de progênies selecionadas dos dois experimentos em cada esquema de seleção;

ms_1 e ms_2 : média de produção de progênies selecionadas em cada um dos experimentos, respectivamente;

N_1 e N_2 : número total de progênies avaliadas em cada experimento;

m_1 e m_2 : média de produção de progênies avaliadas em cada experimento, respectivamente.

Nos itens e e f, o progresso esperado em percentagem foi calculado por $G_s\% = (G_s/\bar{Y}) \cdot 100$, sendo \bar{Y} a média ponderada dos experimentos de avaliação das progênies oriundas dos esquemas IGRS, IGR e IGC, excluindo, assim, aquelas médias dos experimentos de avaliação das progênies S_1 . Isso foi feito visando evitar o efeito depressivo da endogamia e usar um fator mais representativo da população.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Inicialmente, pode ser observado que o número total de progênies oriundas dos trabalhos iniciais de polinização variou com a maior ou menor facilidade de execução operacional das polinizações.

Pode ser observado, por exemplo, que, pelo método de irmãos germanos com autofecundação (mais trabalhoso), foram utilizadas apenas 66 progênies, vindo, em seguida, o de irmãos germanos sem autofecundação (101 progênies), ficando o método que envolveu progênies S_1 um pouco inferior àquele de cruzamento em cadeia, ou seja, 132 e 133 progênies, respectivamente (Tabela 3). Isso confirma as preocupações dos melhoristas de milho de não reduzir muito o tamanho das populações quando estão envolvidos métodos de melhoramento genético com o emprego de famílias de irmãos germanos em cruzamentos recíprocos (D'Ayala 1977).

No referente ao número de progênies selecionadas por esquema (Tabela 3), a maior quantidade correspondeu ao esquema S_1 (28 progênies), ficando a menor relacionada ao esquema IGRS (16 progênies). Em termos de tamanho efetivo populacional (N_e), o esquema IGR ficou estabelecido em 54 como o maior valor, permanecendo o IGRS com 16. Essa diferença foi devida ao fato, já comentado, de que, para o esquema IGRS, o fator empregado no cálculo do N_e foi 1, em face de serem as progênies S_1 (oriundas da segunda espiga) aquelas que compõem a população melhorada após a recombinação. O mesmo não ocorre com o esquema IGR, sendo, por isso, utilizado o fator 2, pois são as sementes remanescentes oriundas das progênies superiores as utilizadas na composição da população melhorada relacionada.

O ganho genético esperado, como resultado direto da seleção efetuada, foi calculado em função do diferencial de seleção observado (ds). Este

apresentou maior valor para o esquema S_1 (0,758), e menor para IGC (0,396). Por seu lado, a intensidade de seleção foi mais branda para o esquema IGR (26,7%) e mais intensa para o caso do IGC (19,6%), conforme os valores indicados na Tabela 3.

O ganho genético esperado, tanto calculado pelo diferencial de seleção observado (ds) como através do diferencial de seleção estandardizado (i), está indicado na Fig. 1 (em percentagem em relação à média) e na Tabela 3; as estimativas foram

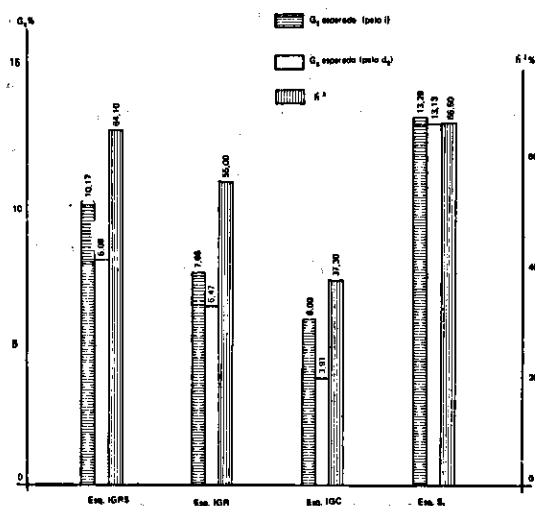


FIG. 1. Comparação entre os métodos de seleção considerando a estimativa do ganho genético percentual ($G_s \times 100$) esperado, calculado pelo diferencial de seleção estandardizado (i) e pelo diferencial de seleção (ds), e estimativa do coeficiente de herdabilidade (h^2).

TABELA 3. Número de progênies avaliadas (N) e selecionadas (n), tamanho efetivo esperado (N_e), diferencial de seleção observado (ds), intensidade de seleção (n/N) e progresso esperado (G_s^1 e G_s^2).

Esquema de seleção	N	n	N_e	(n/N)%	ds	G_s^1 (kg/5 m ²)	G_s^2 (kg/5 m ²)
Lote 1 - Esquema IGRS	66	16	16	24,2	0,477	0,306	0,385
Lote 2 - Esquema IGR	101	27	54	26,7	0,445	0,245	0,290
Lote 3 - Esquema IGC [§]	133	26	52	19,6	0,396	0,148	0,227
Lote 4 - Esquema S_1	132	28	28	21,2	0,758	0,497	0,503

G_s^1 e G_s^2 : Progresso esperado em função do diferencial de seleção observado (ds) e estandardizado (i obtido de tabelas), respectivamente.

§ - G_s^2 para seleção entre genótipos e entre progênies/genótipos: 0,173 e 0,054, respectivamente.

sempre superiores quando calculadas em função de i . Pode ser observado que o esquema S_1 mostrou os maiores progressos, isto é, 13,29% (quando em função de i) e 13,13% (quando em função de ds). Estes resultados estão de acordo com os comentários de Paterniani & Miranda Filho (1978) no referente a que, nessas progênes, a endogamia possibilita a liberação de maior variância genética, conduzindo ao aumento do ganho genético esperado por ciclo de seleção. No referente aos demais esquemas, o IGRS apresentou valores superiores (10,17% em função de i e 8,09% em função de ds), enquanto que o IGC mostrou menores valores, ou seja, 6% em função de i e 3,91% em função de ds (Fig. 1). O progresso por seleção do esquema IGRS é ligeiramente inferior ao encontrado por Genter & Alexander (1966), no qual, com uma intensidade de 40%, o progresso esperado foi de 10,4%. O esquema IGR apresentou valores de 6,47% (calculado pelo ds) e 7,66% (calculado pelo i). Vale ressaltar que, em virtude de o progresso esperado calculado em função de ds ser muito sujeito a erros experimentais, merecem maior confiabilidade os ganhos genéticos de seleção em função de i quando o objetivo da comparação é com base em seleção truncada. Em caso contrário, o progresso esperado em função de ds é mais realístico.

A eficiência comparativa dos quatro esquemas através da fixação da intensidade de seleção em 25%, isto é, sem haver variação do número total de progênes inicialmente empregadas, está indicada na Tabela 4 e Fig. 2. O maior ganho foi alcançado pelas progênes S_1 (12,42%), e o menor (4,02%) ficou por conta do esquema IGC. O esquema

IGRS mostrou valor de 10,10%, enquanto que, para IGR, o valor foi de 7,77%.

Com relação à fixação do tamanho efetivo populacional (N_e) e variando os valores de intensidade de seleção, os progressos também estão representados na Tabela 4 e Fig. 2. Para o caso de $N_e = 16$, o esquema S_1 voltou a predominar com o valor de 16,04% (Fig. 2), ao passo que o esquema IGC mostrou o menor valor (7,90%). Para o

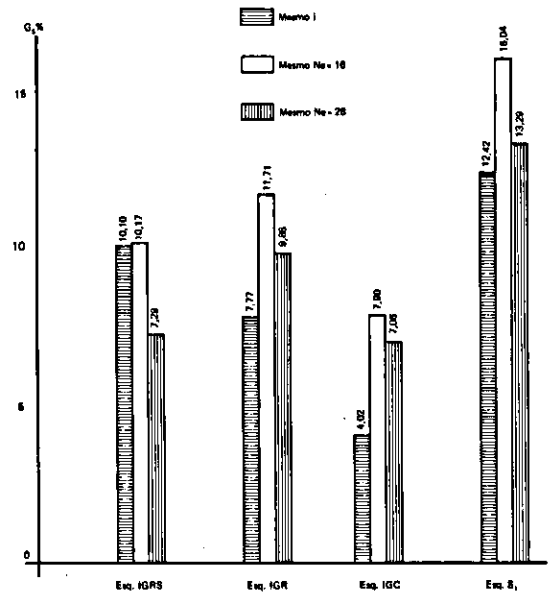


FIG. 2. Comparação entre os métodos de seleção através do ganho genético percentual ($G_s \times 100$), considerando a mesma intensidade de seleção ($i = 25\%$) e mesmo tamanho efetivo populacional ($N_e = 16$ e $N_e = 28$).

TABELA 4. Progresso esperado por seleção (G_s) para intensidade de seleção (n/N) constante e para tamanho efetivo (N_e) constante para os quatro esquemas de seleção.

Esquema de seleção	$N_e = 16$		$N_e = 28$		$n/N : 25\%$	
	$n/N\%$	G_s (kg/5 m^2)	$n/N\%$	G_s (kg/5 m^2)	N_e	G_s (kg/5 m^2)
Lote 1 - Esquema IGRS	24,2	0,385	42,4	0,276	16,5	0,382
Lote 2 - Esquema IGR	7,9	0,443	13,9	0,374	50,6	0,294
Lote 3 - Esquema IGC	6,0	0,290	10,5	0,267	66,6	0,152
Entre genótipos	-	0,245	-	0,213	-	0,098
Progênes/genótipos	-	0,054	-	0,054	-	0,054
Lote 4 - Esquema S_1	12,1	0,607	21,2	0,503	33,0	0,470

caso específico da comparação entre os esquemas IGRS e IGR, o valor foi superior para aquele em que não foram realizadas autofecundações.

Quando o tamanho efetivo foi fixado em 28, os valores do progresso para todos os esquemas foram inferiores àqueles para $N = 16$ (Tabela 4 e Fig. 2). Esses resultados estão de acordo com os comentários de Hallauer & Miranda Filho (1981) no referente a que a utilização de maiores tamanhos efetivos conduzem à obtenção de menores progressos, o que torna-o desejável no caso de o melhorista pretender conduzir um programa de seleção de longa duração. Para essa magnitude de tamanho efetivo populacional, o esquema S_1 mostrou o maior valor (13,29%) enquanto que o esquema IGC apresentou o menor valor, ou seja, 7,06% (Fig. 2). Na eficiência comparativa dos esquemas IGRS e IGR, este último foi superior, com progresso de 9,88%, contra 7,29% para IGRS (Fig. 2). A comparação entre os métodos com o tamanho efetivo $N_e = 28$ é mais aceitável do que $N_e = 16$, se for levado em consideração que se trata de um valor mais próximo a 30, que, segundo Rawlings (1970), constitui um número razoável para tamanho efetivo populacional. Em seleção artificial ou mesmo natural, o tamanho efetivo é um parâmetro importante, pois interfere, de maneira pronunciada, no limite de seleção (Robertson 1960), na possibilidade de fixação de alelos favoráveis (Comstock 1974, Vencovsky & Godoi 1976), na manutenção da variabilidade genética (Vencovsky 1978b), entre outros aspectos, daí a sua aplicabilidade no presente trabalho.

Como pode ser observado na presente pesquisa, a eficiência comparativa aqui realizada foi feita com dados de, apenas, um ciclo de seleção, o que, em última análise, é confiável, pois foi usada uma população já em estágio avançado de melhoramento, aliado à aplicação de métodos de reconhecida eficiência.

Esses resultados que atestam a superioridade do esquema S_1 , confirmam aquilo que foi encontrado em outros trabalhos (Burton et al. 1971, Carangal et al. 1971, West et al. 1980) nos quais esse esquema também apresentou desempenho superior. Por outro lado, o esquema IGC não demonstrou ser mais efetivo no incremento da produção de grãos em relação aos cruzamentos pareados, conforme

apontaram Hallauer & Miranda Filho (1981). Pela relação de variâncias no presente trabalho, não há evidência de elevados níveis de dominância, sendo que os progressos esperados são coerentes com os resultados de Comstock (1964), nos quais o autor concluiu pela superioridade do esquema de progênies S_1 , principalmente na ausência de sobre-dominância.

A comparação entre os coeficientes de herdabilidade nos diversos esquemas de seleção se justifica por serem estes coeficientes associados à unidade de seleção e, portanto, estarem diretamente relacionados com o progresso esperado por seleção (Dudley & Moll 1969, Miranda Filho 1978).

Os coeficientes de herdabilidade calculados no sentido restrito ao nível de parcela (Tabela 5), também mostrados na Fig. 1, de uma maneira geral, apresentaram-se razoáveis (37,3%) para o esquema IGC, e altos para os demais esquemas, isto é, 64,1%, 55,0% e 65,5% para IGRS, IGR e S_1 , respectivamente, de acordo com a classificação apresentada por Vencovsky (1973). Considerando a intensidade de seleção, maiores valores do coeficiente de herdabilidade conduzem à obtenção de maiores progressos por ciclo de seleção (Dudley & Moll 1969), o que, aliás, foi constatado no trabalho em pauta, conforme a Fig. 1. Vale ressaltar, ainda, que, no presente caso, os melhores valores do coeficiente de herdabilidade corresponderam aos maiores do coeficiente de variação experimental (Tabela 5). Tais resultados são discordantes daqueles relatados por Ramalho (1977), nos quais os maiores coeficientes de herdabilidade estão associados aos menores coeficientes de variação experimental. Porém este autor se refere a coeficientes

TABELA 5. Coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênies (h^2_x), coeficientes de variação genética (CVg) e experimental (CVe) e índice de variação (b), para progênies nos quatro esquemas de seleção.

Esquema de seleção	h^2_x %	CVg %	CVe %	b
Lote 1 - Esquema IGRS	64,1	10,5	15,3	0,689
Lote 2 - Esquema IGR	55,0	8,8	14,7	0,599
Lote 3 - Esquema IGC	37,3	7,3	14,4	0,504
Lote 4 - Esquema S_1	65,5	20,5	22,4	0,915

de herdabilidade ao nível de indivíduos tomados de diferentes famílias. Deve-se acrescentar, ainda, que o esquema S_1 também mostrou o maior valor de coeficiente de variação genética (20,5%), que deve ter influenciado, de maneira indireta, no maior coeficiente de herdabilidade apresentado por esse esquema de seleção. Aliás, no presente trabalho, os maiores valores de herdabilidade foram também associados àqueles do coeficiente de variação genética (Tabela 5). Os resultados de herdabilidade foram superiores àqueles apresentados por Torres Segovia (1976), cujo valor foi de $h^2 = 15,9\%$, que, no entanto, foi estimado ao nível de plantas individuais. Por seu turno, o valor do coeficiente da variação genética para o esquema S_1 (22,4%) foi inferior àquele apresentado por Mota (1974), cujo valor foi de 30,4%, que, no entanto, considerou a cultivar Centralmex com dois ciclos a menos de seleção, o que torna a comparação explicável. Isso também justifica o maior coeficiente de herdabilidade encontrado por esse autor para progênies S_1 , ou seja, 84,5%.

Por outro lado, o índice de variação b também apresenta-se como um fator de importância para o melhorista, pois permite o conhecimento da real grandeza da possibilidade do incremento genético do caráter dentro de um conjunto de indivíduos em estudo (Vencovsky 1978a). Quanto mais próximo ou superior a 1, maiores as possibilidades de progresso via seleção recorrente. No presente caso, os valores estimados de b variaram de 0,915, para o esquema S_1 , a 0,504 para o referente a IGC, conforme a Tabela 5. Isso atesta o maior incremento apresentado pelo esquema S_1 na obtenção de progressos genéticos em comparação aos demais esquemas. No referente aos esquemas IGRS e IGR, o primeiro mostrou maior valor ($b = 0,689$) contra $b = 0,599$, que se aproxima, juntamente com o valor de IGC, daquele estimado por Torres Segovia (1976), que foi $b = 0,53$. No entanto, as pequenas diferenças do índice b e de outros parâmetros em favor do esquema IGRS, poderão ser de pouca utilidade se for considerado o aspecto do maior tempo gasto, bem como a redução do tamanho efetivo populacional como conseqüência da recombinação de progênies S_1 . Entretanto, deve-se considerar que o esquema IGRS pode ser mais efetivo na instalação de experimentos de teste de progênies e

lotes de recombinação por contar com maior número de sementes, em face da utilização da segunda espiga.

CONCLUSÕES

1. Na comparação efetiva dos quatro métodos em termos de ganho genético esperado, o esquema correspondente à avaliação de progênies S_1 apresentou-se superior em todas as condições de estimação, ou seja, progressos com diferentes tamanhos efetivos e diferentes intensidades de seleção, com a mesma intensidade de seleção e diferentes tamanhos efetivos, bem como com o mesmo tamanho efetivo populacional e diferentes intensidades de seleção. Isto demonstra o maior potencial desse método em possibilitar progressos mais pronunciados para casos, como o presente, em que foi utilizado apenas um ciclo de seleção, aliado ao fato de ser de aplicação mais prática, considerando tanto a realização das polinizações como o tempo gasto na sua execução.

2. A análise dos métodos que envolveram a avaliação de progênies de irmãos germanos mostrou certa vantagem em favor do esquema no qual apenas foram realizados os cruzamentos recíprocos, em virtude, de um lado, apresentar maiores progressos em relação ao cruzamento em cadeia, e por outro, ser menos trabalhoso do que o esquema em que foram acrescentadas as autofecundações. Este último método de seleção apresenta, ainda, a desvantagem de uma maior tendência à redução do tamanho efetivo da população e, conseqüentemente, a um aumento da endogamia. O cruzamento em cadeia, nas condições do presente trabalho, não foi capaz de possibilitar o alcance de progressos acentuados por ciclo de seleção.

3. A magnitude do coeficiente de herdabilidade, bem como do índice de variação, confirma o maior desempenho que pode ser alcançado na aplicação do método de avaliação de progênies S_1 , mesmo em populações em ciclos avançados de seleção.

REFERÊNCIAS

- BURTON, J.W.; PENNY, L.H.; HALLAUER, A.R. & EBERHART, S.A. Evaluation of synthetic populations developed from a maize variety (BSK) by two methods of recurrent selection. *Crop Sci.*, Madison, 11:361-3, 1971.

- CARANGAL, V.R.; ALI, S.M.; KOBLE, A.F.; RINKE, E.H. & SENTZ, J.C. Comparison of S_1 with testcross evaluation for recurrent selection in maize. *Crop Sci.*, Madison, 11:658-61, 1971.
- COMSTOCK, R.E. Consequences of genetic linkage. In: WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 1, Madrid, 1974. Proceedings ... p.353-64.
- COMSTOCK, R.E. Selection procedures in corn improvement. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY, 19, s.l. 1964. Proceedings ... p.87-94.
- COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. The components of genetic variances in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics*, Raleigh, 4:254-66, 1948.
- D'AYALA, V.F. Progressos obtidos no melhoramento de populações de milho. Piracicaba, Instituto de Genética, ESALQ/USP, 1977. 56p. Mimeografado.
- DUDLEY, J.W. & MOLL, R.H. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variances in plant breeding. *Crop Sci.*, Madison, 9:257-61, 1969.
- FISHER, R.A. & YATES, F. Tabelas estatísticas para pesquisas em biologia, medicina e agricultura. São Paulo, Polígono, 1971. 150p.
- GENTER, C.F. & ALEXANDER, M.W. Development and selection of productive S_1 inbred lines of corn. *Crop Sci.*, Madison, 6:429-31, 1966.
- HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative genetics in maize breeding. Ames, Iowa State University Press, 1981. 468p.
- MIRANDA FILHO, J.B. Efeitos da seleção em função da herdabilidade e das correlações genéticas. Piracicaba, ESALQ/USP, Departamento de Genética 1978. 16p. (Publicação didática).
- MOTA, M.G.C. Comportamento de progênies de meios-irmãos e S_1 na variedade de milho (*Zea mays* L.) Centralmex. Piracicaba, ESALQ/USP, 1974. 73p. Tese Mestrado.
- PATERNIANI, E. & MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E., coord. Melhoramento e produção do milho no Brasil. Piracicaba, Fundação Cargill, ESALQ/USP, 1978. p. 202-56.
- RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns progressos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. Piracicaba, ESALQ/USP, 1977. 122p. Tese Doutorado.
- RAWLINGS, J.O. Present status of research on long and short term recurrent selection in finite populations-choice of population size. In: MEET. WORK. GROUP QUANT. GENET, 2, New Orleans, 1970. Proceedings ... p.1-15.
- ROBERTSON, A. A theory of limits in artificial selection. *Proc. R. Soc. London Ser. B Biol. Sci.*, 153:49, 1960.
- TORRES SEGOVIA, R. Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no Milho (*Zea mays* L.) Centralmex. Piracicaba, ESALQ/USP, 1976. 98p. Tese Doutorado.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E., coord. Melhoramento e Produção do milho no Brasil. Piracicaba, Fundação Cargill. ESALQ/USP, 1978a. p.122-201.
- VENCOVSKY, R. Princípios de genética quantitativa. Piracicaba, ESALQ/USP, Departamento de Genética, 1973. 97p. (Publicação didática).
- VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo em populações submetidas à seleção. Sexos separados. *Relat. Ci. Inst. Genét. Esc. Sup. Agríc. Luiz de Queiroz, Piracicaba*, (12):282-7, 1978b.
- VENCONVSKY, R. & GODOI, C.R.M. Immediate response and probability of fixation of favorable alleles in some selection schemes. In: INTERNATIONAL BIOMETRIC CONGERENCE, 9, Boston, 1976. Proceedings ... p.292-7.
- WEST, D.R.; COMPTON, W.A. & THOMAS, M.A. A comparison of replicated S_1 per se vs reciprocal full-sib index selection in corn. I - Indirect response to population densities. *Crop Sci.* Madison, 20:35-42, 1980.