

**ESTUDO DO POTENCIAL GENÉTICO DE DUAS RAÇAS
BRASILEIRAS DE MILHO (*Zea mays* L.) PARA
FINS DE MELHORAMENTO**

MANOEL XAVIER DOS SANTOS

Orientador : JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

Tese apresentada à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo, para obtenção do título de Doutor em Agronomia. Área de Concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Setembro - 1985

Aos meus pais,
Tarcizo (*in memoriam*) e Helena,

DEDICO.

Para minha esposa e filhos,

OFEREÇO.

AGRADECIMENTOS

O autor manifesta os mais sinceros agradecimentos a todos que direta ou indiretamente contribuíram para a realização do presente trabalho, especialmente às seguintes pessoas e instituições:

- Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho, pelos ensinamentos e pela segura orientação na realização deste trabalho;

- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), pela concessão de mais uma oportunidade, pelas facilidades e apoio durante todo o curso;

- Dr. Cláudio Lopes de Souza Junior, pelas valiosias sugestões e ajuda no transcorrer de todo o trabalho e, essencialmente, pela grande amizade;

- Centro de Pesquisa Agropecuária do Trópico Semi-Árido (CPATSA/EMBRAPA), pela liberação para efetuar o curso;

- Professores do Departamento de Genética da ESALQ, pela atenção e ensinamentos;

- Isaias, Aline, Irajá, Eleusio, Paulo Gonçalves, Bene, Fátima, Pedro, Ângela e Lia, pela amizade.

- Funcionários do Departamento de Genética, pelas gentilezas;

- Colegas de curso, pelo companheirismo.

ÍNDICE

	<u>página</u>
RESUMO	vii
SUMMARY	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	5
2.1. Variabilidade genética do milho	6
2.1.1. Produção	6
2.1.2. Caracteres da planta.....	10
2.1.3. Caracteres da espiga	16
2.2. Germoplasmas exóticos	24
2.2.1. Potencial	24
2.2.2. Metodologias e resultados obtidos	30
3. MATERIAL E MÉTODOS	38
3.1. Material	38
3.2. Métodos	41
3.2.1. Cruzamentos e obtenção das famílias de meios irmãos	41
3.2.2. Execução experimental	42
3.2.3. Análise estatístico-genética	46
3.2.4. Estimativas dos componentes de variân- cia	47
4. RESULTADOS	54
4.1. Produção	56
4.1.1. Análise geral	56
4.1.2. Estimativas de parâmetros genéticos ..	59
4.2. Caracteres da planta	62
4.2.1. Análise geral	62
4.2.2. Estimativas de parâmetros genéticos ..	63
4.3. Caracteres da espiga	66
4.3.1. Análise geral	66
4.3.2. Estimativas de parâmetros genéticos ..	67
5. DISCUSSÃO	72
5.1. Produção	72

5.1.1. Avaliação geral para peso de espigas..	73
5.1.2. Estimativas de parâmetros genéticos para peso de espigas	75
5.1.3. Avaliação geral para peso de grãos ...	81
5.1.4. Estimativas de parâmetros genéticos para peso de grãos	83
5.2. Caracteres da planta.....	89
5.2.1. Avaliação geral para altura da planta e da espiga	89
5.2.2. Estimativas de parâmetros genéticos para altura da planta e da espiga	91
5.2.3. Avaliação geral para número de ramificações do pendão	95
5.2.4. Estimativas de parâmetros genéticos para número de ramificações do pendão ..	96
5.3. Caracteres da espiga	99
5.3.1. Avaliação geral para comprimento da espiga	99
5.3.2. Estimativas de parâmetros genéticos para comprimento da espiga	100
5.3.3. Avaliação geral para número de grãos por fileira e número de fileiras por espiga	104
5.3.4. Estimativas de parâmetros genéticos para número de grãos por fileira e número de fileiras por espiga	106
5.3.5. Avaliação geral para diâmetro da espigas e do sabugo	109
5.3.6. Estimativas de parâmetros genéticos para diâmetro da espiga e do sabugo	110
5.4. Considerações finais	112
6. CONCLUSÕES	115
7. LITERATURA CITADA	119

página

TABELAS	139
FIGURAS	172

ESTUDO DO POTENCIAL GENÉTICO DE DUAS RAÇAS BRASILEIRAS DE MILHO (*Zea mays* L.) PARA FINS DE MELHORAMENTO

Autor: MANOEL XAVIER DOS SANTOS

Orientador: JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

RESUMO

O presente trabalho teve por objetivo estudar a potencialidade genética das raças brasileiras de milho Cravo e Entrelaçado, cujas características marcantes são, respectivamente, o grande número de fileiras por espiga e o acentuado comprimento de espiga. Para atingir este objetivo, de cada uma destas raças exóticas, foi efetuada a incorporação de 50% de genes na população melhorada e adaptada ESALQ-PB1, a fim de verificar as mudanças ocorridas nas médias e nas estimativas dos parâmetros genéticos das populações resultantes do cruzamento, em relação à população adaptada.

Após o cruzamento inicial, foram realizadas duas recombinações, obtendo-se, desta maneira, as populações semi-exóticas Cravo x ESALQ-PB1 (EC) e Entrelaçado x ESALQ-PB1 (EE). De cada uma destas populações foram escolhidas 196 famílias de meios irmãos, que com outras 196 famílias de meios irmãos da população ESALQ-PB1 (E), se constituíram no material experimental.

As 196 famílias das populações E, EC e EE foram avaliadas no município de Piracicaba-SP, em dois distritos (locais): Caterpillar e Água Santa, no ano agrícola de 1983/84. Foram instalados 4 experimentos, para cada uma das populações, no delineamento em látice triplo 7 x 7, com 3 repetições por local.

Para cada uma das populações, foram avaliados os seguintes caracteres; peso de espigas e de grãos, três caracteres de planta e cinco caracteres de espiga, sendo que em Água Santa apenas foram considerados os caracteres peso de espigas e peso de grãos.

Considerando os caracteres peso de espigas e peso de grãos, verificou-se que, em relação às médias da população adaptada, houve um decréscimo nas médias das populações semi-exóticas EC e EE, tendo-se, porém, constatado o efeito positivo da incorporação de genes exóticos para aumentar a variabilidade genética das duas populações semi-exóticas.

Com relação aos caracteres de planta, foram observados os benefícios resultantes da introgressão de genes da raça Cravo, tendo em vista que as médias obtidas para altura de planta, altura de espiga e número de ramificações do pendão foram mais baixas que as da população adaptada, ocorrendo o inverso para a população semi-exótica EE. Por outro lado, os valores relativamente altos encontrados para as estimativas de parâmetros genéticos, mostraram que para as duas populações semi-exóticas, há possibilidades de serem conseguidos ganhos substanciais com esquemas simples de seleção.

Entre os caracteres da espiga, as mudanças positivas ocorridas nas médias das populações semi-exóticas EC e EE foram, respectivamente, para número de fileiras por espiga e comprimento da espiga, uma vez que a população adaptada apresentou médias mais baixas. Por outro lado, verificou-se que para ambos os caracteres, as magnitudes relativas dos parâmetros genéticos estimados das populações semi-exóticas foram maiores que as da população adaptada, ressaltando a potencialidade genética para programas de melhoramento.

Embora as médias obtidas para número de grãos por fileira, diâmetro da espiga e do sabugo terem sido mais ou menos semelhantes nas três populações, constatou-se, de um modo geral, uma maior variabilidade e potencialidade genética para as populações semi-exóticas que para a população adaptada ESALQ-PB1.

Considerando a estrutura genética de cada uma das raças exóticas, e tendo por base os resultados obtidos, recomenda-se o aproveitamento da potencialidade genética apresentada pela população semi-exótica EC para programas de melhoramento a curto prazo, enquanto que a população EE poderá ser aproveitada para programas a longo prazo.

STUDY OF GENETIC POTENTIAL OF TWO BRAZILIAN RACES OF CORN (*Zea mays* L.) FOR BREEDING

Author: MANOEL XAVIER DOS SANTOS

Adviser: JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

SUMMARY

The aim of the present work was to study the breeding potential of the Brazilian races "Cravo" and "Entre-laçado" of corn. Their principal characters are high number of kernels rows per ear and long ear, respectively. To evaluate their potential, the theoretical proportion of 50% of their genes was incorporated to the adapted ESALQ-PB1 population, and their effects on mean and genetic parameters estimates were determined in relationship to the adapted population.

Following the initial crosses two recombination phases were performed to produce generations of the crosses Cravo x ESALQ-PB1 (EC) and Entre-laçado x ESALQ-PB1 (EE). The 196 half-sib families were then extracted from each population, and together with 196 half-sib families obtained from ESALQ-PB1 (E), constituted the experimental material. These families were evaluated at two locations (Caterpillar and Água Santa) within Piracicaba-SP, in 1983/84. Four trials were established for each population, and the experimental design was a 7 x 7 triple lattice, with 3 replications per location.

For each population were studied: ear weight, kernel yield, three plant morphological characters and five ear characters, except for Agua Santa, where only

ear weight and kernel yield were considered.

Decrease on mean values for ear weight and kernel yield was detected in EC and EE, whereas an increase in genetic variability was observed from the incorporation of the exotic genes in ESALQ-PB1, for those characters, as compared to the adapted populations.

For plant characters, the effects were beneficial in EC, since mean plant height, mean ear height and mean of tassel branch number were lower than those of ESALQ-PB1, being the opposite detected from EE. High genetic parameters estimates found for those characters suggests that simple selection schemes would be effective in improving mean populational in these populations.

For ear characters, kernel rows per ear and ear length showed superior mean values in EC and EE in comparison to the adapted population. High estimates for the genetic parameters studied were obtained, suggesting high genetic potential of those populations for improvement of such characteristics.

Although mean values for number of kernels per row, ear diameter and cob diameter have been of similar magnitude in EC, EE and E, the genetic variability was greater in EC and EE.

With basis on the genetic structural of each of exotic races and on the results obtained, it is suggested the utilization of the populations EC in short-term breeding programs and EE in long-term breeding programs.

1. INTRODUÇÃO

O milho é cultivado em todas as áreas agrícolas do mundo, e se constitui em uma cultura de importância econômica para todos os povos. Seu cultivo é realizado desde 58° de latitude norte até 40° de latitude sul, desenvolvendo-se também desde o nível do mar até altitudes superiores a 3.800 m, e em regiões que apresentam precipitações pluviométricas variando de 250 mm a 1.000 mm (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981).

A morfologia e número bastante uniformes dos seus cromossomos, apesar da grande diversidade dos tipos de milhos existentes, têm favorecido cruzamentos entre fontes de germoplasmas adaptados e não adaptados (exóticos), tornando possível o seu desenvolvimento em variadas condições ambientais e possibilitando a seleção de tipos para cada nicho ecológico. Esta variação de tipos de milho tem evoluído através do processo natural de mutação, hibridação e seleção, natural ou artificial, desde as fases de evolução e domesticação da espécie, até as fases atuais de cultivo e melhoramento.

A preservação destes diferentes tipos de germoplasmas, tem merecido, recentemente, a atenção por parte

de órgãos governamentais e entidades privadas, podendo-se sa li en ta r que somente no Hemisfério Ocidental existem aproximada me nt e 12.000 acessos disponíveis, e destes, cerca de 250 raças foram descritas (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981).

Graças ao aproveitamento desta ampla variabilidade genética é que os melhoristas conseguiram elevar a produtividade da cultura e obter cultivares de milho altamente uniformes e eficientes, para os sofisticados e avançados sistemas de produção. Em parte, isto foi benéfico; mas, uma consequência deste sucesso foi o estreitamento da base genética populacional, resultando no que se pode chamar de er o s ã o genética (JENSEN, 1962).

Esta tendência foi intensificada na década de 60 (BENNET, 1970; MILLER, 1973), gerando uma violenta vulnerabilidade para a cultura, conforme foi constatado pelo surto da Helminthosporiose de 1970, e ocasionando perdas relativamente altas na produção de milho híbrido, principalmente nos Estados Unidos.

Logo após isto, houve o despertar do interesse em desenvolver populações geneticamente variáveis, tendo em vista que o progresso do melhoramento está relacionado com a quantidade de variação genética. Se a variabilidade genética não estiver presente na população, a seleção não será eficiente e nem haverá progresso. Assim sendo, os me lho r i s t a s têm estado constantemente à procura de caminhos para aumentar a variabilidade genética das populações.

Os mecanismos utilizados para criar variabi li d a d e genética incluem hibridação de materiais adaptados, uso de agentes mutagênicos, bem como a introdução de materiais não adaptados de outras fontes. Estes materiais oriundos de outras fontes, comumente designados de exóticos, há muito

tempo foram enfatizados como potencialmente úteis nos programas de melhoramento (BROWN, 1953; GRIFFING e LINDSTROM, 1954; WELLHAUSEN, 1965), para aumentar a variabilidade genética das populações.

Muitos destes germoplasmas exóticos contêm uma grande quantidade de variação genética útil para caracteres herdados quantitativamente, e frequentemente têm sido cruzados com uma população melhorada e adaptada para produzir uma nova população (semi-exótica).

No Brasil, BRIEGER *et alii* (1958), PATERNIANI e GOODMAN (1977) relataram os estudos que foram feitos com diversas raças de milho e forneceram indicações daquelas mais promissoras para os programas de melhoramento. Entre as raças exóticas, potencialmente úteis, destacaram-se a Cravo e Entrelaçado por apresentarem caracteres particulares, quais sejam, respectivamente, grande número de fileiras de grãos e maior comprimento de espiga.

A inclusão de qualquer um destes caracteres em uma população já melhorada e adaptada, pode levar futuramente a um acréscimo significativo da produção, uma vez que tais caracteres são reconhecidos como associados à produção. Espera-se, assim, que a presença do germoplasma adaptado evite mudanças bruscas e negativas na média, e que a presença do germoplasma exótico aumente a variabilidade genética na nova população, tanto para produção quanto para caracteres da planta e espiga.

Desta maneira, a incorporação de genes de cada uma das duas raças brasileiras de milho dentro de uma população reconhecidamente melhorada e adaptada (ESALQ-PB1), se constituiu nos objetivos do presente estudo, procurando-se:

1. verificar as mudanças ocorridas nas médias das duas populações resultantes (semi-exóticas), em relação à população melhorada;
2. determinar a potencialidade genética das duas raças exóticas para fins de melhoramento, comparando-se as estimativas dos parâmetros genéticos das populações semi-exóticas com as estimativas da população adaptada, a fim de se verificar o efeito da incorporação de genes na variabilidade genética;
3. aumentar o limitado conhecimento sobre o efeito da introgressão de germoplasmas exóticos.

2. REVISÃO DE LITERATURA

Em decorrência da extensão do trabalho, efetuou-se uma revisão de literatura abrangendo os vários aspectos relacionados com os objetivos do presente estudo. Em primeiro lugar, foi dado um enfoque sobre a variabilidade genética do milho considerando a produção, caracteres da planta e da espiga. Em segundo lugar, foi enfatizado a respeito dos germoplasmas exóticos, com uma abordagem mais ampla sobre o potencial genético no melhoramento, salientando-se, finalmente, as metodologias e resultados obtidos com a utilização de germoplasmas exóticos.

Considerando que, de um modo geral, o potencial genético de populações de milho tem sido avaliado através de estimativas dos componentes de variação fenotípica, foi dada ênfase especial para a estimativa da variação genética aditiva dos diversos caracteres, e quando possível, para as estimativas associadas à variância genética aditiva, tais como, coeficiente de variação genética, coeficiente de herdabilidade, índice de variação e do progresso esperado, uma vez que são também indicadores da variabilidade genética.

2.1. Variabilidade genética do milho

2.1.1. Produção

O aumento da produtividade do milho sempre se constituiu em um dos objetivos primordiais por parte dos melhoristas. Para atingir este objetivo, torna-se necessário a existência de suficiente variabilidade genética na população. No entanto, os resultados iniciais encontrados com o método de seleção massal e espiga por fileira foram pouco consistentes, levando os pesquisadores a darem maior ênfase na obtenção de híbridos simples para o aumento da produtividade. A viabilização para o uso comercial de milhos híbridos foi concretizada quando JONES (1918) sugeriu o método para formação do híbrido duplo. Observou-se, porém, que a partir da década de 30 os novos híbridos não se mostraram muito superiores aos existentes, o que levou HULL (1945) a sugerir que a variância genética aditiva para a produção havia sido esgotada.

Apesar da partição da variação genética em seus efeitos aditivos, dominantes e epistáticos ter sido efetuada por FISHER (1918), as estimativas destes componentes somente se revestiram de especial significado para o milho, quando foram sugeridos por COMSTOCK e ROBINSON (1948 e 1952) os delineamentos genético-estatísticos I, II e III. Os primeiros resultados obtidos com a utilização do delineamento I foram apresentados por ROBINSON *et alii* (1955), onde evidenciaram a existência de suficiente variabilidade genética aditiva, capaz de se conseguir progressos com a seleção, mesmo com o uso de métodos simples como é o caso da seleção massal. Tornou-se, então, reconhecido que a ineficiência da seleção massal e do método espiga por fileira eram decorrentes de problemas técnicos, tais como, falta de isolamento, falta de técnicas experimentais adequadas, amostra populacional

etc. (GARDNER, 1961; LONNQUIST, 1961).

Houve, desta forma, o ressurgimento pelo interesse do melhoramento de populações, sendo introduzidas algumas inovações nos métodos já conhecidos, que possibilitariam um melhoramento gradativo e contínuo, bem como uma exploração mais ampla do potencial genético.

A presença de variabilidade genética aditiva tem sido confirmada em diversas populações de milho, haja visto que progressos com a seleção têm sido obtidos com diferentes esquemas de melhoramento intrapopulacional (LONNQUIST, 1961; MOLL *et alii*, 1966; MOLL e ROBINSON, 1966; HALLAUER e WRIGHT, 1967; LONNQUIST, 1967; WEBEL e LONNQUIST, 1967; GARDNER, 1969; MOLL e STUBER, 1971; DARRAH *et alii*, 1972; CUNHA, 1976; COMPTON e BAHADUR, 1977; CRISÓSTOMO, 1978; LORDELO, 1982; SOUZA JUNIOR, 1983, entre outros).

Informações recentes fornecidas por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981), que realizaram um levantamento das estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) e dominante ($\hat{\sigma}_D^2$) em 99 trabalhos e para cinco tipos de populações, vieram mostrar claramente a existência de suficiente variabilidade genética aditiva para produção. Em todas as populações constataram estimativas mais altas para as variâncias genéticas aditivas, obtendo uma média de $468,8 (g/pl)^2$ e $279,9 (g/pl)^2$ para a $\hat{\sigma}_A^2$ e $\hat{\sigma}_D^2$, respectivamente.

O potencial genético de várias populações de milho tem sido avaliado em programas de seleção com o método "espiga por fileira modificado" (LONNQUIST, 1964) ou "seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos" (PATERNIANI, 1967). Assim sendo, as famílias de meios irmãos avaliadas prestam-se como unidades de seleção e como unidades para a estimação da variância genética aditiva.

Este método, apesar de não haver possibilidade de se estimar a variância dominante, tem sido bastante utilizado tanto no Brasil quanto no exterior. Sua grande vantagem, porém, é a possibilidade de obtenção da estimativa da variância genética aditiva, tendo em vista os valiosos subsídios que fornece ao melhorista, uma vez que permite verificar quais as chances de êxito na seleção, e quais as alterações que podem ocorrer na variabilidade genética no decorrer dos sucessivos ciclos de seleção.

Uma série de trabalhos, encontrados na literatura americana, mostra a existência de variabilidade genética após sucessivos ciclos de seleção, e a presença de ganhos contínuos com a utilização deste método (GARDNER, 1961; WEBEL e LONNQUIST, 1967; CHI *et alii*, 1969; MARQUEZ-SANCHEZ, 1970; SENTZ, 1971; DARRAH *et alii*, 1972; SILVA e HALLAUER, 1975; COMPTON e BAHADUR, 1977, entre outros).

O exemplo clássico que pode ser mencionado, é o citado por DUDLEY (1973). A variedade "Burr White" após ser submetida a 70 gerações de seleção divergente para teor de óleo e proteína, continuou mostrando a existência de variabilidade genética significativa.

No Brasil, o esquema de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos vem sendo utilizado há alguns anos, principalmente, no Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ). Um resumo das estimativas obtidas para parâmetros genéticos e fenotípicos, em diferentes populações de milho da ESALQ, foi apresentado por RAMALHO (1977). Neste levantamento, verificou-se uma estimativa média da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) no valor de $320 (g/pl)^2$, para o caráter produção de grãos. Os valores médios encontrados para o coeficiente de herdabilidade

(\hat{h}^2), para o coeficiente de variação genética (CV_g) e para o índice de variação θ , foram 9,67%, 8,21% e 0,454, respectivamente.

As estimativas mais altas e mais baixas para $\hat{\sigma}_A^2$ 758 (g/pl)² e 41 (g/pl)² e para o índice de variação θ (0,84 e 0,25) foram encontradas, respectivamente, por PATERNIANI (1968) e ZINSLY (1969). Por outro lado, PATERNIANI (1967 e 1968) mostrou o maior e o menor valor obtido para o CV_g (15,31% e 3,37%), enquanto que a estimativa mais elevada para \hat{h}^2 (28,45%) foi apresentada por PATERNIANI (1968), e a menor (2,09%) foi encontrada por TORRES SEGOVIA (1976).

Resultados promissores foram também evidenciados por LIMA (1977), que utilizou famílias de meios irmãos derivadas do Composto VD-2, observando que as estimativas para as $\hat{\sigma}_A^2$ [438,83 (g/pl)²; 377,81 (g/pl)² e 344,32 (g/pl)²] não decresceram significativamente após dois ciclos de seleção, sendo detectado um progresso médio esperado por ciclo no valor de 8,15%, o qual foi inferior ao progresso observado em relação às testemunhas (10,8%). As estimativas obtidas para os coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas individuais foram 8,10%, 12,23% e 18,64%, e para os coeficientes de variação genética foram 7,35%, 7,21% e 6,26%, correspondentes, respectivamente, aos ciclos original, I e II.

MIRANDA FILHO (1974) mostrou a potencialidade de sete populações para a formação do Composto ESALQ-PB1, e posteriormente (MIRANDA FILHO, 1977 e 1979) efetuou avaliações com famílias de meios irmãos, mostrando estimativas bastante semelhantes para a avaliação de dois ciclos de seleção, chegando à conclusão de que haveria êxito em se obter uma população bastante melhorada, haja vista a variabilidade genética aditiva existente para todos os caracteres estudados.

Por outro lado, SOUZA JUNIOR (1983) avaliou progênies de meios irmãos provenientes da recombinação de 100 famílias S_1 , selecionadas após o primeiro ciclo de seleção da população ESALQ-PB1, encontrando uma estimativa para a σ_A^2 intermediária $263,2449 (g/pl)^2$ entre os dois ciclos de avaliação efetuados por MIRANDA FILHO (1977 e 1979), e estimativas um pouco mais altas para h^2 (10,55%), CV_g (6,88%), índice de variação θ (0,48) e progresso esperado com o uso de sementes remanescentes (9,21%).

Resultados de diversos trabalhos, referentes a dez diferentes populações, demonstraram a presença de variabilidade genética capaz de se conseguir progressos com a seleção. As estimativas obtidas para as variâncias genéticas aditivas, conforme relataram GERALDI (1977), CRISÓSTOMO (1978), RISSI (1980), SAWAZAKI (1979), SOUZA JUNIOR *et alii* (1980) e AGUILAR MORAN (1984), variaram de $87,720 (g/pl)^2$ à $626,04 (g/pl)^2$, e para os coeficientes de herdabilidade oscilaram de 2,2% a 28,95%. Os valores estimados para os coeficientes de variação genética situaram-se numa faixa de 5,5% à 9,24%, enquanto que os índices de variação θ apresentaram uma amplitude de 0,37 a 0,88. Apesar de algumas estimativas obtidas para os coeficientes de herdabilidade terem sido baixas, a média estava ao redor de 7,5%, e os autores acima mencionados consideraram as populações como potencialmente promissoras, tendo em vista a quantidade de variabilidade genética que foi exibida, e que poderá ser explorada na continuidade dos programas de melhoramento.

2.1.2. Caracteres da planta

No Brasil, o melhoramento de milho tem sido dirigido, principalmente, para a alta produtividade (MIRANDA

FILHO, 1974) e pouca ênfase tem sido dada a outros caracteres, tais como, altura da planta e espiga, razão pela qual as populações existentes exibem crescimento elevado, deixando muito a desejar no que diz respeito à arquitetura da planta (BARRIGA BEZANILLA, 1971). Mais recentemente, porém, diversos programas de pesquisa têm incluído em suas metas a obtenção de cultivares com arquiteturas mais adequadas.

No que diz respeito aos atributos agrônômicos de altura da planta e espiga, estudos, observações e importância dos mesmos têm sido relatados há muito tempo, relacionando-os, principalmente, com os resultados da seleção.

Os trabalhos de Smith (1909) e Kiesselbach (1922), citados por ACOSTA e CRANE (1972), mostraram haver variabilidade genética para obter populações contrastantes quanto à altura da planta e da espiga. Do mesmo modo, os efeitos reais ou potenciais da seleção para estes caracteres são explícitos nos trabalhos de PATERNIANI (1967), VERA e CRANE (1970), ACOSTA e CRANE (1972), MIRANDA FILHO (1978), GHINI e MIRANDA FILHO (1979) e SOUZA JUNIOR (1983), para diminuição destes caracteres em diferentes populações de milho.

Segundo MIRANDA FILHO (1974), estes caracteres podem ser alterados geneticamente de duas maneiras diferentes: a) através do poligenes e, b) através de genes maiores. Há, de um modo geral, a preocupação em reduzir a altura da planta e da espiga, uma vez que elas estão relacionadas com o acamamento ou quebramento do cômlo, colheita, bem como para a obtenção de ideotipos.

Os estudos sobre componentes de variação genética efetuados por GARDNER *et alii* (1953), ROBINSON *et alii*

(1955) e HALLAUER (1971), mostraram que estes caracteres são controlados predominantemente por genes com efeitos aditivos e com dominância parcial (COMSTOCK e ROBINSON, 1948; ROBINSON *et alii*, 1951).

Recentemente, HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) realizaram um extenso levantamento das estimativas das variâncias genéticas para estes caracteres, mostrando que a maior proporção da variância genética total pode ser atribuída aos efeitos aditivos. As estimativas médias da variância aditiva, obtidas de 45 e 52 trabalhos, respectivamente, para altura da planta e espiga, foram $219,90 \text{ (cm/pl)}^2$ e $152,70 \text{ (cm/pl)}^2$, enquanto que os valores médios para o coeficiente de herdabilidade ao nível de parcelas foram 56,9% e 66,2%.

Dentre os inúmeros resultados de estimativas de componentes de variação genética encontrados na literatura, alguns são mostrados na Tabela 1. Verificou-se que as estimativas para as variâncias genéticas aditivas ($\hat{\sigma}_A^2$) para altura da planta situaram-se entre $63,0 \text{ (cm/pl)}^2$ e $641,548 \text{ (cm/pl)}^2$, enquanto que as $\hat{\sigma}_A^2$ para altura de espiga estavam compreendidas entre $86,80 \text{ (cm/pl)}^2$ e $483,753 \text{ (cm/pl)}^2$.

Resultados mais consistentes e informativos foram obtidos com diversas populações de milho no Brasil, através de estimativas obtidas nos programas de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, conforme podem ser vistos na Tabela 2. As estimativas encontradas para a variância aditiva, referentes, respectivamente, à altura da planta e espiga, estiveram numa amplitude de 176,56 a 668,00 e 46,136 a 548,00, expressas em (cm/pl)^2 .

Por outro lado, tanto as estimativas obtidas

TABELA 1. Estimativas das variâncias genéticas aditivas ($\hat{\sigma}_A^2$) obtidas para os caracteres altura da planta (AP) e da espiga (AE) em (cm/pl)², em diferentes populações americanas de milho.

População	AP	AE	Referências
População F ₃	299,439	171,674	ROBINSON <i>et alii</i> (1951)
Jarvis	234,640	105,800	ROBINSON <i>et alii</i> (1955)
Weekley	198,967	191,625	ROBINSON <i>et alii</i> (1955)
Indian Chief	218,322	171,612	ROBINSON <i>et alii</i> (1955)
Krug Yellow Dent (1956)	417,114	291,587	LINDSEY <i>et alii</i> (1962)
Krug Yellow Dent (1957)	234,131	210,925	LINDSEY <i>et alii</i> (1962)
Hays Golden (1956)	641,548	483,753	LINDSEY <i>et alii</i> (1962)
Hays Golden (1957)	487,166	253,296	LINDSEY <i>et alii</i> (1962)
Golden Republic	186,060	--	COMPTON <i>et alii</i> (1965)
Barber Reid	308,640	--	COMPTON <i>et alii</i> (1965)
Jarvis	235,483	136,774	EBERHART <i>et alii</i> (1966)
Indian Chief	190,967	165,806	EBERHART <i>et alii</i> (1966)
Indian Chief	173,540	197,418	EL-ROUBY e PENNY (1967)
High Oil Synthetic	236,040	119,020	EL-ROUBY e PENNY (1967)
Iowa Ideal	224,000	261,000	HALLAUER e WRIGHT (1967)
Red Yellow Dent	91,000	143,000	CHI <i>et alii</i> (1969)
Iowa Synthetic (BB)	247,700	228,800	MARQUEZ-SANCHEZ e HALLAUER (1970)
Comp. Minnesota Synthetic	187,300	86,800	SENTZ (1971)
Stiff Stalk Synthetic (C0)	125,000	133,000	HALLAUER (1971)
Corn Borer Synthetic (CB0)	183,000	118,000	HALLAUER (1971)
Stiff Stalk Synthetic (C ₄)	156,000	144,000	HALLAUER (1971)
Corn Borer Synthetic (CB ₄)	63,000	116,000	HALLAUER (1971)
American Early	120,000	139,000	EL-ROUBY <i>et alii</i> (1973)
Iowa S. Stalk Synthetic	143,000	126,000	OBILANA e HALLAUER (1977)
Média	233,419	181,586	-- --
Média de 45 (AP) e 52 (AE) estimativas	212,900	152,700	HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981)

TABELA 2. Estimativas das variâncias genéticas aditivas ($\hat{\sigma}_A^2$)¹, dos coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas (\hat{h}^2), ao nível de médias de famílias (\hat{h}_X^2), dos coeficientes de variação genética (CVg.Z) e experimental (Cve.Z), do progêssio esperado (Δg) e dos índices de variação θ , obtidas para os caracteres altura da planta (AP) e espiga (AE), em diferentes populações de milho no Brasil.

População	$\hat{\sigma}_A^2$		\hat{h}^2		\hat{h}_X^2		CVg.		Cve.		$\Delta g.Z$		θ		Referências
	AP	AE	AP	AE	AP	AE	AP	AE	AP	AE	AP	AE	AP	AE	
Dent. Composto (amarelo)	458,000	397,000	101,10	90,64	-	-	3,80	5,82	4,78	6,89	10,32	14,04	0,79	0,84	QUEIROZ (1969)
Dent. Composto (branco)	668,000	548,000	130,21	112,76	-	-	4,59	6,84	4,63	6,90	13,88	17,54	0,99	0,99	QUEIROZ (1969)
ESALQ-VD-2-HS II	327,320	215,800	67,90	51,90	-	-	3,22	4,22	9,19	15,20	7,79	9,14	0,35	0,27	LIMA e PATERNANI (1977)
Comp. ESALQ-A	229,320	354,520	44,81	57,54	-	-	2,42	4,63	3,57	5,46	5,05	10,60	0,67	0,85	CRISÓSTOMO (1978)
Comp. ESALQ-B	436,130	309,320	59,70	69,50	-	-	3,60	4,90	6,08	4,92	8,69	11,88	0,59	0,99	CRISÓSTOMO (1978)
ESALQ-PB1	258,000	201,600	62,74	64,02	53,14	55,19	3,10	6,12	9,21	13,46	-	-	0,34	0,45	MIRANDA FILHO (1978)
ESALQ-PB1	312,948	174,198	72,07	56,28	74,46	68,44	3,83	5,32	4,48	7,23	4,84	5,92	0,85	0,73	GHINI e MIRANDA Fº (1979)
Pirapão A	301,710	204,920	118,00	91,90	76,28	69,45	4,67	7,46	3,87	7,22	3,10	4,96	1,21	1,03	RISSI (1980)
Pirapão B	468,960	258,470	167,00	125,00	84,49	82,30	6,52	9,80	4,16	6,75	4,06	5,59	1,57	1,45	RISSI (1980)
Suwan (BR-105)	176,560	224,080	46,61	84,57	-	-	4,11	6,88	7,44	8,21	-	-	0,55	0,84	SOUZA JUNIOR et alii (1980)
Pirapão VD-2	306,670	196,548	-	-	61,96	56,42	5,50	7,77	6,99	10,46	7,61	10,15	0,78	0,74	LORDELO (1982)
Pirapão VF-1	439,600	252,100	-	-	62,07	59,71	6,23	9,92	8,82	13,71	9,00	13,46	0,71	0,72	LORDELO (1982)
ESALQ-PB1	223,118	91,375	72,36	50,28	-	-	3,60	4,23	4,34	6,71	7,83	7,73	0,83	0,63	SOUZA JUNIOR (1983)
BR-105	181,045	259,876	71,77	58,74	-	-	4,32	4,26	4,99	5,68	9,21	8,33	0,86	0,75	SOUZA JUNIOR (1983)
MI Sintético Dentado	341,826	142,339	48,44	37,42	42,74	37,02	4,62	5,42	7,60	10,00	2,12	-	0,61	0,54	AGUILAR MORÁN (1984)
MI Sintético Flint	217,455	46,136	58,69	32,32	55,73	44,54	4,42	3,86	5,60	6,10	2,31	-	0,79	0,63	AGUILAR MORÁN (1984)
Média	334,166	242,268	80,10	70,21	63,85	59,13	4,28	6,09	5,98	8,43	6,84	9,94	0,78	0,78	-

¹ - Estimativas em (cm/planta)²

para os coeficientes de herdabilidade quanto as estimativas obtidas para os coeficientes de variação genética e índices de variação θ , foram altas.

Estes resultados constituem-se em fortes indicadores para o sucesso da seleção, uma vez que foi constatada a presença de variabilidade genética nas populações brasileiras, superior, para ambos os caracteres, às populações americanas.

Um outro caráter relacionado à arquitetura e eficiência da planta de milho, e que tem merecido a atenção de melhoristas, é o tamanho de inflorescência masculina (pendão). Desde o final do século passado, já era do conhecimento que a inflorescência masculina do milho exercia alguma influência na produção (GERALDI, 1977); no entanto, foi somente com o advento do milho híbrido que o interesse para este caráter foi despertado.

Tem sido mostrado que, tanto o despendoamento quanto plantas macho-estéreis conduzem a um aumento na produção de grãos em condições ambientais favoráveis (LEONARD e KIESSELBACH, 1932; HUNTER *et alii*, 1973) e condições adversas (DUNCAN *et alii*, 1967; HUNTER *et alii*, 1969). Estudos adicionais evidenciaram que pendões menores são benéficos para maiores produções, especialmente em ambientes menos favoráveis, tais como, deficiência de umidade, maior densidade populacional e baixa fertilidade dos solos (BUREN *et alii*, 1974; MOCK e SCHUETZ, 1974).

Na certeza de que o passo inicial para o melhoramento genético de um caráter é o estudo da base genética e a determinação da variabilidade existente na população, MOCK e SCHUETZ (1974) estudaram a herança do número de ramificações do pendão e obtiveram estimativas para os componen-

tes de variação genética. Constataram que este caráter tem herança quantitativa, e que a variância genética aditiva foi mais importante que a dominante. O coeficiente de herdabilidade estimado ao nível de plantas individuais (\hat{h}^2) foi de 53% e ao nível de médias de famílias (\hat{h}_x^2) foi de 89%, indicando que resultados promissores podem ser conseguidos, mesmo com o uso de métodos relativamente simples.

O interesse em se estudar o número de ramificações do pendão, para melhorar a eficiência produtiva do milho, está se intensificando no Brasil, e alguns trabalhos já evidenciaram resultados animadores.

A Tabela 3 mostra um resumo dos trabalhos efetuados, podendo-se verificar que as estimativas obtidas para as variâncias genéticas aditivas ($\hat{\sigma}_A^2$) variaram de 6,5012 a 43,9648 (ramificações/pl)², enquanto que as estimativas para os h^2 estiveram compreendidas entre 30,7% e 67,48%. Por outro lado, os índices de variação θ e os coeficientes de variação genética foram altos, dando uma indicação da variação genética presente nas populações.

2.1.3. Caracteres da espiga

Os caracteres da espiga são em grande número e têm sido subdivididos em secções, para efeito de classificação de germoplasmas (BRIEGER *et alii*, 1958; PATERNIANI e GOODMAN, 1977), sendo, no entanto, considerados no presente estudo os caracteres mais relacionados com os componentes da produção: comprimento da espiga (CE), número de grãos por fileira (NGF), número de fileiras por espiga (NFE), diâmetro da espiga (DE), e diâmetro do sabugo (DS).

Os componentes da produção despertaram inte-

TABELA 3. Estimativas das variâncias genéticas aditivas ($\hat{\sigma}_A^2$ f), dos coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas (\hat{h}^2 %) e ao nível de médias de famílias (\hat{h}_x^2 %), dos coeficientes de variação genética (CVg.%) e experimental (Cve.%), e dos índices de variação θ , obtidas para o caráter número de ramificações do pendão, em diferentes populações de milho do Brasil.

População	$\hat{\sigma}_A^2$	\hat{h}^2 %	\hat{h}_x^2 %	CVg.%	Cve.%	θ	Referências
Comp. Dentado Branco	6,501	30,70	-	7,04	7,40	0,95	GERALDI (1977)
Com. Flint Branco	10,556	43,40	-	7,25	7,00	1,03	GERALDI (1977)
Centralmex	15,232	63,10	-	10,43	8,70	1,19	GERALDI (1977)
ESALQ-PB1	14,124	61,62	74,07	10,18	12,05	0,84	ANDRADE e MIRANDA Fº (1979)
Suwan (BR-105)	28,553	64,31	-	11,56	9,44	1,22	SOUZA JUNIOR <i>et al</i> (1980)
Piranão VD-2	23,443	57,72	-	10,16	13,00	0,81	LORDELO (1982)
Piranão VF-1	43,965	57,42	-	10,68	13,38	0,80	LORDELO (1982)
MI Sintético Branco	27,676	67,48	63,02	12,01	13,00	0,92	AGUILAR MORÁN (1984)
MI Sintético Flint	23,729	48,44	52,30	9,54	12,90	0,74	AGUILAR MORÁN (1984)
Média	21,531	54,91	63,13	9,87	10,76	0,94	- -

f - Estimativas em (ramificações/planta)².

resse no milho, quando LENG (1953) considerou a produção como sendo manifestada em termos de quatro componentes primários e dois secundários. Posteriormente, GRAFIUS (1960) reconheceu os componentes primários e os definiu numa fórmula multiplicativa, argumentando que a produção no milho pode ser expressa como um produto dos diversos caracteres componentes.

MOLL *et alii* (1962) discutiram e discordaram em parte das suposições anteriores, formuladas por GRAFIUS (1960), afirmando que qualquer vantagem em estudar isoladamente os componentes da produção, baseado num modelo simples, é pequena e, provavelmente, menor ainda que as desvantagens devido ao acúmulo de erros e outras dificuldades na interpretação conjunta de componentes multiplicativos.

A produção é um caráter complexo e representa o produto final da interrelação de inúmeras variáveis, cujos efeitos individuais não podem ser prontamente identificáveis; é uma expressão combinada do genótipo e ambiente, do início ao final do período de crescimento (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981). Por esta razão, SMITH (1967), HALLAUER (1977), HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) acreditam que a avaliação da produção continuará a ser feita como antes, apesar dos esforços para decompor a produção em seus componentes, e estudá-los sob o ponto de vista dos componentes de variação genética.

Desta forma, estudos sobre os componentes da variação genética têm sido feitos com mais intensidade para a produção, uma vez que na função de produção a participação dos componentes produtivos "per se" é variável, devendo-se, porém, considerar no melhoramento, qual ou quais caracteres podem ser mais eficientemente melhorados para aumentar signi

ficativamente o produto final (produção).

Os trabalhos básicos iniciais de ROBINSON *et alii* (1949), GARDNER *et alii* (1953), GARDNER e LONNQUIST (1959) evidenciaram suficiente variabilidade genética e mostraram estimativas menores que 1,0 para o grau médio de dominância dos caracteres de espiga, indicando, em média, a presença de parcial à completa dominância.

A confirmação indireta, fornecida através da relação $\hat{\sigma}_D^2/\hat{\sigma}_A^2$, foi dada por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981), quando mostraram, por meio de um amplo levantamento efetuado e com diferentes populações de milho, que para todos os caracteres a variabilidade genética está presente, e a maior porção desta variabilidade foi devido à variância genética aditiva.

Neste sentido, inúmeros trabalhos têm sido desenvolvidos para averiguação da variabilidade genética aproveitável na seleção, para os componentes da produção.

A Tabela 4 mostra alguns resultados obtidos para comprimento de espiga (CE), referentes à estimativas da variância genética aditiva, em (cm/espiga)², e do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias ($h_x^2\%$), cujas amplitudes de variação foram de $90,00 \times 10^{-2}$ a $352,40 \times 10^{-2}$ e de 17,30% a 62,60%, respectivamente. HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) encontraram, num total de 36 trabalhos, estimativas médias nos valores de $152,40 \times 10^{-2}$ e 38,10%, respectivamente, para a variância genética aditiva e coeficiente de herdabilidade ao nível de médias.

O resumo dos resultados encontrados para número de grãos por fileira (NGF) e número de fileiras por espiga (NFE) pode ser visto na Tabela 5, sendo as estimativas

TABELA 4. Estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$)^f, do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias (\hat{h}_x^2 %) e do coeficiente de variação experimental (CVe.%), obtidas para o caráter comprimento da espiga (CE), para diversas populações de milho.

Populações	Comprimento da espiga (CE)		Referências
	$\hat{\sigma}_A^2$	\hat{h}_x^2 % CV%	
F3 populations	91,09	17,30	ROBINSON <i>et alii</i> (1951)
Jarvis	102,20	-	ROBINSON <i>et alii</i> (1955)
Indian Chief	200,80	-	ROBINSON <i>et alii</i> (1955)
Krug Yellow Dent	352,40	-	LINDSEY <i>et alii</i> (1962)
Hays Golden	253,28	-	LINDSEY <i>et alii</i> (1962)
Red Yellow Dent	151,80	20,90	WILLIAMS <i>et alii</i> (1965)
Jarvis	124,52	-	EBERHART <i>et alii</i> (1966)
Reid Yellow Dent	200,00	-	CHI <i>et alii</i> (1969)
Iowa Synthetic	125,00	38,00	MARQUEZ-SANCHEZ e HALLAUER (1970)
Iowa Stiff S. Synthetic (CO)	145,00	39,00	HALLAUER (1971)
Iowa Stiff S. Synthetic (C ₄)	111,00	38,00	HALLAUER (1971)
Corn Borer Synthetic (CBO)	90,00	34,00	HALLAUER (1971)
Corn Borer Synthetic (CB ₄)	143,00	34,00	HALLAUER (1971)
Minnesota Synthetic	173,50	-	SENTZ (1971)
American Early (dens. ótima)	237,00	-	EL-ROUBY <i>et alii</i> (1973)
Iowa Stiff Stalk Synthetic (BSSS)	104,00	62,60	OBILANA e HALLAUER (1974)
Inbreed lines no selected (Synt.)	215,00	45,50	BARTUAL e HALLAUER (1976)
American Early (dens. baixa)	265,20	-	GALAL <i>et alii</i> (1977)
American Early (dens. baixa)	134,40	-	GALAL <i>et alii</i> (1977)
BS10 x BS11 (interpop.)	160,00	-	OBILANA <i>et alii</i> (1979)
Média	168,96	36,58	8,32
Média de 36 estimativas	152,40	38,10	-
HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981)			

^f - Estimativas multiplicadas por 10², e expressas em (cm/espiga)².

TABELA 5. Estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$)^f, do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias (\bar{h}_x^2 %) e do coeficiente de variação experimental (CVe.%), para os caracteres número de grãos por fileira (NGF) e número de fileiras por espiga (NFE), em diferentes populações de milho.

Populações	$\hat{\sigma}_A^2$		\bar{h}_x^2 %		CVe. %		Referências
	NGF	NFE	NGF	NFE	NGF	NFE	
Jarvis	961,80	-	-	-	-	-	ROBINSON <i>et alii</i> (1955)
Weekley	585,28	-	-	-	-	-	ROBINSON <i>et alii</i> (1955)
Red Yellow Dent	-	261,00	-	42,50	-	-	WILLIAMS <i>et alii</i> (1965)
Reid Yellow Dent	-	300,00	-	-	-	-	CHI <i>et alii</i> (1969)
Iowa Synthetic (BB)	-	230,00	-	65,00	-	4,90	MARQUEZ-SANCHEZ e HALLAUER (1970)
American Early (dens. ótima)	-	112,00	-	45,00	-	6,50	EL-ROUBY <i>et alii</i> (1973)
Inbred lines	234,00	145,50	45,50	46,50	-	-	BARTUAL e HALLAUER (1976)
American Early (dens. baixa)	859,80	109,00	-	-	11,90	6,90	GALAL <i>et alii</i> (1977)
American Early (dens. alta)	375,10	68,00	-	-	14,40	7,90	GALAL <i>et alii</i> (1977)
Média	603,20	175,07	45,50	49,75	13,14	6,55	- -
Média de 18 estimativas	189,00	-	57,00	-	-	-	HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981)

^f - Estimativas multiplicadas por 10², expressas em (nº grãos/fileira)² e em (nº fileiras/espiga)².

das variâncias genéticas aditivas ($\hat{\sigma}_A^2$) expressas, respectivamente, em $(n^\circ \text{ grãos/fileira})^2$ e $(n^\circ \text{ fileiras/espiga})^2$. Nota-se que as estimativas obtidas para σ_A^2 , estiveram numa faixa de $234,00 \times 10^{-2}$ a $961,80 \times 10^{-2}$ e $68,00 \times 10^{-2}$ a $300,00 \times 10^{-2}$, respectivamente, para NGF e NFE. As estimativas para h_x^2 oscilaram de 42,50% a 65,00% para NFE, enquanto que a única estimativa de h_x^2 para NGF foi 45,50%.

● valor médio estimado de 18 trabalhos para σ_A^2 e h^2 , foi, respectivamente, 189,00 e 57,00%, apenas para o caráter NFE (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981).

Com referência aos caracteres diâmetro da espiga (DE) e diâmetro do sabugo (DS), a Tabela 6 evidencia os resultados obtidos por diversos autores, sendo as estimativas das variâncias genéticas aditivas expressas, respectivamente, em $(\text{cm/espiga})^2$ e $(\text{cm/sabugo})^2$. Conforme pode ser visto, as estimativas obtidas para σ_A^2 tiveram uma amplitude de variação entre $1,81 \times 10^{-2}$ a $12,00 \times 10^{-2}$ e $1,50 \times 10^{-3}$ a $38,00 \times 10^{-3}$, respectivamente, para DE e DS. Por outro lado, as estimativas de h_x^2 para DE oscilaram de 14,10% a 60,00%, enquanto que para DS variaram de 37,00% e 75,00%.

No levantamento realizado por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981), a estimativa média da σ_A^2 para DE foi de $4,60 \times 10^{-2}$ e $16,60 \times 10^{-3}$ para DS. As estimativas encontradas para os coeficientes de herdabilidade foram bastante similares (36,10% e 37,00%), respectivamente, para diâmetro da espiga e diâmetro do sabugo.

No Brasil, raros foram os trabalhos desenvolvidos que englobassem estimativas dos componentes de variação genética para os caracteres acima mencionados, destacando-se apenas QUEIROZ (1969) que utilizou a população Dentado

TABELA 6. Estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$)^f, do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias (\hat{h}^2_x), e do coeficiente de variação experimental (Cv.e.%), para os caracteres diâmetro da espiga (DE) e diâmetro de sabugo (DS), em diferentes populações de milho.

Populações	$\hat{\sigma}_A^2$		\hat{h}^2_x		Cv.e.%		Referências
	DE	DS	DE	DS	DE	DS	
F ₃ populations	2,89	-	14,10	-	-	-	ROBINSON et alii (1951)
Jarvis	3,00	-	-	-	-	-	ROBINSON et alii (1955)
Indian Chief	4,64	-	-	-	-	-	ROBINSON et alii (1955)
Krug Yellow Dent	10,32	-	-	-	-	-	LINDSEY et alii (1962)
Hays Golden	7,93	-	-	-	-	-	LINDSEY et alii (1962)
Red Yellow Dent	5,28	-	38,80	-	-	-	WILLIAMS et alii (1965)
Jarvis	4,67	-	-	-	-	-	EBERHART et alii (1966)
Indian Chief	6,16	-	-	-	-	-	EBERHART et alii (1966)
Reid Yellow Dent	5,00	-	-	-	-	-	CHI et alii (1966)
Iowa Synthetic (BB)	4,10	26,70	23,00	60,00	7,00	4,40	MARQUEZ-SANCHEZ e HALLAUER (1970)
Iowa Stiff S. Synthetic (CO)	3,43	27,60	31,00	39,00	5,40	5,70	HALLAUER (1971)
Iowa Stiff S. Synthetic (C4)	3,06	12,10	39,00	44,00	4,80	5,40	HALLAUER (1971)
Corn Borer Synthetic (CB0)	1,81	19,30	25,00	39,00	5,20	5,30	HALLAUER (1971)
Corn Borer Synthetic (CB4)	1,88	16,10	28,00	39,00	5,70	5,10	HALLAUER (1971)
Minnesota Synthetic	5,35	-	-	-	-	-	SENTZ (1971)
Iowa Stiff S. Synthetic	2,60	19,00	56,50	75,00	5,00	5,00	OBILANA e HALLAUER (1974)
Inbreed lines no selected (Synt.)	12,00	38,00	44,50	44,00	-	-	BARTUAL e HALLAUER (1976)
American Early (dens.baixa)	5,44	-	-	-	4,00	-	GALAL et alii (1976)
American Early (dens.alta)	2,75	-	-	-	6,00	-	GALAL et alii (1976)
Iowa Stiff S. Synthetic	2,90	1,50	60,00	51,00	5,00	6,00	OBILANA e HALLAUER (1977)
BS10 x BS11	4,00	16,80	-	-	-	-	OBILANA et alii (1979)
Média	4,72	19,68	35,99	48,87	5,34	5,27	- -
Média de 35 estimativas	4,60	16,60	36,10	37,00	-	-	HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981)

^f - Estimativas multiplicadas por 10² e 10³, para DE e DS, respectivamente, e expressas em (cm/espiga)² e (cm/sabugo)².

Composto de sementes amarelas e brancas, e MOTA (1974) que fêz uso da população Centralmex. As estimativas obtidas para os caracteres estudados situaram-se entre as amplitudes de variação mencionadas anteriormente, exceto para a variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) do número de grãos por fileira, conforme evidenciado por MOTA (1974).

2.2. Germoplasmas exóticos

2.2.1. Potencial

Germoplasma exótico pode ter as mais variadas conotações. A palavra exótico "per se" pode ter significados diferentes: estrangeiro, estranho, não nativo, introduzido de outro lugar, esquisito etc..

Na opinião de LONNQUIST (1974), milho exótico foi definido como sendo oriundo de outra área, estando representado por adaptações diferentes à altitudes, latitudes, tipos de solos, fatores ambientais etc.. HALLAUER (1978) considerou germoplasma exótico como todas as fontes de germoplasmas que não são imediatamente úteis ou adaptadas para um específico programa de melhoramento. Para programas de melhoramento aplicado, o germoplasma exótico inclui todos os materiais que não têm utilidade imediata sem a seleção para uma determinada área (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981).

Dentro desta ampla diversificação de significados os germoplasmas exóticos podem ser constituídos por raças, populações, linhagens etc., desde que quando crescidos em áreas diferentes dos seus locais de adaptação não manifestem suas potencialidades sem um ajuste fisiológico.

Convém ressaltar que apesar da extrema varia-

bilidade no milho, a morfologia e número dos seus cromossomos é uniforme entre as diversas raças, populações e linhagens (GALINAT, 1977), permitindo que amplos cruzamentos sejam efetuados entre os exóticos e adaptados. No entanto, os efeitos imediatos destes cruzamentos têm sido frequentemente desapontadores, uma vez que para produtividade os segregantes desejáveis foram limitados, sendo os materiais descartados como não promissores.

Para se obter combinações de genes que tenham funções bioquímicas eficientes dentro do genoma, é necessário permitir uma adequada recombinação da população resultante do cruzamento (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981). Isto foi mostrado por HANSON (1959), onde salientou que a principal quebra dos blocos de ligação ocorre entre a quarta e quinta geração de intercruzamento ao acaso.

A importância e o potencial de germoplasmas exóticos de milho, para inclusão em programas de melhoramento, já foram amplamente enfatizadas por inúmeros pesquisadores (BROWN, 1953 e 1975; GRIFFING e LINDSTROM, 1954; WELLHAUSEN, 1956 e 1965; PATERNIANI, 1962; BRIEGER, 1963; BENNET, 1970; ZOHARY, 1973; LONNQUIST, 1974; ZUBER, 1975; BROWN e GOODMAN, 1977; ZUBER e DARRAH, 1980; DUVICK, 1981, entre outros). Recomendações têm também sido feitas para proporcionar as recombinações mínimas necessárias para quebra dos blocos de ligação, a fim de que ocorram os segregantes potencialmente aproveitáveis (WELLHAUSEN, 1965; LONNQUIST, 1974; SHEATA e DRAWN, 1975, entre outros). Do mesmo modo, tem sido enfatizada a importância do tamanho efetivo populacional nos processos de introdução e recombinação de populações segregantes (MIRANDA FILHO e VENCovsky, 1979; HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981).

Assim é que GRIFFING e LINDSTROM (1954) efe-

tuaram as primeiras indagações sobre o potencial de germoplasma exótico que deveria ser incorporado nas linhagens de milho do Corn Belt. Concluíram que a introgressão do germoplasma exótico foi benéfica tanto para aumento da produção do híbrido quanto para o aumento da diversidade genética. Por outro lado, BRIEGER *et alii* (1958) e BRIEGER (1963) descreveram coleções de milhos indígenas e mostraram algumas raças com bons caracteres que poderiam ser aproveitados em programas de melhoramento.

A potencialidade de incorporar germoplasmas exóticos em linhagens adaptadas, para posterior desenvolvimento de milhos híbridos, foi mostrada por GRIFFING e LINDSTROM (1954), EFRON e EVERETT (1969) e NELSON (1972), enquanto que KRAMER e ULLSTRUP (1959) mostraram o benefício da introgressão de genes exóticos como fontes de resistência à doenças, e THOMPSON (1968) destacou a importância dos germoplasmas exóticos para a produção de silagem.

Evidências de resultados positivos da introgressão de genes exóticos em populações já adaptadas foram mostradas por TIMOTHY (1965) e WELLHAUSEN (1965), os quais recomendaram maior atenção por parte dos melhoristas, tendo em vista as potencialidades dos germoplasmas exóticos. No entanto, a partir da década de 70 é que houve um despertar para o problema da vulnerabilidade genética do milho, haja vista a catástrofe que devastou parte de sua produção mundial, em decorrência do acentuado estreitamento da base genética, apesar da extensa variabilidade existente e disponível para os melhoristas nas coleções mundiais (HARLAN, 1961; JENSEN, 1962; WHITE, 1963; ALLARD, 1970).

A descrição de peculiaridades morfológicas e fisiológicas entre diversificados tipos de milho foi, primeiramente, feita por KULESHOV (1928 e 1933), onde mostrou a

grande variabilidade existente para vários caracteres, e em diferentes regiões do mundo.

Atualmente, o grande número de coleções existentes, no Novo Mundo e na Europa, é uma prova da inesgotável riqueza genética que está a disposição dos melhoristas, conforme pode ser visto na Tabela 7 (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981, pg. 384). Inúmeras raças têm sido descritas e apontadas como potencialmente úteis para incorporação de genes em populações já adaptadas ou para o melhoramento "per se", bastando somente escolher acertadamente o germoplasma exótico com os caracteres desejados (WELLHAUSEN, 1965; BROWN e GOODMAN, 1977; GOODMAN e PATERNIANI, 1977; HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981, entre outros).

PATERNIANI e GOODMAN (1977) relataram que, para as 250 raças descritas para o Novo Mundo, 50% são adaptadas à baixas altitudes (0 a 1.000 m), 40% são crescidas em altitudes maiores que 2.000 m, e 10% são adaptadas para altitudes intermediárias (1.000 a 2.000 m). Considerando o tipo de endosperma, salientaram que quase 40% são farináceas, quase 30% são flints, um pouco mais de 20% são dentadas, cerca de 10% são do tipo pipoca, e os 3% restantes pertencem ao grupo dos milhos doces.

Nos Estados Unidos, ZUBER (1975 e 1980) afirmou que o estreitamento da base genética é decorrente do uso de poucas linhagens para a formação dos híbridos, apesar das populações base serem de origens diferentes. A partir de 1970 é que houve um crescente interesse em aumentar a base genética dos materiais, tanto por parte dos órgãos públicos quanto pelas empresas privadas.

Em um levantamento efetuado por DUVICK (1981), foi constatado que a diversidade dos pools gênicos aumentou

TABELA 7. Distribuição das coleções existentes e das raças de milho descritas para o México, América Central, América do Sul, Europa e Estados Unidos (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981, pg. 384).

Fonte	País	Nº de coleções	Nº de raças
WELLHAUSEN <i>et alii</i> (1952)	México	2.000	32
HATHAWAY (1957)	Cuba	-	7
ROBERTS <i>et alii</i> (1957)	Colômbia	1.999	23
WELLHAUSEN <i>et alii</i> (1957)	A. Central	1.231	13
BRIEGER <i>et alii</i> (1958)	Brasil	3.000	52
PATERNIANI e GOODMAN (1977)	Brasil	3.000	52
RAMIREZ <i>et alii</i> (1960)	Bolívia	844	32
BROWN (1960)	Índias Ocident.	135	7
TIMOTHY <i>et alii</i> (1961)	Chile	39-114	19
GROBMAN <i>et alii</i> (1961)	Peru	1.600	49
GRANT <i>et alii</i> (1963)	Venezuela	685	19
TIMOTHY <i>et alii</i> (1963)	Equador	675	23
BRANDOLINI (1969)	Europa	6.000	11
BROWN e GOODMAN (1977)	Estados Unidos	-	9

77% em relação a 1970, sendo a maior parte conseguida através de cruzamentos com germoplasmas exóticos. Comentou ainda que, apesar da quase metade das entidades públicas e privadas responderem que a vulnerabilidade genética não se constituía em um problema hoje, a maioria delas tem programas de melhoramento objetivando aumentar a diversidade genética de suas populações base ou linhagens. Concluiu que houve um reconhecimento do potencial e necessidade de incorporação de germoplasmas exóticos dentro das populações já adaptadas, quer seja para prevenção de nova catástrofe ou para aumentar a produtividade da cultura.

Especificamente, no Brasil, os programas de melhoramento de milho começaram a ser intensificados a partir de 1952 com a formação do Banco de Germoplasma (BRIEGER *et alii*, 1958; PATERNIANI, 1963).

A coleta de milho realizada no Brasil e em países vizinhos, bem como a introdução de germoplasmas do México, possibilitaram um estudo e avaliação dos materiais disponíveis para a formação de novas populações. PATERNIANI *et alii* (1977) descreveram o modo de obtenção de 21 populações melhoradas e suas respectivas características, indicando claramente os germoplasmas exóticos que tomaram parte na formação destas populações, e destacando a utilização das mesmas em programas de melhoramento de instituições privadas ou oficiais, bem como sua distribuição à agricultores e produtores de sementes.

MIRANDA FILHO (1974) refere-se à utilização de populações introduzidas do México, Colômbia e Argentina para a síntese de compostos de milho com ênfase especial para o porte da planta; a avaliação de tais materiais em cruzamentos dialélicos é relatada por MIRANDA FILHO e VENCOVSKY (1984). MIRANDA FILHO e VENCOVSKY (1979) referem-se também

à introdução de germoplasmas exóticos, incluindo os de origem de clima temperado. LIMA *et alii* (1982) relataram resultados da avaliação de germoplasmas exóticos com vistas à introdução de resistência para a doença conhecida por "downy mildew" (*Peronosclerospora sorghí*). Do mesmo modo, uma ampla introdução de germoplasmas do México (CIMMYT) é relatada por MORO *et alii* (1981).

Em outras culturas, a literatura mostra também a potencialidade dos germoplasmas exóticos. PETERSON (1975) relatou que a obtenção de resistência para doenças do melão, pepino, alface e abóboras foi conseguida através da utilização de germoplasmas exóticos. Resultados promissores para produção foram também obtidos por MARANI (1967) em algodão, STEPHENS *et alii* (1967) e MALMM (1968) em sorgo, THORNE e FEHR (1970), SCHOENER e FEHR (1979) e VELLO *et alii* (1984) em soja, LAURENCE e FREY (1975) em aveia, BLISS (1981) em feijão e tomate, onde evidenciaram amplas possibilidades de obterem populações adaptadas e mais produtivas através da incorporação de germoplasmas exóticos nos materiais já adaptados, bastando tão somente, tempo e paciência para identificação e estabelecimento dos segregantes transgressivos comercialmente viáveis.

2.2.2. Metodologias e resultados obtidos

Inegavelmente, a performance geral das populações, linhagens, variedades etc., em uso atual, é bastante superior à dos germoplasmas exóticos. Se a seleção direta fosse realizada nos "pools" gênicos exóticos, muito tempo seria requerido para atingir os níveis das cultivares utilizadas no momento, não aumentando também a variabilidade das populações já adaptadas e identificadas geneticamente como potenciais para o melhoramento.

Desta maneira, o procedimento mais comum para estudos de germoplasmas exóticos tem sido cruzamentos entre exóticos x adaptados (HALLAUER, 1978), com o objetivo de detectar a heterose nas populações resultantes dos cruzamentos (semi-exóticas), de quantificar os efeitos da incorporação para os caracteres desejados através da seleção massal, e muito raramente para estimação dos componentes de variação genética das populações semi-exóticas, a fim de comparar a variabilidade genética em relação à população originalmente adaptada e melhorada.

Muito embora a importância e o potencial dos germoplasmas exóticos de milho já tenham sido reconhecidos, a quantidade de informações sobre o uso destes materiais é bastante limitada na literatura. Sobre este aspecto, HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) comentaram que os poucos resultados encontrados são, geralmente, positivos, e mesmo assim podem estar confundidos, como uma indicação do esforço que foi gasto em escolher e avaliar os germoplasmas exóticos. A creditam que, muito provavelmente, a inclusão de exóticos tem sido feita na maioria dos programas de melhoramento, mas, os resultados ou foram negativos ou não relatados.

Os primeiros resultados de cruzamentos envolvendo diferentes raças foram mostrados por PATERNIANI e LONNQUIST (1963) e WELLHAUSEN (1965), onde observaram heteroses altas e indicaram, respectivamente, as raças potencialmente úteis para programas de melhoramento no Brasil e as raças que poderiam ser incorporadas nas linhagens do Corn Belt.

Valores significativos da heterose foram também encontrados por MOLL *et alii* (1962), EBERHART (1971), SHEHATA e DRAWN (1975), HALLAUER e MALITHANO (1976) e GERISH (1983), nos cruzamentos dialélicos realizados, onde to-

maram parte diversos germoplasmas exóticos. Todas estas evidências serviram de base para os autores recomendarem a incorporação de germoplasmas exóticos nos programas de melhoramento. Um bom exemplo foi fornecido por EBERHART (1971), obtendo 5 populações derivadas dos cruzamentos de germoplasmas exóticos x adaptados, as quais se igualaram ou se excederam em produção, em relação às variedades adaptadas. Para isto, duas décadas foram necessárias para os cruzamentos, recombinações e seleções, resultando nestas populações semi-exóticas potencialmente úteis, além da adicional diversidade genética.

Programas de melhoramento populacional conduzidos com germoplasmas exóticos e semi-exóticos, comumente, têm sido eficientes, apesar das limitadas vezes que têm sido relatados. Nestes casos, a seleção massal tem provado ser eficiente para adaptabilidade e, algumas vezes, para produtividade.

WELLHAUSEN (1965) comparou os efeitos da seleção massal em um Composto formado por raças versus uma população exótica que participou para a formação do Composto. Após o terceiro ciclo de seleção, verificou uma superioridade produtiva bem mais acentuada no Composto do que na população exótica, sugerindo, então, a formação de novos Compostos para aproveitamento da larga variabilidade.

Resultados animadores, com populações semi-exóticas e obtidos através da seleção massal, foram também descritos para redução da altura da planta (VERA e CRANE, 1970; HALLAUER e SEARS, 1972), e para redução no número de dias para florescimento (HALLAUER e SEARS, 1972; TROYER e BROWN, 1972), onde comprovaram herdabilidades altas para mudanças de caracteres associados à adaptabilidade.

Tem-se verificado também, respostas das populações exóticas e semi-exóticas para aumento da produção. Segundo GENTER (1976), além do aumento da produção em 171%, para um Composto formado a partir de 25 raças e submetido a dez ciclos de seleção massal, houve também uma redução na altura da planta e espiga. Resultados similares foram encontrados por COMPTON *et alii* (1979) e HANSON e JOHNSON (1981), os quais constataram um maior potencial de seleção para produção nos exóticos e semi-exóticos do que nas populações adaptadas.

Até hoje, uma questão que tem permanecido em aberto é o percentual do germoplasma exótico que deverá ser incorporado nas populações já adaptadas, para a determinação de respostas mais eficientes.

GRIFFING e LINDSTROM (1954) trabalhando com linhagens americanas de milho que continham 100%, 50% e 25% de genes introduzidos de exóticos e com linhagens totalmente adaptadas, concluíram que os híbridos F_1 mais produtivos foram aqueles em que houve a participação de linhagens com 50% e 25% de exóticos em cruzamentos com as adaptadas. Por outro lado, WELLHAUSEN (1965) recomendou incorporar dosagens menores ou iguais a 25% dos germoplasmas exóticos dentro dos germoplasmas adaptados do Corn Belt.

Objetivando determinar qual o efeito da incorporação de diferentes proporções de germoplasma exótico dentro de materiais adaptados para melhoramento da produção, HALLAUER (1978) conduziu quatro programas de seleção recorrente, mostrando as taxas de progresso esperado e o comportamento da variabilidade genética. As proporções relativas dos germoplasmas exóticos foram 100%, 50%, 25% e 0%, para as populações BS 16, BS 2, BSTL e para a variedade de poliniza-

ção aberta Krug, respectivamente. Os resultados dos dois anos de ensaios de avaliação com progênies S_2 , mostraram que a variância genética e o progresso esperado, dentro de cada ano, foram maiores para as populações semi-exóticas que para a população adaptada. No entanto, o autor comentou que houve a falta de um aumento bem significativo da variabilidade nas populações que incluíram germoplasma exótico, o que pareceu ser não encorajador. Verificando, porém, as produções médias e o progresso esperado, constatou que a performance dos genótipos selecionados dos germoplasmas exóticos ou semi-exóticos foi superior ou comparável àquelas dos germoplasmas adaptados.

Deste modo, HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) comentaram que comparações críticas só poderão ser feitas após estudos adicionais, uma vez que os resultados preliminares disponíveis não foram suficientes para determinar diferenças marcantes quanto ao percentual do germoplasma exótico que deverá ser incorporado nas populações adaptadas.

Mais restritos ainda são os trabalhos disponíveis na literatura, para os caracteres da planta, espiga e para produção, que incluem estimativas e comparações dos componentes de variação genética entre populações exóticas ou semi-exóticas versus populações adaptadas, e que forneçam metodologias e resultados que sirvam de subsídios consistentes para futuros estudos.

GOODMAN (1965) obteve estimativas da variabilidade genética para uma população de germoplasma adaptado (Corn Belt Composite - CBC) e para uma população semi-exótica (West Indian Composite - WIC). Utilizou o Delineamento I, e as famílias de meios irmãos e irmãos germanos foram avaliadas em duas localidades, a fim de comparar as estimativas

de variabilidade genética e progresso esperado. As estimativas médias da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) para produção foram bem maiores na semi-exótica WIC 1.834,43 (g/pl²) do que na população adaptada CBC 783,24 (g/pl²). Para altura da planta e da espiga, as estimativas médias de $\hat{\sigma}_A^2$ foram, respectivamente, 350,32 (cm/pl)² e 210,97 (cm/pl)² na CBC, enquanto que para a WIC as $\hat{\sigma}_A^2$ foram 282,26 (cm/pl)² e 221,29 (cm/pl)². Os progressos médios esperados com a seleção massal foram 5,8% para a semi-exótica WIC, e 2,7% para a população adaptada CBC.

Procurando determinar o efeito da incorporação de germoplasma exótico sobre a natureza e magnitude da variação genética em uma população de polinização aberta, SHAUMAN (1971) estudou as populações Krug (K) e Krug x Tabloncillo (KT) em duas densidades populacionais (baixa: 34.400 pl/ha e alta: 51.700 pl/ha). Para peso de espigas na população K, as estimativas obtidas para a variância genética aditiva nas densidades baixa e alta foram 303,50 e 183,31 (g/pl)², sendo que para KT estas estimativas foram 326,30 e 289,8 (g/pl)². Considerando o peso de grãos, as estimativas da variância genética aditiva para K foram 216,10 e 133,00 (g/pl)², enquanto que para KT foram 300,80 e 233,40 (g/pl)², respectivamente para as densidades baixa e alta. Na população K e em ambas as densidades populacionais, as estimativas encontradas para os coeficientes de variação genética estiveram ao redor de 5,5% para peso de espigas e de grãos, sendo que para a população KT estas estimativas foram mais altas, principalmente na densidade populacional mais elevada, cujos valores obtidos foram 9,05% e 10,05%, respectivamente, para peso de espigas e de grãos. Com relação aos índices de variação θ , a população K apresentou valores semelhantes para peso de espigas e de grãos na densidade populacional baixa (0,41) e na alta (0,43). Na densidade populacional baixa, os índices θ para a população KT foram 0,55 e 0,63, res

pectivamente, para peso de espigas e peso de grãos, sendo que na densidade alta os valores obtidos para a população KT foram 0,53 e 0,55.

Para os caracteres altura da planta e altura da espiga, as estimativas da variância genética aditiva, em $(\text{cm/planta})^2$, foram bastante similares nas duas densidades populacionais para cada população, ficando, respectivamente, em torno de 229,80 e 236,70 para a população K, e ao redor de 176,40 e 171,80 para a população KT.

No que diz respeito ao progresso esperado com a seleção massal, a população KT apresentou um ganho de 5,56 gramas por planta na densidade baixa e 4,48 gramas por planta na densidade alta, ao passo que a população K mostrou um ganho de 4,64 e 2,89 gramas por planta, respectivamente, nas densidades baixa e alta.

Os únicos resultados encontrados para uma população totalmente exótica (GC), derivada do cruzamento de uma variedade do Canadá e três variedades da Colômbia, foram obtidos por SUBANDI e COMPTON (1974), que usaram o Delineamento II e avaliaram as progênies em duas densidades populacionais (baixa: 17.222 pl/ha e alta: 68.888 pl/ha). As estimativas obtidas para a variação genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) foram 2.932,14 $(\text{g/pl})^2$ e 171,03 $(\text{g/pl})^2$, respectivamente, para a densidade baixa e alta, e considerando o caráter produção. Com relação ao caráter altura da planta, as estimativas de σ_A^2 foram 428,89 $(\text{cm/pl})^2$ e 345,08 $(\text{cm/pl})^2$, enquanto que para altura da espiga as estimativas de σ_A^2 foram 345,95 $(\text{cm/pl})^2$ e 381,62 $(\text{cm/pl})^2$, respectivamente, para as densidades baixas e altas.

Um composto semi-exótico (IC-DC), formado a partir de duas populações divergentes (Indian Chief-adaptado

x Diente de Caballo-exótico), se constituiu na população base para os estudos de MOLL e SMITH (1981), que conduziram cinco ciclos de seleção recorrente com irmãos germanos e progênies S_1 . Os objetivos destes estudos foram caracterizar os componentes de variação genética para produção, antes e depois da seleção, e comparar as respostas esperadas com base nas estimativas de variância versus as respostas observadas experimentalmente. Verificaram que no composto IC-DC, a estimativa da variância genética aditiva foi 1.146,40 $(g/pl)^2$ antes da seleção, e de 728,50 $(g/pl)^2$ após a seleção. No que diz respeito às estimativas dos componentes de variância das progênies, constataram que a seleção resultou em uma redução da variância genética em aproximadamente 1/3, tanto para irmãos germanos quanto para S_1 . Constataram também que, todas as estimativas de respostas observadas por ciclo de seleção foram consideravelmente menores que as preditas através das estimativas dos componentes de variância. Apesar da diminuição da variabilidade genética, concluíram que os resultados obtidos foram encorajadores, uma vez que a produção média e o progresso esperado no composto semi-exótico IC-DC foram equivalentes aos resultados exibidos por duas populações adaptadas, que são materiais básicos para muitos programas de seleção recorrente.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material

Foram utilizadas duas raças brasileiras de milho e uma população melhorada e adaptada às condições locais, sendo que dois híbridos duplos comerciais serviram como testemunhas. A seguir, uma breve descrição dos materiais é apresentada.

- *ESALQ-PB1*

É uma população que foi obtida no Departamento de Genética da ESALQ/USP, sendo originalmente chamada de Composto Planta Baixa (MIRANDA FILHo, 1974 e 1977). Foi formada a partir da combinação das seguintes populações: Tuxpeño Crema I, Mezcla Amarilla, Eto Blanco Planta Baja, Antigua Grupo 2, Meb, Piracar e Cateto Argentina-Uruguai. Apresenta nas condições locais, porte e ciclo intermediários, boa productividade, sementes amarelas e variáveis quanto ao tipo (PATERNIANI *et alii*, 1977). Após três ciclos de recombinação, efetuou-se uma seleção massal estratificada em 1975/76, sendo selecionadas 1.000 famílias de meios irmãos (FMI), as

quais foram avaliadas no ano agrícola de 1976/77 (MIRANDA FILHO, 1977). A partir daqui, o programa foi dividido em duas secções:

- A. **Seleção recorrente com famílias de meios irmãos** - iniciou-se com a avaliação de 1.000 famílias de meios irmãos em 1976/77 com seleção de 10% entre famílias; foram completados dois ciclos de seleção (MIRANDA FILHO, 1979). Do lote de recombinação no segundo ciclo de seleção, foram selecionadas 196 espigas (famílias de meios-irmãos) e que se constituíram parte do material do presente estudo. Esta população, doravante será denominada E.
- B. **Seleção recorrente e obtenção de linhagens e sintéticos** - das 1.000 famílias avaliadas em 1976/77, foram recombinadas 2% e selecionadas 147 famílias de meios-irmãos, das quais foram selecionadas 30 no segundo ciclo de seleção. As 30 famílias de meios irmãos selecionadas foram plantadas em espiga por fileira, fazendo-se seleção e autofecundação das plantas dentro de fileiras. Destas foram selecionadas 100 famílias S_1 que foram plantadas e recombinadas, dando origem a ESALQ-PB1 (S). Deste programa também foi iniciada a obtenção de linhagens endogâmicas para a utilização em híbridos.

- *Cravo*

A amostra representativa do germoplasma da raça Cravo Rio Grandense foi fornecida pelo Centro Nacional de Pesquisas de Milho e Sorgo (CNPMS), e seus caracteres particulares são apresentadas na Tabela 8, ressaltando-se, entre elas, o grande número de fileiras por espiga. Segundo PATERNIANI e GOODMAN (1977), o tipo de milho apresentado por esta raça não tem importância comercial, uma vez que são lon

gos e estreitos. Esta raça foi cruzada com a população ESALQ-PB1 (S) resultando numa população semi-exótica, doravante denominada EC, sendo posteriormente efetuadas duas recombinações para dar origem a 196 famílias de meios irmãos. Estas famílias se constituíram no material base para o desenvolvimento do presente trabalho, contendo, desta forma, 50% de genes do material adaptado e 50% de genes da raça mencionada.

- Entrelaçado

Os germoplasmas representativos da raça Entrelaçado encontram-se distribuídos pela região Amazônica, apresentando pobre adaptação para a região Centro-Sul (PATERNIANI e GOODMAN, 1977). A amostra utilizada foi fornecida pelo CNPMS, podendo-se verificar seus caracteres principais na Tabela 8, destacando-se, entre elas, o acentuado comprimento da espiga. O cruzamento desta raça com a população ESALQ-PB1 (S) resultou numa população semi-exótica doravante denominada EE; posteriormente, duas recombinações foram realizadas, sendo, então, escolhidas 196 famílias de meios irmãos para a realização do presente estudo. Estas famílias continham, pois, 50% de genes do material adaptado e 50% de genes da raça exótica.

- Testemunhas

Dois híbridos duplos comerciais foram utilizados como testemunhas. O Agroceres 401, apresenta grãos semi-dentados e de coloração alaranjada; o Cargill 511 apresenta grãos dentados e de coloração amarela. Estes híbridos têm mostrado boas produtividades e atributos agronômicos satisfatórios nos cultivos comerciais.

TABELA 8. Médias dos principais caracteres, referentes às raças de milho Cravo e Entrelaçado, obtidas em Piracicaba - SP. Adaptada de PATERNIANI e GOODMAN (1977).

Caracteres	Unidade	Cravo	Entrelaçado
Altura de planta	cm	249,00	283,00
Altura de espiga	cm	119,00	151,60
Nº de ramificações pendão	nº	23,80	32,30
Comprimento da espiga	cm	15,50	29,20
Nº fileiras por espiga	nº	19,40	13,00
Nº grãos por fileira ⁺	nº	28,00	15,00
Diâmetro da espiga	cm	4,82	3,86
Diâmetro do sabugo	cm	3,14	2,99

⁺ Dados fornecidos pelo CNPMS - Sete Lagoas - MG

3.2. Métodos

3.2.1. Cruzamentos e obtenção das famílias de meios irmãos

A primeira fase se constituiu na obtenção das populações semi-exóticas EC e EE. Em dezembro de 1981 foram plantados dois lotes contíguos com a população ESALQ-PB1 (S) e um lote para cada uma das raças. O plantio destes lotes foi feito em diferentes épocas, a fim de haver coincidência de florescimento para possibilitar os cruzamentos. As espigas da população ESALQ-PB1 (S) foram protegidas antes da emissão dos estilo-estigmas, e no momento apropriado foram cruzadas manualmente com o pólen das raças Cravo e Entrelaçado. Em maio/82, efetuou-se a colheita individualizada para cada cruzamento e para cada raça, preparando-se em seguida

uma amostra que continha o mesmo número de grãos de aproximadamente 250 espigas.

A segunda fase foi constituída pelo plantio das sementes F_1 , em dois lotes isolados de recombinação, em uma área aproximada de 4.000 m². O plantio foi feito em agosto/82, no município de Matão-SP, sendo a colheita realizada em dezembro. Nesta ocasião, em cada um dos lotes foram tomadas ao acaso 250 plantas competitivas.

As espigas colhidas foram debulhadas individualmente no laboratório, sendo retirados 50 grãos de cada espiga, os quais foram misturados para reconstituírem duas novas amostras para o plantio da segunda recombinação.

As sementes F_2 das populações EC e EE foram plantadas em fevereiro/83 numa área do Departamento de Genética, medindo cada lote cerca de 3.000 m². Nesta terceira fase, a recombinação foi feita manualmente, coletando-se pólen de no mínimo 50 pendões, misturando-o e polinizando as espigas que estavam com os estilo-estigmas receptivos. Foram realizadas cerca de 1.500 polinizações para cada população, obtendo-se cerca de 500 famílias de meios irmãos de cada população; destas, 196 foram tomadas para a avaliação em ensaios, correspondendo, dessa maneira, às populações semi-exóticas Cravo x ESALQ-PB1 (EC) e Entrelaçado x ESALQ-PB1 (EE).

3.2.2. Execução experimental

As 196 famílias de meios irmãos das populações E, EC e EE foram avaliadas no município de Piracicaba - SP, em duas áreas experimentais (locais), Caterpillar e Água Santa, no ano agrícola de 83/84. Para isto, foram instalados quatro experimentos, para cada uma das populações, no

delineamento em lâctice triplo 7 x 7, com 3 repetições em dois locais. As testemunhas Ag-401 e C-511 foram colocadas sistematicamente no início e final de cada experimento, para cada uma das populações.

O plantio da Caterpillar foi realizado em 05.10.83, e na Água Santa em 20.10.83, em solos classificados como latossol vermelho amarelo de textura média e terra roxa estruturada, respectivamente, para o primeiro e segundo local. O espaçamento adotado foi de 1 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas dentro de fileiras, sendo a unidade experimental constituída por uma fileira de 5 m de comprimento. Foram colocadas 2 sementes por cova; 15 dias após a germinação efetuou-se o desbaste para uma planta por cova, procurando-se manter um "stand" ideal de 25 plantas por parcela. O desenvolvimento da cultura foi feito dentro dos mesmos padrões dos cultivos comerciais, e a precipitação pluviométrica foi considerada satisfatória. Os ensaios foram um pouco prejudicados, em decorrência dos fortes ventos ocorridos no período de florescimento, o que causou um acamamento acentuado na maioria das parcelas.

Foram anotados os dados de dez caracteres, para cada uma das populações no local 1 (Caterpillar), sendo que no local 2 (Água Santa) foram anotados os dados de peso de espigas e peso de grãos, conforme discriminação mostrada a seguir:

- *AP e AE - altura de planta e de espiga* - em cada parcela, foram escolhidas ao acaso cinco plantas competitivas; a altura de planta foi medida em metros, da superfície do solo até a inserção da última fôlha, enquanto que para altura de espiga, a medição foi efetuada da superfície do solo até a inserção basal da primeira espiga;

- *NRP - número de ramificações do pendão* - após a completa liberação do pólen, cinco plantas competitivas foram tomadas ao acaso dentro de cada parcela. Os pendões foram cortados na parte basal, amarrados e etiquetados. No laboratório efetuou-se a contagem do número total de ramificações, para cada um dos pendões;
- *PE - peso de espigas* - após a colheita, as espigas despalhadas foram levadas para o laboratório e pesadas numa balança eletrônica marca Toledo, com uma capacidade máxima para dez quilos e com uma sensibilidade para dez gramas;
- *DE e CE - diâmetro de espiga e comprimento de espiga* - após a tomada do peso de espigas, foram selecionadas ao acaso, cinco espigas para a realização destas mensurações. Para isto, utilizou-se de uma caixa que tinha uma régua fixada na parte central, paralela no sentido do lado maior da caixa. As cinco espigas foram colocadas juntas e em disposição alternada sobre a régua, sendo medido em centímetros o diâmetro total da parte mediana. O CE foi tomado em centímetros, colocando-se individualmente as espigas sobre a régua;
- *NFE e NGE - número de fileiras por espiga e número de grãos por fileira* - após a medição do DE e CE, nas mesmas cinco espigas foram contados individualmente o NFE e NGE. Estes dados foram tomados em apenas um experimento, para cada população, e em um local;
- *PG - peso de grãos* - as espigas de cada parcela foram despalhadas, e os grãos foram pesados na mesma balança já mencionada. Após a pesagem de cada parcela, foram retirados ao acaso, 18 amostras de grãos de cada experimento, para posterior determinação de umidade;

- *DS - diâmetro do sabugo* - após a debulha das espigas de cada parcela, foram escolhidos ao acaso, cinco sabugos, os quais foram colocados juntos para a medição do diâmetro total, em centímetros. O procedimento usado foi idêntico ao feito para DE.

A determinação do teor de umidade dos grãos foi feita em um aparelho "Steinlite", constatando-se uma boa uniformização na umidade dos tratamentos, ao redor de 16,2%, de modo que o peso de grãos neste trabalho refere-se àquele teor de umidade médio.

Em decorrência dos ensaios apresentarem variação quanto ao "stand" final, foram realizadas correções para PE e PG para o "stand" ideal de 25 plantas, utilizando-se do método de correção por covariância (STEEL e TORRIE, 1960), introduzindo-se uma modificação na metodologia. Desta forma, as análises de variância e covariância para "stand" e produção foram realizadas como blocos casualizados. Desta análise foi estimado o coeficiente de regressão linear (b), calculado com a soma de quadrados residual da análise de variância para "stand" (SQ_x) e com a soma de produtos residual da análise de covariância stand x produção (SP_{xy}), isto é, SP_{xy}/SQ_x , sendo x e y referentes, respectivamente, ao "stand" e produção. A correção foi feita ao nível de totais de parcelas, ao invés de médias dos tratamentos. Desta forma, o peso de campo corrigido (P_c) foi obtido da seguinte maneira:

$$P_c = P - \beta (x - 25), \quad \text{onde:}$$

- P : peso observado de espigas ou de grãos;
 β : coeficiente de regressão linear do peso de espigas ou de grãos, em relação às variações do "stand";
 x : stand observado.

3.2.3. Análise estatístico-genética

As análises de látice foram realizadas no computador IBM-1130 do Departamento de Matemática da ESALQ/USP, segundo o procedimento dado por COCHRAN e COX (1957). É necessário mencionar, por outro lado, que somente para os caracteres peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG) é que as análises de variância foram efetuadas considerando os dados de cada um dos locais, sendo em seguida realizada uma análise conjunta. Para os demais caracteres, as análises foram feitas com os dados de um só local (Caterpillar).

Para cada um dos caracteres, em um local, o modelo matemático utilizado foi:

$$Y_{ijk} = \mu + p_i + q_j + b_{k(j)} + e_{ijk}, \text{ onde:}$$

Y_{ijk} : média da progênie i no bloco k da repetição j ;

μ : média geral;

p_i : efeito aleatório da progênie i ; ($i = 1, 2, \dots, I$);
 $E(p_i) = 0$ e $E(p_i^2) = \sigma_p^2$;

q_j : efeito aleatório da repetição j ;

$b_{k(j)}$: efeito aleatório do bloco k , na repetição j ;

e_{ijk} : erro intrabloco, ou seja, erro experimental associado ao tratamento i , dentro do bloco k na repetição j ;
 $E(e_{ijk}) = 0$ e $E(e_{ijk}^2) = \sigma_e^2$.

Considerando os dados obtidos para PE e PG nos dois locais o modelo matemático para a análise conjunta foi:

$$Y_{ijm} = \mu + p_i + l_m + q_{j(m)} + p_{l_{im}} + e_{ijm},$$

onde:

Y_{ijm} : média da progênie i na repetição j do local m ;

- μ : média geral;
 p_i : efeito aleatório da progênie i ;
 l_m : efeito aleatório do local m ;
 $q_{j(m)}$: efeito aleatório da repetição j dentro do local m ;
 pl_{im} : efeito aleatório da interação progênies x locais;
 e_{ijm} : erro efetivo médio associado ao tratamento i , na repetição j dentro do local m .

Os esquemas das análises de variância e as esperanças matemáticas dos quadrados médios para todos os caracteres em um local, são mostrados na Tabela 9. Para a análise conjunta de variância, o esquema da análise e as esperanças matemáticas dos quadrados médios são apresentados na Tabela 10.

3.2.4. Estimativas dos componentes de variância

A obtenção e interpretação dos componentes genéticos das esperanças dos quadrados médios foram feitas de acordo com a metodologia relatada por VENCOSKY (1969). Uma vez que não foram tomados dados individuais para os caracteres peso de espigas e peso de grãos, utilizou-se da relação $\hat{\sigma}_d^2 / \hat{\sigma}_e^2 = 10$, citada por GARDNER (1961).

As estimativas das variâncias genéticas e ambientais foram obtidas ao nível de médias de parcelas. De acordo com as esperanças matemáticas dos quadrados médios, conforme constam na Tabela 9, foram obtidas as estimativas da variância genética entre famílias de meios irmãos ($\hat{\sigma}_p^2$), da variância do erro ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$) e da variância fenotípica dentro de famílias de meios irmãos ($\hat{\sigma}_d^2$), para cada uma das populações e em cada um dos locais.

TABELA 9. Quadro da análise de variância segundo o delineamento em látice com as es-
peranças dos quadrados médios ao nível de médias de parcelas E(QM).

F.V.	G.L.	Q.M.	E(QM)	F
Famílias ajustadas	81	Q ₁	$\sigma_d^2/n + \sigma_e^2 + r\sigma_p^2$	Q ₁ /Q ₂
Erro intrabloco	82	Q ₂	$\sigma_d^2/n + \sigma_e^2$	Q ₂ /Q ₃
Dentro	83	Q ₃	σ_d^2	-

σ_e^2 : $\sigma_d^2/n + \sigma_e^2$, sendo σ_e^2 a variância ambiental entre parcelas e σ_d^2 a variância fenotípica dentro de parcelas. Para os caracteres PE e PG, σ_d^2 foi considerada como igual a $10\sigma_e^2$, e $n = 25$;

σ_e^2 : variância do erro ambiental entre parcelas, do mesmo bloco;

r : o número de repetições;

n : o número de plantas por parcela (n = 5 para AP, AE, CE, NRP, NFE e NGF);

σ_p^2 : variância genética entre famílias ao nível de plantas individuais;

Q₁, Q₂, Q₃ : quadrados médios calculados a partir de médias de parcelas.

TABELA 10. Quadro da análise de variância e esperança matemática dos quadrados médios [E(QM)] obtidos na análise de variância conjunta, para os caracteres peso de espigas e peso de grãos, ao nível de médias de parcelas.

F.V.	G.L.	Q.M.	E(QM)	F
Tratamentos ajustados	g_T	Q_T	$\sigma^2/r + \sigma_{p1}^2 + l\sigma_p^2$	Q_T/Q_{TL}
Tratamentos x Locais	g_{TL}	Q_{TL}	$\sigma^2/r + \sigma_{p1}^2$	Q_{TL}/\bar{Q}_2
Erro efetivo médio	g_E	\bar{Q}_2	σ^2/r	

σ_p^2 : variância genética entre médias de famílias;

σ_{p1}^2 : variância da interação tratamentos x locais;

l : número de locais;

r : número de repetições;

g_E : soma dos graus de liberdade do erro nos dois locais;

\bar{Q}_2 : média dos quadrados médios dos erros efetivos dos dois locais;

σ^2 : $\sigma_{d/n}^2 + \sigma_e^2$.

Assim sendo, para peso de espigas e peso de grãos, o processo adotado foi o seguinte:

$\hat{\sigma}_p^2 = (Q_1 - Q_2)/r$; $\hat{\sigma}_e^2 = n(Q_2)/(n+10)$; $\hat{\sigma}_d^2 = 10\hat{\sigma}_e^2$, sendo r o número de repetições e n o número de plantas por parcela.

Para os demais caracteres exceto DE e DS que não foram tomados dados individuais, adotou-se o seguinte procedimento:

$$\hat{\sigma}_p^2 = (Q_1 - Q_2)/r; \hat{\sigma}_e^2 = (Q_2 - Q_3/n); \hat{\sigma}_d^2 = Q_3$$

onde:

$\hat{\sigma}_p^2$ = variância genética entre famílias de meios irmãos;

$\hat{\sigma}_A^2 = 4 \hat{\sigma}_p^2$: variância genética aditiva;

$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2$: variância fenotípica ao nível de plantas;

$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2/r + \hat{\sigma}_d^2/nr$: variância fenotípica entre médias de famílias de meios irmãos;

$\hat{h}^2 = \hat{\sigma}_A^2/\hat{\sigma}_F^2$: herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas;

$\hat{h}_x^2 = \hat{\sigma}_p^2/\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$: herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias de famílias.

A partir destas estimativas, foram obtidos os seguintes parâmetros:

a. Coeficiente de variação genética: $CVg\% = 100 \cdot \hat{\sigma}_p/\mu$

b. Coeficiente de variação experimental: $CVe\% = 100 \cdot \sqrt{Q_2}/\mu$

c. Índice de variação: $\hat{\theta} = CVg/CVe$

Os progressos genéticos esperados foram obti-

dos conforme as expressões dadas por VENCovsky (1978):

$$\Delta_s = k'(1/4)\hat{\sigma}_A^2/\sigma_{\bar{F}}^2 + k''(3/8)\hat{\sigma}_A^2/\sigma_d^2; \quad \Delta_{s'} = k''\hat{\sigma}_A^2/\sigma_F^2$$

Δ_s = progresso esperado com seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, com sementes remanescentes;

$\Delta_{s'}$ = progresso esperado com seleção massal em ambos os sexos;

k' = diferencial de seleção standardizado, correspondente a uma intensidade de seleção de 20% ($k' = 1,3998$);

k'' = diferencial de seleção standardizado, correspondente a uma intensidade de seleção de 10% ($k'' = 1,755$);

$\sigma_{\bar{F}}$ = desvio padrão fenotípico entre médias de famílias de meios irmãos;

σ_F = desvio padrão fenotípico entre plantas;

σ_d = desvio padrão fenotípico dentro de famílias de meios irmãos.

Considerando a análise conjunta para os caracteres peso de espigas e peso de grãos (Tabela 10), idêntico procedimento foi adotado para cada uma das populações nos dois locais, para obtenção das estimativas das variâncias genética e ambiental. Foram obtidas, desta forma, as estimativas das variâncias genéticas entre famílias de meios irmãos ($\hat{\sigma}_p^2$), variância do erro ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), variância fenotípica dentro de famílias de meios irmãos ($\hat{\sigma}_d^2$), e variância da interação tratamentos x locais ($\hat{\sigma}_{p1}^2$):

$$\hat{\sigma}_p^2 = Q_T - Q_{TL}/1; \quad \hat{\sigma}_{p1}^2 = Q_{TL} - \bar{Q}_2. \quad ;$$

$\hat{\sigma}_e^2$ e $\hat{\sigma}_d^2$ da análise conjunta foram obtidas pela média das estimativas das análises individuais.

A partir destas estimativas foram calculadas:

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_p^2 : \text{variância genética aditiva;}$$

$$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_{p1}^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2 : \text{variância fenotípica ao nível de plantas;}$$

$$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_{p1/1}^2 + \hat{\sigma}_{e/1r}^2 + \hat{\sigma}_{d/1rn}^2 : \text{variância fenotípica entre médias de famílias de meios irmãos;}$$

$$h^2 = \hat{\sigma}_A^2 / \hat{\sigma}_F^2 : \text{herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas;}$$

$$h_{\bar{x}}^2 = \hat{\sigma}_p^2 / \hat{\sigma}_{\bar{F}}^2 : \text{herdabilidade no sentido restrito ao nível de famílias.}$$

O progresso genético esperado com SEDFMI, o coeficiente de variação genética e o índice de variação θ foram calculados de acordo com as fórmulas anteriormente mencionadas, substituindo-se apenas as estimativas pelas atuais.

O progresso genético esperado com seleção massal foi obtido através da média do local 1 e 2, sendo, porém, isolado o efeito de local da variância genética aditiva de cada local. Procedendo desta maneira, a estimativa do progresso fica mais realista, uma vez que o efeito da seleção massal em mais de um local, será função da variância aditiva que se expressa no conjunto de locais.

Assim sendo, conforme sugestão de MIRANDA FILHO (1985)*, utilizou-se a seguinte expressão:

$$\Delta_s'' = 1/2 \left[k'' \cdot \hat{\sigma}_A^2 \left(\frac{1}{\sigma_{FL_1}} + \frac{1}{\sigma_{FL_2}} \right) \right], \text{ onde:}$$

Δ_s'' = progresso genético esperado com seleção massal em ambos os sexos, com a média dos L_1 e L_2 ;

(*) MIRANDA FILHO, J.B., 1985. Informação pessoal

- k'' = diferencial de seleção estandardizado, correspondente a uma intensidade de seleção de 10%, que foi utilizado em ambos os locais;
- $\hat{\sigma}_A^2$ = estimativa da variância genética aditiva livre da interação tratamento x local, obtida da análise conjunta;
- σ_{FL_1} = desvio padrão fenotípico entre plantas do Local 1;
- σ_{FL_2} = desvio padrão fenotípico entre plantas do Local 2.

4. RESULTADOS

Da mesma forma como os caracteres de produção, de planta e de espiga foram agrupados para a revisão de literatura, idêntico procedimento foi adotado para a apresentação dos resultados. Por outro lado, é necessário salientar que somente os caracteres de produção foram avaliados nos dois locais, tendo sido os demais avaliados em um local.

É necessário lembrar que, apesar dos resultados aqui apresentados serem referentes à progênie obtidas do segundo ciclo de recombinação, alguns comentários merecem ser feitos para os cruzamentos iniciais e para cada uma das recombinações.

Para a realização dos cruzamentos intervarietais, as populações representativas das raças Cravo e Entrelaçado foram plantadas em lotes adjacentes com a população ESALQ-PB1, com defasagem de plantio para contornar diferenças de época de florescimento. Nos cruzamentos, a população ESALQ-PB1 foi utilizada como fêmea, para garantia de um bom suprimento de sementes. Os cruzamentos com Cravo foram mais fáceis de serem realizados, visto que esta raça não apresen-

tou problemas limitantes de adaptação. Por outro lado, os cruzamentos com Entrelaçado foram mais difíceis de serem realizados, devido ao mal desenvolvimento das plantas, que apresentaram alta incidência de doença e elevado índice de acamamento, dificultando inclusive a coleta de pólen. Em ambos os casos, os cruzamentos foram realizados planta à planta, em número suficiente ($N \approx 250$) para garantir um bom suprimento de sementes e um elevado tamanho efetivo populacional.

Na primeira recombinação, verificou-se o desenvolvimento normal dos dois campos de recombinação, observando-se plantas bem vigorosas e com boa formação de espigas em cada uma das populações. Antes da colheita, foram tomadas, ao acaso, 250 plantas competitivas de cada população, realizando-se medições para altura da planta (AP) e da espiga (AE). Para a população Cravo x ESALQ-PB1 (EC), as médias obtidas para AP e AE foram, respectivamente, 226 e 141 cm/planta, enquanto que para a população Entrelaçado x ESALQ-PB1 (EE) foram 252 e 152 cm/planta. Estes valores, embora não comparáveis diretamente com os da Tabela 8, mostram que os híbridos EE e EC apresentam um diferencial de altura da planta e da espiga semelhante aos observados nas raças parentais (Entrelaçado e Cravo).

Após a colheita das plantas, foram tomadas ao acaso 100 espigas de cada uma das populações, obtendo-se uma média de 22 cm de comprimento da espiga para a população EE, e uma média de 18,16 para o número de fileiras por espiga para a população EC. Em relação às médias das raças Cravo e Entrelaçado (Tabela 8), estes valores foram mais baixos, para os respectivos caracteres avaliados, indicando que o cruzamento com a população base (ESALQ-PB1) fez diminuir a média dos caracteres peculiares de cada raça, quais sejam, espiga longa na raça Entrelaçado e grande número de fileiras na raça Cravo.

Ressalte-se também que nesta primeira recombinação, a população EE apresentou 100% de fileiras regulares nas espigas, indicando que a característica "entrelaçado" é determinada por gene(s) recessivo(s).

Um fato que merece ser destacado foi a grande segregação ocorrida nas sementes F_2 (plantas F_1), para a coloração de grãos da população Entrelaçado x ESALQ-PB1 (EE). A raça Entrelaçado apresenta grãos de coloração vermelha-escura (púrpura), sendo que as sementes F_2 exibiram gradações de cores de vermelha-escura (púrpura) até a branca. Nas sementes F_3 (plantas F_2), por outro lado, observou-se uma acentuada diminuição para sementes de cor escura e intermediárias, predominando aquelas de cor clara.

Na segunda recombinação, observou-se uma segregação muito forte para AP e AE em cada população, não sendo possível, no entanto, a realização de medições para estes caracteres, em decorrência das fortes chuvas e ventos ocorridos no período de florescimento. Por outro lado, estes imprevistos impossibilitaram tomada de dados para CE e NFE, devido a proximidade entre a preparação e instação dos ensaios.

4.1. Produção

4.1.1. Análise geral

Os valores médios obtidos para os caracteres peso de espigas e peso de grãos, avaliados nos locais 1 e 2 (Caterpillar e Água Santa) de Piracicaba-SP e referentes às três populações e à testemunha, encontram-se nas Tabelas 11 e 12.

A Tabela 13 evidencia os valores médios obtidos para estes caracteres nos dois locais, verificando-se pa

ra peso de espigas 126,84; 117,45 e 101,22 gramas por planta, correspondendo, respectivamente, às populações ESALQ-PB1 (E), Cravo x ESALQ-PB1 (EC) e Entrelaçado x ESALQ-PB1 (EE), e que equivalem em t/ha, a 6,34; 5,87 e 5,06. Em relação à média das testemunhas, estes valores correspondem à 91,62; 84,82% e 73,12%, respectivamente, para as populações E, EC e EE.

As Figuras de 1 a 3 fornecem uma melhor visualização da distribuição das médias do peso de espigas para as três populações, em cada um dos locais e considerando a média dos dois locais, destacando-se os segregantes transgressivos em relação à população ESALQ-PB1.

Para peso de grãos, conforme pode ser visto na Tabela 13, os valores médios encontrados nos dois locais foram 100,08; 95,07 e 80,22 gramas por planta, correspondendo, respectivamente, às populações E, EC e EE, e que equivalem a 5,00; 4,74 e 4,00 t/ha. Em relação à média da testemunha, estes valores correspondem a 88,74%; 84,30% e 71,13%, respectivamente, para as populações E, EC e EE.

A distribuição das médias do peso de grãos para as três populações, em cada um dos locais e considerando a média dos dois locais, é evidenciada nas Figuras 4 a 6, podendo-se verificar os segregantes transgressivos em relação à população ESALQ-PB1.

Os valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises agrupadas de variância para peso de espigas, em cada um dos locais e para as três populações, encontram-se nas Tabelas 17 e 18, enquanto que na Tabela 19 podem ser vistos os resultados da análise conjunta de variância. Pode-se observar, nesta tabela, que os quadrados mé-

dios para a interação tratamentos x locais foi significativa (teste F) apenas para as populações E e EE, sendo não significativa para EC.

Para todas as populações, os quadrados médios do caráter peso de espigas foram significativos para a variação entre famílias de meios irmãos, tanto em cada local quanto na análise conjunta.

Os coeficientes de variação experimental no local 1 estiveram em torno de 15%, enquanto que no local 2 foram, em média, 12%. Considerando a análise conjunta, pode-se verificar que os coeficientes de variação experimental, para peso de espigas, foram 13,95%; 15,34% e 15,06%, respectivamente para as populações E, EC e EE.

Para o caráter peso de grãos, os valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises agrupadas de variância, em cada um dos locais e para as três populações, podem ser vistos nas Tabelas 20 e 21, sendo que a Tabela 22 evidencia os resultados da análise conjunta, e mostra a significância detectada para a interação tratamentos x locais nas populações E e EE, e a não significância para a população EC. Por outro lado, pode-se averiguar a significância para a variação entre famílias em todas as populações, tanto nas análises de variância de cada local quanto na análise conjunta.

Os coeficientes de variação experimental para peso de grãos foram em média 16,5% e 12,5%, respectivamente, para o local 1 e 2. Na análise conjunta, os valores obtidos foram 14,82%; 16,10% e 16,00%, respectivamente, para as populações E, EC e EE.

4.1.2. Estimativas de parâmetros genéticos

Em cada um dos locais e para cada uma das populações, as estimativas das variâncias genéticas, para os caracteres peso de espigas e peso de grãos encontram-se nas Tabelas 23 e 24, enquanto que na Tabela 25 são apresentadas as estimativas obtidas através da análise conjunta.

As estimativas da variância genética aditiva para o caráter peso de espigas no local 1 (Caterpillar) foram 290,5784; 152,6128 e 450,5628 (gramas/planta)², e no local 2 (Água Santa) foram 264,0376; 288,1652 e 428,2640 (gramas/planta)², respectivamente, para as populações E, EC e EE.

Considerando a análise conjunta, pode-se verificar que as estimativas das variâncias genéticas aditivas para peso de espigas, em (g/planta)², foram 100,4820 para a população E, 186,1600 para EC e 283,0180 para EE. Na análise conjunta para peso de grãos, as estimativas das variâncias genéticas aditivas foram 82,5580, 117,5000 e 201,5452, respectivamente, para as populações E, EC e EE.

Para peso de espigas, no local 1, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas individuais foram 10,14%; 5,20% e 20,61%, e para peso de grãos 10,41%; 5,00% e 20,70%, respectivamente para E, EC e EE.

Para peso de espigas no local 2, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas individuais foram 14,45%; 16,28% e 29,68%, e para peso de grãos foram 12,85%; 25,98% e 32,21%, respectivamente, para as populações E, EC e EE.

As estimativas dos coeficientes de herdabili-

dade no sentido restrito ao nível de médias de progênes variaram de um local para outro de 23,70% a 65,39%, e de 22,97% a 67,37%, respectivamente, para peso de espigas e peso de grãos, tendo sido obtidos os valores mais elevados no local 2.

Considerando a análise conjunta para o caráter peso de espigas, as estimativas da herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas individuais foram 4,32%; 7,88% e 15,52%, respectivamente, para as populações E, EC e EE, sendo que para peso de grãos estas estimativas foram 5,15%; 7,51% e 15,43%.

Ao nível de médias de progênes, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade resultantes da análise conjunta foram 29,46%; 44,23% e 54,00% para peso de espigas, ao passo que para peso de grãos foram 35,69%; 42,44% e 53,14%, correspondentes, respectivamente, às populações E, EC e EE.

A Tabela 25, mostra também que os valores estimados para as variâncias da interação tratamentos x locais foram 43,6787; 19,9700 e 48,2380 para peso de espigas, e 28,8670; 15,1600 e 37,1740 para peso de grãos, referentes, em ordem de estimativas, às populações E, EC e EE.

As estimativas dos progressos genéticos esperados, através dos processos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos com sementes remanescentes (SEDFMI) e de seleção massal em ambos os sexos (SM), encontram-se nas Tabelas 26 e 27, quando foi considerado cada um dos locais e cada uma das três populações, para os caracteres peso de espigas e peso de grãos. Pode-se notar, de um modo geral, que as estimativas mais elevadas foram obtidas no local 2, para todas as populações e em qualquer um dos processos

de seleção propostos.

Considerando-se a análise conjunta para os caracteres peso de espigas e peso de grãos, a Tabela 28 mostra as estimativas dos progressos genéticos esperados por ciclo de seleção e o progresso genético em porcentagem, para cada uma das populações.

Para peso de espigas, as estimativas dos progressos esperados por ciclo de seleção com a SEDFMI foram 5,06; 9,04 e 13,40 gramas por planta, correspondentes às populações E, EC e EE, e equivalentes em porcentagem a 3,99%; 7,70% e 13,25%; utilizando-se da seleção massal, estas estimativas por ciclo de seleção foram 3,72; 6,92 e 11,88 gramas por planta, correspondendo respectivamente às populações E, EC e EE, sendo equivalentes em porcentagem a 2,93%, 5,92% e 11,74%.

Para peso de grãos, as estimativas dos progressos esperados com SEDFMI para as populações E, EC e EE foram 4,93; 7,03 e 11,25 gramas por planta, correspondendo em porcentagem aos valores 4,94%; 7,40% e 14,02%; efetuando-se a seleção massal, as estimativas dos progressos genéticos esperados por ciclo de seleção foram 3,88; 5,53 e 10,00 gramas por planta, o que equivalem em porcentagem a 3,88%; 5,82% e 12,46%, respectivamente, para as populações E, EC e EE.

As estimativas dos coeficientes de variação genética bem como dos índices de variação θ foram bem mais elevados no local 2 do que no local 1, tanto para peso de espigas quanto para peso de grãos, sendo que a população Entrelaçado x ESALQ-PB1 apresentou as mais altas estimativas em ambos os locais.

Na análise conjunta de variância, as estimativas dos coeficientes de variação genética para peso de espigas foram 3,95%; 5,83% e 8,31%, valores estes inferiores em 40%, 7% e 20% em relação à média das estimativas nos dois locais, e referentes às populações E, EC e EE. Decréscimos de 43%, 16% e 24% foram também verificados para as estimativas dos índices de variação θ , cujos valores obtidos na análise conjunta, foram 0,28; 0,38 e 0,55, correspondentes às populações E, EC e EE.

Na análise conjunta de variância para o caráter peso de grãos, as estimativas dos coeficientes de variação genética foram 4,55%, 5,70% e 8,84% para as populações E, EC e EE, valores estes, respectivamente, inferiores em 33%, 18% e 22% em relação à média das estimativas nos dois locais. Decréscimos de 36%, 34% e 26% foram também verificados para as estimativas dos índices de variação θ , cujos valores obtidos foram 0,31 para a população E, 0,35 para EC e 0,55 para EE.

4.2. Caracteres da planta

4.2.1. Análise geral

Os valores médios obtidos para altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NRP), referentes às três populações e à testemunha, encontram-se na Tabela 14, podendo-se constatar que para estes caracteres, a população Entrelaçado x ESALQ-PB1 (EE) apresentou os valores mais elevados, ficando a população ESALQ-PB1 (E) com valores intermediários, e a Cravo x ESALQ-PB1 com os valores médios mais baixos.

Os valores médios apresentados pela testemunha, 215,33 (cm/planta), 121,66 (cm/planta) e 21,47 (nº ramificações/planta), respectivamente, para AP, AE e NRP, fica

ram bem próximos aos apresentados pela população ESALQ-PB1 para AP e AE, sendo que para NRP este valor ficou mais próximo ao obtido para a população Cravo x ESALQ-PB1.

As Figuras 7, 8 e 9 mostram a distribuição das médias de altura da planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão para as três populações, podendo-se observar os segregantes transgressivos em relação à população ESALQ-PB1.

Os valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância para altura de planta, altura de espiga e número de ramificações do pendão podem ser vistos nas Tabelas 29, 30 e 31, podendo-se constatar que para todas as populações e caracteres, os quadrados médios foram significativos para a variação entre famílias de meios irmãos.

Os coeficientes de variação experimental para altura de planta foram 6,57%; 5,74% e 5,68%, enquanto que para altura de espiga foram 8,22%; 7,17% e 7,13%, respectivamente, para as populações E, EC e EE.

Para o número de ramificações do pendão, as estimativas dos coeficientes de variação experimental para as populações E, EC e EE foram, respectivamente, 13,80%, 13,47% e 11,89%.

4.2.2. Estimativas de parâmetros genéticos

Para cada uma das populações, as estimativas das variâncias genéticas para altura de planta e altura de espiga encontram-se na Tabela 37, enquanto que para número

de ramificações do pendão estas estimativas são mostradas na Tabela 38.

As estimativas das variâncias genéticas aditivas para altura da planta foram 217,7728; 163,1908 e 257,2944 (cm/planta)² sendo que para altura de espiga estas estimativas foram 119,3132; 73,2720 e 88,4240 (cm/planta)², correspondendo, respectivamente, às populações E, EC e EE.

Os valores encontrados para as estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas individuais foram 42,88%; 40,50% e 51,90% para altura de planta, e 40,21%; 31,97% e 31,42% para altura de espiga, que são pertencentes, respectivamente, às populações E, EC e EE.

Ao nível de médias de progênies, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade para as populações E, EC e EE foram 44,33%; 46,55% e 52,76% para altura da planta, e 46,37%; 44,57% e 43,25% para altura da espiga.

Considerando-se o caráter número de ramificações do pendão, as estimativas das variâncias genéticas aditivas para as populações E, EC e EE foram, respectivamente, $27,9896 \times 10^{-2}$; $22,3812 \times 10^{-2}$ e $36,5992 \times 10^{-2}$ (ramificações/planta)².

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas individuais foram 56,98%; 48,17% e 62,56%, e ao nível de médias de progênies foram 65,69%; 63,60% e 70,81%, correspondentes às populações E, EC e EE e referentes ao número de ramificações do pendão.

As Tabelas 41 e 42 mostram as estimativas dos progressos esperados por ciclo, utilizando-se da seleção en-

tre e dentro de famílias de meios irmãos com sementes remanescentes (SEDFMI) e da seleção massal em ambos os sexos (SM), para cada uma das populações e para os caracteres altura da planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão.

Pode-se verificar que as estimativas dos progressos esperados por ciclo com SEDFMI foram 12,13; 12,57 e 17,59 centímetros por planta para altura da planta, correspondentes às populações E, EC e EE e equivalentes em porcentagem a 5,57%; 6,09% e 7,61%. Utilizando-se da SM, as estimativas destes progressos foram 17,00; 14,30 e 20,34 centímetros por planta para altura da planta, os quais correspondem a um ganho em porcentagem de 7,80%, 6,93% e 8,80%, respectivamente, para as populações E, EC e EE.

Para altura da espiga, as estimativas dos progressos genéticos esperados com SEDFMI das populações E, EC e EE, foram, respectivamente, 10,70; 7,66 e 8,31 centímetros por planta, enquanto que com a SM estes progressos esperados foram 12,18 (E); 8,56 (EC) e 9,28 (EE) centímetros por planta, correspondendo, respectivamente, em porcentagem a 9,85%; 7,43% e 7,09%.

Utilizando-se do processo SEDFMI, as estimativas dos progressos genéticos esperados por ciclo para o caráter número de ramificações do pendão e para as populações E, EC e EE foram 5,95; 5,00 e 7,06 ramificações por planta, equivalentes em porcentagem a 24,79%; 21,74% e 24,96%.

Quando foi considerado o processo de seleção massal em ambos os sexos, as estimativas dos progressos esperados por ciclo para número de ramificações do pendão e para as populações E, EC e EE foram 7,02; 5,77 e 8,42 ramificações por planta, correspondentes em porcentagem a 29,26%;

25,09% e 29,77%.

As estimativas dos coeficientes de variação genética foram, em média, bastante similares para altura da planta (3,40%) e altura da espiga (3,90%) nas três populações, exceto para a população E que apresentou 4,38% para altura da espiga.

Com relação às estimativas dos índices de variação θ , todas as populações apresentaram valores ao redor de 0,53, tanto para altura da planta quanto para altura da espiga.

Valores mais ou menos similares foram também obtidos para número de ramificações do pendão nas três populações, com referência às estimativas dos coeficientes de variação genética e dos índices de variação θ , sendo, respectivamente, em média 10,66% e 0,82.

4.3. Caracteres da espiga

4.3.1. Análise geral

Os valores médios obtidos para os caracteres comprimento da espiga (CE), número de grãos por fileira (NGF), número de fileiras por espiga (NFE), diâmetro da espiga (DE) e diâmetro do sabugo (DS), referentes às três populações e à testemunha, encontram-se nas Tabelas 15 e 16. Entre as populações, pode-se averiguar que a população Cravo x ESALQ-PB1 apresentou os valores mais elevados para a maioria dos caracteres, exceto para comprimento de espiga e número de grãos por fileira, cujos valores médios mais altos foram obtidos, respectivamente, com as populações Entrelaçado x ESALQ-PB1 e ESALQ-PB1.

Comparando-se os valores médios obtidos com

as populações versus a testemunha, pode-se notar que a testemunha apresentou a média mais alta, para NGF (37,38), que qualquer uma das populações, enquanto que situação inversa ocorreu para os caracteres NFE (13,35) e praticamente, também, com DS (2,79 cm). No que diz respeito ao comprimento da espiga, o valor médio apresentado pela testemunha (16,80 cm) foi comparável ao da população E, superior ao da população EC e inferior à EE. Para diâmetro da espiga, o valor médio encontrado para a testemunha (4,12 cm/espiga) foi superior ao da população EE, e inferior ao da população EC e E.

As Figuras 10 a 14 exibem melhor a distribuição das médias para as três populações e, respectivamente, para os caracteres CE, NGF, NFE, DE e DS, podendo-se observar os segregantes transgressivos em relação à população ESALQ-PB1.

Os valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância para os caracteres da espiga são mostrados nas Tabelas 32 a 36, podendo-se verificar que para todos os caracteres e populações, houve significância para a variação entre famílias de meios irmãos.

Considerando-se cada característica "per se", as estimativas dos coeficientes de variação experimental não foram discrepantes para as três populações, situando-se ao redor de 7,60% para CE, 8,99% para NGF, 5,80% para NFE, 5,20% para DE e 4,97% para DS.

4.3.2. Estimativas de parâmetros genéticos

As estimativas das variâncias genéticas para

o comprimento da espiga e para cada uma das populações, são mostradas na Tabela 38, verificando-se os valores de $139,4436 \times 10^{-2}$; $96,2156 \times 10^{-2}$ e $191,6104 \times 10^{-2}$ (cm/espiga)² para a variância genética aditiva, respectivamente, para as populações E, EC e EE.

Os valores encontrados para as estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas individuais estiveram ao redor de 20%, sendo o valor mais elevado 28,02% para a população EE; ao nível de médias de progênies, as estimativas para E e EC estiveram ao redor de 60%, enquanto que para a população EE foi 70,81%.

A Tabela 39 mostra as estimativas das variâncias genéticas, em (nº grãos/fileira)² e em (nº fileiras/espiga)², para cada uma das populações e para os caracteres número de grãos por fileira (NGF) e número de fileiras por espiga (NFE), podendo-se perceber que para NFE, a estimativa da variância genética aditiva ($220,8668 \times 10^{-2}$), da população Cravo x ESALQ-PB1 (EC) foi quase duas vezes mais que a da população ESALQ-PB1 (E), e 1,5 vezes superior à da população Entrelaçado x ESALQ-PB1 (EE).

Para o caráter NGF, o valor mais elevado da estimativa da variância genética aditiva, foi também obtido para a população EC ($1.074,1468 \times 10^{-2}$), valor este bastante semelhante ao da população E ($1.048,8932 \times 10^{-2}$), e 1,7 vezes superior ao da população EE ($617,5068 \times 10^{-2}$).

No que diz respeito às estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas individuais, os valores obtidos para NFE foram 41,40%; 51,11% e 29,41%, respectivamente, para E, EC e EE, sendo que para NGF estes valores ficaram compreendidos na faixa de 20 a 29% para as três populações.

Ao nível de médias de progênies, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade para NFE ficaram ao redor de 65% para as populações E e EC, sendo que para a população EE o valor obtido foi 51,59%; para NGF estas estimativas estiveram ao redor de 41% para as três populações, com uma baixa dispersão em torno deste valor.

Para o caráter diâmetro de espiga (DE) e diâmetro de sabugo (DS), a Tabela 40 evidencia as estimativas das variâncias genéticas obtidas para cada uma das populações, constatando-se que as variâncias genéticas aditivas mais elevadas foram obtidas com a população EE, sendo, respectivamente, $8,1400 \times 10^{-2}$ (cm/espiga)² e $49,9628 \times 10^{-3}$ (cm/sabugo)², enquanto que as populações E e EC mostraram, respectivamente, as estimativas mais baixas e intermediárias.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias para o caráter DE foram muito semelhantes para as populações E (54,55%) e EE (54,21%), sendo que a população EC apresentou o valor mais baixo (42,27%); para DS, estas estimativas foram 44,88%; 55,37% e 66,90%, correspondentes às populações E, EC e EE.

Nas Tabelas 41 e 42 encontram-se as estimativas dos progressos genéticos esperados por ciclo, utilizando-se da seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos com sementes remanescentes (SEDFMI) e da seleção massal em ambos os sexos (SM), para cada uma das populações e para os caracteres CE, NGF e NFE, sendo que para DE e DS os progressos estimados foram baseados apenas na seleção entre famílias de meios irmãos.

Através destas tabelas, pode ser verificado que para CE e para as populações E, EC e EE, os progressos esperados com SEDFMI foram, respectivamente, 0,96; 0,73 e 1,17 centímetros por espiga, os quais correspondem a um ganho em porcentagem

a 5,59%, 4,51% e 8,13%; com o uso da SM, as estimativas dos progressos foram 1,03; 0,78 e 1,30 centímetros por espiga, respectivamente para E, EC e EE, e correspondentes a um ganho em porcentagem a 5,99%, 4,82% e 9,03%.

Considerando o caráter NGF, os progressos esperados por ciclo com SEDFMI foram 2,72; 2,84 e 1,87 grãos por fileira, correspondentes às populações E, EC e EE, e equivalentes em porcentagem a 7,74%; 8,32% e 5,65%; com o uso da SM, as estimativas destes progressos ficaram ao redor de 3,00 grãos por fileira para as populações E e EC, tendo a população EE apresentado um ganho mais baixo.

Para NFE, as estimativas dos progressos com SEDFMI foram 0,56; 0,86 e 0,52 fileiras por espiga, correspondentes às populações E, EC e EE, e equivalentes em porcentagem a um ganho de 4,00%; 5,20% e 3,51%; utilizando-se a SM, estas estimativas ultrapassaram em mais que duas vezes os valores obtidos com SEDFMI.

Utilizando-se a seleção entre famílias de meios irmãos, as estimativas dos progressos genéticos para DE foram bastante similares para as três populações, estando em torno de 0,12 centímetros por espiga; para DS as estimativas foram 0,21; 0,33 e 0,40 centímetros por sabugo, respectivamente, para as populações E, EC e EE, e equivalentes a um ganho em porcentagem de 7,18%; 11,30% e 14,64%.

Com relação às estimativas dos coeficientes de variação genética e dos índices de variação θ , a população EE apresentou os valores mais altos (4,03% e 0,52) para CE, ao passo que as populações E e EC apresentaram valores mais ou menos semelhantes.

Por outro lado, a população EC mostrou as es-

timativas mais elevadas para os coeficientes de variação genética e para os índices de variação θ , tanto para NGF (4,75% e 0,53) quanto para NFE (5,02% e 0,77), tendo as populações E e EE apresentado estimativas mais ou menos semelhantes, para cada um dos caracteres.

A população EE apresentou as maiores estimativas dos coeficientes de variação genética para DE (3,56%) e DS (4,04%), seguindo-se, em ordem decrescente, as populações EC e E. Para os índices de variação θ , as populações E e EE mostraram estimativas semelhantes (0,63 e 0,62) para DE, sendo que a população EC apresentou um valor mais baixo (0,49). Para DS, as estimativas dos índices de variação θ foram 0,52; 0,64 e 0,82, respectivamente, para as populações E, EC e EE.

5. DISCUSSÃO

5.1. Produção

Tem sido verificado, de um modo geral, que a maioria dos trabalhos encontrados na literatura engloba o termo produção para se referir aos caracteres peso de espigas ou peso de grãos. No entanto, no momento da discussão dos resultados, as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos são comparados indistintamente, desrespeitando-se a individualidade de cada caráter.

Em se tratando de comparações entre diferentes populações, com possíveis discrepâncias na relação peso de espigas: peso de grãos, julgou-se, então, necessário discutir cada um dos caracteres separadamente, a fim de mostrar as diferenças de estimativas existentes entre eles, bem como para mostrar a conveniência de tal procedimento aos futuros trabalhos que envolvam comparações desta natureza.

Torna-se necessário salientar que, em decorrência do número de graus de liberdade (G.L.) do resíduo ser relativamente elevado, foi desconsiderada a perda de 1 G.L. pelo ajuste da covariância, quando foi realizada a análise agrupada para peso da espiga e peso do grão.

Convém também lembrar que, as médias obtidas para as diferentes populações e para todos os caracteres não sofreram ajuste para os efeitos ambientais entre experimentos, de forma que as diferenças entre médias apresentadas (Tabelas 11 a 16) contêm estes efeitos. Por outro lado, o comportamento das testemunhas nos diferentes experimentos foi bastante consistente, mostrando ser pequenas as diferenças ambientais entre estas.

5.1.1. Avaliação geral para peso de espigas

As médias do peso de espigas obtidas, nos dois locais, para as populações ESALQ-PB1 (E), Cravo x ESALQ-PB1 (EE) e Entrelaçado x ESALQ-PB1 (EE) foram, respectivamente 6,34; 5,87 e 5,06 t/ha, as quais correspondem a 91,62%; 84,82% e 73,12% em relação à média das testemunhas (Agrocerees 401 e Cargill 511). Tendo em vista que as testemunhas usadas foram híbridos comerciais, pode-se verificar a boa performance produtiva apresentada pelas populações E e EC, enquanto que a população EE mostrou-se inferior.

Com relação à incorporação de genes dos germoplasmas exóticos Cravo e Entrelaçado na população adaptada ESALQ-PB1, verificou-se que, na média dos locais, houve uma influência negativa nas médias das populações semi-exóticas de 7,41% para EC e 20,19% para EE.

Sabendo-se que os efeitos imediatos de cruzamentos de germoplasmas exóticos x adaptados têm sido desapontadores (GALLINAT, 1977), estes decréscimos já eram esperados, pois, além da falta de adaptação das populações semi-exóticas, somente duas recombinações foram realizadas, não ocorrendo a quebra de todos os blocos de ligação (HANSON, 1959; WELLHAUSEN, 1965; HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981).

Apesar deste decréscimo, a distribuição das médias (Figura 3) mostra a potencialidade genética das duas

populações semi-exóticas, destacando-se, principalmente, a Cravo x ESALQ-PB1. Estes resultados estão de acordo com os apresentados por GOODMAN (1965) e SHAUMAN (1971), onde também constataram que as médias das populações semi-exóticas foram afetadas negativamente pela incorporação de germoplasmas exóticos.

Os coeficientes de variação experimental obtidos da análise conjunta indicaram uma precisão experimental satisfatória, tendo em vista que nenhuma das três populações mostrou valor superior a 15,5%. Além do mais, estes valores se encontram abaixo da média de trinta trabalhos reportados por RAMALHO (1977), e podem ser considerados dentro dos limites de boa precisão, para este tipo de experimentação.

As significâncias dos quadrados médios (teste F) detectadas através das análises de variância, tanto em cada local quanto na análise conjunta, mostraram a existência de variação entre famílias de meios irmãos para peso de espigas nas três populações. Isto fornece uma idéia do sucesso que poderá ser obtido com a continuidade dos programas de melhoramento, haja visto o potencial genético diferencial existente entre as famílias avaliadas.

Quando foi realizada a análise conjunta, a população EC não exibiu significância para a interação tratamento x locais, mostrando não haver comportamento diferencial das famílias nos dois ambientes. Por outro lado a população EE mostrou significância para a interação, podendo-se atribuir tal fato, principalmente, a uma diferença marcante do ambiente onde a raça Entrelaçado foi coletada, e conseqüentemente uma falta de adaptação dos genótipos semi-exóticos às condições dos ambientes onde foram avaliados.

5.1.2. Estimativas de parâmetros genéticos para peso de espigas

As magnitudes das estimativas das variâncias genéticas aditivas, em (g/planta)², para as populações semi-exóticas EC e EE foram maiores que as da população adaptada nos dois locais (L_1 : 290,5784; L_2 : 264,0376), exceto para a população EC no local 1. Pode-se verificar que esta superioridade da população EE foi de aproximadamente 1,6 vezes em ambos os locais, enquanto que para a população EC foi de 1,1 vezes no local 2, sendo, no entanto, inferior em 1,9 vezes no local 1. Os trabalhos encontrados na literatura, para estimativas de parâmetros genéticos em populações semi-exóticas, além de raros, apresentam, entre outros, o inconveniente de diferenças acentuadas entre as densidades populacionais, de ambientes e método de seleção utilizados, dificultando uma comparação mais precisa com os resultados obtidos. Mesmo assim, pode-se averiguar que os resultados obtidos no presente estudo mostraram-se coerentes com os apresentados por GOODMAN (1965) em dois locais, e com os relatados por SHAUMAN (1971), em duas densidades populacionais. A concordância marcante nestas comparações, é o fato de que as populações semi-exóticas apresentaram, de um modo geral, estimativas das variâncias genéticas aditivas mais altas que as populações adaptadas.

Por outro lado, para se ter uma idéia dos benefícios resultantes da incorporação de genes exóticos na população adaptada, procurou-se comparar as estimativas das variâncias genéticas aditivas das populações semi-exóticas EC e EE com estimativas obtidas em populações que foram avaliadas em um só local e na mesma densidade populacional do presente estudo. Assim sendo, pode-se averiguar que, em cada

um dos locais, as estimativas das variâncias genéticas aditivas da população semi-exótica EE foram maiores que as relatadas para diferentes populações (PATERNIANI, 1967 e 1968; ZINSKY, 1969; TORRES SEGOVIA, 1976; GERALDI, 1977; LIMA, 1977; SOUZA JUNIOR, 1983; AGUILAR MORÁN, 1984, entre outros); para a população EC, as estimativas das variâncias genéticas aditivas foram, na maioria das vezes e em relação às apresentadas pelos autores acima citados, superiores no local 2 e mais ou menos semelhantes no local 1.

Levando-se em conta a análise conjunta, pode-se notar que as estimativas das variâncias genéticas aditivas, em $(g/planta)^2$, das populações EC (186,1600) e EE (223,0180) foram superiores, respectivamente, em 1,85 e 2,82 vezes em relação à estimativa da população adaptada E (100,4820), confirmando-se o aumento da variabilidade genética decorrente da incorporação de genes dos germoplasmas exóticos na população adaptada.

Comparando-se as estimativas das variâncias genéticas aditivas obtidas para cada população e em cada um dos locais com as estimativas da análise conjunta, pode-se observar que as estimativas resultantes da análise conjunta foram inferiores em mais de 50% que as estimativas apresentadas para cada um dos locais. Tal fato já era esperado, uma vez que em experimentos conduzidos em apenas um local, o componente resultante da interação genótipo por ambiente não poder ser isolado (GARDNER, 1963). Resultados desta natureza também foram evidenciados para a população semi-exótica Krug x Tabloncillo (KT) e para a população testemunha (SHAUMAN, 1971), onde foram verificados decréscimos nas estimativas das variâncias genéticas aditivas nas análises combinadas, prevalecendo, porém, a maior potencialidade

genética da população semi-exótica.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas foram maiores no local 2, obtendo-se os valores mais elevados, em ambos os locais, para a população EE.

Quando foi considerada a análise conjunta, estas estimativas foram 4,28% para a população E, 7,88% para EC e 15,52% para EE. Pode-se, então, averiguar que as populações semi-exóticas exibiram valores 1,84 e 3,62 vezes mais elevados que a população adaptada, indicando a potencialidade genética da introgressão destas raças para o melhoramento do peso de espigas.

Ao nível de médias de progênes, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade também foram maiores no local 2, sendo os mais altos valores para a população EE. Na análise conjunta, as populações EC (44,23%) e EE (54,00%) mostraram-se, respectivamente, 1,67 e 2,05 vezes superiores à população E (26,37%) para as estimativas dos coeficientes de herdabilidade, demonstrando mais uma vez a potencialidade das raças exóticas.

Infelizmente não se dispõem de dados na literatura que sejam comparáveis diretamente com as estimativas dos coeficientes de herdabilidade obtidos para as populações semi-exóticas, mas, pode-se verificar que as estimativas obtidas se enquadram dentro da classificação proposta por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981), para coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de parcelas.

Efetuando-se, entretanto, comparações com populações já adaptadas e avaliadas no Departamento de Genética, percebe-se que para as populações semi-exóticas, principalmente EE, as esti

mativas dos coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas foram superiores à média das estimativas citadas por RAMALHO (1977), MIRANDA FILHO (1977 e 1979), CRISÓSTOMO (1978), SAWAZAKI (1979), SOUZA JUNIOR (1983) e AGUILAR MORÁN (1984), entre outros.

Considerando que, de um modo geral, as variações ambientais foram predominantes na variação fenotípica total do peso de espigas, pode-se notar a existência da magnitude elevada da variância genética aditiva que poderá ser explorada com as populações semi-exóticas, uma vez que os coeficientes de herdabilidade obtidos foram relativamente altos, em relação aos encontrados na literatura.

Em cada um dos locais, as estimativas dos progressos genéticos esperados para as populações semi-exóticas EC e EE foram mais elevadas que as estimativas obtidas para a população adaptada E, quer seja através do processo de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos com sementes remanescentes (SEDFMI) ou através da seleção massal em ambos os sexos (SM). A única exceção observada foi para a população EC no local 1, em qualquer um dos esquemas utilizados.

Estes resultados foram concordantes com os encontrados por GOODMAN (1965) e SHAUMAN (1971), que também encontraram progressos genéticos mais altos, com seleção massal, para as populações semi-exóticas avaliadas, respectivamente, em duas localidades e em duas diferentes densidades populacionais.

É interessante destacar que, pensando-se em fazer seleção em mais de um ambiente, as estimativas obtidas

para cada local estão superestimadas, uma vez que ocorre a interação da variância genética aditiva com local. Deste modo, o progresso estimado em mais de um local será bem mais baixo que a estimativa do progresso esperado para cada local. No presente estudo, tomou-se como exemplo ilustrativo a população adaptada E no local 1 com o método SEDFMI, onde o progresso genético esperado para o próximo ciclo será de 11,16 g/planta. Supondo-se, no entanto, que a seleção fôsse em dois locais, o progresso genético esperado seria 3,3 g/planta, ou seja, 70% mais baixo que o progresso estimado para o local 1.

Apesar de não existirem dados que possam ser comparáveis com as populações semi-exóticas, os resultados obtidos no Departamento de Genética com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos forneceram uma boa indicação do potencial genético das populações resultantes dos cruzamentos com as raças exóticas Cravo e Entrelaçado. Assim sendo, verificou-se que as estimativas dos progressos genéticos esperados com SEDFMI e SM nas populações semi-exóticas, principalmente EE, foram superiores às estimativas obtidas em um local, conforme relataram PATERNIANI (1968), ZINSLY (1969), MOTA (1974), CUNHA (1976), GERALDI (1977), MIRANDA FILHO (1977 e 1979), SOUZA JUNIOR (1983) e AGUILAR MORÁN (1984), entre outros.

Levando em consideração a análise conjunta, os progressos esperados por ciclo para as populações E, EC e EE com o uso de SEDFMI foram, respectivamente, 3,00%; 7,70% e 13,25%, verificando-se que as estimativas das populações semi-exóticas foram 1,93 e 3,32 vezes mais altas que a estimativa da população adaptada. Por outro lado, com a SM estas estimativas foram 2,00 (EC) e 4,00 (EE) vezes superiores

5.1.3. Avaliação geral para peso de grãos

As médias obtidas para peso de grãos, nos dois locais, foram aproximadamente, 5,00 t/ha para a população E, 4,74 t/ha para a população EC e 4,00 t/ha para a população EE, correspondentes, respectivamente, a 88,74%; 84,30% e 71,13% à média das testemunhas. Em relação ao peso de espigas, pode-se observar que o peso de grãos mostrou uma redução de aproximadamente 20%, para cada uma das populações.

Comparando-se as médias obtidas das populações semi-exóticas EC e EE versus a média da população adaptada E, percebe-se o potencial genético destas populações, principalmente da EC, uma vez que estão em fase inicial de melhoramento.

Por outro lado, a incorporação de genes dos germoplasmas exóticos Cravo e Entrelaçado na população adaptada ESALQ-PB1 teve uma influência negativa na média das populações semi-exóticas resultantes do cruzamento, sendo estes decréscimos de 5,0% para EC e 20% para EE, o que é concordante com os resultados obtidos em populações semi-exóticas trabalhadas por SHAUMAN (1971), HALLAUER (1978) e, até o segundo ciclo de seleção com MOLL e SMITH (1981).

Observando-se a distribuição das médias destas populações semi-exóticas nos dois locais (Figura 6), pode ser notado que a população EC teve um comportamento mais ou menos semelhante ao da população adaptada, enquanto que a curva de distribuição das médias da população EE foi bem inferior à das outras populações. Se, entretanto, for levado em consideração que as populações semi-exóticas possuem

maior variabilidade genética, espera-se que as médias destas populações excedam ou se equivalham à média da população adaptada, após dois ciclos de seleção.

Considerando a falta de adaptação das populações semi-exóticas e o fato de que somente foram efetuadas duas recombinações, estes resultados não são desencorajadores, uma vez que segregantes transgressivos potencialmente desejáveis deverão ocorrer após a quarta ou quinta recombinação (HANSON, 1959), aumentando, conseqüentemente, a média das populações semi-exóticas (LONNQUIST, 1974; SHEATA e DRAWN, 1975; HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981). Por outro lado, LONNQUIST (1978), lembrou que é necessário tempo e paciência quando se trabalha com germoplasma exótico. Isto pode ser constatado nos resultados conseguidos por EBERHART (1971) e GENTER (1976), onde verificaram aumentos nas produções de populações semi-exóticas, após dez a vinte ciclos de seleção.

A precisão experimental dos ensaios foi considerada dentro dos limites esperados, tendo em vista que os coeficientes de variação experimental estiveram, em média, ao redor de 16% para as três populações, valores estes inferiores aos encontrados por SHAUMAN (1971) para uma população semi-exótica na densidade populacional equivalente à utilizada no presente estudo.

Os valores e significâncias dos quadrados médios (teste F) encontrados, tanto na análise de cada local quanto na análise conjunta, indicaram a presença de variação entre famílias de meios irmãos para peso de grãos nas três populações.

Quanto à interação tratamentos x locais, observou-se o mesmo padrão de resposta que foi obtido para peso de espigas; desta forma, foi verificado a não significância da interação para a população EC, enquanto que as populações E e EE mostraram significância a 1%, indicando um comportamento diferencial dos genótipos avaliados nos dois ambientes.

5.1.4. Estimativas de parâmetros genéticos para peso de grãos

Considerando as estimativas das variâncias genéticas aditivas, em $(g/planta)^2$, obtidas em cada um dos locais, percebe-se que as populações semi-exóticas EC e EE mostraram, de um modo geral, maior variabilidade genética que a população adaptada E (L_1 : 208,6664 e L_2 : 159,3520), exceto a população EC no local 1. A superioridade da população EE foi de aproximadamente 1,60 e 2,10 vezes, respectivamente, para o local 1 e 2, enquanto que para a população EC foi 1,60 vezes no local 2, sendo, porém, inferior 1,90 vezes no local 1. Pode-se, então, notar que a introgressão foi benéfica para aumento da diversidade genética, haja visto que as populações semi-exóticas mostraram estimativas das variâncias genéticas aditivas superiores em relação à população adaptada.

SHAUMAN (1971) também encontrou resultados semelhantes aos obtidos no presente estudo, uma vez que a população semi-exótica KT exibiu em um local, estimativas da variância genética aditiva mais altas, tanto na densidade populacional baixa quanto na alta. Se, grosseiramente, forem efetuadas comparações entre as estimativas das variâncias genéticas aditivas encontradas no presente estudo com a estimativa da densidade

populacional alta (SHAUMAN, 1971), pode-se verificar que, de um modo geral, as estimativas das populações semi-exóticas EC e EE foram maiores, destacando-se, principalmente, a população EE.

Efetuada-se a análise conjunta, confirmou-se mais uma vez a superioridade das populações semi-exóticas, tendo em vista que as estimativas das variâncias genéticas aditivas foram 82,5580; 117,5000 e 201,5452, respectivamente, para as populações E, EC e EE. O decréscimo destas estimativas, em relação às obtidas para cada um dos locais, já era esperado (GARDNER, 1963), sendo também mostrado por SHAUMAN (1971) com os resultados da análise combinada.

Resultados experimentais sobre a potencialidade de populações semi-exóticas foram mostrados por SUBANDI e COMPTON (1974), MOLL e SMITH (1981), onde evidenciaram a presença da maior variabilidade genética como sendo aditiva e as amplas possibilidades de sucesso com a seleção. MOLL e SMITH (1981), por exemplo, obtiveram, após cinco ciclos de seleção, uma estimativa de 728,50 (g/planta)² para a variância genética aditiva da população semi-exótica Indian Chief x Diente de Caballo, que sendo comparada com a estimativa (222,20) da população adaptada Indian Chief (MOLL e ROBINSON, 1966), vem demonstrar a considerável superioridade da população semi-exótica.

Apesar de as diferenças entre as densidades populacionais da literatura americana e a utilizada no presente estudo, comparou-se as estimativas das variâncias genéticas aditivas das populações EC e EE com estimativas resultantes de análises combinadas e para populações adaptadas (MOLL *et alii*, 1960; EBERHART *et alii*, 1966; EL-ROUBY *et alii*,

1973; GALAL *et alii*, 1974; OBILANA e HALLAUER, 1974, entre outros). Observou-se que as estimativas das variâncias genéticas aditivas das populações EC e EE foram superiores ou equivalentes às apresentadas pelos autores acima citados. Estas comparações, apesar de empíricas, ressaltam os efeitos positivos resultantes da incorporação de genes dos germoplasmas exóticos na população adaptada.

Utilizando-se da seleção massal, foram observados resultados mais promissores, para aumento da produção, em populações semi-exóticas do que em populações adaptadas (WELLHAUSEN, 1965; GENTER, 1976; COMPTON *et alii*, 1979; HANSON e JOHNSON, 1981), aliando-se o fato do melhoramento obtido para outros atributos agronômicos. GENTER (1976), por exemplo, relatou um ganho de 171% para peso de grãos em um composto formado a partir do cruzamento de vinte e cinco raças, verificando ainda que houve uma redução para a altura da planta e da espiga.

Torna-se, então, evidente que a incorporação de genes exóticos tem sido benéfica para aumento da variabilidade genética nas populações resultantes de cruzamentos. Para esta incorporação, o procedimento mais usual (HALLAUER, 1978) é a realização de cruzamento entre as populações exótica e adaptada, optando-se, posteriormente, pelo esquema de seleção e número de recombinações, dependendo do objetivo do trabalho. Um ponto que tem sido questionado, é o percentual de genes exóticos que deve ser incorporados. Recomendações têm sido feitas para a introgressão de 25% ou 50% (GRIFFING e LINDSTROM, 1954; WELLHAUSEN, 1965). No entanto, HALLAUER (1978) verificou que estas proporções relativas de 25% e 50% não foram consistentes nos dois anos em que fez ensaios de avaliação, não se podendo chegar à uma conclusão.

Assim sendo, comparações críticas só poderão ser feitas após estudos adicionais (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981).

Em cada um dos locais, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas e ao nível de médias de progênes foram maiores para as populações semi-exóticas, exceção feita para a população semi-exótica EC no local 1.

Levando em consideração a análise conjunta, as estimativas obtidas para os coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas individuais foram, respectivamente 1,48 (EC) e 3,04 (EE) vezes maiores que a estimativa da população adaptada (5,08). Esta superioridade foi também observada ao nível de médias de progênes, uma vez que as populações EC e EE foram, respectivamente, maiores em 1,40 e 1,76 vezes em relação à estimativa da população adaptada (30,13%).

Tendo em vista que HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) apresentaram as médias de diversas estimativas para os coeficientes de herdabilidade ao nível de parcelas, comparações com as estimativas obtidas no presente estudo não tem, praticamente, validade. Mesmo assim, para se ter uma idéia geral da potencialidade genética das populações semi-exóticas, verificou-se, de um modo geral, que as estimativas dos coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas em cada local, foram superiores às estimativas apresentadas para compostos, variedades de polinização aberta e variedades resultantes de cruzamentos.

Segundo o levantamento efetuado por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981 p. 118), as estimativas dos coeficientes de herdabilidade para peso de grãos foram menores que 30%, havendo, assim, uma concordância com os resultados aqui

obtidos.

Com relação aos progressos genéticos esperados, tanto com SEDFMI quanto com SM, foi observado que em cada um dos locais as populações semi-exóticas EC e EE mostraram valores mais altos que a população adaptada, exceto para a população EC no local 1. Resultados similares foram verificados por SHAUMAN (1971), que utilizou duas densidades populacionais em um ano, e por HALLAUER (1978) em dois diferentes anos, que usou populações semi-exóticas com diferentes percentuais de genes incorporados.

Desta forma, as estimativas dos progressos genéticos esperados para as populações semi-exóticas mostraram, de um modo geral, uma maior potencialidade que a população adaptada, dentro de cada local. Deve-se lembrar, entretanto, que se for praticada seleção em mais de um local, as estimativas destes progressos estão superestimadas devido à interação da variância genética aditiva x local. Tomando-se, por exemplo, a variância genética aditiva do local 1 para a população EE (324,2884), verifica-se que há uma redução de 38% na variância genética aditiva obtida da análise conjunta, uma vez que é isolado o efeito de local. Assim sendo, o progresso genético esperado para a população EE no local 1 (15,27 g/planta), será 8,96 g/planta quando os resultados forem extrapolados para mais de um ambiente.

Quando foi realizada a análise conjunta, observou-se que as estimativas dos progressos esperados por ciclo com SEDFMI foram 4,93; 7,03 e 11,25 gramas por planta, respectivamente, para as populações E, EC e EE, verificando-se que as populações semi-exóticas foram 1,42 (EC) e 2,28 (EE) vezes mais elevadas que a estimativa da população adap-

tada. Utilizando-se da SM, estas estimativas foram 1,42 (EC) e 2,57 (EE) vezes mais altas que a estimativa do progresso genético esperado com a população adaptada (3,88 g/planta), resultados estes que estão de acordo com o maior ganho por ciclo encontrado para populações semi-exóticas do que para populações testemunhas, conforme mencionaram SHAUMAN (1971) e HALLAUER (1978).

É necessário lembrar que as estimativas dos progressos genéticos esperados com SM mencionadas na Tabela 28, foram obtidas através da média dos dois locais, considerando que a variância genética aditiva estava livre do efeito de local e que foi praticada a mesma intensidade de seleção em ambos os locais. Isto se deve ao fato de que efetuando-se seleção massal de plantas em um local, não se tem certeza de que as mesmas plantas serão selecionadas no outro local. Daí, há a necessidade de se isolar o efeito de local na variância genética aditiva da análise conjunta, a fim de tornar mais realística a estimativa do progresso com seleção massal para mais de um ambiente.

Em qualquer um dos esquemas de melhoramento utilizados, verificou-se a potencialidade das populações semi-exóticas quanto às estimativas dos progressos genéticos esperados, em relação à população adaptada. Convém lembrar, no entanto, que as médias das populações EC e EE foram 5,00% e 20% inferiores à média da população adaptada (Tabela 13), mas, superiores em 42,32% (EC) e 144,12% (EE) nas estimativas das variâncias genéticas aditivas (Tabela 25). Supondo-se, então, que as estimativas das variâncias genéticas aditivas das três populações permaneçam constantes, ou, mesmo que ocorram reduções de 25% a 30% nas estimativas das populações semi-exóticas, tal como relatou MOLL e SMITH (1981), pode-se verificar que com três ciclos de SEDFMI, as médias das

populações semi-exóticas serão equivalentes ou maiores que a média da população adaptada, além das variâncias genéticas aditivas das populações semi-exóticas permanecerem mais altas.

As estimativas dos coeficientes de variação genética para as populações EC e EE foram, respectivamente, 1,25 e 1,94 vezes maiores que a da população adaptada, enquanto que para os índices de variação θ esta superioridade foi de 1,12 (EC) e 1,77 (EE) vezes, estando de acordo com os resultados averiguados por SHAUMAN (1971) para a população semi-exótica KT.

Fazendo-se uma retrospectiva geral para os parâmetros genéticos obtidos para peso de grãos, tanto as evidências diretas quanto indiretas foram indicativas da predominância da variabilidade genética das populações semi-exóticas EC e EE em relação à população adaptada, mostrando o potencial genético das raças Cravo e Entrelaçado para a incorporação de genes.

5.2. Caracteres da planta

5.2.1. Avaliação geral para altura da planta e da espiga

As médias obtidas para a população semi-exótica EC foram inferiores à média das testemunhas e à média da população adaptada, tanto para altura da planta (AP) quanto para altura da espiga (AE); no entanto, para a população semi-exótica EE ocorreu o inverso, o que foi coerente com os resultados relatados por GOODMAN (1965) e SHAUMAN (1971) pa-

ra populações derivadas de cruzamentos com germoplasmas exóticos.

Apesar de a população EE ter mostrado médias mais altas de AP e AE (em torno de 6%) que a população adaptada, pode-se constatar que estes valores foram, em média, 15,8% mais baixos que a média apresentada pela raça exótica Entrelaçado (Tabela 8), conforme mencionaram PATERNIANI e GOODMAN (1977).

Para a população adaptada, as médias de AP e AE foram inferiores às médias apresentadas por MIRANDA FILHO (1978), GHINI e MIRANDA FILHO (1979), fato este que pode ser devido a diversos fatores, mas, sem dúvida, o mais importante é o efeito direto do ambiente na expressão daqueles caracteres. De qualquer forma, pode-se inferir o benefício resultante da incorporação de genes do germoplasma exótico Cravo na população adaptada, uma vez que a população semi-exótica EC apresentou médias mais baixas de AP e AE, tanto em relação à população adaptada quanto em relação à raça original Cravo (Tabela 8).

Resultados desta natureza também foram verificados por VERA e CRANE (1970), HALLAUER e SEARS (1972) TROYER e BROWN (1972) e GENTER (1976), onde constataram a maior potencialidade das populações semi-exóticas para exibirem portes mais baixos de AP e AE que as populações adaptadas.

Observando-se, por outro lado, a distribuição das médias de AP e AE das três populações (Figuras 7 e 8), constata-se que as populações semi-exóticas EC e EE apresentaram uma maior amplitude de variação que a população adaptada.

da, destacando-se os segregantes transgressivos que poderão ser selecionados e a maior concentração de famílias com AP e AE mais reduzidas que a população adaptada. Estes resultados são animadores, uma vez que mostram a potencialidade genética de selecionar plantas com altura e inserção de espigas mais baixas, fazendo uso de poligenes (MIRANDA FILHO, 1974).

A precisão experimental dos ensaios pode ser considerada como boa, tendo em vista que os coeficientes de variação experimental para AP das populações EC e EE ficaram abaixo da média (5,98%) de dezesseis estimativas obtidas no Departamento de Genética (Tabela 3), sendo que a população E apresentou um valor mais elevado (6,57%). Para AE, os coeficientes de variação experimental obtidos para as três populações foram inferiores à média (8,43%) destas dezesseis estimativas, mostrando, assim, a boa precisão dos experimentos.

As significâncias dos quadrados médios (teste F) detectadas, tanto para altura da planta quanto para altura da espiga, constituem-se em fortes indicadores das possibilidades de sucesso com seleção, principalmente com as populações semi-exóticas EC e EE, haja visto os segregantes transgressivos (Figuras 7 e 8) que poderão ser escolhidos para obtenção de plantas com arquiteturas mais baixas.

5.2.2. Estimativas de parâmetros genéticos para altura da planta e da espiga

Antes de qualquer comparação ou discussão de resultados, é necessário lembrar que a raça Cravo tem sido mantida na região Sul do Brasil, sem muita introgressão com

outras raças ou cultivares (PATERNIANI e GOODMAN, 1977). Assim sendo, pressupõe-se que alguma forma de seleção tenha sido praticada no sentido de escolher plantas com atributos agronômicos desejáveis.

Verificando-se as estimativas das variâncias genéticas aditivas de AP e AE, pode-se observar que a população semi-exótica EC mostrou valores mais baixos que a população adaptada E, resultados estes que foram coerentes com os apresentados por SHAUMAN (1971). Por outro lado, a estimativa da variância genética aditiva de AP foi mais alta para a população EE que para a população adaptada, ocorrendo o inverso para AE. Efeitos similares foram observados por GOODMAN (1965) para a população semi-exótica West Indian Composite (WIC), em relação a uma população adaptada do "Corn Belt".

Levando em consideração a origem da raça Cravo e supondo que alguma seleção tenha sido praticada, é de se esperar que a população EC não tenha exibido tanta variabilidade genética, tal como ocorreu com a população EE, tendo em vista ser a raça Entrelaçado de origem indígena, e não ter sido submetida à seleção para estes atributos agronômicos.

Inúmeros trabalhos da literatura americana (Tabela 1) têm mostrado estimativas de variâncias genéticas aditivas, em (cm/planta)², para AP e AE, podendo-se verificar que as estimativas estiveram compreendidas numa faixa de 63 a 641 para AP, e 105 a 843 para AE. Por outro lado, HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) realizaram um levantamento de 45 e 52 trabalhos, respectivamente, para AP e AE, e mostraram a média das estimativas das variâncias genéticas aditivas (212,9 e 152,7). Uma vez que a maioria destas estimati-

vas foram obtidas de análises combinadas, comparações com as estimativas do presente estudo ficam superestimadas. Mesmo assim, pode-se averiguar que para AP, as estimativas obtidas para as populações semi-exóticas e adaptada ficaram intermediárias, enquanto que para AE as populações semi-exóticas apresentaram valores mais baixos.

Para estes caracteres, comparações mais realísticas podem ser realizadas com as estimativas relacionadas em dezesseis trabalhos (Tabela 2) que foram conduzidos no Departamento de Genética, em apenas um local ou durante um ano. Assim sendo, constata-se que as estimativas das variâncias genéticas aditivas para AP e AE encontram-se dentro da amplitude de variação, tanto para as populações semi-exóticas quanto para a população adaptada.

As estimativas obtidas para os coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas e ao nível de médias de progênies mostraram que os valores mais altos para AP foram conseguidos com a população semi-exótica EE, tendo as populações E e EC apresentado valores da mesma magnitude para este caráter; para AE, as magnitudes dos coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas e ao nível de médias foram mais ou menos semelhantes, tanto para a população adaptada quanto para as populações semi-exóticas.

Considerando por outro lado, a faixa de variação (30% a 50%) para as estimativas dos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de parcelas, conforme propuseram HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981), verifica-se que as estimativas obtidas para os coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas estão dentro desta amplitude de variação.

Observando as estimativas dos progressos genéticos esperados para as três populações e comparando-se com as estimativas médias de AP (6,84%) e AE (9,94%) obtidas em trabalhos conduzidos no Departamento de Genética com SEDFMI (Tabela 2), constatou-se que os resultados não foram muito discrepantes, evidenciando-se variabilidade genética capaz de se conseguir progressos para reduzir o porte das plantas nas três populações.

Verificou-se, por outro lado, que os valores obtidos para os progressos genéticos esperados de AP e AE foram maiores com SM do que com SEDFMI, e que as três populações mostraram valores mais ou menos semelhantes, indicando ser a seleção massal mais eficiente. Isto foi mostrado para populações exóticas e semi-exóticas (VERA e CRANE, 1970; HALLAUER e SEARS, 1972), tendo em vista que ganhos entre 4,5% e 15% foram conseguidos com a seleção massal. Segundo GERALDI (1977), HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) e SOUZA JUNIOR (1983), entre outros, estes caracteres apresentam uma herdabilidade relativamente alta, indicando que boa parte da variação fenotípica total existente é atribuída à variância genética aditiva. Tal fato foi comprovado no presente estudo, acreditando-se que progressos possam ser obtidos para reduzir a altura da planta e da espiga, com esquemas mais simples de seleção.

Os valores para os coeficientes de variação genética foram bastante similares para AP nas três populações (em média 3,40%), enquanto que para os índices de variação θ foram bem semelhantes para as populações E e EC (0,53), sendo um pouco maior (0,61) para a população EE. Para a característica AE, os coeficientes de variação genética das populações EC e EE foram um pouco inferiores ao da população E

(4,38%), sendo que para os índices de variação θ os valores foram muito semelhantes (em torno de 0,52), para as três populações.

Observou-se, de um modo geral, que as presenças dos germoplasmas exóticos Cravo e Entrelaçado na população adaptada não influenciaram consistentemente nas estimativas dos parâmetros genéticos das populações semi-exóticas para estes dois caracteres mas, os efeitos benéficos foram comprovados no sentido de reduzir a média.

5.2.3. Avaliação geral para número de ramificações do pendão

Considerando o caráter número de ramificações do pendão (NRF), as médias das populações E, EC e EE foram, respectivamente, 11,98%; 7,13% e 31,72% mais altas que a média das testemunhas (21,47 ramificações por planta).

Em relação à média da população adaptada (24,00 ramificações/planta), valor este superior ao encontrado por ANDRADE e MIRANDA FILHO (1979) com a mesma população, observou-se que a população semi-exótica EC teve 4,13% menos NRP, enquanto que a população semi-exótica EE teve 17,83% a mais NRP.

Verificou-se, desta forma, que a incorporação de germoplasmas exóticos na população adaptada afetou negativamente a média da população semi-exótica EC, enquanto que a população semi-exótica EE teve a sua média afetada positivamente. No entanto, as médias das duas populações semi-exóticas foram inferiores às médias das raças exóticas originais, conforme os dados retirados de PATERNIANI e GOODMAN (1977), e mostrados na Tabela 8.

As significâncias dos quadrados médios (teste F) encontradas para as três populações, indicaram a existência de variação genética entre as famílias de meios irmãos avaliadas, podendo-se verificar o potencial destas populações para o melhoramento, através da distribuição das médias, conforme é mostrado na Figura 9.

Os coeficientes de variação experimental obtidos, para cada uma das populações, podem ser considerados como baixos na experimentação agrícola, uma vez que para as populações semi-exóticas EC e EE estiveram ao redor de 10,5%, enquanto que para a população adaptada foi 11,02%. Comparando-se estes coeficientes com a média obtida (10,76%) para nove populações do Departamento de Genética, nota-se a boa precisão dos ensaios para o NRP.

Embora não existam referências na literatura para NRP em populações semi-exóticas que sirvam de base para a comparação de tais coeficientes, sabe-se que os caracteres que exibem herdabilidades altas geralmente mostram coeficientes de variação experimental mais baixos, conforme ocorreu nestes experimentos.

5.2.4. Estimativas de parâmetros genéticos para número de ramificações do pendão

Observando-se as estimativas das variâncias genéticas aditivas, em (ramificações/planta)², verifica-se que a população semi-exótica EE apresentou o valor mais elevado, ficando a população adaptada com um valor intermediário e a população semi-exótica EC com a estimativa mais baixa. Comparando-se, porém, com a estimativa média de nove populações ($21,53 \times 10^{-2}$), obtidas no Departamento de Genética (Tabela

3), fica evidenciada a superioridade das estimativas das variâncias genéticas aditivas encontradas no presente estudo, sobressaindo-se a da população EE.

Associando-se as estimativas das variâncias genéticas aditivas das três populações com as médias obtidas para NRP, pode-se averiguar que a população EC além de ter apresentado a menor média para NRP, mostrou também considerável quantidade de variabilidade genética para melhorar a eficiência da planta, seguindo-se das populações E e EE.

Uma vez que já foram relatadas evidências de que uma diminuição do tamanho do pendão conduz a uma maior produção (BUREN *et alii*, 1974; MOCK e SCHUETZ, 1974; GERALDI, 1977), e de que plantas com pendões maiores são prejudiciais na intercepção da luz e na competição por nutrientes (DUNCAN *et alii*, 1967; HUNTER *et alii*, 1969), constata-se a potencialidade da população EC para trabalhos a curto prazo, ficando a população EE para estudos a um prazo mais longo. Se, por outro lado, for considerado a associação positiva entre número de ramificações do pendão e o índice altura de espiga/altura de planta (PATERNIANI, 1981), consolida-se ainda mais a indicação da população EC para estudos a curto prazo.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas foram relativamente altas, tendo a população EE mostrado o valor mais elevado, indicando que uma boa porção da variação fenotípica existente é devido a efeitos gênicos aditivos.

Efetuando-se comparações entre as estimativas obtidas no presente estudo com a estimativa média dos coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas (54,91%) de no-

ve trabalhos conduzidos no Departamento de Genética (Tabela 3), verifica-se que somente a população EC mostrou um valor pouco menor (48,17%), tendo as populações E e EE apresentados valores mais altos. Ao nível de médias de progênes, as três populações exibiram coeficientes de herdabilidade mais altos que a média das estimativas apresentadas na Tabela 3.

Comparando-se a variabilidade genética das três populações, através dos coeficientes de variação genética e dos índices de variação θ , não foram observadas diferenças acentuadas das populações semi-exóticas para a população adaptada, percebendo-se, no entanto, que os coeficientes de variação genética obtidos foram superiores à média (9,87%) de nove estimativas (Tabela 3), sendo que os índices de variação θ ficaram um pouco abaixo da média (0,94).

Utilizando-se do processo de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos (SEDFMI) ou de seleção massal (SM), as estimativas dos progressos genéticos esperados com SM foram maiores do que com SEDFMI, tal como ocorreu nos resultados mostrados por GERALDI (1977), LORDELO (1982) e AGUILAR MORÁN (1984).

De um modo geral, pode-se verificar que os resultados obtidos mostraram a presença de considerável variabilidade genética para as três populações, destacando-se, essencialmente, a população EE, dando uma indicação de que progressos genéticos serão conseguidos, mesmo com a utilização de métodos simples de melhoramento, como a seleção massal.

5.3. Caracteres da espiga

5.3.1. Avaliação geral para comprimento da espiga

Comparando-se as médias obtidas das três populações, em relação ao comprimento da espiga (CE), pode-se verificar que a população semi-exótica EC foi inferior em 11% à média da população adaptada, enquanto que a população semi-exótica EE foi superior em 6,00%. Em relação à média das testemunhas (16,80 cm/espiga), foi observada a superioridade em 2,26% da população EE, sendo as populações E e EC inferiores, respectivamente, em 3,70% e 14,35%.

Outro aspecto a considerar, é o fato de que foi observado uma diferença nas médias do CE de 7,15% e 41,15%, respectivamente, para as populações semi-exóticas EC e EE, em relação às médias originais das raças Cravo e Entrelaçado, segundo os dados apresentados por PATERNIANI e GOODMAN (1977), e conforme podem ser vistos na Tabela 8.

Se forem levadas em consideração a grande falta de adaptação da raça Entrelaçado às condições locais (PATERNIANI e GOODMAN, 1977), que também foi comprovada no presente estudo na época do cruzamento, as diferenças existentes de ambiente, manejo e competição entre esta raça original e a população semi-exótica EE, é de se esperar que ocorram discrepâncias de resultados. No entanto, como é sabido que ocorre uma compensação entre caracteres relacionados com a produção (MOLL *et alii*, 1962; TAVARES, 1972), a diminuição nas médias do CE das populações semi-exóticas, em relação à média das raças exóticas, foi compensada em 22,00% para a população EC e 120,66% para a população EE, no acréscimo do número de grãos por fileira.

De um modo geral, pode-se notar que a incorporação de genes das raças exóticas na população adaptada foi benéfica no sentido de aumentar a média da população semi-exótica EE, podendo-se ainda observar na Figura 10, os segregantes transgressivos que poderão ser selecionados para se conseguir aumentos mais consistentes no comprimento de espiga; a população semi-exótica EC, apresentou uma clara evidência de um menor comprimento da espiga em relação à população adaptada ESALQ-PB1. Entretanto, convém ressaltar que o objetivo da introgressão gênica da raça Cravo não foi visando este caráter, mas, principalmente, o número de fileiras de grãos.

As significâncias dos quadrados médios (teste F) encontradas para as três populações mostraram possibilidades de sucesso para aumentar o comprimento de espiga, tendo em vista a detecção da variação significativa entre as famílias de meios irmãos.

A precisão experimental dos ensaios foi boa, uma vez que os coeficientes de variação experimental obtidos para as três populações estiveram abaixo da média encontrada (8,32%) para diversas populações (Tabela 4).

5.3.2. Estimativas de parâmetros genéticos para comprimento da espiga

A estimativa da variância genética aditiva da população semi-exótica EC, em (cm/espiga)², foi menor que a da população adaptada, sendo que foi comprovada a superioridade desta estimativa para a população EE. Sabendo-se que a característica marcante da raça Entrelaçado é o acentuado

comprimento de espiga e que a raça Cravo não possui este atributo (PATERNIANI e GOODMAN, 1977), os resultados aqui obtidos estão de acordo com os esperados, uma vez que a estimativa da variância genética aditiva da população EE foi 1,37 vezes maior que a da população adaptada, e 1,99 vezes mais alta que a da população semi-exótica EC ($96,2156 \times 10^{-2}$).

Apesar dos resultados aqui mostrados terem sido obtidos em um só local, uma boa indicação da variabilidade genética manifestada pelas populações semi-exóticas, principalmente da população EE, pode ser verificada quando são feitas comparações com a média de trinta e seis estimativas reportadas por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981), e com a média de vinte estimativas mostradas na Tabela 4. Se, entretanto, for levado em consideração a interação não significativa encontrada para comprimento de espiga x locais (CORTEZ-MENDONZA e HALLAUER, 1979), consolida-se ainda mais os resultados encontrados no presente estudo e os efeitos benéficos decorrentes da incorporação de genes das raças exóticas na população adaptada.

Para as três populações, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas foram mais ou menos semelhantes, sendo obtido o maior valor para a população EE (28,22%); ao nível de médias de progênies também foi comprovada a superioridade dos coeficientes de herdabilidade para a população EE (44,41%), tanto em relação às duas populações quanto em relação à média de vinte estimativas (36,58%) em diversas populações (Tabela 4), bem como à média das estimativas (38,10%) relatada por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981).

Verificando-se, por outro lado, que as estima

tivas dos coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas para as populações semi-exóticas foram, em média, duas vezes maiores que os encontrados para produção, talvez, a seleção via comprimento de espiga seja mais eficiente para aumentar a produção. No entanto, CORTEZ-MENDONZA e HALLAUER (1979) mostraram valores semelhantes para a superioridade dos coeficientes de herdabilidade e uma boa correlação genética entre estes caracteres, e não recomendaram a seleção para aumento de produção via seleção para comprimento de espiga, uma vez que a seleção direta para produção foi 34% mais eficiente que através a seleção indireta.

Para cada uma das populações, as estimativas dos progressos genéticos esperados foram mais ou menos semelhantes, tanto com a SEDFMI quanto com SM, sendo os valores mais elevados obtidos com a população semi-exótica EE, e os valores mais baixos com a população EC. Sabendo que a raça Cravo apresenta espigas curtas (PATERNIANI e GOODMAN, 1977), verificou-se que a introgressão deste germoplasma exótico na população adaptada não exerceu influência no sentido de aumentar a variabilidade genética para comprimento da espiga da população semi-exótica EC. Situação inversa ocorreu para a população EE, constatando-se que ganhos consideráveis poderão ser obtidos, podendo-se, após quatro a cinco ciclos de seleção massal obter famílias com um comprimento médio de espiga próximo ao da raça exótica Entrelaçado.

A eficiência da seleção massal em uma população adaptada (BSLE), tanto para aumentar quanto para diminuir o comprimento de espiga, foi verificada por CORTEZ-MENDONZA e HALLAUER (1979), que após dez ciclos de seleção conseguiram um aumento médio por geração 0,32 cm, sendo que pa-

ra diminuição foi duas vezes maior (-0,64 cm). Verificaram que as plantas com espigas maiores deram maiores produções que plantas com espigas curtas, porém, a medida que havia um aumento para o comprimento de espiga havia uma redução na profundidade do grão, não ocorrendo mudança na produção. Situação totalmente inversa foi observada para a seleção de es pigas curtas.

Estes resultados foram coerentes com os obtidos no presente estudo, uma vez que a redução do comprimento de espiga das populações semi-exóticas EC e EE, em relação às raças exóticas originais, foi compensada pelo aumento do número de grãos por fileira.

Apesar de que o comprimento da espiga não seja mencionado na literatura como um dos componentes da produção (LENG, 1954), pode-se constatar que os resultados aqui obtidos estão de acordo com MOLL *et alii* (1962) e TAVARES (1972), tendo em conta que havendo a diminuição de um componente da produção haverá uma compensação em outro componente, implicando na existência de mudanças correlacionadas da frequência de genes (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981).

A variabilidade genética das três populações, medida através dos coeficientes de variação genética e dos índices de variação θ , mostrou-se coerente com aquilo que era esperado, uma vez que a população semi-exótica EE apresentou os valores mais altos para ambos os parâmetros, ficando a população adaptada numa amplitude de variação intermediária, e a população EC apresentando os valores mais baixos.

5.3.3. Avaliação geral para número de grãos por fileira e número de fileiras por espiga

As médias obtidas para as populações semi-exóticas EC e EE foram ligeiramente inferiores à média da população adaptada para o número de grãos por fileira (NGF), ocorrendo o inverso para número de fileiras por espiga (NFE). Convém destacar que, sendo o principal atributo da raça Cravo o grande número de fileiras por espiga (PATERNIANI e GOODMAN, 1977), esperava-se que ocorresse uma elevação na média da população semi-exótica EC, tal como ocorreu no presente estudo. Pode-se assim, observar que as médias da população adaptada e das testemunhas foram, respectivamente, 18% e 23% mais baixas que a média da população EC.

Associando-se, por outro lado, o aumento da média da população EC com a grande quantidade de segregantes transgressivos para NFE, conforme pode ser visto na Figura 12A, verifica-se que a introgressão da raça Cravo com a população adaptada gerou um acréscimo na variabilidade da população semi-exótica, com amplas perspectivas para futuros ganhos com a seleção.

Apesar de a população semi-exótica EE ter mostrado um leve aumento (6%) no NFE em relação à população adaptada, pode-se verificar que a incorporação de genes da raça Entrelaçado também foi benéfica para ampliar a variabilidade desta população semi-exótica, uma vez que a amplitude de variação mostrada (Figura 12B) foi quase duas vezes mais que a da população adaptada.

Com relação à característica NGF, é necessário mencionar que apesar das médias apresentadas pelas populações semi-exóticas EC e EE terem sido um pouco mais baixas

(2,80% e 5,80%) que a média da população adaptada, verificou-se que na distribuição das médias (Figura 11) a população EC apresentou uma amplitude de variação com valores mais altos que a população adaptada. Para a população EE, constatou-se uma amplitude de variação das médias quase duas vezes menos que a da população adaptada, com o grande mérito de que a média da população semi-exótica foi 120,66% mais alta que a média da raça exótica original, conforme consta na Tabela 8).

Considerando que o caráter marcante da raça Cravo é o grande número de fileiras por espiga e que um dos objetivos do presente trabalho foi a incorporação de genes desta raça na população adaptada, pode-se verificar que a população adaptada teve 18% menos NFE que a população semi-exótica EC, sendo que esta população teve 2,80% menos NGF que a população adaptada.

Por outro lado, foi observado que a média da população EC teve 15% menos NFE que a raça exótica Cravo, sendo que esta diminuição foi compensada no NGF, uma vez que a média original desta raça foi 22% menor que a média da população EC. Verifica-se, desta forma, que houve uma compensação entre estes componentes de produção, tal como relataram MOLL *et alii*, (1962) e TAVARES (1972).

Para as três populações e para ambos os caracteres, as significâncias dos quadrados médios (teste F) encontradas mostraram a existência de variação entre famílias de meios irmãos, indicando uma maior variação para a população semi-exótica EC.

A precisão experimental dos ensaios, tanto para NGF quanto para NFE, pode ser considerada boa, tendo em vista que os coeficientes de variação experimental obtidos,

para cada uma das populações e para ambas as características, situaram-se abaixo da média do levantamento efetuado (Tabela 5) para NGF (13,15%) e para NFE (6,5%%).

5.3.4. Estimativas de parâmetros genéticos para número de grãos por fileira e número de fileiras por espiga

Comparando-se as estimativas das variâncias genéticas aditivas das três populações, em (número fileiras/espiga)², verifica-se que as populações semi-exóticas EC e EE apresentaram maiores estimativas para NFE que a população adaptada, principalmente a população EC ($220,8668 \times 10^{-2}$), que foi 1,96 vezes superior. Lembrando que a raça Cravo é caracterizada por um grande número de fileiras por espiga (PATERNIANI e GOODMAN, 1977), era esperado que a incorporação de genes desta raça na população adaptada aumentasse a variabilidade genética, tal como ocorreu no presente estudo.

Esta maior variabilidade genética da população EC também foi comprovada em relação aos Compostos A e B (QUEIROZ, 1969) e à variedade Centralmex (MOTA, 1974), uma vez que as estimativas das variâncias genéticas aditivas apresentadas pelos autores acima mencionados foram inferiores à estimativa obtida para esta população semi-exótica.

Para as estimativas das variâncias genéticas aditivas dos caracteres número de grãos por fileira, expressas em (número grãos/fileira)², a população EC apresentou um valor mais alto ($1.074,1468 \times 10^{-2}$) que a população adaptada, ao passo que a população EE mostrou um valor mais baixo ($617,5068 \times 10^{-2}$). Comparando-se estes resultados com os obtidos

por QUEIROZ (1969) e MOTA (1974), constatou-se a superioridade de tanto das populações semi-exóticas quanto da população adaptada, desde que as estimativas aqui relatadas foram mais altas. Mesmo que as estimativas que serviram de base para as comparações não sejam referentes às populações semi-exóticas, elas forneceram uma boa indicação da potencialidade genética das populações semi-exóticas aqui relatadas, tendo em vista que os Compostos e a variedade exibiram quantidades consideráveis de variância genética aditiva.

Embora os resultados encontrados na literatura americana (Tabela 5), para estimativas de variâncias genéticas aditivas, sejam obtidos de análises efetuadas em mais de um local ou ano, pode-se notar que, principalmente para a população semi-exótica EC, as estimativas do presente estudo foram maiores, tanto para NFE quanto para NGF.

Os valores relativamente altos encontrados para as estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas, mostraram que para NFE, métodos simples de seleção proporcionarão progressos substanciais, principalmente para a população EC; para NGF, estes coeficientes foram mais baixos e mais ou menos semelhantes entre si nas três populações, sendo o maior valor apresentado pela população EC.

Levando em conta que as estimativas dos coeficientes de herdabilidade relatadas na literatura foram ao nível de médias de parcelas, comparações precisas não podem ser feitas; no entanto, as estimativas aqui obtidas, para os coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de progênies, estiveram situadas na amplitude de variação de 50% a 70%, conforme a distribuição de faixas apresentada por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) para NFE, e maiores que a média

apresentada na Tabela 5. Para NGF, as estimativas aqui obtidas mostraram valores próximos à média de dezoito estimativas (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981), acreditando-se que estejam dentro da faixa de variação.

Para ambos os caracteres e para as três populações, as estimativas dos progressos genéticos esperados foram maiores com a seleção massal do que com SEDFMI, comprovando os valores relativamente altos encontrados para os coeficientes de herdabilidade, e indicando que quantidades consideráveis da variação fenotípica total para NFE e NGF são devido às variâncias genéticas aditivas.

Outro aspecto a considerar, é o fato de que a média do NGF da população EC será semelhante à média da população adaptada com apenas um a dois ciclos de seleção massal, sendo que para a população EE serão necessários mais que dois ciclos. Pode-se constatar, por outro lado, que a média do NFE da população EC será equivalente à média da raça Cravo com três ciclos de seleção massal, haja visto o progresso que é esperado (1,87 fileiras/espiga), bem como à grande quantidade de segregantes transgressivos (Figura 12A).

A maior variabilidade genética da população EC também foi comprovada, tanto para NFE quanto para NGF, uma vez que os coeficientes de variação genética foram mais altos que os obtidos com a população adaptada, sendo no entanto, os índices de variação θ mais ou menos semelhantes. Com relação à população semi-exótica EE, tanto os valores obtidos para os coeficientes de variação genética quanto para os índices de variação θ foram um pouco menores que os da população adaptada, estando, porém, coerentes com a maioria das estimativas dos parâmetros genéticos e de conformidade com o esperado, em decorrência dos caracteres inerentes

da raça Entrelaçado.

5.3.5. Avaliação geral para diâmetro da espigas e do sabugo

Baseando-se na média do diâmetro de espiga (DE) da população adaptada, foi verificado que a média da população semi-exótica EC foi um pouco superior, ocorrendo o inverso para a população semi-exótica EE. Em relação à média das testemunhas, a única população que apresentou menor DE foi a população EE, sendo mantida esta mesma ordem para diâmetro de sabugo (DS).

Efetuada-se a diferença entre DE e DS, verificou-se que o comprimento do grão das populações E, EC e EE foi respectivamente, 1,33; 1,56 e 1,24 cm. Comparando-se com a média do comprimento de grãos das testemunhas (1,33 cm), percebe-se que a população semi-exótica EC exibiu grãos com maior comprimento, sendo este aumento acompanhado por uma redução no número de grãos por fileira. Assim sendo, nota-se, mais uma vez, a compensação existente entre o aumento de um caráter associado com a produção e a diminuição em um dos componentes da produção (MOLL *et alii*, 1962; TAVARES, 1972).

De um modo geral, as diferenças encontradas nas médias de DE e DS das populações EC e EE, em relação às médias da população adaptada, mostraram que a introgressão de genes exóticos foi capaz de alterar as médias destes caracteres, podendo-se perceber com maior clareza nas Figuras 13 e 14.

As significâncias dos quadrados médios (teste

F) detectadas em ambos os caracteres e para as três populações, mostraram as variações entre famílias de meios irmãos, indicando a possibilidade de sucesso em escolher famílias, dentro de cada população, de acordo com o objetivo do programa de melhoramento.

Os coeficientes de variação experimental obtidos, situaram-se ou abaixo da média ou foram muito semelhantes à média do levantamento mostrado na Tabela 6, evidenciando a boa precisão experimental dos ensaios.

5.3.6. Estimativas de parâmetros genéticos para diâmetro da espiga e do sabugo

Os valores encontrados para as estimativas das variâncias genéticas aditivas das populações EC e EE, mostraram os efeitos consistentes das presenças dos germoplasmas exóticos na população adaptada, desde que estes valores foram mais do que uma e duas vezes superiores, respectivamente, para DE e DS, que a estimativa obtida para a população adaptada.

Para se ter uma idéia geral da variabilidade genética existente nas populações estudadas, uma vez que as comparações não são precisas, as estimativas obtidas para as variâncias genéticas aditivas foram maiores que a média de vinte e uma estimativas (Tabela 6), bem como à média de trinta e cinco estimativas (HALLAUER e MIRANDO FILHO, 1981), tanto para DE quanto para DS, destacando-se, essencialmente, as populações semi-exóticas.

Para DE, as magnitudes relativas dos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de progênes fo

ram similares para as populações E e EE, sendo um pouco mais baixa para a população EC (42,27%); para DS, o valor mais baixo foi encontrado para a população adaptada, ficando a população EC com o valor mais alto (66,90%). Apesar da literatura americana relatar estes coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de parcelas, torna-se difícil a realização de comparações precisas; mesmo assim, pode-se constatar que as populações semi-exóticas apresentaram valores mais altos que a média fornecida por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981), bem como à média mostrada na Tabela 6.

Considerando que as estimativas dos progressos genéticos esperados foram baseados somente na SEDFMI, pode-se observar que os ganhos com DS foram de duas a três vezes maiores que para DE, destacando-se a população EE, para ambos os caracteres.

Com relação ao coeficiente de variação genética, as populações semi-exóticas apresentaram valores mais elevados que a população adaptada para os dois caracteres, sobressaindo-se a população EE. No que se refere ao índice de variação θ , a população semi-exótica EE destacou-se das demais para DS, sendo a população EC um pouco superior à população adaptada. No entanto, para DE, as populações E e EE mostraram índices de variação θ muito semelhantes, enquanto que a população EC exibiu o valor mais baixo.

Analisando-se conjuntamente os resultados obtidos para estes dois caracteres, averiguou-se uma maior variabilidade genética na população EE do que na população EC. Se for levado em consideração o fato de que alguma seleção tenha sido praticada na raça Cravo e nenhuma na raça Entrelaçado, era esperado que a incorporação de genes da raça

Cravo na população adaptada não exibisse tanta variabilidade genética, sendo o inverso esperado para a população semi-exótica EE, tal como ocorreu no presente estudo.

5.4. Considerações finais

O sucesso de um programa de melhoramento depende da variabilidade genética presente na população. Recentemente, além dos melhoristas de plantas estarem interessados em encontrar caminhos para aumentar esta variabilidade, também estão conscientes com a preservação de germoplasma que não está sendo usado atualmente, mas, que será de valor no futuro. Isto tem resultado em um crescente interesse em germoplasma exótico e sua preservação. O interesse em germoplasma exótico tem sido feito em duas direções: para caracteres qualitativos e quantitativos.

Assim sendo, entre os germoplasmas exóticos existentes no Brasil, as raças de milho Cravo e Entrelaçado mereceram a atenção do presente estudo, tendo em vista que apresentam caracteres peculiares, quais sejam respectivamente, grande número de fileiras e acentuado comprimento de espiga. Cada uma destas raças foi cruzada com a população adaptada ESALQ-PB1, e as populações resultantes foram denominadas semi-exóticas EC e EE, uma vez que contêm 50% de genes de raças exóticas e 50% de genes da população adaptada.

Convém ressaltar que os principais objetivos do presente estudo foram: i. verificar as mudanças ocorridas nas médias das duas populações semi-exóticas em relação à média da população adaptada; ii. determinar a potencialidade

genética das raças para fins de melhoramento, comparando-se as estimativas dos parâmetros genéticos das populações semi-exóticas com as estimativas da população adaptada, a fim de se verificar o efeito da incorporação de genes na variabilidade genética.

Para o caráter produção (peso de espigas e de grãos), as médias das populações semi-exóticas EC e EE foram afetadas negativamente com a introgressão de genes exóticos, enquanto que para a variabilidade genética foram verificados efeitos positivos.

Para os caracteres da planta (altura da planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão), as médias da população EC foram influenciadas positivamente pela incorporação de genes da raça Cravo, sendo que para a população EE os efeitos foram negativos com a introdução de genes da raça Entrelaçado.

No que diz respeito à variabilidade genética, a presença de genes exóticos da raça Entrelaçado na população adaptada mostrou um efeito benéfico na população EE, uma vez que todas as estimativas dos parâmetros genéticos foram maiores que as obtidas com a população adaptada, acontecendo, de um modo geral, o inverso para a população EC.

A presença do germoplasma exótico Entrelaçado mostrou efeitos consistentes para comprimento de espiga, tanto na elevação da média quanto no aumento da variabilidade genética da população EE; resultados idênticos foram obtidos com a incorporação de genes da raça Cravo, para os caracteres número de fileiras por espiga. Isto era esperado, uma vez que estes são os caracteres marcantes de cada uma das raças exóticas.

Para os demais caracteres de espiga (número de grãos por fileira, diâmetro da espiga e do sabugo), pode-se constatar, de um modo geral, que tanto as médias quanto as estimativas relacionadas à variabilidade genética da população EC foram afetadas positivamente com a introgressão de genes da raça Cravo. Por outro lado, a incorporação de genes da raça Entrelaçado influenciou negativamente na média destes três caracteres, exibindo, porém, um efeito benéfico para aumentar a variabilidade genética, exceto para número de grãos por fileira.

Analisando conjuntamente os resultados, percebe-se o benefício resultante da incorporação de genes das raças exóticas Cravo e Entrelaçado na população adaptada, haja vista a considerável quantidade de variabilidade genética que pode ser explorada nas populações semi-exóticas EC e EE. Acredita-se que com programas de melhoramento intrapopulacionais, além de se conseguir elevar a média de cada uma das populações semi-exóticas, haverá um aumento gradativo e contínuo na frequência dos alelos favoráveis, obtendo-se, então, duas sub-populações com maior diversificação no conjunto genético.

No futuro, uma outra excelente alternativa para o aproveitamento destas duas populações semi-exóticas seria na obtenção de linhagens, que certamente resultariam em híbridos bem promissores, haja visto a divergência genética existente nas sub-populações.

Finalmente, há que se considerar também que a manutenção e melhoramento das populações semi-exóticas contribuirão para a preservação de genes, desde que seja mantido um tamanho efetivo populacional a nível suficiente para minimizar a probabilidade de perdas de alelos.

6. CONCLUSÕES

Nas condições do presente trabalho, as interpretações dos resultados obtidos permitem relacionar as seguintes conclusões:

- a. As populações semi-exóticas Cravo x ESALQ-PB1 (EC) e Entrelaçado x ESALQ-PB1 (EE) apresentaram médias mais baixas para peso de espigas e peso de grãos que as da população adaptada ESALQ-PB1 (E), mostrando que a incorporação de 50% de genes das raças exóticas Cravo e Entrelaçado no material adaptado influenciou negativamente nas médias das populações semi-exóticas.
- b. As magnitudes relativas dos parâmetros genéticos estimados para peso de espigas e peso de grãos das populações semi-exóticas EC e EE foram maiores que as da população adaptada, indicando a potencialidade genética das duas raças para aproveitamento em programas de melhoramento.
- c. Sugere-se, antes de efetuar a introgressão de germoplasma exótico numa população adaptada, que sejam realizados al-

guns ciclos de seleção massal acompanhados de suave seleção para os caracteres agronômicos desejáveis, principalmente, quando a procedência de germoplasma for de região bem diferente.

- d. Os benefícios resultantes da introgressão de genes da raça Cravo foram confirmados na população semi-exótica EC, uma vez que tanto para altura da planta quanto para altura da espiga suas médias foram mais baixas que a da população adaptada. Para a população semi-exótica EE, estas médias foram um pouco mais altas que as da população adaptada, mas, em relação à raça original Entrelaçado, houve aproximadamente uma redução de 15,8% em ambos os caracteres.
- e. Verificou-se a presença de suficiente variabilidade genética para altura da planta e da espiga nas duas populações semi-exóticas, uma vez que valores relativamente altos foram encontrados para os coeficientes de herdabilidade, progressos genéticos etc., podendo-se conseguir ganhos substanciais com esquemas simples de seleção.
- f. A presença de genes da raça Cravo na população adaptada teve um efeito benéfico em reduzir a média do número de ramificações do pendão da população semi-exótica EC, sendo que na população semi-exótica EE, a incorporação de genes da raça Entrelaçado aumentou a média deste caráter. Os valores relativamente altos encontrados para as estimativas dos parâmetros genéticos nas três populações, destacando-se, principalmente, a população EE, mostraram que ganhos genéticos poderão ser obtidos, com esquemas simples de seleção.
- g. Apesar de que a média para o comprimento da espiga da popula

ção semi-exótica EE tenha sido mais alta que a da população adaptada, o efeito positivo da incorporação de genes da raça Entrelaçado não foi tão acentuado como era esperado, uma vez que este é o caráter marcante desta raça exótica. Para a população semi-exótica EC, a incorporação de genes teve um pequeno efeito negativo na média do comprimento da espiga, tendo em vista que a média da população adaptada foi um pouco maior.

- h. Em relação à população adaptada, verificou-se que, para comprimento da espiga, a população semi-exótica EE apresentou uma maior variabilidade e potencialidade genética que a população semi-exótica EC, podendo-se, inclusive, após quatro a cinco ciclos de seleção serem obtidas famílias com um comprimento médio da espiga próximo ao da raça Entrelaçado.
- i. Com referência ao caráter número de fileiras por espiga, os benefícios resultantes da incorporação de 50% de genes exóticos na população adaptada foram bem mais acentuados com a raça Cravo do que a Entrelaçado, haja visto que tanto a média quanto as estimativas dos parâmetros genéticos da população semi-exótica EC foram mais elevadas que os valores obtidos com a população adaptada. Apesar de as médias obtidas com número de grãos por fileira para as populações semi-exóticas terem sido ligeiramente inferiores à média da população adaptada, os parâmetros genéticos estimados mostraram haver variabilidade genética suficiente para permitir progressos com seleção, destacando-se, principalmente, a população EC.
- j. Não obstante as médias de diâmetro da espiga e diâmetro do sabugo terem sido mais ou menos semelhantes para as três po

pulações, pode-se averiguar, através da amplitude de variação, que um grande número de famílias da população semi-exótica EC mostrou uma distribuição de médias com valores mais altos que a população adaptada, ocorrendo o inverso para a população EE. Em termos de variabilidade genética, as populações semi-exóticas exibiram maior potencialidade que a população adaptada, sobressaindo-se a população EE.

1. Considerando a estrutura genética de cada uma das raças exóticas e tendo por base os resultados obtidos, recomenda-se o aproveitamento da potencialidade genética apresentada pela população semi-exótica EC para programas de melhoramento a curto prazo, enquanto que a população EE poderá ser aproveitada para programas a longo prazo.

- m. Seria interessante que, ao invés de se trabalhar com populações que tivessem 50% de genes de germoplasma adaptado e 50% de genes de germoplasma exótico, fossem feitos concomitantemente programas que incorporassem também 25% de genes de germoplasmas exóticos. Com este procedimento, supõe-se que haveria uma elevação na média dos principais caracteres agronômicos das populações semi-exóticas sem haver grandes reduções nas suas variabilidades genéticas.

7. LITERATURA CITADA

ACOSTA, A.E. e P.L. CRANE, 1972. Further selection for lower ear height in maize. *Crop. Sci.*, 12: 165-167.

AGUILAR MORAN, J.F., 1984. Avaliação do potencial de linhagens e respectivos testadores obtidos de duas populações de milho (*Za mays* L.). Piracicaba. ESALQ/USP, 118 p. (Dissertação de Mestrado).

ALLARD, R.W., 1970. Population structure and sampling methods. In: FRANKEL, O.H. e E. BENNET, Eds. *Genetic Resources in Plants*. Osford, Blackwell Scientific Publications, p. 97-108.

ANDRADE, J.A.C. e J.B. MIRANDA Fº, 1979. Estimativas de parâmetros para os caracteres de pendão na população ESALQ-PB1 de milho. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, ESALQ/USP. Piracicaba, 13: 15-21.

BARRIGA BEZANILLA, G.P., 1971. A eficiência de alguns cultivares de milho (*Zea mays* L.) na produção de grãos. Piracicaba, ESALQ/USP, 84 p. (Dissertação de Mestrado).

- BARTUAL, A.R. e A.R. HALLAUER, 1976. Variability among unselected maize inbred lines developed by full-sibbing. *Maydica*, 21: 49-60.
- BENNET, E., 1970. Adaptation in wild and cultivated plants populations. In: O.H. FRANKEL e E. BENNET, Eds. *Genetic Resources in Plants*. Oxford, Blackwell Scientific Publications, p. 115-130.
- BLISS, F.A., 1981. Utilization of vegetable germlasma. *HortScience*, 16: 129-132.
- BRANDOLINI, A.G., 1969. European races of maize. *Proc. of the 24th Hybrid Corn Ind. Res. Conf.*, 24: 36-48.
- BRIEGER, F.G., J.T.A. GURGEL, E. PATERNIANI, A. BLUMENSCHNEIN e M.R. ALLEONI, 1958. *Races of maize in Brazil and other eastern South American Countries*. Washington, National Academy of Sciences-National Research Council. Publication n° 593.
- BRIEGER, F.G., 1963. Collection and evaluation of indigenous races of maize. *Gen. Agraria*, 63: 259-264.
- BROWN, W.L., 1953. Sources of germplasm for hybrid corn. *Proc. of the 8th Annu. Hybrid Corn Ind. Res. Conf.*, 8: 11-16.
- BROWN, W.L., 1960. *Races of maize in the West Indies*. Washington, National Academy of Sciences-National Research Council. Publication n° 792.
- BROWN, W.L., 1975. A broader germplasm base in corn and sorghum. *Proc. of the 30th Hybrid Corn Ind. Res. Conf.*, 30: 81-89.

- BROWN, W.L. e M.M. GOODMAN, 1977. Races of maize. In: G.F. SPRAGUE, Ed. *Corn and Corn Improvement*. American Soc. Agron., Madison, p. 97-108.
- BUREN, L.L., J.J. MOCK e I.C. ANDERSON, 1974. Morphological and physiological traits in maize associated with tolerance to high plant density. *Crop. Sci.*, 14: 426-429.
- CHI, R.H., S.A. EBERHART e L.H. PENNY, 1969. Covariances among relatives in a maize variety. *Genetics*, 63: 511-520.
- COCHRAN, W.G. e G.M. COX, 1957. *Experimental designs*. 2.^a ed. New York, John Wiley and Sons, 611 p.
- COMPTON, W.A., C.O. GARDNER e J.H. LONNQUIST, 1965. Genetic variability in two open-pollinated varieties of corn (*Zea mays* L.) and their F₁ progenies. *Crop Sci.*, 5: 505-508.
- COMPTON, W.A. e K. BAHADUR, 1977. Ten cycles of progress from modified ear to row selection in cor (*Zea mays*, L.). *Crop Sci.*, 17: 378-380.
- COMPTON, W.A., R.F. MUMM e B. MATHEMA, 1979. Progress from adaptative mass selection in incompletely adapted maize population. *Crop Sci.*, 19: 531-533.
- COMSTOCK, R.E. e H.E. ROBINSON, 1948. The components of genetic variance in populations. *Biometrics*, 4: 254-266.
- COMSTOCK, R.E. e H.F. ROBINSON, 1952. Estimation of average dominance of genes. In: J.W. GOWEN, Ed. *Heterosis*. Ames, Iowa State College Press, p. 494-516.

- CORTEZ-MENDONZA, H. e A.R. HALLAUER, 1979. Divergent mass selection for ear length in maize. *Crop Sci.*, 19: 175-178.
- CRISÓSTOMO, J.R., 1978. Estimação de parâmetros genéticos em duas populações 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).
- DARRAH, L.L.; S.A. EBERHART e L.H. PENNY, 1972. A maize breeding methods study in Kenya. *Crop Sci.*, 12: 605-608.
- DUDLEY, J.W., 1973. Seventy generation of selection for oil and protein in the corn kernel. *Proc. of the 28th hybrid Corn Ind. Res. Conf.*, 28: 123-136.
- DUNCAN, W.G., W.A. WILLIAMS e R.S. LOOMIS, 1967. Tassels and the productivity of maize. *Crop Sci.*, 7: 37-39.
- DUVICK, D.N., 1981. Genetic diversity in major crops on the farm and in reserve. In: Thirteenth International Botanical Congress, Sydney, Austrália, p. 1-28.
- EBERHART, S.A., R.H. MOLL, H.F. ROBINSON e C.C. COCKERHAM, 1966. Epistatic and other genetic variances in two varieties of maize. *Crop Sci.*, 6: 275-280.
- EBERHART, S.A., 1971. Regional maize diallels with U.S. and semiexotic varieties. *Crop Sci.*, 11: 911-914.

EFRON, Y. e H.L. EVERETT, 1969. Evaluation of exotic germplasm for improving corn hybrids in northern United States. *Crop Sci.*, 9: 44-47.

EL-ROUBY, M.M. e L.H. PENNY, 1967. Variation and covariation in a high oil population of corn and their implications in selection. *Crop Sci.*, 7: 216-219.

EL-ROUBY, M.M., Y.S. KORAIEM e A.A. NAWAR, 1973. Estimation of genetic variance and its components in maize under stress and nonstress environments. I. Planting data. *Egypt. J. Genet. Cytol.*, 2: 10-19.

FISHER, R.A., 1918. The correlations between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. *Trans. Roy. Soc.*, 52: 399-433.

GALAL, H.E., S.A. ABD-ALLA e Y.A. EL-KASSABY, 1977. Effect of sample size on precision of the estimates of genetic variance in maize. I. Yield. *Egypt. J. Genet. Cytol.*, 6: 293-305.

GALAL, H.E., S.A. ABD-ALLA e Y.A. KASSABY, 1977. Effect of sample size on precision of the estimates of genetic variance in maize. II. Ear characters. *Egypt. J. Genet. Cytol.*, 6: 306-318.

GALLINAT, W.C., 1977. The origin of corn. In: G.F. SPRAGUE, Ed. *Corn and Corn Improvement*. Amer. Soc. Agron., Madison, p. 1-47.

- GARDNER, C.O., P.H. HARVEY, R.E. COMSTOK e H.F. ROBINSON, 1953. Dominance of genes controlling quantitative characters in maize. *Agron. J.*, 45: 186-191.
- GARDNER, C.O. e J.H. LONNQUIST, 1959. Linkage and the degree of dominance of genes controlling quantitative characters in maize. *Agron. J.*, 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 Sci.*, 1: 241-245.
- GENTER, C.F., 1976. Mass selection in a composite of intercrosses of Mexican races of maize. *Crop Sci.*, 16: 556-558.
- GERALDI, I.O., 1977. Estimaco de parmetros genticos para caracteres de pendo de milho (*Zea mays* L.) e perspectivas de melhoramento. Piracicaba, ESALQ/USP, 103 p. (Dissertao de Mestrado).
- GERRISH, E.E., 1983. Indications from a diallel study for interracial maize hybridization in the corn belt. *Crop Sci.*, 23: 1082-1084.
- GHINI, R. e J.B. MIRANDA F, 1979. Herdabilidade da altura de planta e da espiga no segundo ciclo de seleo da populao ESALQ-PB1 de milho. *Relatrio Cientfico do Departamento de Gentica*, ESALQ/USP. Piracicaba, 13: 130-138.
- GOODMAN; M.M., 1965. Estimates of genetic variance in adapted and exotic population of maize. *Crop Sci.*, 5: 87-90.

- GRAFIUS, J.E., 1960. Does overdominance exist for yield in corn? *Agron. J.*, 52: 361.
- GRIFFING, B. e E.W. LINDSTROM, 1954. A study of the combining abilities of corn inbreeds having varying proportions of Corn Belt and non Corn Belt germplasm. *Agron. J.*, 46: 545-552.
- GRANT, U.J., W.H. HATHAWAY, D.H. TIMOTHY, C.D. CASSALETT e L.M. ROBERTS, 1963. *Races of maize in Venezuela*, Washington, National Academy of Sciences-National Research Council. Publication n° 1136.
- GROBMAN, A., W. SALHAUANA, R. SEVILLA e P.C.C. MANGELSDORF, 1961. *Races of maize in Peru*. Washington, National Academy of Science - National Research Council Publication n° 915.
- HALLAUER, A.R. e J.A. WRIGHT, 1967. Genetic variances in the open pollinated variety of maize. *Der Zuechter*, 37: 178-185.
- 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 Journal of Science*, 45: 575-593.
- HALLAUER, A.R. e J.H. SEARS, 1972. Integrating exotic germoplasm into corn belt breeding programs. *Crop Sci.*, 2: 203-206.
- HALLAUER, A.R. e D. MALITHANO, 1976. Evaluation of maize varieties for their potential as breeding populations. *Euphytica*, 25: 117-127.

HALLAUER, A.R., 1977. Experimental estimates of genetic parameters in cross-fertilized annuals. *Agron. Abst.*, p. 57.

HALLAUER, A.R., 1978. Potential of exotic germplasm for maize improvement. In: International Maize Symposium, W.L. Walden, Ed. New York, p. 229-249.

HALLAUER, A.R. e J.B. MIRANDA Fº, 1981. *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. Ames, Iowa State University Press. 468 p.

HANSON, W.D., 1959. Theoretical distribution of the initial linkage block lengths intact in the gametes of a population intermated for n generations. *Genetics*. 44: 839-846.

HANSON, W.D. e E.C. JOHNSON, 1981. Evaluation of an exotic maize population adapted to a locality. *Theor. Appl. Genet.*, 60: 55-63.

HARLAN, J.R., 1961. Agricultural origins: centers and noncenters. *Science*, 174: 468-474.

HATHAWAY, W.H., 1957. *Races of maize in Cuba*. Washington, National Academy of Sciences-National Research Council. Publication nº 453.

HULL, F.H., 1945. Recurrent selection and specific combining ability in corn. *J. Am. Soc. Agron.*, 37: 134-145.

HUNTER, R.B., T.B. DAYNARD, D.J. HUME, J.H. TANNER, J.D. CURTIS e L.W. KENNENBERG, 1969. Effects of tassel removal on grain yield of corn (*Zea mays* L.). *Crop Sci.*, 4: 405-406.

HUNTER, R.B., G.G. MORTIMORE e L.W. KENNERBERG, 1973. Inbred maize performance following tassel and leaf removal. *Agron. J.*, 65: 471-472.

JENSEN, N.F., 1962. A world germ plasm bank for cereal. *Crop Sci.*, 2: 361-363.

JONES, D.F., 1918. The effects of inbreeding and cross-breeding upon development. *Connecticut Agric. Exp. Sta. Bull.*, 207: 5-100.

KIESSELBACH, T.A., 1922. Corn investigations. *Nebraska Agric. Expt. Sta. Res. Bull.*, n^o 20.

KRAMER, H.H. e A.J. ULLSTRUP, 1959. Preliminary evaluations of exotic maize germplasm. *Agron. J.*, 51: 687-689.

KULESHOV, N.N., 1928. Some peculiarities in the maize of Asia. *Bull. Appl. Bot. and Plant Breed.*, 19: 325-374.

KULESHOV, N.N., 1933. World's diversity of phenotypes of maize. *J. of the Amer. Soc. Agron.*, 25: 688-700.

LAWRENCE, P.K. e K.J. FREY, 1975. Backcross variability for grain yield in oat species crosses. *Euphytica*, 24: 77-85.

LENG, E.R., 1953. Expression of heterosis and apparent degree of dominance in the major components of grain yield in maize. *Genetics*, 38: 674-675.

- LEONARD, W.A. e T.A. KIESSELBACH, 1932. The effect of the removal of tassels on the yield of corn. *Agron. J.*, 24: 514-516.
- LIMA, M., 1977. Seleção entre e dentro da famílias de meios irmãos na população de milho ESALQ-VD-2. Piracicaba, ESALQ/USP, 71 p. (Dissertação de Mestrado).
- LIMA, M. e E. PATERNIANI, 1977. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em progênies de meios irmãos de milho (*Zea mays* L.) e suas implicações no melhoramento. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, ESALQ/USP. Piracicaba, 11: 84-89.
- LIMA, M., N. GIMENES-FERNANDES, J.B. MIRANDA FILHO e J.C.V. A. PEREIRA, 1982. Introduction of maize (*Zea mays* L.) germplasms as sources for downy mildew (*Peronosclerospora sorghi*) resistance. *Maydica*, 27: 159-168.
- LINDSEY, M.F., J.H. LONNQUIST e C.O. GARDNER, 1962. Estimates of genetic variance in open-pollinated varieties of cornbelt corn. *Crop Sci.*, 2: 105-108.
- LONNQUIST, J.H., 1961. Progress from recurrent selection procedures for the improvement of corn populations. *Nebraska Agric. Expt. Sta. Res. Bull.*, 197. 33 p.
- LONNQUIST, J.H., 1964. A modification of the ear-to-row procedure for the improvement of maize population. *Crop Sci.*, 4: 227-228.
- LONNQUIST, J.H., 1967. Mass selection for prolificacy in maize. *Der Züchter*, 37: 185-188.

- LONNQUIST, J.H., 1974. Consideration and experiences with recombinations of exotic and corn belt maize germplasms. *Proc. of the 29th Hybrid Corn Ind. Res. Conf.*, 29: 102-117.
- LORDELO, J.A.C., 1982. Parâmetros genéticos das populações de milho Piranão VD-2 e Piranão VF-1. Piracicaba, ESALQ/USP, 63 p. (Dissertação de Mestrado).
- MALMM, N.R., 1968. Exotic germplasm use in sorghum improvment. *Crop Sci.*, 8: 295-298.
- MARANI, A., 1967. Heterosis and combining ability in intraespecific and interspecific crosses of cotton. *Crop Sci.*, 7: 519-522.
- MARQUEZ-SANCHEZ, F. e A.R. HALLAUER, 1970. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I. Grain yield. *Crop Sci.*, 10: 357-361.
- MARQUEZ-SANCHEZ, F. e A.R. HALLAUER, 1970. Influence of sample size on the estimation of genetic variance in a synthetic variety of maize. II. Plant ear characters. *Iowa State Journal of Science*, 44: 423-436.
- MILLER, J., 1973. Genetic erosion: crop plants threatened by government neglect. *Science*, 182: 1231-1233.
- MIRANDA Fº, 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, 116 p. (Tese de Doutorado).

- MIRANDA F^o, J.B., 1977. Avaliação de famílias de meios irmãos na população ESALQ-PB1. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, ESALQ/USP. Piracicaba, 11: 90-94.
- MIRANDA F^o, J.B., 1978. Herdabilidade da altura de planta e da espiga na população ESALQ-PB1. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, ESALQ/USP. Piracicaba, 12: 116-121.
- MIRANDA F^o, J.B., 1979. Avaliação de famílias de meios irmãos do segundo ciclo de seleção da população ESALQ-PB1 de milho. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, ESALQ/USP. Piracicaba, 13: 149-158.
- MIRANDA F^o, J.B. e R. VENCOVSKY, 1979. Considerações sobre o tamanho efetivo populacional para a introdução de germoplasmas. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, ESALQ/USP. Piracicaba, 13: 180-189.
- MIRANDA F^o, J.B. e R. VENCOVSKY, 1984. Analysis of diallel crosses among open-pollinated varieties of maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, 29: 217-234.
- MOCK, J.J. e S.H. SCHUETZ, 1974. Inheritance of tassel branch number in maize. *Crop Sci.*, 14: 885-898.
- MOLL, R.H., W.S. SALHUAYRA e H.F. ROBINSON, 1962. Heterosis and genetic diversity in variety crosses of maize. *Crop Sci.*, 2: 197-198.
- MOLL, R.H. e H.F. ROBINSON, 1966. Observed and expected response in four selection experiments in maize. *Crop Sci.*, 6: 319-323.

- MOLL, R.H. e C.W. STUBER, 1971. Comparisons of response of to alternative selection procedures initiated with two populations of maize (*Zea mays* L.). *Crop Sci.*, 11: 706-711.
- MOLL, R.H. e O.S. SMITH, 1981. Genetic variances and responses in an advanced generation of a hybrid of widely divergent populations of maize. *Crop Sci.*, 21: 387-391.
- MORO, J.R., V. NASPOLINI FILHO, R.T. VIANA e E.E.G. GAMA, 1981. Introdução de novos germoplasmas de milho no Brasil. *PAB*, 16: 867-882.
- MOTA, M.G., 1974. Comportamento de progênes de meios irmãs e S_1 na variedade de milho Centralmex. Piracicaba, ESALQ/USP, 73 p. (Dissertação de Mestrado).
- NELSON, M.G., 1972. The use of exotic germplasm in practical corn breeding programs. *Proc. of the 27th Hybrid Corn Ind. Res. Conf.*, 27: 115-118.
- OBILANA, A.T. e A.R. HALLAUER, 1974. Estimation of variability quantitative traits in BSSS by using unselected maize inbreed lines. *Crop Sci.*, 14: 99-103.
- OBILANA, A.T. e A.R. HALLAUER, 1977. Comparisons of estimates of genetic variability in Iowa Stiff Stalk Synthetic of maize. *Maydica*, 22: 159-172.
- OBILANA, A.T., A.R. HALLAUER e O.S. SMITH, 1979. Estimated genetic variability in a maize interpopulation. *The J. of Heredity*, 70: 127-132.

- PATERNIANI, E. e J.H. LONNQUIST, 1963. Heterosis in interracial crosses of corn (*Zea mays* L.). *Crop Sci.*, 3: 504-507.
- PATERNIANI, E., 1967. Selection among and within half-sib families in a brazilian populations of maize (*Zea mays* L.) *Crop Sci.*, 7: 212-216.
- PATERNIANI, E., 1968. Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no melhoramento do milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 92 p. (Tese para cargo de Professor Catedrático).
- PATERNIANI, E., J.R. ZINSLY e J.B. MIRANDA Fº, 1977. Populações melhoradas de milho obtidas pelo Instituto de Genética. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, ESALQ/USP. Piracicaba, 11: 108-114.
- PATERNIANI, E. e M.M. GOODMAN, 1977. Races of maize in Brazil and adjacent areas. In: International Maize and Wheat Improvement, Mexico, 95 p.
- PATERNIANI, E., 1981. Influence of tassel size on ear placement in maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, 26: 85-91.
- PETERSON, C.E., 1975. Plant introduction in the improvement of vegetable cultivars. *HortScience*, 10: 575-579.
- QUEIROZ, M.A., 1969. Correlações genéticas e fenotípicas em progênies de meios irmãos em milho (*Zea mays* L.) e suas implicações no melhoramento. Piracicaba, ESALQ/USP, 71 p. (Dissertação de Mestrado).

- RAMALHO, M.A.P., 1977. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. Piracicaba, ESALQ/USP, 122 p. (Tese de Doutorado).
- RAMIREZ, R., D.H. TIMOTHY, E.B. DIAZ, U.J. GRANT, G.E.N. GALLE, E. ANDERSON e W.L. BROWN, 1960. *Races of maize in Bolivia*. Washington, National Academy of Sciences-National Research Council. Publication nº 747.
- RISSI, R., 1980. Estimação de parâmetros genéticos em duas sub-populações da variedade de milho (*Zea mays* L.) Piraião. Piracicaba, ESALQ/USP, 87 p. (Dissertação de Mestrado).
- ROBINSON, H.F., R.E. COMSTOCK e P.H. HARVEY, 1949. Estimates of heritability and degree of dominance in corn. *Agron. J.*, 41: 353-359.
- ROBINSON, H.F., R.E. COMSTOCK e P.H. HARVEY, 1951. Genotypic and phenotypic correlations in corn and their implications in selection. *Agron. J.*, 43: 282-287.
- ROBINSON, H.P., R.E. COMSTOCK e P.H. HARVEY, 1955. Genetic variances in open pollinated varieties of corn. *Genetics*, 40: 45-60.
- ROBERTS, L.M., U.J. GRANT, R.E. RAMIREZ, W.H. HATHAWAY, D.L. SMITH e P.C. MANGELSDORF, 1957. *Races of maize in Colombia*. Washington, National Academy of Sciences-National Research Council. Publication nº 510.

- SAWAZAKI, E., 1979. Treze ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos para produção de grãos no milho IAC Maya. Piracicaba, ESALQ/USP, 99 p. (Dissertação de Mestrado).
- SCHOENER, C.S. e W.R. FEHR, 1979. Utilization of plant introductions in soybean breeding populations. *Crop Sci.*, 19: 185-188.
- SENTZ, J.C., 1971. Genetic variance in a synthetic variety of maize estimated by two mating designs. *Crop Sci.*, 11: 234-238.
- SHAUMAN, W.L., 1971. Effect of incorporation of exotic germplasm on the genetic variance components of an adapted open-pollinated corn variety at two plant populations densities. Nebraska, Lincoln, 93 p. (PhD. Dissertation).
- SHEHATA, A.H. e N.L. DRAWN, 1975. Genetic analysis of grain yield in maize as manifested in genetically diverse varietal populations and their crosses. *Egypt. J. Genet. Cytol.*, 4: 90-116.
- SILVA, J.C. e A.R. HALLAUER, 1975. Estimation of epistatic variance in Iowa Stiff Stilk Synthetic maize. *J. Heredity*, 66: 290-296.
- SMITH, D.C., 1967. Development and success in plant breeding. In: *Plant Breeding*. A Symposium Held at Iowa State University. Ed. by K.J. Frey. The Iowa State University Press, Ames, Iowa, 430 p.

- SOUZA JUNIOR, C.L., I.O. GERALDI e J.R. ZINSLY, 1980. Correlações genéticas e fenotípicas entre seis caracteres de população de milho (*Zea mays* L.) Suwan. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, ESALQ/USP. Piracicaba, 14: 146-152.
- SOUZA JUNIOR, C.L., 1983. Variabilidade genética em milho (*Zea mays* L.) e relações com a seleção recorrente intra e interpopulacional. Piracicaba, ESALQ/USP, 151 p. (Tese de Doutorado).
- STEEL, R.G.D. e J.H. TORRIE, 1960. *Principles and procedures of statistic*. New York, McGraw-Hill Book Company, 481 p.
- STEPHENS, J.C., F.R. MILLER e D.T. ROSENOW, 1967. Conversion of alien sorghum to early combine genotypes. *Crop Sci.*, 7: 396.
- SUBANDI, W. e W.A. COMPTON, 1974. Genetic studies in an exotic population of corn (*Zea mays* L.) grown under two plant densities. I. Estimates of genetic parameters. *Theor. Appl. Genet.*, 44: 153-159.
- TAVARES, F.C.A., 1972. Componentes da produção relacionados à heterose em híbridos intervarietais de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 106 p. (Dissertação de Mestrado).
- TIMOTHY, D.H., B.V. PENA, R.E. RAMIREZ, W.L. BROWN e E. ANDERNESON, 1961. *Races of maize in Chile*. Washington, National Academy of Sciences-National Research Council. Publication nº 847.

TIMOTHY, D.H., W.H. HATHAWAY, U.J. GRANT, M.C. TORREGROZA, D.V. SARRIA e D.A. VARELA, 1963. *Races of maize in Ecuador*. Washington, National Academy of Sciences-National Research Council. Publication nº 975.

TIMOTHY, D.H., 1975. Considerations on the use of exotic germplasm, genetic recombination and natural selection. In: IX Congresso Internacional de Pastagens, São Paulo, 1: 175-177.

THOMPSON, D.L., 1968. Silage yield of exotic corn. *Agron. J.*, 60: 579-581.

THORNE, J.C. e W.R. FEHR, 1970. Exotic germplasm for yield improvment in 2-way and 3-way soybean crosses. *Crop Sci.*, 10: 677-678.

TORRES SEGOVIA, E., 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).

TROYER, A.F. e W.L. BROWN, 1972. Selection for early flowering in corn. *Crop Sci.*, 12: 301-304.

VELLO, N.A., W.R. FEHR e J.B. BAHRENFUS, 1984. Genetic variability and agronomic performance of soybean populations developed from plant introductions. *Crop Sci.*, 24: 511-514.

VENCOVSKY, R., 1969. Genética Quantitativa. In: W.E. KERR, org. *Melhoramento e Genética*. Edições Melhoramento, p. 17-38.

- VENCOVSKY, R., 1978. Herança Quantitativa. In: E. PATER-
NIANI, coord. *Melhoramento e Produção de Milho no Bra-
sil*. Ed. Marprint. p. 122-201.
- VERA, G.A. e P.L. CRANE, 1970. Effects of selection for
lower ear height in synthetic populations of maize. *Crop
Sci.*, 10: 286-288.
- WEBEL, O.D. e J.H. LONNQUIST, 1967. An evaluation of
modified ear-to-row selection in a population of corn
(*Zea mays*, L.). *Crop Sci.*, 7: 651-655.
- WELLHAUSEN, E.J., L.M. ROBERTS, E.X. HERNANDEZ e P.C. MAN-
GELSDORF, 1952. *Races of maize in Mexico*. Bussey Inst.
Harvard Univ. Press, Cambridge.
- WELLHAUSEN, E.J., 1956. Improving american corn with exotic
germplasm. *Proc. of the 11th Hybrid Corn Ind. Res. Conf.*,
11: 85-96.
- WELLHAUSEN, E.J., A.O. FUENTES, A.C. HERNANDEZ E. P.C. MAN-
GELSDORF, 1957. *Races of maize in Central America*.
Washington, National Academy of Sciences-National Research
Council. Publication n° 511.
- WELLHAUSEN, E.J., 1965. Exotic germ plasm for improvment
of corn belt maize. *Proc. of the 20th Hybrid Corn Ind.
Res. Conf.*, 20: 11-45.
- WHITE, R.O., 1963. The conservation of wild species. *Gen.
Agraria*, 17: 388-402.

- WILLIAMS, J.C., L.H. PENNY e C.F. SPRAGUE, 1965. Full sib and half sib estimates of genetic variance in an open-pollinated variety of corn. *Crop Sci.*, 5: 125-129.
- ZINSLY, J.R., 1969. Estudo comparativo entre a seleção massal e a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 89 p. (Tese de Doutorado).
- ZOHARY, D., 1973. Gene pools for plant breeding. In: *Agricultural Genetics-Selected Topics*. Jerusalem, Ed. Rom. Noav., Department of Genetics, p. 177-183.
- ZUBER, M.S., 1975. Corn germplasm base in the United States: Is it narrowing, widening, or static? *Proc. of the 30th Hybrid Corn Ind. Res. Conf.*, 30: 277-286.
- ZUBER, M.S., 1980. 1979 U.S. corn germplasm base. *Proc. of the 35th Hybrid Corn Ind. Res. Res. Conf.*, 35: 234-249.

TABELAS

TABELA 11. Valores médios obtidos para os caracteres peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG), em gramas/planta, referentes às três populações e à testemunha. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

População	PE		PG	
	g/pl	%	g/pl	%
ESALQ-PB1	123,48	93,00	97,56	90,77
Cravo x ESALQ-PB1	116,81	88,00	94,35	87,78
Entrelaçado x ESALQ-PB1	103,85	78,20	83,25	77,46
Testemunha*	132,78	100,00	107,48	100,00

* Média das testemunhas Ag-401 e Cargill 511.

TABELA 12. Valores médios obtidos para os caracteres peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG), em gramas/planta, referentes às três populações e à testemunha. Piracicaba - SP (Água Santa), 1983/84.

População	PE		PG	
	g/pl	%	g/pl	%
ESALQ-PB1	130,20	90,24	102,60	86,89
Cravo x ESALQ-PB1	118,10	81,85	95,80	81,13
Entrelaçado x ESALQ-PB1	98,60	68,34	77,20	65,38
Testemunha*	144,28	100,00	118,08	100,00

* Média das testemunhas Ag-401 e Cargill 511.

TABELA 13. Valores médios obtidos, nos dois locais, para os caracteres, peso de espiga (PE) e peso de grãos (PG), em gramas/planta, referentes às três populações e à testemunha. Piracicaba - SP (Caterpillar e Água Santa), 1983/84.

População	PE		PG	
	g/pl	%	g/pl	%
ESALQ-PB1	126,84	91,62	100,08	88,74
Cravo x ESALQ-PB1	117,45	84,82	95,07	84,30
Entrelaçado x ESALQ-PB1	101,22	73,12	80,22	71,13
Testemunha*	138,53	100,00	112,78	100,00

* Média das testemunhas Ag-401 e Cargill 511.

TABELA 14. Valores médios obtidos para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NRP) referentes às três populações e à testemunha. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

População	AP		AE		NRP	
	(cm/pl.)	%	(cm/pl.)	%	(ram./pl.)	%
ESALQ-PB1	217,73	101,11	123,60	101,69	24,00	111,78
Cravo x ESALQ-PB1	206,22	95,77	115,18	94,67	23,00	107,13
Entrelaçado x ESALQ-PB1	231,01	107,28	130,87	107,57	28,28	131,72
Testemunha*	215,33	100,00	121,66	100,00	21,47	100,00

* Média das testemunhas Ag-401 e Cargill 511.

TABELA 15. Valores médios obtidos para os caracteres comprimento de espiga (CE), número de grãos por fileira (NGF) e número de fileiras por espiga (NFE), referentes às três populações e à testemunha. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

População	CE		NGF		NFE	
	(cm/espiga)	%	(grãos/fil.)	%	(fil./esp.)	%
ESALQ-PB1	16,18	96,31	35,15	94,03	13,96	104,56
Cravo x ESALQ-PB1	14,39	85,65	34,15	91,36	16,49	123,52
Entrelaçado x ESALQ-PB1	17,18	102,26	33,10	88,55	14,80	110,86
Testemunha*	16,80	100,00	37,38	100,00	13,35	100,00

* Média das testemunhas Ag-401 e Cargill 511.

TABELA 16. Valores médios obtidos para os caracteres diâmetro de espiga (DE) e diâmetro de sabugo (DS), referentes às três populações e à testemunha. Pi
 . racicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

População	DE		DS	
	(cm/espiga)	%	(cm/sabugo)	%
ESALQ-PB1	4,20	101,94	2,87	102,87
Cravo x ESALQ-PB1	4,46	108,25	2,90	103,94
Entrelaçado x ESALQ-PB1	4,00	97,09	2,76	98,92
Testemunha*	4,12	100,00	2,79	100,00

* Média das testemunhas Ag-401 e Cargill 511.

TABELA 17. Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância agrupadas, eficiência do látice, coeficientes de variação experimental (Cve.%), genético (CVg.%) e dos índices de variação θ , referentes ao caráter peso de espiga (g/planta)² e para as três populações. Pi racicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

F.V.	G.L.	Quadrados médios:		
		ESALQ-PB1	Cravo x ESALQ-PB1	Entrelaçado x ESALQ-PB1
Repetições/Exp.	8	3.081,7200	7.640,2600	1.429,7000
Fam. ajustadas/Exp.	192	573,3583**	482,7842*	601,8375**
Erro Intrabloc médio	312	355,4246	368,3246	263,9154
Ef. Látice		131,32	134,89	125,35
Cve. %		15,27	16,43	15,64
CVg. %		6,90	5,29	10,22
$\hat{\theta}$		0,45	0,33	0,65

* significativo ao nível de 5% de probabilidade.

** significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 18. Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância agrupadas, eficiência do látice, coeficientes de variação experimental (Cve.%), genético (CVg.%) e dos índices de variação (θ), referentes ao caráter peso de espiga (g/planta)² e para as três populações. Piracicaba - SP (Água Santa), 1983/84.

F.V.	G.L.	Quadrados médios		
		ESALQ-PB1	Cravo x ESALQ-PB1	Entrelaçado x ESALQ-PB1
Repetições/Exp.	8	887,0800	3.579,5800	83,1950
Fam. ajustadas/Exp.	192	422,2317**	432,2250**	491,2150**
Erro Intrabloco médio	312	224,2036	216,1010	170,0170
Ef. Látice		112,63	105,08	101,60
Cve.%		11,50	12,45	13,22
CVg.%		6,24	7,19	10,49
$\hat{\theta}$		0,54	0,58	0,79

** significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 19. Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises conjunta de variância, coeficientes de variação experimental (Cve.%), genético (CVg.%) e dos índices de variação (θ), referentes ao caráter peso de espigas (g/planta)² e para as três populações. Piracicaba - SP (Caterpillar e Água Santa), 1983/84.

F.V.	G.L.	Quadrados médios		
		ESALQ-PB1	Cravo x ESALQ-PB1	Entrelaçado x ESALQ-PB1
Locais/Exp.	4	1.984,4000	321,6000	2.654,4000
Trat. ajust./Exp.	192	198,2330*	220,3833**	267,1666**
T x L/Exp.	192	147,9920**	127,3033ns	125,6583**
Erro efetivo médio	624	104,3133	107,3300	77,4200
Cve.%		13,95	15,34	15,06
CVg.%		3,95	5,83	8,31
$\hat{\theta}$		0,28	0,38	0,55

ns não significativo

* significativo ao nível de 5% de probabilidade

** significativo ao nível de 1% de probabilidade

TABELA 20. Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância agrupadas, eficiência do látice, coeficientes de variação experimental (CVe.), genético (CVg.) e dos índices de variação (θ), referentes ao caráter peso de grãos (g/planta)² e para as três populações. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

F.V.	G.L.	Quadrados médios		
		ESALQ-PB1	Cravo x ESALQ-PB1	Entrelaçado x ESALQ-PB1
Repetições/Exp.	8	2.228,7800	5.668,1600	1.050,0400
Fam. ajustadas/Exp.	192	404,9758**	350,7450**	432,3025**
Erro Intrabloc médio	312	248,4759	270,1887	189,0862
Ef. Látice		130,95	134,87	125,73
CVe.%		16,16	17,42	16,52
CVg.%		7,40	5,49	10,81
$\hat{\theta}$		0,46	0,32	0,65

* significativo ao nível de 5% de probabilidade.

** significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 21. Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância agrupadas, eficiência do látice, coeficientes de variação experimental (CVe.%), genético (CVg.%) e dos índices de variação (θ), referentes ao caráter peso de grãos (g/planta)² e para as três populações. Piracicaba - SP (Água Santa), 1983/84.

F.V.	G.L.	Quadrados médios		
		ESALQ-PB1	Cravo x ESALQ-PB1	Entrelaçado x ESALQ-PB1
Repetições/Exp.	8	624,0300	2.619,2800	48,8400
Fam. ajustadas/Exp.	192	272,3270**	308,5573**	370,9361**
Erro Intrabloco médio	312	152,8132	116,9789	121,0412
Ef. Látice		110,93	105,33	103,42
CVe.%		12,05	11,29	14,25
CVg.%		6,15	8,34	11,82
$\hat{\theta}$		0,51	0,74	0,83

* significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 22. Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises conjunta de variância, coeficientes de variação experimental (Cve.%), genético (CVg.%) e do índice de variação (θ) referentes ao caráter peso de grãos (g/planta)² e para as três populações. Piracicaba - SP (Caterpillar e Água Santa), 1983/84.

F.V.	G.L.	Quadrados médios		
		ESALQ-PB1	Cravo x ESALQ-PB1	Entrelaçado x ESALQ-PB1
Locais/Exp.	4	1.141,2100	371,6000	2.146,4000
Trat. ajust./Exp.	192	143,1460*	151,9417**	193,0333**
T x L/Exp.	192	101,8670**	93,1917ns	92,2600**
Erro efetivo médio	624	73,0000	78,0300	55,0850
Cve.%		14,82	16,10	16,00
CVg.%		4,55	5,70	8,84
$\hat{\theta}$		0,31	0,35	0,55

ns não significativo

* significativo ao nível de 5% de probabilidade.

** significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 23. Estimativas obtidas para a variância genética entre famílias ($\hat{\sigma}_p^2$), variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), variância fenotípica dentro de famílias ($\hat{\sigma}_d^2$), variâncias fenotípicas entre plantas ($\hat{\sigma}_F^2$) e entre médias de famílias ($\hat{\sigma}_F^2$) em (g/planta)², e para os coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas (h_x^2) e ao nível de médias de progênies (\bar{h}_x^2) em porcentagem, referentes às três populações e aos caracteres peso de espiga (PE) e peso de grãos (PG). Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

	ESALQ-PB1		Cravo x ESALQ-PB1		Entrelaçado x ESALQ-PB1	
	PE	PG	PE	PG	PE	PG
$\hat{\sigma}_p^2$	72,6446	52,1666	38,1532	26,8521	112,6407	81,0721
$\hat{\sigma}_A^2$	290,5784	208,6664	152,6128	107,4084	450,5628	324,2884
$\hat{\sigma}_e^2$	253,8747	177,4828	263,0890	192,9919	188,5109	135,0615
$\hat{\sigma}_d^2$	2.538,7472	1.774,8278	2.630,8900	1.929,9194	1.885,1098	1.350,6153
$\hat{\sigma}_F^2$	2.865,2665	2.004,4772	2.932,1322	2.149,7634	2.186,2614	1.566,7489
$\hat{\sigma}_F^2$	191,1194	134,9919	160,9280	116,9150	200,6125	144,1008
$\bar{h}_x^2\%$	10,14	10,41	5,20	5,00	20,61	20,70
$\bar{h}_x^2\%$	38,01	38,64	23,70	22,97	56,15	56,26

TABELA 24. Estimativas obtidas para a variância genética entre famílias ($\hat{\sigma}_p^2$), variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), variância fenotípica dentro de famílias ($\hat{\sigma}_d^2$), variâncias fenotípicas entre plantas ($\hat{\sigma}_F^2$) e entre médias de famílias ($\hat{\sigma}_F^2$) em (g/planta)², e para os coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas (\hat{h}_x^2) e ao nível de médias (\hat{h}_x^2) em porcentagem, referentes às três populações e aos caracteres peso de espiga (PE) e peso de grãos (PG). Piracicaba - SP (Água Santa), 1983/84.

	ESAL Q-PB1		Cravo x ESAL Q-PB1		Entrelaçado x ESAL Q-PB1	
	PE	PG	PE	PG	PE	PG
$\hat{\sigma}_p^2$	66,0094	39,8380	72,0413	63,8593	107,0660	83,2983
$\hat{\sigma}_A^2$	264,0376	159,3520	288,1652	255,4372	428,2640	333,1932
$\hat{\sigma}_e^2$	160,1454	109,1521	154,3578	83,5564	121,4407	86,4578
$\hat{\sigma}_d^2$	1.601,4500	1.091,5210	1.543,5780	835,5640	1.214,4070	864,5780
$\hat{\sigma}_F^2$	1.827,6048	1.240,5111	1.769,9771	982,9797	1.442,9137	1.034,3341
$\hat{\sigma}_F^2$	140,7439	90,7757	144,0750	102,8523	163,7383	123,6453
$\hat{h}_x^2\%$	14,45	12,85	16,28	25,98	29,68	32,21
$\hat{h}_x^2\%$	46,90	43,88	50,00	62,08	65,39	67,37

TABELA 25. Estimativas obtidas da análise conjunta para a variância genética entre famílias ($\hat{\sigma}_p^2$), variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), variância fenotípica dentro de famílias ($\hat{\sigma}_d^2$), variâncias fenotípicas entre plantas ($\hat{\sigma}_F^2$) e entre médias de famílias ($\hat{\sigma}_F^2$), variâncias de tratamento x locais ($\hat{\sigma}_{p1}^2$) e aditiva x local ($\hat{\sigma}_{AL}^2$), e para os coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas (h^2) e ao nível de médias (h_x^2) em porcentagem, referentes às três populações e aos caracteres peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG). Piracicaba - SP (Caterpillar e Água Santa), 1983/84.

	ESALQ-PB1		Cravo x ESALQ-OB1		Entrelaçado x ESALQ-PB1	
	PE	PG	PE	PG	PE	PG
$\hat{\sigma}_p^2$	25,1205	20,6395	46,5400	29,3750	70,7545	50,3863
$\hat{\sigma}_A^2$	100,4820	82,5580	186,1600	117,5000	283,0180	201,5452
$\hat{\sigma}_e^2$	207,0101	143,3175	208,7234	138,2741	154,9758	110,7597
$\hat{\sigma}_d^2$	2.070,1010	1.433,1750	2.087,2340	1.382,7410	1.549,7580	1.107,5970
$\hat{\sigma}_F^2$	2.345,9103	1.625,9990	2.362,4674	1.565,5501	1.823,7263	1.305,9170
$\hat{\sigma}_{AL}^2$	95,2622	68,5137	105,2271	69,2190	131,0345	94,8172
h^2	43,6787	28,8670	19,9700	15,1600	48,2380	37,1740
h_x^2	174,7148	115,4680	79,8800	60,6500	192,9520	148,6960
	4,28	5,08	7,88	7,51	15,52	15,43
	26,37	30,13	44,23	42,44	54,00	53,14

TABELA 26. Estimativas dos progressos genéticos esperados (Δ_s) por ciclo, através dos processos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos (SEDFMI) com sementes remanescentes e de seleção massal (SM) em ambos os sexos, baseadas nas análises agrupadas do Local 1, e referentes às três populações e aos caracteres peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG), em gramas/planta. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

Populações	Processo de seleção+	PE		PG	
		Δ_s /ciclo	Δ_s /ciclo (%)	Δ_s /ciclo	Δ_s /ciclo (%)
ESALQ-PB1	SEDFMI	11,16	9,04	9,55	9,79
	SM	9,54	7,72	8,20	8,40
Cravo x ESALQ-PB1	SEDFMI	6,15	5,26	5,09	5,39
	SM	4,96	4,25	4,08	4,32
Entrelaçado x ESALQ-PB1	SEDFMI	17,98	17,31	15,27	18,34
	SM	16,96	16,33	14,40	17,30

+ SEDFMI: considerou-se a intensidade de seleção de 20% entre famílias e de 10% dentro de famílias de meios irmãos.

SM : considerou-se a intensidade de seleção de 10%.

TABELA 27. Estimativas dos progressos genéticos esperados (Δ_s) por ciclo, através dos processos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos com sementes remanescentes (SEDFMI) e de seleção massal em ambos os sexos (SM), baseadas nas análises agrupadas do local 2, e referentes às três populações e aos caracteres peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG) em (g/planta). Piracicaba - SP (Água Santa), 1983/84.

Populações	Processo de seleção +	PE		PG	
		Δ_s /ciclo	Δ_s /ciclo (%)	Δ_s /ciclo	Δ_s /ciclo (%)
ESALQ-PB1	SEDFMI	12,14	9,32	9,03	8,80
	SM	10,87	8,35	7,96	7,76
Cravo x ESALQ-PB1	SEDFMI	13,24	11,21	14,64	15,28
	SM	12,06	10,21	14,34	14,97
Entrelaçado x ESALQ-PB1	SEDFMI	19,82	20,10	17,97	23,28
	SM	19,84	20,21	18,23	23,61

+ SEDFMI: considerou-se a intensidade de seleção de 20% entre famílias e de 10% dentro de famílias de meios irmãos.

SM : considerou-se a intensidade de seleção de 10%.

TABELA 28. Estimativas dos progressos genéticos esperados (Δ_s) por ciclo, através dos processos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos com sementes remanescentes (SEDFMI) e de seleção massal em ambos os sexos (SM)*, baseadas nas análises conjuntas e referentes às três populações e aos caracteres peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG) em (g/planeta). Piracicaba - SP (Caterpillar e Água Santa), 1983/84.

Populações	Processo de seleção +	PE		PG	
		Δ_s /ciclo	Δ_s /ciclo (%)	Δ_s /ciclo	Δ_s /ciclo (%)
ESALQ-PB1	SEDFMI	5,06	3,99	4,93	4,94
	SM	3,72	2,93	3,88	3,88
Cravo x ESALQ-PB1	SEDFMI	9,04	7,70	7,03	7,40
	SM	6,92	5,92	5,53	5,82
Entrelaçado x ESALQ-PB1	SEDFMI	13,40	13,25	11,25	14,02
	SM	11,88	11,74	10,00	12,46

* Δ_s com SM: considerou-se como a média do progresso do Local 1 e Local 2, sendo a variância aditiva livre da interação com local.

+ SEDFMI: considerou-se a intensidade de seleção de 20% entre famílias e de 10% dentro de famílias de meios irmãos.

SM : considerou-se a intensidade de seleção de 10%.

TABELA 29. Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância agrupadas, eficiência do látice, coeficientes de variação experimental (CVe.%), genético (CVg.%) e dos índices de variação (θ), referentes ao caráter altura da planta (cm/planta)² e para as três populações. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

F.V.	G.L.	Quadrados médios		
		ESALQ-PB1	Cravo x ESALQ-PB1	Entrelaçado x ESALQ-PB1
Repetições/Exp.	8	993,8237	2.570,6487	1.386,9037
Fam. ajustadas/Exp.	192	368,4635**	262,8958**	365,7396**
Erro Intrabloco médio	312	205,1340	140,5028	172,7688
Dentro	2352	310,2296	277,0846	323,2470
Ef. Látice		125,39	125,32	133,88
CVe. %		6,57	5,74	5,68
CVg. %		3,39	3,10	3,47
θ		0,52	0,54	0,61

** significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 30. Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância agrupadas, eficiência do látice, coeficientes de variação experimental (Cve %), genético (CVg %) e dos índices de variação(θ), referentes ao caráter altura de espiga (cm/planta)² e para as três populações. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

F.V.	G.L.	Quadrados médios		
		ESALQ-PB1	Cravo x ESALQ-PB1	Entrelaçado x ESALQ-PB1
Repetições/Exp.	8	520,0725	1.475,6887	597,0775
Fam. ajustadas/Exp.	192	192,9584**	123,2865**	153,3437**
Erro Intrablocó médio	312	103,4735	68,3325	87,0257
Dentro	2352	204,2644	174,2785	215,3516
Ef. Látice		126,59	118,68	119,66
Cve. %		8,22	7,17	7,13
CVg. %		4,38	3,72	3,59
θ		0,53	0,52	0,50

** significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 31. Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises agrupadas, eficiência do látice, coeficientes de variação experimental (Cve.%), genético (CVg.%), e dos índices de variação (θ), referentes ao caráter número de ramificações do pendão (ram/planta)² e para as três populações. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

F.V.	G.L.	Quadrados médios		
		ESALQ-PB1	Cravo x ESALQ-PB1	Entrelaçado x ESALQ-PB1
Repetições/Exp.	8	9,0237	32,2234	4,3538
Fam. ajustadas/Exp.	192	31,9573**	26,3935**	38,7631**
Erro Intrabloco/Exp.	312	10,9650	9,6077	11,3136
Dentro	2532	38,9493	39,0751	47,5474
Ef. Látice		101,99	102,30	106,58
Cve. %		13,80	13,47	11,89
CVg. %		11,02	20,28	10,69
$\hat{\theta}$		0,80	0,76	0,90

** significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 32. Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância agrupadas, eficiência do látice, coeficiente de variação experimental (Cve.%), genético (CVg.%) e dos índices de variação (θ), referentes ao caráter comprimento de espiga (cm/planta)² e para as três populações. Milho. Piracicaba - SP (Caterpillar). 1983/84.

F.V.	G.L.	Quadrados médios ⁺		
		ESALQ-PB1	Cravo x ESALQ-PB1	Entrelaçado x ESALQ-PB1
Repetições/Exp.	8	186,5050	547,1425	188,3562
Fam. ajustadas/Exp.	192	238,9095**	202,3913**	323,5598**
Erro Intrablocó médio	312	134,3269	130,2295	179,8521
Dentro	2352	493,5927	398,1717	570,1573
<small>EXAMINADO 1983-1984</small>				
Ef. Látice		103,90	106,06	109,65
Cve. %		7,16	7,93	7,80
CVg. %		3,65	3,40	4,03
$\hat{\theta}$		0,51	0,43	0,52

** significativos ao nível de 1% de probabilidade.

+ valores multiplicados por 10².

TABELA 33. Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância, eficiência do látice, coeficientes de variação experimental (CVe.%), genético (CVg.%) e dos índices de variação (θ), referentes ao caráter número de grãos por fileira (nº de grãos por fileira/espi ga)² e para as três populações. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

F.V.	G.L.	Quadrados médios ⁺		
		ESALQ-PB1	Cravo x ESALQ-PB1	Entrelaçado x ESALQ-PB1
Repetições/Exp.	2	1.226,7700	8.756,6100	2.321,3800
Fam. ajustadas	48	1.932,9000*	1.757,1900**	1.250,3300*
Erro Intrabloc	78	1.146,2300	951,5800	787,2000
Dentro	588	2.978,6400	3.046,1900	2.498,4400
Ef. Látice		101,02	101,92	100,07
CVe. %		9,62	8,94	8,40
CVg. %		4,60	4,75	3,75
$\hat{\theta}$		0,48	0,53	0,45

+ valores multiplicados por 10².

* significativo ao nível de 5% de probabilidade.

** significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 34. Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância, eficiência do látice, coeficientes de variação experimental (CVe.%), genético (CVg.%) e dos índices de variação (θ), referentes ao caráter número de fileiras por espiga (nº fileira/espiga)² e para as três populações. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

F.V.	G.L.	Quadrados médios ⁺		
		ESALQ-PB1	Cravo x ESALQ-PB1	Entrelaçado x ESALQ-PB1
Repetições	2	8,1900	116,8000	649,6100
Fam. ajustadas	48	125,3679**	257,8400**	204,0000**
Erro Intrabloco	78	40,8652	92,1900	98,7500
Dentro	588	253,8775	355,9200	429,1200
Ef. Látice		106,07	104,68	101,74
CVe. %		4,59	6,49	6,02
CVg. %		3,80	5,02	3,59
$\hat{\theta}$		0,82	0,77	0,60

+ valores multiplicados por 10²

** significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 35. Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância agrupadas, eficiência do látice, coeficientes de variação experimental (CVe.%), genético (CVg.%) e dos índices de variação (θ), referentes ao caráter diâmetro de espiga (cm/espiga)² e para as três populações. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

F.V	G.L.	Quadrados médios ⁺		
		ESALQ	Cravo x ESALQ-PB1	Entrelaçado x ESALQ-PB1
Repetições/Exp.	8	7,5375	56,0700	5,5012
Fam. ajustadas/Exp.	192	6,8793**	11,3486**	11,2623**
Erro Intrabloco médio	312	3,1265	6,5516	5,1572
Ef. Látice		103,20	107,31	102,16
CVe.%		4,21	5,73	5,67
CVg.%		2,66	2,83	3,56
$\hat{\theta}$		0,63	0,49	0,62

+ valores multiplicados por 10²

** significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 36. Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância, eficiência do látice, coeficientes de variação experimental (CVe.%), genético (CVg.%) e dos índices de variação (θ), referentes ao caráter diâmetro do sabugo (cm/sabugo)² e para as três populações. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

F.V.	G.L.	Quadrados médios ⁺		
		ESALQ-PB1	Cravo x ESALQ-PB1	Entrelaçado x ESALQ-PB1
Repetições	8	29,7375	41,6250	20,2875
Fam. ajust./Exp.	192	32,1911**	53,9708**	56,0141**
Erro Intrabloco médio	312	17,7429	24,0859	18,5420
Ef. Látice		106,32	104,60	104,62
CVe. %		4,65	5,34	4,92
CVg. %		2,42	3,43	4,04
$\hat{\theta}$		0,52	0,64	0,82

+ valores multiplicados por 10³

** significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 37. Estimativas obtidas para a variância genética entre famílias ($\hat{\sigma}_P^2$), variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), variância fenotípica dentro de famílias ($\hat{\sigma}_d^2$), variâncias fenotípicas entre plantas ($\hat{\sigma}_F^2$) e entre médias de famílias ($\hat{\sigma}_F^2$) em (cm/planta)², e para os coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas (h^2) e ao nível de médias (h_x^2) em porcentagem, referentes às três populações e aos caracteres altura de planta (AP) e altura de espiga (AE). Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

	ESALQ-PB1		Cravo x ESALQ-PB1		Entrelaçado x ESALQ-PB1	
	AP	AE	AP	AE	AP	AE
$\hat{\sigma}_P^2$	54,4432	29,8283	40,7977	18,3180	64,3236	22,1060
$\hat{\sigma}_A^2$	217,7728	119,3132	163,1908	73,2720	257,2944	88,4240
$\hat{\sigma}_e^2$	143,0880	62,6206	85,0858	33,4768	108,1194	43,9554
$\hat{\sigma}_d^2$	310,2296	204,2644	277,0846	174,2785	323,2470	215,3516
$\hat{\sigma}_F^2$	507,7608	296,7133	402,9681	226,0733	495,6900	281,4130
$\hat{\sigma}_F^2$	122,8211	64,3195	87,6319	41,0955	121,9132	51,1146
$h^2\%$	42,88	40,21	40,50	31,97	51,90	31,42
$h_x^2\%$	44,33	46,37	46,55	44,57	52,76	43,25

TABELA 38. Estimativas obtidas para a variância genética entre famílias ($\hat{\sigma}_A^2$), variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), variância fenotípica dentro de famílias ($\hat{\sigma}_d^2$), variâncias fenotípicas entre plantas ($\hat{\sigma}_F^2$) e entre medidas de famílias ($\hat{\sigma}_F^2$), para comprimento de espiga em (cm/espiga)² e para número de ramificações do pendão em (nº ram./planta)², com os respectivos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas (\hat{h}^2) e ao nível de médias (\hat{h}_x^2) em porcentagem, referentes às três populações. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

	ESALQ-PB1		Cravo x ESALQ-PB1		Entrelaçado x ESALQ-PB1	
	CE ⁺	NRP	CE ⁺	NRP	CE ⁺	NRP
$\hat{\sigma}_p^2$	34,8609	6,9974	24,0539	5,5953	47,9026	9,1498
$\hat{\sigma}_A^2$	139,4436	27,9896	96,2156	22,3812	191,6104	36,5992
$\hat{\sigma}_e^2$	35,6084	3,1751	50,5952	1,7927	65,8206	1,8041
$\hat{\sigma}_d^2$	493,5927	38,9493	398,1717	39,0751	570,1573	47,5474
$\hat{\sigma}_F^2$	564,0620	49,1218	472,8208	46,4631	683,8805	58,5013
$\hat{\sigma}_F^2$	79,6365	10,6524	67,4638	8,7978	107,8533	12,9210
$\hat{h}^2\%$	24,72	56,98	20,35	48,17	28,02	62,56
$\hat{h}_x^2\%$	43,77	65,69	35,65	63,60	44,41	70,81

+ valores das variâncias multiplicados por 10².

TABELA 39. Estimativas obtidas para a variância genética entre famílias ($\hat{\sigma}_p^2$), variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), variância fenotípica dentro de famílias ($\hat{\sigma}_d^2$), variâncias fenotípicas entre plantas ($\hat{\sigma}_F^2$) e entre médias de famílias ($\hat{\sigma}_F^2$), referentes às três populações e aos caracteres número de fileiras por espiga (NFE) em (nº fileiras/espiga)², e número de grãos por fileira (NGF) em (nº grãos/fileira)², com os respectivos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas individuais (\hat{h}^2) e ao nível de médias (\hat{h}_x^2) em porcentagem. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

	ESALQ-PB1		Cravo x ESALQ-PB1		Entrelaçado x ESALQ-PB1	
	NFE ⁺	NGF ⁺	NFE ⁺	NGF ⁺	NFE ⁺	NGF ⁺
$\hat{\sigma}_p^2$	28,1676	262,2233	55,2167	268,5367	35,0833	154,3767
$\hat{\sigma}_A^2$	112,6704	1.048,8932	220,8668	1.074,1468	140,3332	617,5068
$\hat{\sigma}_e^2$	-9,9103	550,5020	21,0060	342,3420	12,9260	287,5120
$\hat{\sigma}_d^2$	253,8775	2.978,6400	355,9200	3.046,1900	429,1200	2.498,4400
$\hat{\sigma}_F^2$	272,1348	3.791,3653	432,1427	3.657,0687	477,1293	2.940,3287
$\hat{\sigma}_F^2$	41,7893	644,3000	85,9466	585,7300	68,0000	416,7766
h^2	41,40	27,66	51,11	29,37	29,41	21,00
h_x^2	67,40	40,70	64,24	45,85	51,59	37,04

+ valores das variâncias multiplicados por 10².

TABELA 40. Estimativas obtidas para a variância genética entre famílias ($\hat{\sigma}_p^2$), variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variâncias fenotípicas entre médias de famílias ($\hat{\sigma}_F^2$), referentes às três populações e aos caracteres diâmetro de espiga (DE) em (cm/espiga)², e diâmetro de sabugo (DS) em (cm/sabugo)², com os respectivos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias (h_x^2) em porcentagem. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

	ESALQ-PB1		Cravo x ESALQ-PB1		Entrelaçado x ESALQ-PB1	
	DE ⁺	DS [*]	DE ⁺	DS [*]	DE ⁺	DS [*]
$\hat{\sigma}_p^2$	1,2509	4,8160	1,5989	9,9616	2,0350	12,4907
$\hat{\sigma}_A^2$	5,0036	19,2640	6,3956	39,8464	8,1400	49,9628
$\hat{\sigma}_F^2$	2,2931	10,7304	3,7829	17,9903	3,7541	18,6713
$h_x^2\%$	54,55	44,88	42,27	55,37	54,21	66,90

+ valores das variâncias multiplicados por 10².

* valores das variâncias multiplicados por 10³.

TABELA 41. Estimativas dos progressos genéticos esperados (Δ_s) por ciclo no Local 1, para as três populações e para oito caracteres estudados, com seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos e uso de sementes remanescentes, considerando-se as intensidades de seleção de 20% entre e de 10% dentro de famílias. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

Características	ESALQ-PB1		Cravo x ESALQ-PB1		Entrelaçado x ESALQ-PB1	
	Δ_s /ciclo (%)	Δ_s /ciclo (%)				
Altura da planta (cm/planta)	12,13	5,57	12,57	6,09	17,59	7,61
Altura de espiga (cm/planta)	10,70	8,65	7,66	6,65	8,31	6,34
Diâmetro de espiga (cm/espiga)*	0,12	2,76	0,11	2,60	0,15	3,60
Diâmetro de sabugo (cm/espiga)*	0,21	7,18	0,33	11,30	0,40	14,64
Comprimento espiga (cm/planta)	0,96	5,59	0,73	4,51	1,17	8,13
Nº ramificações pendão (nº/plan)	5,95	24,79	5,00	21,74	7,06	24,96
Nº grãos/fileira (nº/fileira)	2,72	7,74	2,84	8,32	1,87	5,65
Nº fileiras/espiga (nº fil./esp.)	0,56	4,02	0,86	5,20	0,52	3,51

* Progressos genéticos esperados com seleção entre famílias.

TABELA 42. Estimativas dos progressos esperados (Δ_s) por ciclo, para as três populações e para seis caracteres estudados, com seleção massal em ambos os sexos, considerando-se a intensidade de seleção de 10%. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

Características	ESALQ-PB1		Cravo x ESALQ-PB1		Entrelaçado x ESALQ-PB1	
	Δ_s /ciclo	Δ_s /ciclo (%)	Δ_s /ciclo	Δ_s /ciclo (%)	Δ_s /ciclo	Δ_s /ciclo (%)
Altura de planta (cm/planta)	17,00	7,80	14,30	6,90	20,34	8,80
Altura de espiga (cm/planta)	12,18	9,85	8,56	7,43	9,28	7,09
Comprimento da espiga (cm/planta)	1,03	5,99	0,78	4,82	1,30	9,03
Nº ramificações pendão (nº/planta)	7,02	29,26	5,77	25,09	8,42	29,77
Nº grãos por fileira (nº/fileira)	3,00	8,53	3,13	9,16	2,00	6,04
Nº fileira/espiga (nº fil./esp.)	1,20	8,61	1,87	11,34	1,13	7,63

FIGURAS

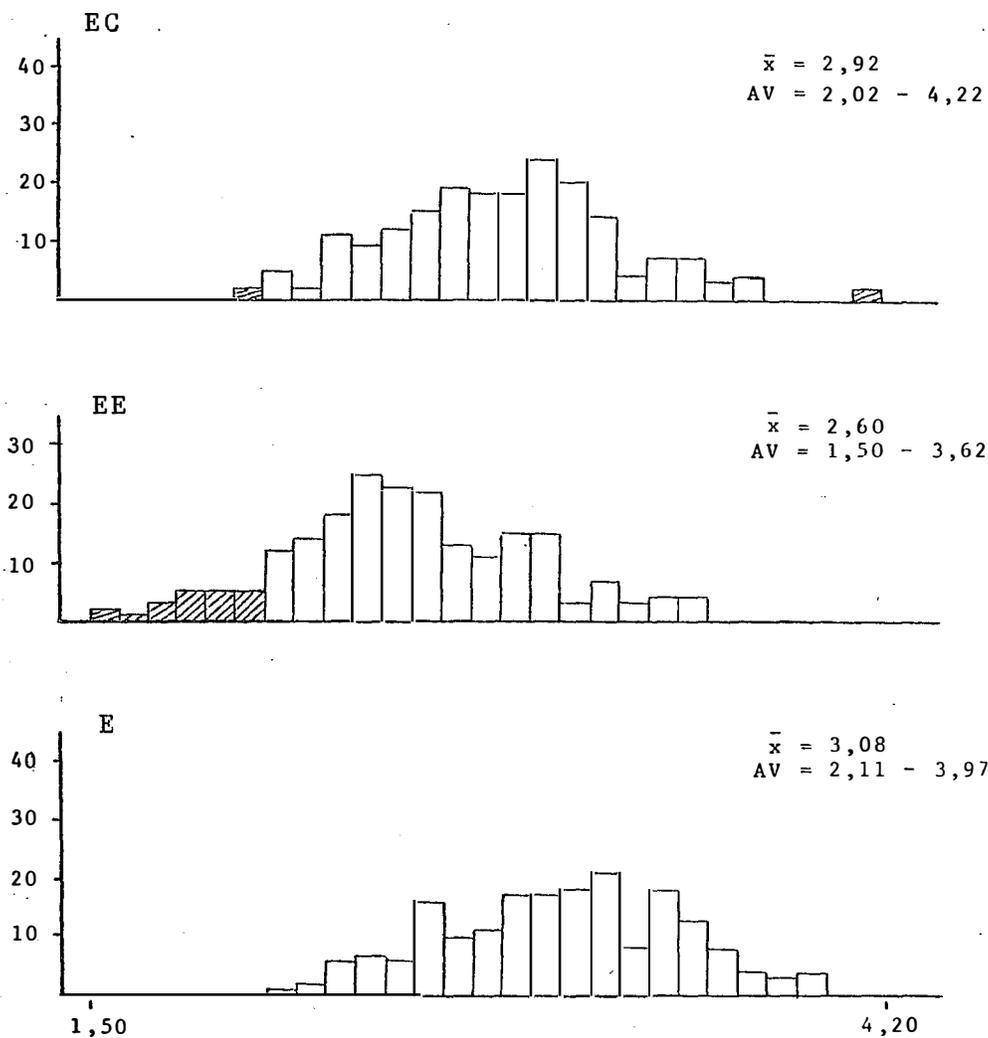


FIGURA 1. Distribuição das médias para peso de espigas ($\text{kg}/5 \text{ m}^2$), referente às três populações: EC - Cravo x ESALQ PBl; EE Entrelaçado x ESALQ-PBl e E - ESALQ-PBl, destacando-se os segregantes transgressivos (área hachurada) em relação à população C; médias de progênes (\bar{x}) e amplitude de de variação (AV). (Intervalo de classe = 0,10 e média das testemunhas = 3,32). Milho, Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

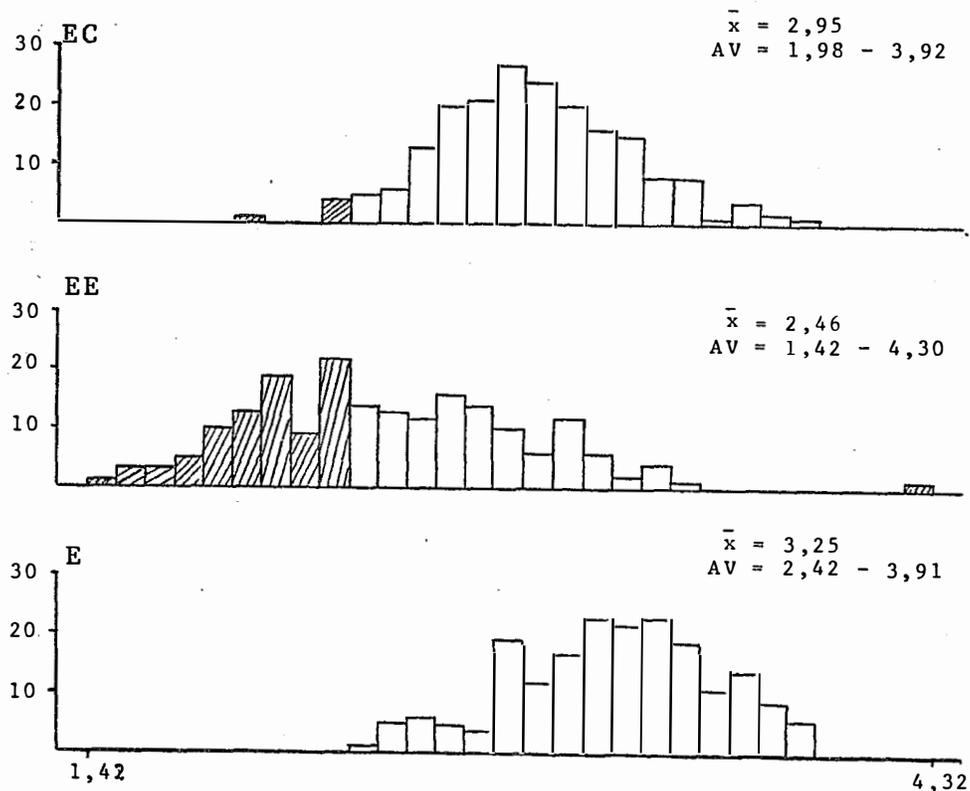


FIGURA 2. Distribuição das médias para peso de espigas (kg/5 m²), referente às três populações: EC - Cravo x ESALQ-PB1; EE - Entrelaçado x ESALQ-PB1; E - ESALQ-PB1, destacando-se os segregantes transgressivos (área hachurada) em relação à população C; médias de progênie (\bar{x}) e amplitude de variação (AV). (Intervalo de classe = 0,10 e média das testemunhas = 3,60). Milho. Piracicaba - SP (Água Santa, 1983/84).

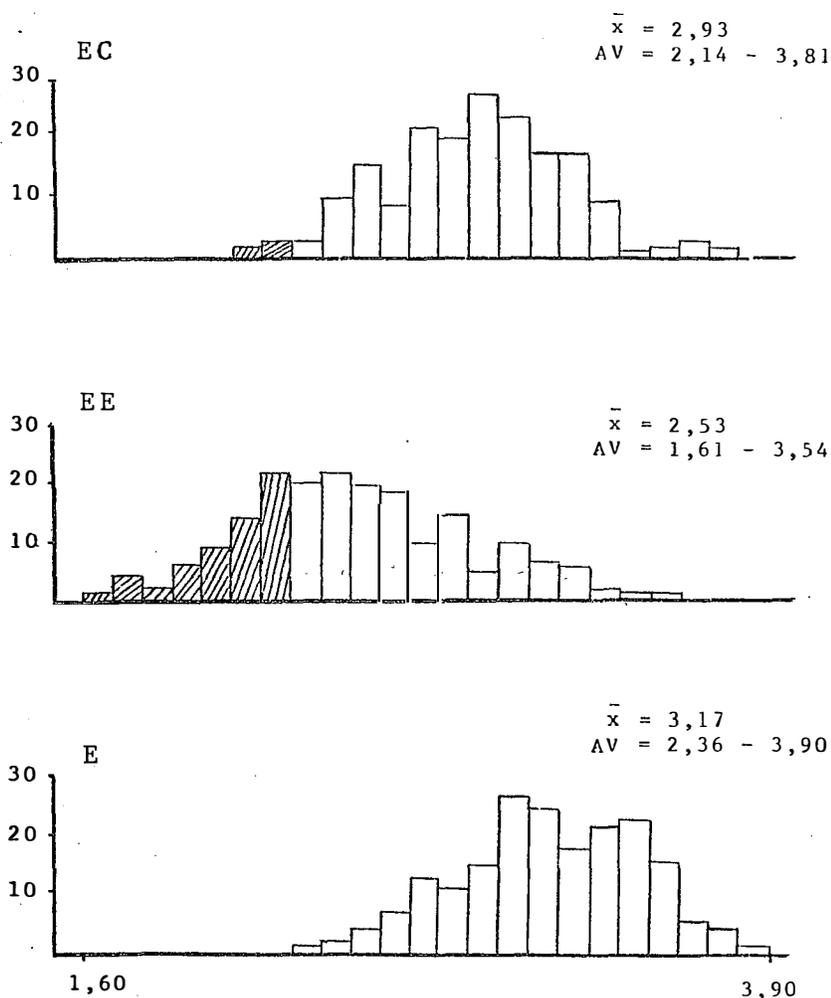


FIGURA 3. Distribuição das médias, nos dois locais, para peso de espigas ($\text{kg}/5 \text{ m}^2$), referente às três populações: EC - Cravo x ESALQ-PB1; EE - Entrelaçado x ESALQ-PB1 e E - ESALQ-PB1, destacando-se os segregantes transgressivos (área hachurada) em relação à população C; médias de progênies (\bar{x}) e amplitude (AV). (Intervalo de classe = 0,10 e média das testemunhas = 3,46). Milho. Piracicaba - SP (Caterpillar e Água Santa), 1983/84.

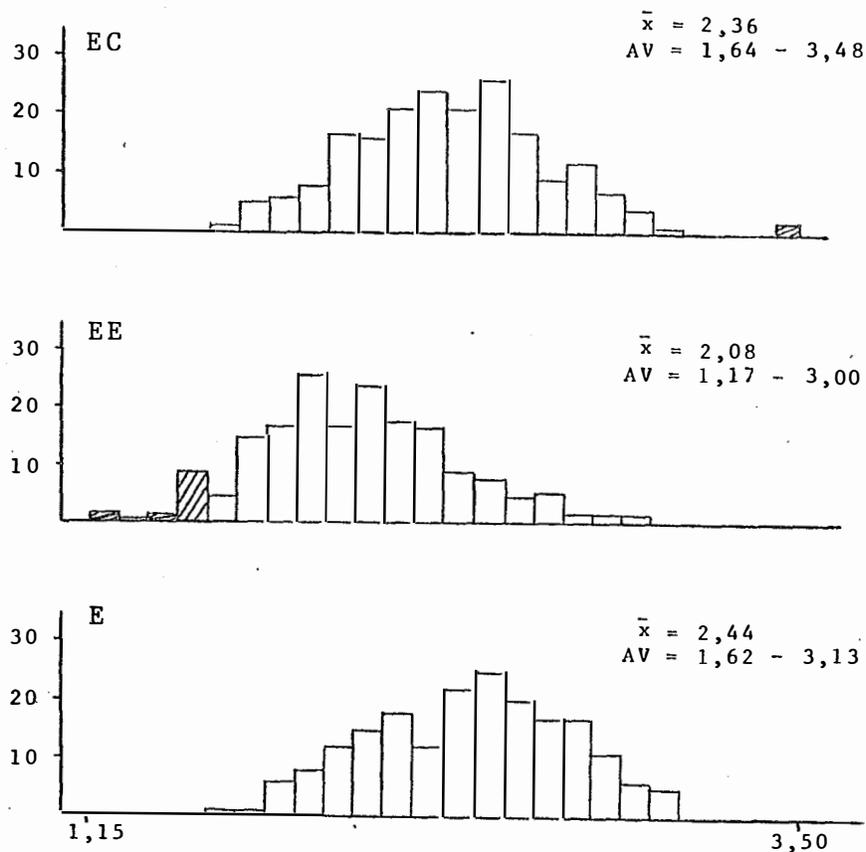


FIGURA 4. Distribuição das médias para peso de grãos (kg/5 m²), referente às três populações: EC - Cravo x ESALQ-PB1; EE - Entrelaçado x ESALQ-PB1 e E - ESALQ-PB1, destacando-se os segregantes transgressivos (área hachurada) em relação à população C; médias de progênie (\bar{x}) e amplitude de variação (AV). (Intervalo de classe = 0,10 e média das testemunhas = 2,69). Milho. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

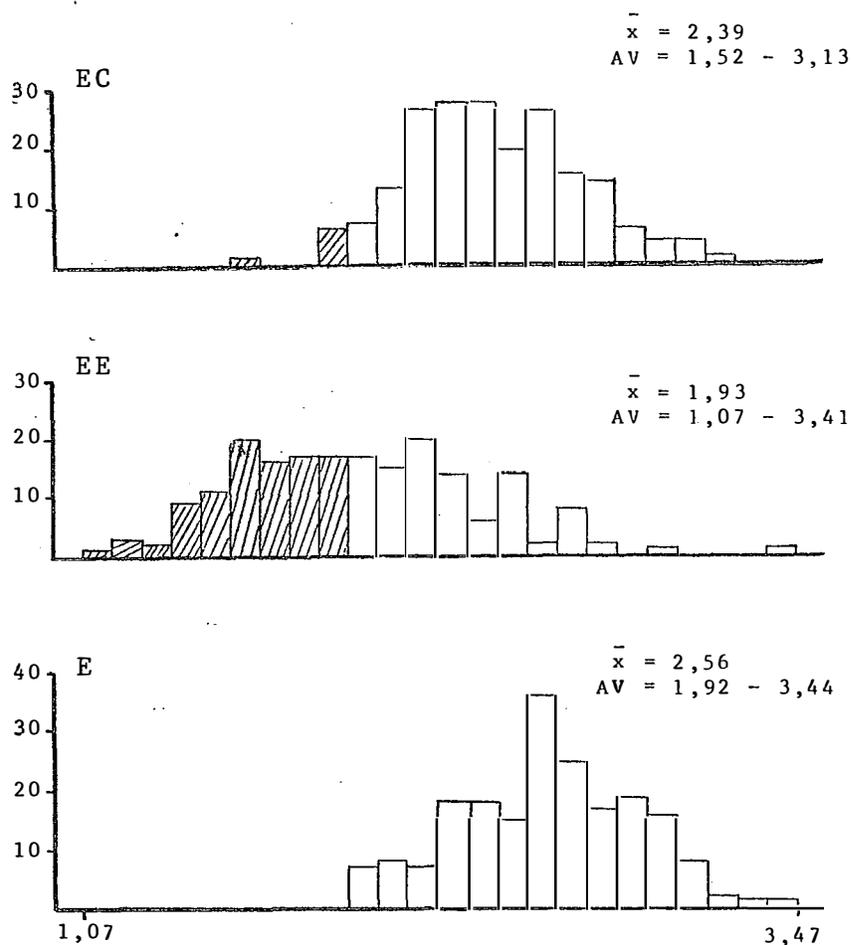


FIGURA 5. Distribuição das médias para peso de grãos (kg/5 m²), referente às três populações: EC- Cravo x ESALQ-PB1; EE- Entrelaçado x ESALQ-PB1 e E - ESALQ-PB1, destacando-se os segregantes transgressivos (área hachurada) em relação à população C; médias de progênies (\bar{x}) e amplitude de variação (AV). (Intervalo de classe = 0,10 e média das testemunhas = 2,95). Milho. Piracicaba - SP (Água Santa), 1983/84.

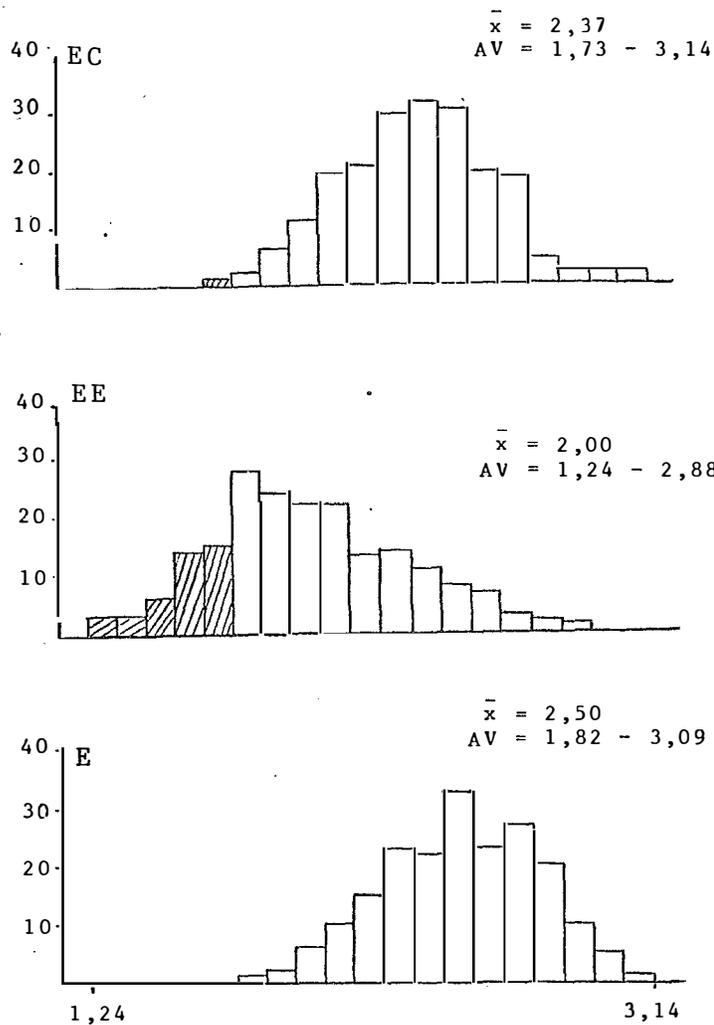


FIGURA 6. Distribuição das médias nos dois locais, para peso de grãos ($\text{kg}/5 \text{ m}^2$), referente às três populações: EC - Cravo x ESALQ-PB1; EE - Entrelaçado x ESALQ-PB1 e E - ESALQ-PB1, destacando-se os segregantes transgressivos (área hachurada) em relação à população C; médias de progênie (\bar{x}) e amplitude de variação (AV). (Intervalo de classe = 0,10 e média das testemunhas = 2,82). Milho. Piracicaba - SP (Caterpillar e Água Santa), 1983/84.

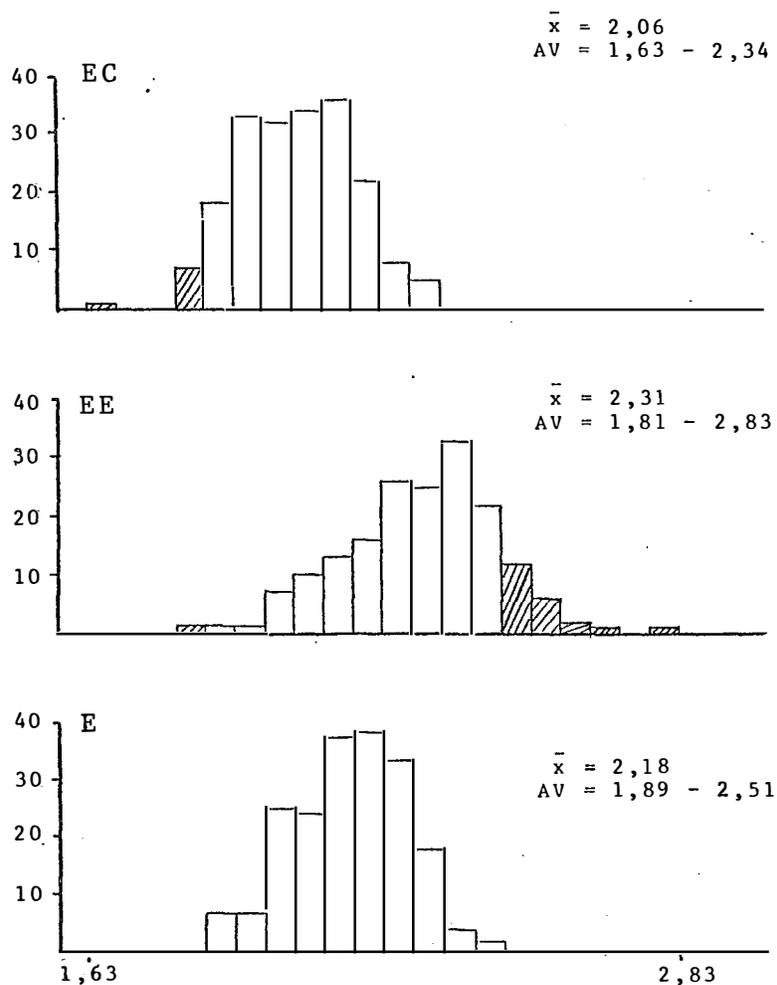


FIGURA 7. Distribuição das médias para altura de planta (m), referente às três populações: EC - Cravo x ESALQ-PB1; EE - Entrelaçado x ESALQ-PB1 e E - ESALQ-PB1, destacando-se os segregantes transgressivos (área hachurada) em relação à população C; médias de progênies (\bar{x}) e amplitude de variação (AV). (Intervalo de classe = 0,06 e média das testemunhas = 2,15). Milho. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

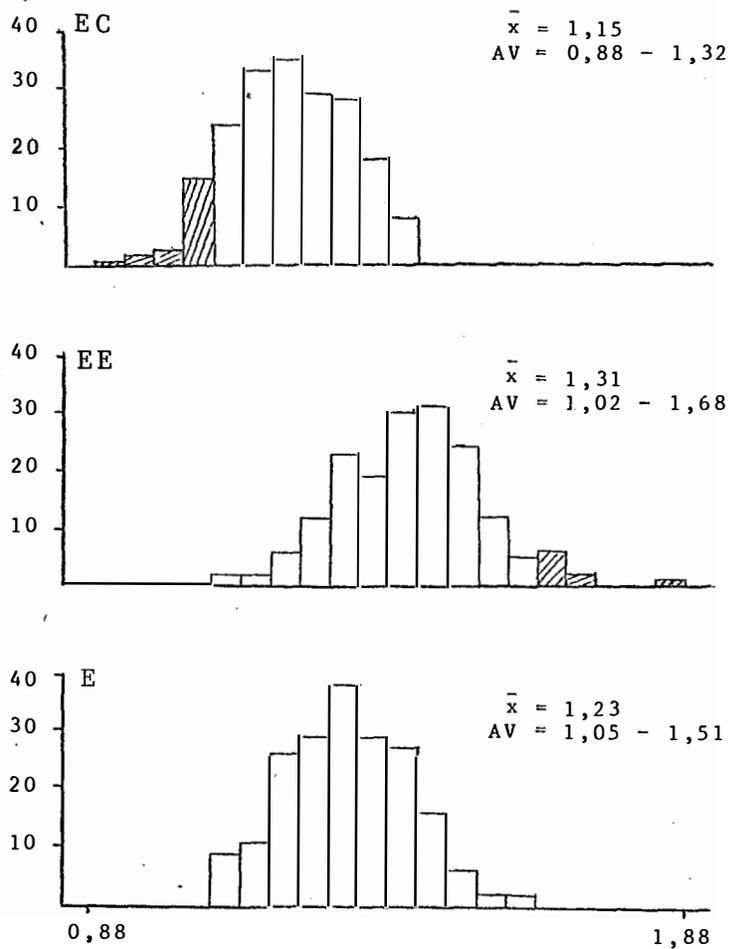


FIGURA 8. Distribuição das médias para altura de espiga (m), referente às três populações: EC - Cravo x ESALQ-PB1; EE - Entrelaçado x ESALQ-PB1 e E - ESALQ-PB1, destacando-se os segregantes transgressivos (área hachurada) em relação à população C; médias de progênies (\bar{x}) e amplitude de variação (AV). (Intervalo de classe = 0,04 e média das testemunhas = 1,22). Milho. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

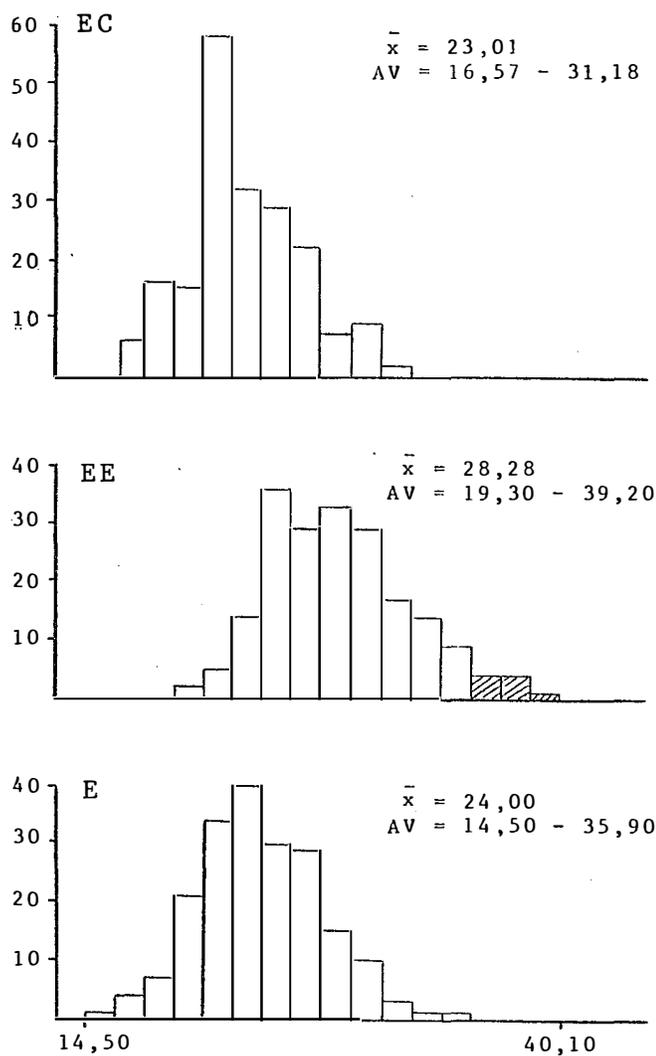


FIGURA 9. Distribuição das médias para número de ramificações do pendão (nº ram./planta), referente às três populações: EC - Cravo x ESALQ-PB1; EE - Entrelaçado x ESALQ-PB1 e E - ESALQ-PB1, destacando-se os segregantes transgressivos (área hachurada) em relação à população C; médias de progênes (\bar{x}) e amplitude de variação (AV). (Intervalo de classe = 1,60 e média das testemunhas = 21,47). Milho. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

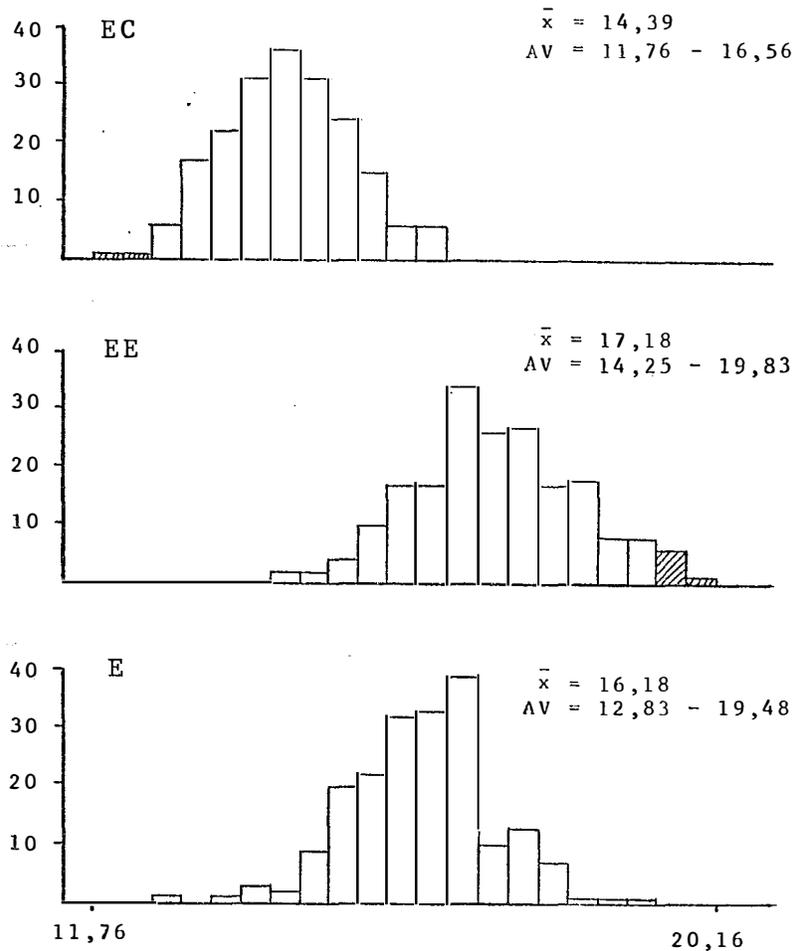


FIGURA 10. Distribuição das médias para comprimento de espiga (cm), referentes às três populações: EC - Cravo x ESALQ-PB1; EE - Entrelaçado x ESALQ-PB1 e E - ESALQ-PB1, destacando-se os segregantes transgressivos (área hachurada) em relação à população C; média das progênies (\bar{x}) e amplitude de variação (AV). (Intervalo de classe = 0,40 e média das testemunhas = 16,80). Milho. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

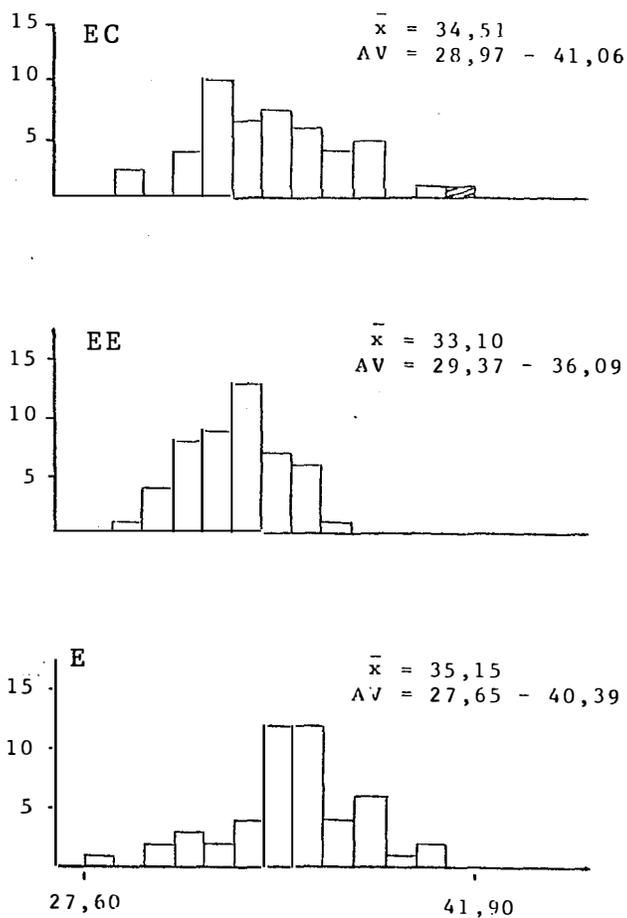


FIGURA 11. Distribuição das médias para número de grãos por fileira (nº/fileira), referente às três populações: EC - Cravo x ESALQ-PB1; EE - Entrelaçado x ESALQ-PB1 e E - ESALQ-PB1, destacando-se os segregantes transgressivos (área hachurada) em relação à população C; médias de progênies (\bar{x}) e amplitude de variação (AV). (Intervalo de classe = 1,1 e média das testemunhas = 37,38). Milho. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

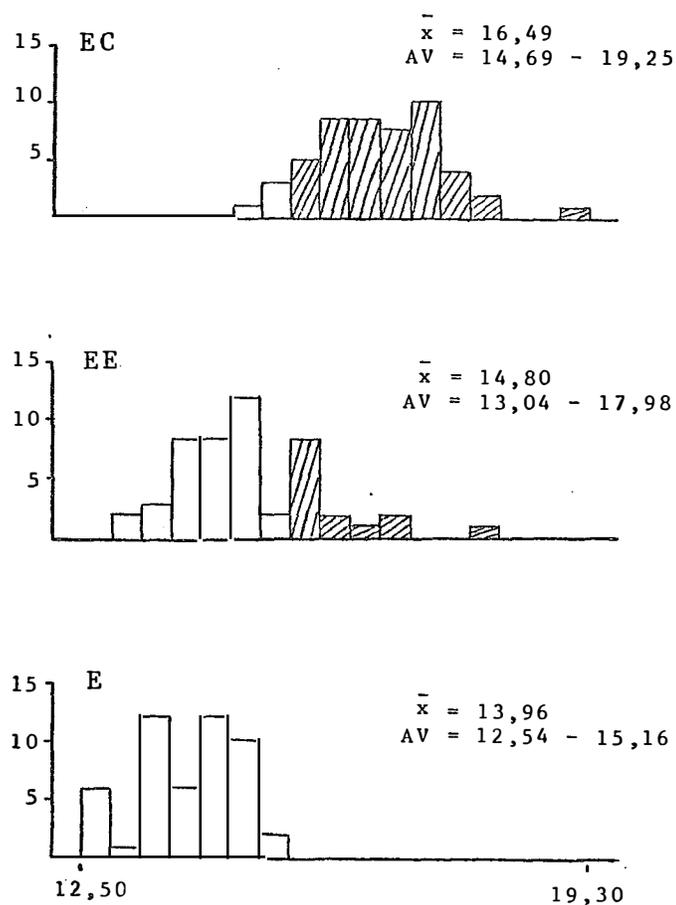


FIGURA 12. Distribuição das médias para número de fileiras por espiga (nº fil./espiga), referente às três populações: EC - Cravo x ESALQ-PB1; EE - Entrelaçado x ESALQ-PB1 e E - ESALQ-PB1, destacando-se os segregantes transgressivos (área hachurada) em relação à população C; médias de progênie (\bar{x}) e amplitude de variação (AV). (Intervalo de classe = 0,40 e média das testemunhas = 13,35). Milho. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

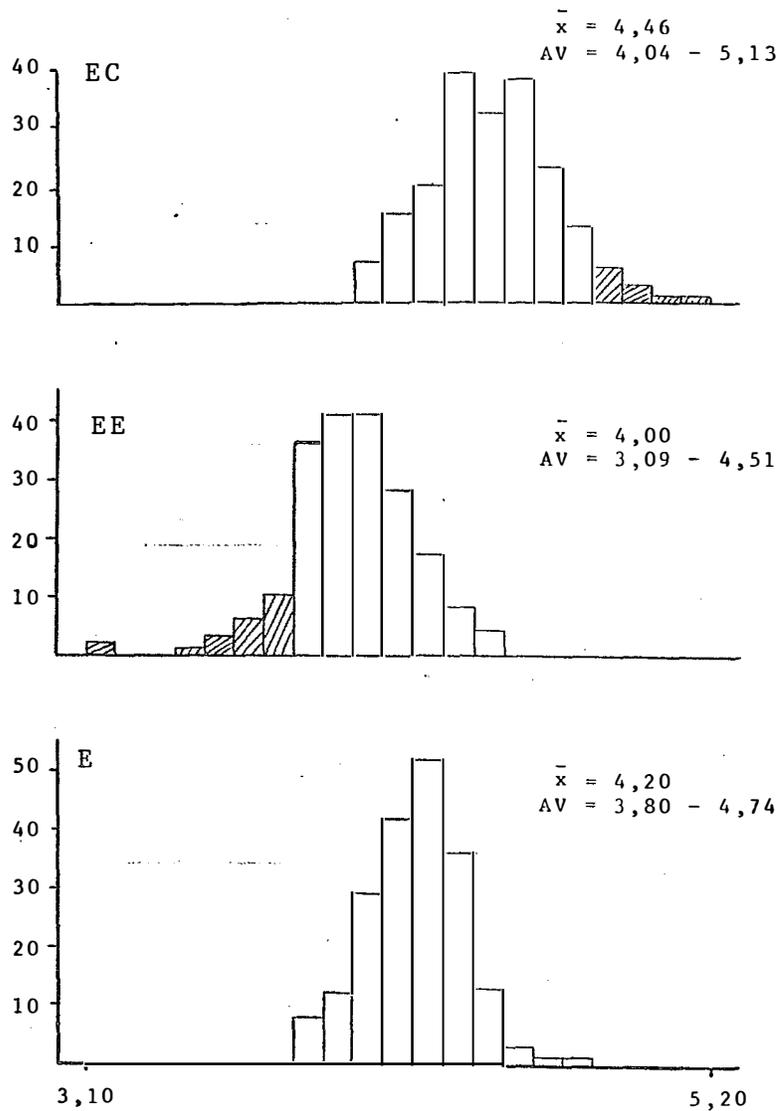


FIGURA 13. Distribuição das médias para diâmetro de espiga (cm), referente às três populações: EC - Cravo x ESALQ-PB1; EE - Entrelaçado x ESALQ-PB1 e E - ESALQ-PB1, destacando-se os segregantes transgressivos (área hachurada) em relação à população C; médias de progênies (\bar{x}) e amplitude de variação (AV). (Intervalo de classe x 0,10 e média das testemunhas = 4,12). Milho. Piracicaba - SP (Caterpillar), 1983/84.

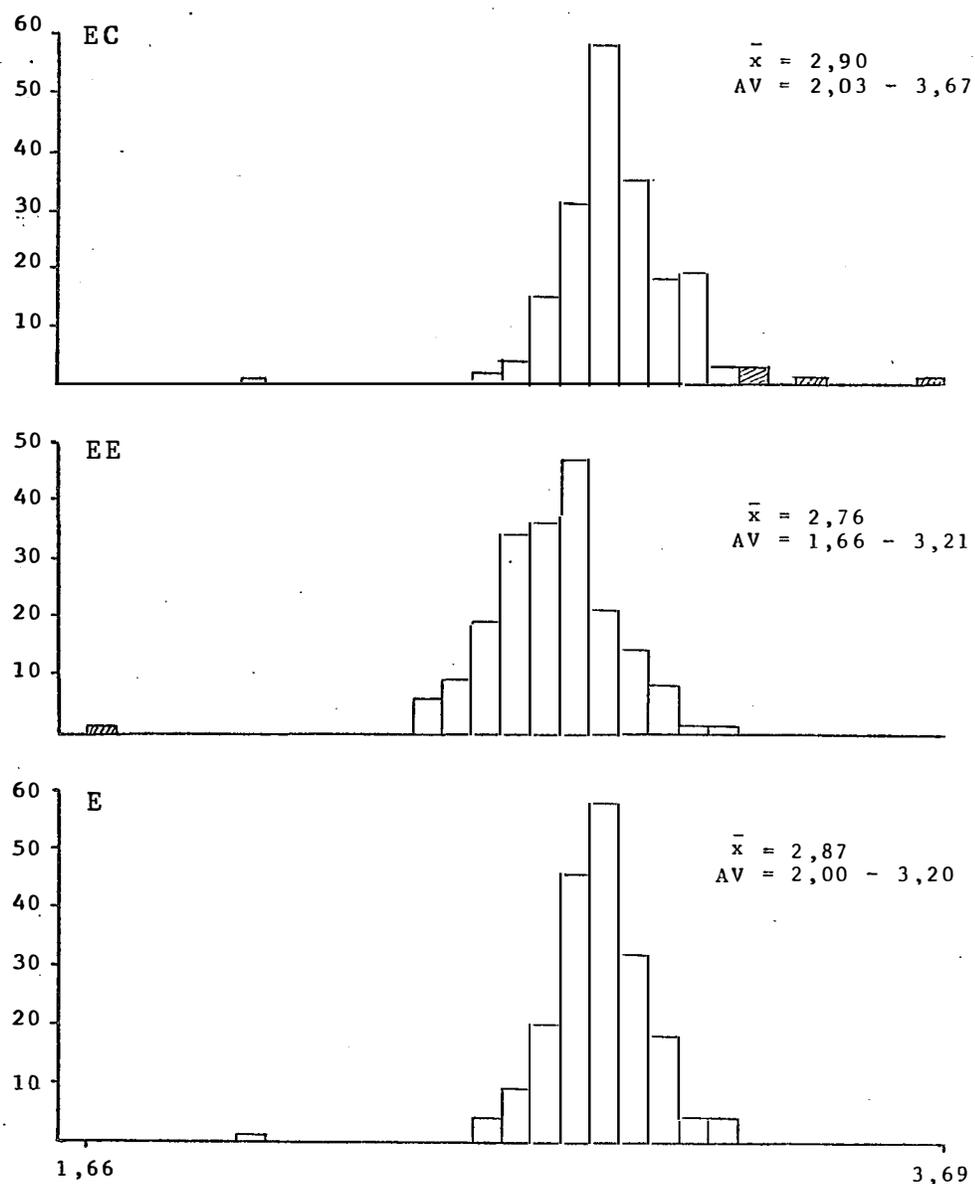


FIGURA 14. Distribuição das médias para diâmetro de sabugo (cm), referente às três populações: EC- Cravo x ESALQ-PB1; EE- Entrelaçado x ESALQ-PB1 e E - ESALQ-PB1, destacando-se os segregantes transgressivos (área hachurada) em relação à população C; médias de progênies (\bar{x}) e amplitude de variação (AV). (Intervalo de classe = 0,07 e média das testemunhas = 2,79). Milho. Piracicaba (Caterpillar), 1983/84.