

AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS DA POPULAÇÃO DE MILHO CMS-39 EM DIFERENTES CONDIÇÕES DE AMBIENTE¹

PAULO ANTÔNIO DE AGUIAR², MAGNO ANTÔNIO PATTO RAMALHO³, RICARDO MAGNAVACA⁴
e MARCO ANTÔNIO DE ANDRADE⁵

RESUMO - Quatrocentas progênies de meios-irmãos, provenientes da população de milho CMS-39, foram avaliadas em três localidades do estado de Minas Gerais, Lavras, Ijaci e Sete Lagoas, durante o ano agrícola 84/85, com o intuito de verificar o potencial desta população para o melhoramento e também verificar a existência da interação progênies x ambientes. A população de milho CMS-39 foi obtida pelo Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo, em Sete Lagoas, e foi sintetizada por recombinação a partir de 55 cultivares. O delineamento utilizado foi um látice 20 x 20 com duas repetições, e cada parcela foi constituída por uma linha de 5 m. As estimativas dos parâmetros fenotípicos e genéticos obtidos para o peso das espigas despalhadas mostraram que a população apresenta ampla variabilidade genética. Constatou-se, também, que a estimativa da variância da interação progênies x ambientes foi relativamente alta, o que mostra a necessidade de as progênies serem avaliadas em mais de um ambiente. A estimativa do ganho esperado com a seleção entre as famílias, considerando a média das progênies nos três locais, foi de 10,28%. O desdobramento da interação progênies x locais mostrou que ela é devida, em grande parte, à falta de correlação entre o desempenho das progênies nos vários locais.

Termos para indexação: *Zea mays*, melhoramento, interação genótipo x ambiente.

EVALUATION OF HALF-SIB PROGENIES FROM CMS-39 MAIZE POPULATION UNDER DIFFERENT ENVIRONMENTAL CONDITIONS

ABSTRACT - Four hundred half-sib families, from the CMS-39 maize population were assessed at three localities: Lavras, Ijaci and Sete Lagoas, in the State of Minas Gerais, Brazil, during the agricultural year 1984/85, to verify the breeding potential of this population and the existence of family x environment interaction. The CMS-39 maize population was obtained by the National Research Center for Maize and Sorghum at Sete Lagoas, MG, and was synthesized by recombining 55 cultivars. The experimental design used was a 20 x 20 lattice with two replications and each plot consisted of one row five meters long. The estimates obtained for phenotypic and genotypic parameters, showed that the population is highly variable. The estimated variance for family x environment interaction was high, indicating the need of families to be evaluated in more than one environment. The estimate of the expected gain with selection among families, considering the mean families in three localities, was of 10,28% for ear weight. The partitioning of family x locality interaction showed that it was due mainly to the lack of correlation between the performance of the families in the various localities.

Index terms: *Zea mays*, breeding, interaction genotype x environment.

INTRODUÇÃO

Devido à necessidade de desenvolver cultivares adaptadas às diferentes condições de cultivo, vários programas de melhoramento de milho visando à produção de híbridos e variedades estão sendo conduzi-

dos por entidades públicas e privadas há algum tempo. Dos materiais gerados por estas entidades de pesquisa, foram identificados muitos híbridos e variedades com bom desempenho. Procurando obter um material com ampla base genética e boa produtividade, o Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), a partir de 55 materiais promissores envolvendo híbridos duplos, triplos, intervarietais e variedades de polinização livre, obteve por recombinação uma população denominada de Composto Nacional ou CMS-39.

Dentre os métodos de melhoramento intrapopulacional, um dos mais usados no Brasil envolve a utilização de progênies de meios-irmãos Lonnquist (1964) e Paterniani (1967). Este processo é de fácil execução, não exigindo sobretudo polinizações manuais, e tem-se mostrado eficiente em aumentar a frequência dos alelos favoráveis nas populações,

¹ Aceito para publicação em 27 de abril de 1989.

Parte da dissertação apresentada pelo primeiro autor, à Escola Superior de Agricultura de Lavras para obtenção do Título de Mestrado em Fitotecnia.

² Eng. - Agr., M.Sc., FESIT, Av. Furnas, 55, Caixa Postal 23T, CEP 76100 Itumbiara, GO.

³ Eng. - Agr., Dr., Dep. de Biol., Esc. Sup. de Agric. de Lavras (ESAL), Caixa Postal 37, CEP 37200 Lavras, MG.

⁴ Eng. - Agr., Dr., EMBRAPA/Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), Caixa Postal 151, CEP 35700 Sete Lagoas, MG.

⁵ Eng. - Agr., Dr., Dep. de Agric., ESAL.

conforme Paterniani (1967), Cunha (1976), Lima (1977), Miranda Filho (1979), entre outros. Apesar das inúmeras vezes em que este método foi empregado, em sua maioria a avaliação das progênies foi realizada em apenas um local, não sendo possível estimar a interação genótipos por ambientes.

Considerando que a população de milho CMS-39 possui uma ampla base genética, é importante que ela seja avaliada em diferentes condições de cultivo, para se verificar a ocorrência de interação dos genótipos com os ambientes. Desta forma, foi realizada a avaliação de progênies deste composto em três locais, com o objetivo de:

a) Quantificar a variabilidade genética existente e obter outros parâmetros genéticos e fenotípicos que possam auxiliar o trabalho dos melhoristas e

b) verificar a existência e natureza da interação genótipos por ambientes, com subsídios para futuros trabalhos de melhoramentos.

MATERIAL E MÉTODOS

Utilizou-se a população de milho CMS-39. Esta população foi sintetizada por recombinação a partir de 55 materiais promissores identificados pelo Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo, no Ensaio Nacional de Milho, que envolveu híbridos duplos, triplos, intervarietais de polinização livre.

Desta população foram retiradas quatrocentas progênies de meios-irmãos, que foram avaliadas em três localidades do estado de Minas Gerais - Lavras, Ijaci e Sete Lagoas -, durante o ano agrícola de 1984/85.

Utilizou-se o delineamento em látice 20 x 20, com duas repetições por local. Foram intercaladas, a cada 20 tratamentos, as testemunhas C-111-S e Dina 3030, alternadamente. Cada parcela foi constituída de uma fileira de 5,0 m de comprimento. O espaçamento usado foi de 1,0 m entre fileiras e 0,20 m entre covas. Foram tomados dados de várias características, porém este trabalho refere-se apenas à produção de espigas despalhadas, a qual teve seu peso corrigido para 15,5% de umidade.

Os dados obtidos foram inicialmente submetidos à análise da variância por local. Posteriormente, procedeu-se à análise conjunta, segundo as recomendações de Pimentel-Gomes (1978) e Cochran & Cox (1957). A partir dos resultados das análises da variância por local e conjunta, e considerando todos os efeitos como sendo aleatórios, foram obtidas as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, segundo metodologia apresentada por Vencovsky (1978). Os erros padrões das estimativas foram obtidos de acordo com a expressão apresentada por Vello & Vencovsky (1974).

Visando estimar o componente de interação progênies x locais para os locais dois a dois, procedeu-se também à análise da variância conjunta dos locais dois a dois. A partir destas análises foi isolado o componente de interação progênies x locais, tendo sido realizado também o seu desdobramento de acordo com a seguinte expressão, apresentada por Cockerham (1963).

$$\sigma_{PL(i,j)}^2 = (1/2)(\sigma_{P_i} - \sigma_{P_j})^2 + \sigma_{P_i} \sigma_{P_j} (1 - r_{ij})$$

onde:

$\sigma_{PL(i,j)}^2$: é o componente interação progênies x locais, entre os locais i e j;

$\sigma_{P_i}, \sigma_{P_j}$: é a raiz quadrada da variância genética entre progênies nos locais i e j, respectivamente;

r_{ij} : é a correlação genética entre as médias das progênies nos locais i e j. Foi obtida pela expressão

$$r_{ij} = \frac{COV(i,j)}{\sigma_{P_i} \sigma_{P_j}}$$

onde:

$\sigma_{P_i}^2$ e $\sigma_{P_j}^2$: é a variância genética entre as progênies nos locais i e j.

$COV(i,j)$: é a covariância entre as médias das progênies nos locais i e j. Como não há covariância entre os ambientes, ela contém apenas a parte herdável, ou seja, a variância genética.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises da variância por local estão apresentadas na Tabela 1. Constatou-se que o teste de F foi significativo ao nível de 1% de probabilidade para efeito de progênies, nos três locais, evidenciando que houve variação no peso das espigas despalhadas entre as progênies avaliadas.

A distribuição de frequência das produções médias de espigas das progênies, nos três locais, estão apresentadas nas Fig. 1, 2 e 3. Verificou-se que em Lavras a amplitude de variação das progênies foi de 3,2 t/ha a 9,9 t/ha, com uma média de 6,6 t/ha, e que 19 progênies apresentaram produtividade média superior à das testemunhas, que apresentaram uma produção média de 8,8 t/ha (Fig. 1).

Já em Ijaci, a amplitude de variação de produtividade média das progênies foi de 3,9 t/ha a 8,3 t/ha, sendo a média de 6,1 t/ha. Para este local, as testemunhas C-111 S e Dina 3030 produziram 8,1 t/ha. Nesta avaliação, apenas duas progênies apresentaram produtividade média superior à das testemunhas (Fig. 2).

A amplitude de variação da produtividade média

TABELA 1. Resumo das análises de variância para a característica peso das espigas despalhadas, nos locais Lavras, Ijaci e Sete Lagoas, 1984/85.

Fontes de variação	GL	Quadrados médios		
		Lavras	Ijaci	Sete Lagoas
Trat. (Aj)	399	26218,36**	12698,96 **	5603,21 **
Erro efetivo	361	16842,16	6856,52	4122,52
Média (g/parcela)		3482,50	3113,54	1545,42
Coef. variação (%)		18,63	13,30	20,77
Eficiência látice (%)		103,16	136,09	103,65

** Teste F significativo ao nível de 1% de probabilidade.

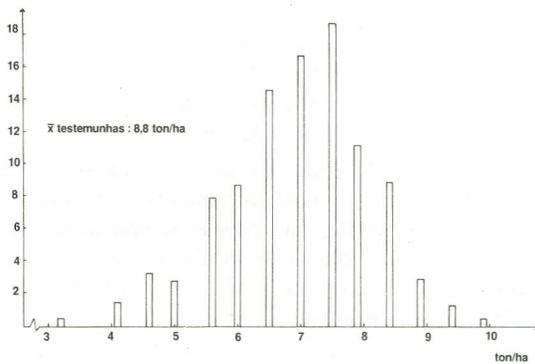


FIG. 1. Distribuição das frequências das produções médias de espigas de 400 progênies de meios da população de milho CMS-39 Lavras, MG, 1984/85.

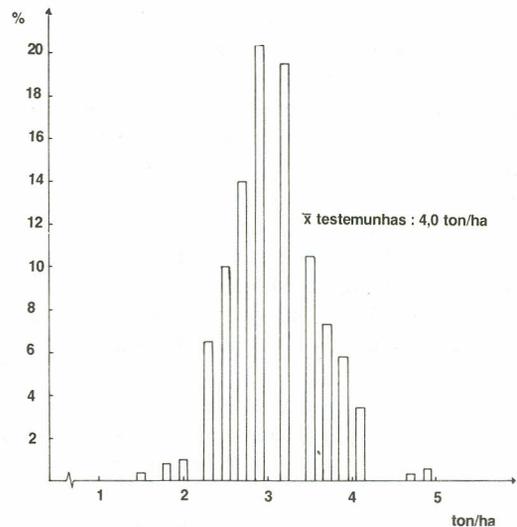


FIG. 3. Distribuição das frequências das produções médias de espigas de 400 progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39, Sete Lagoas, MG, 1984/85.

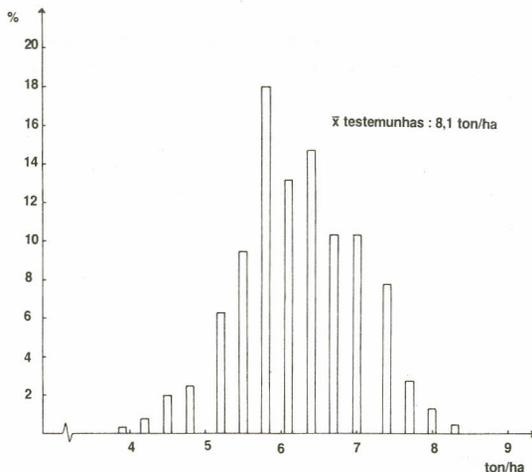


FIG. 2. Distribuição das frequências das produções médias de espigas de 400 progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39, Ijaci, MG, 1984/85.

de espigas em Sete Lagoas foi de 1,5 a 4,9 t/ha, e a média foi de 3,2 t/ha. As testemunhas híbridas C-111 S e Dina 3030 apresentaram uma produção média de 4,0 t/ha. Para este local, 17 progênies apresentaram produtividade média superior à das testemunhas (Fig. 3).

Os resultados da análise conjunta da variância mostraram significância ao nível de 1% no teste F para os efeitos de progênies, locais e interação progênies x locais (Tabela 2).

A distribuição de frequência das médias, considerando-se os três locais, apresentou uma amplitude de variação de 3,6 a 6,8 t/ha, com uma média de

TABELA 2. Resumo da análise de variância conjunta para a característica peso das espigas. Lavras, Ijaci e Sete Lagoas. 1984/85.

Fonte de variação	Quadrado médio (QM)
Locais (L)	33853200,00 **
Tratamentos (T)	20397,28 **
L X T	12061,84 **
Erro médio	9273,76

** Teste F significativo ao nível de 1% de probabilidade.

5,2 t/ha. Observa-se que nenhuma progênie apresentou produtividade média superior à das testemunhas, que produziram, em média, 6,9 t/ha. Verifica-se que por local a média de produção de algumas progênies foi superior à das testemunhas, sendo que o mesmo não ocorreu quando foram consideradas as médias de produção nos três locais, indicando um comportamento diferencial das progênies nos três locais. Isto é, uma progênie superior num local não o foi em outro, mostrando, assim, a ocorrência da interação progênies x locais. Este resultado também mostra que as testemunhas tiveram um comportamento mais estável. Considerando-se que uma cultivar híbrida, antes de ser lançada, é avaliada em vários ambientes, é esperado que elas sejam mais estáveis.

O valor da estimativa da variância genética entre as progênies (σ^2_P) variou entre os locais, sendo maior nos locais em que ocorreu maior produtividade

de média de espigas (Lavras e Ijaci), onde houve melhores condições para que as progênies manifestassem o seu potencial produtivo, permitindo, assim, maior discriminação entre elas (Tabela 3). O mesmo fato foi constatado para as estimativas da variância genética aditiva e da herdabilidade. É importante salientar também que todos os valores apresentados estão dentro da amplitude de variação das estimativas obtidas em vários experimentos conduzidos no Brasil (Ramalho 1977), e foram semelhantes às apresentadas por Hallauer & Miranda Filho (1981), envolvendo 99 estimativas da variância genética aditiva de diferentes populações de milho em locais diversos e envolvendo diferentes métodos de obtenção.

A estimativa do ganho esperado com a seleção entre as progênies, considerando-se uma intensidade de seleção de 10%, baseada no desempenho médio das progênies nos três locais, foi de 10,3%, que corresponde a 11,16 g/planta de espigas despalhadas.

A comparação desta estimativa do ganho esperado com a seleção com outras estimativas encontradas na literatura é difícil. Isto porque as estimativas disponíveis foram obtidas de avaliações de progênies conduzidas em um único local, não se considerando, como já foi mencionado, a interação progênies x locais, que pode contribuir para o incremento ou diminuição da estimativa obtida. Mas mesmo assim, pode-se dizer que a magnitude do ganho estimado do presente trabalho pode ser considerada elevada, se comparada com os disponíveis na literatura. Assim,

TABELA 3. Estimativas ao nível de indivíduos dos componentes da variância genética e fenotípica entre progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39 para peso de espiga. Lavras, Ijaci e Sete Lagoas. 1984/85.

Locais	$\hat{\sigma}^2_P$ ¹	$\hat{\sigma}^2_A$	$\hat{\sigma}^2_{PL}$	h^2 (%)	GS (%)	\hat{m} (g/planta)
Lavras	187,5 ± 44,7 ²	750,0	—	13,7	—	139,30
Ijaci	116,8 ± 20,6	467,2	—	20,6	—	124,54
S. Lagoas	29,6 ± 10,0	118,4	—	8,9	—	61,82
Três locais	74,2	296,8	55,7	—	10,3	108,55

¹ $\hat{\sigma}^2_P$: é a estimativa da variância genética entre as progênies de meios irmãos;

$\hat{\sigma}^2_A$: é a estimativa da variância genética aditiva em (g/planta)²

$\hat{\sigma}^2_{PL}$: é a estimativa da variância da interação progênies x locais.

h^2 : é a estimativa da herdabilidade no sentido restrito, ao nível de plantas;

GS: é a estimativa do ganho esperado com a seleção entre as famílias de meios-irmãos considerando o método com segmentos remanescentes, e uma intensidade de seleção de 10%;

\hat{m} : é a média geral dos experimentos.

² Erro padrão das estimativas.

Paterniani (1967) obteve um ganho de seleção, entre progênies, de 5,64% com a população de milho Piramex original, e de 2,75% para a Centralmex original; Cunha (1976), com a população de milho ESALQ-HV-1 MII obteve um ganho de 8,23% e 4,03% com a ESALQ-HV-1 MII - HSI; Torres Segovia (1976), utilizando o milho Centralmex com um ciclo por ano, obteve 1,37% de ganho, ao passo que com um ciclo a cada dois anos obteve um ganho de 3,81%. Também Lima (1977), com a população de milho ESALQ-VID-2 MI, conseguiu um ganho de seleção entre progênies de 6,33%.

Ocorreu interação altamente significativa para progênies x locais na análise conjunta. Isto realça o comportamento diferencial das progênies nas três condições em que foi realizada a avaliação. A estimativa da interação progênies x locais (σ^2_{PL}) foi de 55,76, valor este que equivaleu a 75,19% da estimativa da variância genética entre progênies ($\sigma^2_P = 74,16$). De acordo com Gardner (1963) e Hallauer & Miranda Filho (1981), este componente da variância da interação pode atingir a mais de 50% do valor da estimativa da variância genética aditiva. Estas estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, obtidas em apenas um ano e local, são superestimadas, devido à existência da interação progênies x locais, que não pode ser isolada.

A interação é composta de duas partes (Vencovsky 1978): uma, devida à diferença na variabilidade genética do material dentro dos ambientes, é a interação simples, que não causa dificuldades na seleção, pois uma dada progênie é superior em todos os ambientes. A outra é advinda da falta de correlação entre o material de um ambiente para outro, sendo esta a interação complexa que causa dificuldades na seleção, pois uma dada progênie é superior num local e

inferior noutro. Procedendo-se à análise conjunta dos locais, dois a dois, foi possível desdobrar a interação em simples e complexa (Tabela 4). Assim, para os locais Lavras e Ijaci, 6,8% da interação é do tipo simples, e 93,2%, a parte complexa. Para Ijaci e Sete Lagoas, 29,2% foi simples, e 70,7%, complexa; e para Lavras e Sete Lagoas, 60,0% foi simples, e 40,0%, complexa.

Apesar de existirem diferenças na contribuição, tanto da parte simples como da complexa nas análises duas a duas, os resultados evidenciam que é muito grande a participação do componente de interação devido à falta de correlação entre o material de um ambiente para o outro, o que evidentemente irá complicar sobremaneira o trabalho do melhorista.

A predominância da interação do tipo "complexa", neste trabalho, é realçada quando se considera a correspondência entre as progênies selecionadas nos vários locais. No caso, foram selecionadas as quarenta melhores progênies, com base no desempenho médio destas nos três locais. Contudo, a coincidência entre o desempenho destas progênies selecionadas nos três locais não foi boa. Observou-se, por exemplo, que das quarenta progênies apenas uma seria selecionada nos três locais, se a seleção fosse realizada por ambiente. Constatou-se que a seleção, considerando-se apenas a média dos três locais, propicia maior contribuição da avaliação realizada no ambiente mais favorável, de maior média (Lavras). Isto é evidenciado pelo fato de que, das quarenta progênies, vinte e sete seriam selecionadas se a seleção fosse realizada apenas para Lavras; já para Ijaci e Sete Lagoas, seriam apenas 15 e 17, respectivamente. Quando se emprega o método de famílias de meios-irmãos com sementes remanescentes, o número de sementes disponível por progênie para a

TABELA 4. Estimativas do componente devido à interação progênies x locais e o seu desdobramento em interação simples e complexa. Lavras, Ijaci e Sete Lagoas. 1984/85.

Locais	COV (i j) ¹	r _G	$\hat{\sigma}^2_{PL(ij)}$	Decomposição $\sigma^2_{PL(ij)}$	
				Simple %	Complexa %
Lavras/Ijaci	90,60	0,61	61,62	4,9 (6,8)	57,43 (93,2)
Ijaci/Sete Lagoas	24,00	0,41	49,10	14,36 (29,2)	34,74 (70,7)
Lavras/Sete Lagoas	51,96	0,70	56,64	34,04 (60,0)	22,60 (40,0)

¹ COV (i j) : é a estimativa da covariância entre as médias das progênies nos locais i e j;

r_G : é a correlação genética entre o desempenho médio das progênies nos locais i e j;

$\hat{\sigma}^2_{PL(ij)}$: é a estimativa da componente de interação progênies x locais.

avaliação limita o número de experimentos que podem ser conduzidos. Para superar esta limitação, existem duas alternativas: a primeira delas seria a condução do experimento em três locais, no mesmo molde em que foi realizado o presente experimento, tendo-se o cuidado de escolher com muito critério os locais como representativos da região em que se deseja recomendar o material. A segunda alternativa, para superar o problema do número de sementes por progênie, seria a utilização de microparcelas, como proposto por Chaves (1985). Neste caso, o gasto de sementes por experimento seria menor, e em consequência as referidas progênes poderiam ser avaliadas em um maior número de locais.

Outro aspecto a ser considerado, no programa de melhoramento, quando a interação progênes x locais for alta, é o de como o melhorista deve proceder. Aqui também existem dois pontos que devem ser observados. Se o objetivo é a obtenção de materiais com adaptação mais ampla, a seleção deve ser realizada com base na média dos vários ambientes. Desta forma, serão escolhidas as progênes com maior amplitude de adaptação. Se o objetivo do melhoramento for obter materiais com adaptação específica para cada ambiente, a seleção, evidentemente, só poderá ser realizada tomando-se como base o desempenho médio das progênes em cada ambiente.

CONCLUSÕES

1. A variância genética aditiva (σ^2_A), relativa à produção de espigas, foi de uma magnitude semelhante à encontrada na literatura, indicando o potencial desta população em um programa de melhoramento.

2. A herdabilidade (h^2) apresentou maiores valores nos locais de melhores condições ambientais, onde as progênes puderam expressar a sua maior variabilidade genética, e também proporcionalmente foi menor o erro ambiental.

3. A estimativa do ganho esperado com a seleção, que foi de 10,28%, considerando a média das progênes nos três locais, também evidencia o potencial da população de milho CMS-39 em um programa de melhoramento.

4. O desdobramento do componente de interação genótipos x ambientes (σ^2_{PL}) mostrou que grande parte da interação é do tipo complexa, devido à falta de correlação entre o desempenho médio das progênes nos vários locais. Em função deste fato, não houve uma boa concordância entre as progênes a serem selecionadas nos diversos locais.

REFERÊNCIAS

- CHAVES, L.J. **Tamanho da parcela para seleção de progênes de milho (*Zea mays* L.)**. Piracicaba, ESALQ, 1985. 148p. Tese Doutorado.
- COCHRAN, G.W. & COX, C.M. **Experimental designs**. 2.ed. New York, J. Wiley, 1957. 611p.
- COCKERHAM, C.C. Estimation of genetic variance. in: HANSON, W.D. & ROBISON, H.F., ed. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington, National Academy of Science/National Research Council, 1963. p.53-94. (Publication, 982)
- CUNHA, M.A.P. **Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos de milho (*Zea mays* L.) ESALQ HV-1**. Piracicaba, ESALQ, 1976. 84p. Tese Mestrado.
- GARDNER, C.D. Estimates of genetic parameters in cross-fertilizing plant and their implications in plant breeding. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.F., ed. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington, National Academy of Science/National Research Council, 1963. p.225-52.
- HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames, Iowa State University, 1981. 468p.
- LIMA, M. **Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho (*Zea mays* L.) ESALQ VD-2**. Piracicaba, ESALQ, 1977. 71p. Tese Mestrado.
- LONNQUIST, J.H. A modification of the ear-to-row procedure for the improvement of maize population. **Crop Sci.**, 4(2):227-8, 1964.
- MIRANDA FILHO, J.B. Avaliação de famílias de meios-irmãos do segundo ciclo de seleção da população ESALQ-PB-1 de milho. **Relat. Ci. Inst. Genét. Esc. Sup. Agric. Luiz de Queiroz**, (13):149-58, 1979.
- PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays* L.). **Crop Sci.**, 7(3):212-6, 1967.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 8.ed. São Paulo, Nobel, 1978. 450p.
- RAMALHO, M.A.P. **Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas**. Piracicaba, ESALQ, 1977. 122p. Tese Doutorado.
- TORRES SEGOVIA, R. **Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho (*Zea mays* L.) Centralmex**. Piracicaba, ESALQ, 1976. 68p. Tese Doutorado.
- VELLO, N.A. & VENCOVSKY, R. Variâncias associadas às estimativas de variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade. **Relat. Ci. Inst. Genét. Esc. Sup. Agric. Luiz de Queiroz**, (8):238-48, 1974.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. in: PATERNIANI, E., ed. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Piracicaba, ESALQ, 1978. cap. 5, p.122-201.