ESTUDO DA POPULAÇÃO ESALQ-PB1 DE MILHO (*Zea mays* L.) EM CINCO CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE

CARLOS ADILSON BIGOTO
Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

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

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Setembro/1988

B594e

Bigoto, Carlos Adilson.
Estudo da população ESALQ PB-1 de milho (*Zea mays* L.) em cinco ciclos de seleção recorrente. Piracicaba, 1988.
124p. ilus.

Diss. (mestre) - Esalq
Bibliografia

1. Milho - Melhoramento 2. milho - seleção I. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

CDD 633.15

ESTUDO DA POPULAÇÃO ESALQ PB-1 DE MILHO (*Zea mays* L.)
EM CINCO CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE

Aprovado em: 06/12/1988

Comissão Julgadora:

Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho	ESALQ/USP
Prof. Dr. Isaias Olívio Geraldi	ESALQ/USP
Dr. Paulo de Souza Gonçalves	IAC

Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO
ORIENTADOR

AGRADECIMENTOS

- Ao Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho, pela orientação na realização deste trabalho e pela atenção, estímulo e amizade;

- À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), pela bolsa de estudo concedida para a realização do curso de Mestrado e do presente trabalho;

- Aos funcionários do Departamento de Genética da ESALQ/USP, Srs. Antonio Mioto, Marcos Cella e Benedito Edson Soares, pelo auxílio no campo;

- À bibliotecária Nilce T.P. Sigrist e ao Sr. Sérgio Roberto Bertin, pela ajuda na apresentação das referências bibliográficas e na análise dos dados, respectivamente;

- Ao colega Engº Agrº Paulo Hideo Nakano Rangel, pela leitura de parte do manuscrito, críticas, correções e sugestões;

- Aos docentes do Departamento de Genética da ESALQ, pelos ensinamentos recebidos.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	v
SUMMARY	viii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Estimativas de parâmetros genéticos	4
2.1.1. Estimativas da variância genética aditiva	7
2.1.2. Estimativas do coeficiente de herdabilidade e do progresso esperado por seleção	13
2.2. Seleção recorrente	17
2.2.1. Seleção massal estratificada	18
2.2.2. Seleção recorrente com progênies de meios irmãos	19
3. MATERIAL E MÉTODOS	24
3.1. Material	24
3.2. Execução experimental	26
3.2.1. População original e primeiro ciclo de seleção	26
3.2.2. Segundo ciclo de seleção	28
3.2.3. Terceiro ciclo de seleção	29
3.2.4. Quarto ciclo de seleção	30
3.2.5. Quinto ciclo de seleção	31
3.3. Análise estatístico-genética	32
3.3.1. Análise de variância	34
3.3.2. Estimativas dos componentes de variância e parâmetros afins	38

Página

3.3.3. Precisão das estimativas 43
3.3.4. Estimativas dos progressos esperados com seleção 44
3.3.5. Distribuições de frequência das médias de progênies 47

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO 48
4.1. Análise geral dos dados 48
4.2. Estimativas de parâmetros genéticos 60
4.2.1. Coeficientes de variação genética, índices de variação, variâncias genéticas entre progênies e aditiva, ambiental entre parcelas e fenotípica e herdabilidade 60
4.2.2. Estimativas dos progressos esperados com seleção 74
4.3. Considerações finais 81

5. CONCLUSÕES 85

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 87

TABELAS 103

FIGURAS 118

ESTUDO DA POPULAÇÃO ESALQ PB-1 DE MILHO (*Zea mays* L.) EM CINCO CICLOS DE SELEÇÃO RECORRENTE

Autor: CARLOS ADILSON BIGOTO
Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

RESUMO

No presente trabalho estudaram-se as propriedades genéticas do caráter produção, em peso de espigas, da população ESALQ PB-1 de milho (*Zea mays* L.) com um ciclo de seleção massal estratificada e quatro ciclos com progênies de meios irmãos (com sementes remanescentes). Os quatro primeiros ciclos foram conduzidos na Água Santa e o último em Caterpillar e Água Santa (ambos em Piracicaba, SP).

O ciclo I referiu-se à seleção massal estratificada, com uma intensidade de seleção de 8,23%. Obteve-se um diferencial de seleção médio dos estrados de 43,5 g/planta e uma variância fenotípica entre estratos estimada de 456,373 $(g/planta)^2$. Com duas intensidades de seleção diferentes no ciclo II originaram-se duas subpopulações, formadas sob baixa (10%) e alta (2%) intensidades e denominadas de ciclos III(a) e III(b), com o ciclo III(a) dando sequência à seleção.

Para os experimentos de avaliação de progênies utilizaram-se como testemunhas as variedades 'Piranão VD-1' (ciclo II), 'Piranão VD-2' (ciclos III e IV), uma amos-

tra da população original (ciclo III) e os híbridos duplos comerciais Agroceres 401 e Cargill 511 (ciclo V).

A partir dos dados experimentais procedeu-se às correções da produção em função do stand observado por covariância e subsequentemente às análises de variância individuais, agrupadas e para o ciclo V análise conjunta também. Os ciclos de II a V foram conduzidos em látice, entretanto, excetuando-se o ciclo V, todos foram analisados como blocos casualizados devido a não eficiência do látice.

Compararam-se médias de progênies com testemunhas, bem como foram obtidas estimativas de parâmetros populacionais de interesse tais como: variâncias genéticas aditivas ($\hat{\sigma}^2_A$), variância da interação aditiva x locais ($\hat{\sigma}^2_A$, para o ciclo V somente), coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas ($\hat{h}^2$) e de médias de progênies ($\hat{h}^2_{\bar{x}}$), coeficientes de variação genética ($C\hat{V}g$), índices de variação ($\hat{b} = C\hat{V}g/C\hat{V}e$ e $\hat{b}^* = \hat{\sigma}_p/\frac{\hat{\sigma}}{\sqrt{r}}$) e também os progressos esperados por ciclo de seleção ($\hat{G}s$).

As estimativas de parâmetros para os ciclos II, III(a), III(b), V (A.Santa), V (Caterpillar) e V (conjunta) variaram dentro das seguintes faixas de magnitudes: $\hat{\sigma}^2_A$: 215,5 a 283,7 $(g/pl)^2$; $\hat{h}^2$: 6,0 a 14,1%; $\hat{h}^2_{\bar{x}}$ = 19,2 a 56,9; $C\hat{V}g$: 4,1 a 6,8%; $\hat{G}s$: 2,7 a 4,5%; $\hat{b}$: 0,34 a 0,54; $\hat{b}^*$: 0,49 a 1,15%. O ciclo IV caracterizou-se por condições experimentais atípicas e portanto apresentou parâmetros com estimativas abaixo dos demais ciclos, e foram respectivamente: 54,4

$(g/pl)^2$; 1,8%; 12,7%; 3,1%; 0,6%; 0,19 e 0,38. No ciclo V a variância da interação aditiva x local foi estimada em 76,8 $(g/pl)^2$.

A análise geral dos resultados forneceram as seguintes conclusões principais: 1. a aplicação de alta intensidade de seleção (2%), em um ciclo, não diminuiu a variabilidade genética em relação à baixa intensidade (10%); 2. a seleção massal estratificada inicialmente num programa de seleção recorrente intrapopulacional mostra-se com vantagem para os ciclos subsequentes com progênies; 3. com um tamanho efetivo relativamente alto, a seleção recorrente foi eficiente no aumento da produtividade da população ESALQ PB-1, além de permitir manter a variabilidade genética no decorrer dos ciclos; 4. espera-se uma resposta expressiva na produtividade em ciclos adicionais de seleção, conforme revelam as estimativas de parâmetros genéticos.

STUDY OF MAIZE POPULATION (*Zea mays* L.) ESALQ PB-1 IN FIVE CYCLES OF RECURRENT SELECTION

Author: CARLOS ADILSON BIGOTO
Adviser: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

SUMMARY

The present work was carried out aiming to study the open-pollinated maize (*Zea mays* L.) population ESALQ PB-1, in order to evaluate its genetic properties for yield (ear weight), after being submitted to one cycle of stratified mass selection and four cycles of half-sib progeny selection (with renmant seeds). The first four cycles were carried out in Água Santa and the last of all was in Caterpillar and Água Santa (both areas at Piracicaba, SP).

In the first cycle (stratified mass selection) selection intensity was 8.23% on the average of 243 strata, in a isolated block of original population. Estimates of 43.5 g/plant for mean selection diferential of strata and 456.373 $(g/plant)^2$ for phenotypic variance among strata were obtained. Under two different selection intensities in cycle II, two subpopulations were originated, i.e., under low (10%) and high (2%) intensities, that were designated as cycle III(a) and III(b); only the subpopulation originated from III(a) was used to continue the selection program, through selection among and within half-sib progenies.

In the progeny trials, the varieties 'Piranão VD-1' (cycle II); 'Piranão VD-2' (cycles III and IV), a sample of the original population (cycle III) and the doucle - cross Agroceres 401 and Cargill 511 (cycle V) were used as checks.

All the analysis of variance were performed for individual trials and then pooled for all sets of progenies; in cycle V a joint analysis over two locations also were presented. All the analysis, except for cycle V, were performed according to the randomized blocks design.

For each cycle, the progeny means were compared with checks and estimates of several genetic parameters were obtained, such as: additive genetic variances ($\hat{\sigma}^2_A$), heritabilities at individual plant ($\hat{h}^2$) and progeny mean basis ($\hat{h}^2_{\bar{x}}$), genetic coefficients of variation ($C\hat{V}g$), variation indexes ($\hat{b} = C\hat{V}g/C\hat{V}e$ and $b^* = \hat{\sigma}_p/\frac{\hat{\sigma}}{\sqrt{r}}$) and also the expected gain per cycle from selection ($\hat{G}_s$).

The parameters estimates for the cycles II, III(a), III(b), V (Água Santa), V (Caterpillar) e V (joint) varied within the ranges: $\hat{\sigma}^2_A$: 215.5 to 283.7 (g/plant/^{2}; $\hat{h}^2$: 6.0 to 14.1%; $\hat{h}^2_{\bar{x}}$: 19.2 to 56.9; $C\hat{V}g$: 4.1 to 6.8%; $\hat{G}_s$: 2.7 to 4.5%; $\hat{b}$: 0.34 to 0.54 and $\hat{b}^*$: 0.49 to 1.15. The cycle IV was characterized by atypic experimental conditions and showed parameters estimates below the others cycles, and were respectively: 54.4 (g/plant)^2; 1.8 ; 12.7%; 3.1%; 0.6%; 0.19 and 0.38. Estimate of 76.8 (g/plant)^2 of additive x location variance ($\hat{\sigma}^2_{A\ell}$) was obtained for the cycle V.

The general analysis of results provided the following principal conclusions: 1. the application of selection intensity high (2%), in one cycle, did not decrease the genetic variability when compared with low intensity (10%); 2. the stratified mass selection at beginning of intra-populational recurrent selection program seems to be advantageous for the subsequent cycles with progeny selection; 3. under one relatively high effective population size, the recurrent selection was effective in increasing the yield of ESALQ PB-1 population, besides permitting the maintainance of genetic variability along the cycles; 4. a expressive response is expected for yield selection in further cycles, as indicated by the genetic parameters estimates.

1. INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento de milho são divididos em duas categorias, de acordo com os seus objetivos: obtenção de híbridos (de linhagens endogâmicas ou de variedades) e obtenção de populações melhoradas. Embora na maioria destes programas a meta final seja a obtenção de híbridos, o melhoramento de populações em milho tem sido reconhecido como de importância fundamental, pois além de prestar-se à obtenção de variedades melhoradas, ao mesmo tempo aumenta a probabilidade de obtenção de linhagens (ou variedades) superiores para a utilização em híbridos.

O melhoramento de populações se processa através de esquemas conhecidos como seleção recorrente, os quais são apresentados e discutidos por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) e PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987). Existem diferentes métodos de seleção recorrente, os quais objetivam aumentar a frequência de alelos favoráveis na população.

De grande importância para um programa de melhoramento ser iniciado, além do conhecimento a respeito da média do caráter a ser melhorado da população (ou populações)

base, é a estimação de parâmetros genéticos. Isto porque as informações sobre os tipos e magnitudes das diferentes variações genéticas é essencial para a escolha do material e do esquema de melhoramento a ser utilizado (GARDNER, 1977; MOLL & ROBINSON, 1967). A estimação de parâmetros genéticos é efetuada utilizando-se de progênies, formadas por delineamentos genéticos ou por experimentos de seleção, e é baseada no grau de parentesco entre os indivíduos das progênies constituintes.

Um fato amplamente conhecido é que, além da eficiência intrínseca ao método de seleção, o progresso obtido no melhoramento de populações depende fundamentalmente da quantidade de variabilidade disponível na população base. Neste aspecto, como nem sempre se pode executar a estimação de parâmetros genéticos para a orientação na escolha do material básico para o melhoramento, o uso de compostos, formados pelo intercruzamento de variedades ou raças, tem sido sugerido para se iniciar programas de seleção recorrente em populações. Aliás, os compostos têm sido em grande parte usados para este fim.

Dentre os esquemas de seleção recorrente intrapopulacionais, o método espiga-por-fileira modificado (LONNQUIST, 1964), ou seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos (PATERNIANI, 1967), tem sido amplamente utilizado. De fato, muitos autores, utilizando diferentes populações de milho, têm comprovado a eficiência deste método, sendo alguns citados por PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987).

O porte reduzido das plantas de milho apresenta certas vantagens como por exemplo maior resistência ao acamamento e facilidade na colheita mecânica. Segundo JOHNSON **et alii** (1986), a altura reduzida das plantas, na maioria dos programas de melhoramento de milho, é considerada um atributo importante. Assim, um programa de melhoramento, com o objetivo de obter uma variedade de milho produtiva e com o porte reduzido, foi praticado na população de milho ESALQ PB-1. Foram efetuados cinco ciclos de seleção recorrente na mesma, sendo que, após um ciclo de seleção massal estratificada (seleção recorrente fenotípica) seguiram-se quatro ciclos de seleção recorrente com progênies de meios irmãos.

Os objetivos do presente trabalho foram estudar as propriedades genéticas do caráter produção de grãos da população ESALQ PB-1, através das estimativas de parâmetros genéticos e suas alterações em cinco ciclos de seleção recorrente e também estimar o progresso esperado com seleção através dos ciclos.

2. REVISÃO DE LITERATURA

A revisão de literatura foi efetuada visando abordar brevemente os vários aspectos relacionados com o presente trabalho, dado o grande volume de informações existentes na literatura. Desta forma, são feitas referências às estimativas de parâmetros genéticos, destacando-se a variância genética aditiva para o caráter produção de grãos, a herdabilidade e o progresso esperado com seleção. Além disso, são apresentados alguns resultados de trabalhos empregando a seleção massal estratificada e a seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos.

2.1. Estimativas de parâmetros genéticos

A maioria dos caracteres agronômicos importantes, em especial a produtividade, são quantitativos. O estudo da variação dos mesmos, por serem muito influenciados pelo ambiente e devido a maior complexidade genética, requer

métodos estatístico-genéticos. Um caráter quantitativo apresenta uma distribuição contínua em relação à frequência dos indivíduos na população, sendo esta distribuição caracterizada e descrita por medidas de quantidade. Estas, por sua vez, são representadas por valores numéricos, que são os parâmetros da população.

Uma população constitui-se geralmente em um número muito grande de genótipos, os quais são avaliados em ambientes diferenciados. Devido a isto, os parâmetros em geral não são conhecidos, mas sim são obtidas estimativas de parâmetros genéticos e ambientais através de amostras de uma população específica de genótipos e também de amostras de uma população de ambientes (DUDLEY & MOLL, 1969).

A variação total de um determinado caráter numa população é descrita estatisticamente pela variância fenotípica que, por sua vez, corresponde à soma das variâncias genética e ambiental. A variância genética é um parâmetro restrito pois corresponde à porção da variância fenotípica que pode ser atribuída às diferenças genotípicas entre os fenótipos e, segundo VENCOVSKY (1969), esta não é de muita utilidade numa sequência de gerações pois os genótipos dos indivíduos são perdidos em cada geração. Foi FISHER (1918) quem primeiro promoveu a partição teórica da variância genética nas porções: aditiva (devida aos efeitos médios de substituição de um alelo por outro), dominante (devida às interações alélicas e epistáticas (devida às interações não alé-

licas.

De acordo com FALCONER (1964), apenas uma pequena parte da variância epistática contribui para a covariância, sendo o seu efeito, portanto, pequeno sobre a semelhança entre parentes. Segundo VENCOVSKY (1969), as variâncias epistáticas têm provavelmente valores muito menores que as variâncias genéticas aditiva e de dominância em populações panmíticas. Desta forma, em milho as variâncias epistáticas são em geral negligenciadas pois, a maioria dos estudos para a estimação das mesmas, têm apresentado pequena magnitude (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981).

É importante para o melhorista a estimação dos componentes da variância pois a natureza e magnitude da variabilidade disponível na população irá determinar qual tipo de seleção será mais eficiente, além de orientar na escolha da população base para o melhoramento. Existem vários métodos onde são usados delineamentos experimentais e cruzamentos apropriados para a estimação dos componentes da variância genética. Os primeiros foram apresentados por COMSTOCK & ROBINSON (1948 e 1952), sendo denominados de Delineamentos I, II e III e baseiam-se na covariância entre indivíduos aparentados obtidos pelos cruzamentos. Maiores detalhes dos vários métodos que podem ser utilizados são fornecidos por COCKERHAM (1963) e HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981). São consideradas várias suposições ou exigências para definir a população a ser amostrada, para a derivação das espe-

ranças dos quadrados médios e para a interpretação genética dos componentes da variância (segundo COMSTOCK & ROBINSON, 1948 e 1952): a) acasalamento ao acaso dos parentais; b) herança diplóide; c) equilíbrio ou ausência de ligação; d) ausência de epistasia. Dentro desta série de restrições, podem ser obtidas estimativas significativas dos componentes da variância genética sem nenhuma restrição sobre as freqüências alélicas (DUDLEY & MOLL, 1969).

Assim como os delineamentos apropriados, os experimentos de seleção, os quais incluem amostragem adequada e testes conduzidos corretamente em experimentos de campo e repetidos em ambientes diversos, também podem ser usados para estimar os componentes da variância (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981). Segundo ainda estes autores, isto é desejável quando o pesquisador está iniciando um programa de seleção a longo prazo.

2.1.1. Estimativas da variância genética aditiva

No melhoramento de plantas, e principalmente de populações de polinização aberta, a variância genética aditiva é muito importante pois é o principal componente nas relações de semelhança entre indivíduos aparentados e, portanto, é a que contribui totalmente para a resposta à seleção da população, qualquer que seja o esquema empregado. Além disso, as expressões do

progresso esperado por seleção são fornecidas como diretamente proporcionais à magnitude da variância genética aditiva da população.

Um número grande de trabalhos da literatura (como será visto adiante) apontam a existência de quantidade suficientemente grande da variância genética aditiva em populações de milho, sendo a mesma também mostrada como a principal componente da variância genética do caráter produção de grãos. A importância da variância genética aditiva foi relatada inicialmente por SPRAGUE & TATUM (1942), onde interpretaram a capacidade geral de combinação das linhagens como indicação de genes tendo efeitos largamente aditivos e a capacidade específica de combinação como tendo efeitos de dominância, epistáticos ou da interação genótipo x ambiente. Os sucessos alcançados nos programas de seleção para capacidade geral de combinação atestaram a presença de aproveitável porção da variância genética aditiva (PATERNIANI, 1969). Além disso, segundo LONNQUIST (1964), as consideráveis diferenças na capacidade geral de combinação, reveladas pelos experimentos de desenvolvimento e avaliação de linhagens de variedades de polinização aberta, evidenciaram a presença de considerável variação genética aditiva pois estas diferenças mostradas pelas linhagens são relatadas largamente como sendo diferenças nos efeitos genéticos aditivos.

Estas evidências são contrárias à hipótese de HULL (1945 e 1952), que sugeria a sobredominância como o ti-

po de ação gênica mais importante que governa a produção em milho e, além disso, que a variância genética havia se esgotado devido ao grande número de gerações com seleção massal nas variedades de milho. Vários outros trabalhos, utilizando-se dos procedimentos genético-estatísticos para estimação dos componentes da variância genética, mostraram contrários à hipótese de Hull e evidenciaram ainda mais a presença de suficiente variância genética aditiva em populações de milho, o que justificam o emprego de métodos de seleção intrapopulacionais (por exemplo, COMPTON & BAHADUR, 1977; GOODMAN, 1965; LINDSEY **et alii**, 1962; MOLL & ROBINSON, 1967; MOLL & STUBER, 1971; PAL **et alii**, 1986; POMMER **et alii**, 1977; ROBINSON **et alii**, 1955; SILVA & HALLAUER, 1975; (SUBANDI & COMPTON, 1974).

Na interpretação da variância genética aditiva, segundo FALCONER (1964), deve-se observar que a mesma pode provir de genes com qualquer grau de dominância ou epistasia, e sua existência não é uma indicação de que os genes agem aditivamente. De acordo com o autor, o conceito de variância aditiva não traz consigo o pressuposto de ação gênica aditiva.

A respeito da existência da variância genética aditiva em populações de milho em níveis que permitem ganhos contínuos, mesmo após sucessivos ciclos de seleção, HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) apresentaram um levantamento das mesmas. O estudo incluiu 5 tipos de populações (F_2, sintéti

cos, variedades de polinização aberta, cruzamentos intervarietais e compostos), de diversos trabalhos da literatura e totalizando 99 estimativas. Na maioria dos trabalhos foram utilizados os delineamentos I, II e III e foram constatadas estimativas mais altas para as variâncias genéticas aditivas em todas as populações, sendo as médias obtidas de 468,6 (g/planta)^2 para a $\hat{\sigma}^2_A$ e de 279,9 (g/planta)^2 para a $\hat{\sigma}^2_D$.

A seleção recorrente com progênies de meios irmãos, além de prestar-se ao melhoramento intrapopulacional propriamente dito, tem sido também bastante utilizada no Brasil e no exterior para a estimação dos componentes da variância, embora sem permitir a estimação da variância genética de dominância. RAMALHO (1977) efetuou um levantamento das estimativas obtidas de trabalhos com progênies de meios irmãos, desenvolvidos no Departamento de Genética da ESALQ/USP (Piracicaba, SP) e totalizando 30 populações. O valor médio encontrado foi de 320 (g/planta)^2 para a $\hat{\sigma}^2_A$, com amplitude de 41 a 758 (g/planta)^2. Outro levantamento, envolvendo uma amostra de 58 testes de progênies de meios irmãos conduzidos no Brasil, foi efetuado por VENCOVSKY **et alii** (1988). Para a $\hat{\sigma}^2_A$ foi obtida uma amplitude de 41 a 753 (g/planta)^2 e uma média de 309 (g/planta)^2. Deve-se ressaltar que estas estimativas, assim como as obtidas por RAMALHO (1977), estão superestimadas pois os testes foram conduzidos, em grande parte, apenas num local e não pôde-se isolar a variância genética da interação genótipo por ambiente.

Na Tabela 1 são apresentadas algumas estimativas da variância genética aditiva de diferentes populações de milho, para o caráter produção de grãos, em $(g/planta)^2$ e mostrando ser potencialmente promissoras a maioria das populações utilizadas, mesmo aquelas em que as estimativas foram obtidas em apenas um local.

Quando se pratica seleção numa determinada população, teoricamente espera-se que haja redução na variabilidade genética, que, segundo SILVA & LONNQUIST (1968), é função de vários fatores, quais sejam, frequência gênica da população, grau de dominância, intensidade de seleção e número de progênies selecionadas para a síntese da nova população. Segundo VECOVSKY (1968) e WEBEL & LONNQUIST (1967), espera-se que a longo prazo o progresso genético médio por geração diminua devido à fixação dos alelos favoráveis pela seleção. De acordo com LERNER (1958), existe uma redução inicial na variabilidade genética com a seleção, sendo que posteriormente parte desta redução pode ser compensada pois a permuta genética libera variabilidade potencial. Esta sugestão é aceita por PATERNIANI (1967), WEBEL & LONNQUIST (1967) e PATERNIANI (1968) que, praticando seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos, obtiveram uma acentuada queda na variabilidade genética presente na população original, permanecendo a mesma mais ou menos constante nos ciclos subseqüentes e mesmo assim obtiveram progressos contínuos. Isto tem sido observado também por diversos outros autores (entre os

Tabela 1. Estimativas da variância genética aditiva (σ^2_A) e da herdabilidade no sentido restrito, ao nível de plantas individuais ($h^2\%$) para o caráter produção de grãos em algumas populações de milho.

População	σ^2_A (g/planta)^2	$h^2\%$	Referências
Média de 30 estimativas	320	9,67	RAMALHO (1977)
Composto Dentado Branco	83	2,20	GERALDI (1977)
Composto Flint Branco	191	8,30	GERALDI (1977)
Centralmex	308	7,70	GERALDI (1977)
Composto A	428	10,93	CRISÓSTOMO (1978)
Composto B	384	13,61	CRISÓSTOMO (1978)
ICA Maya*	304	11,22	SAWAZAKI (1979)
Suwan	254	37,30	SOUZA Jr. **et alii** (1980)
Piranão A	341	14,18	RISSI (1980)
Piranão B	626	28,95	RISSI (1980)
MISF-PB	153	7,47	AGUILAR MORAN (1984)
MISD-PB	389	9,48	AGUILAR MORAN (1984)
Piranão VD-2	1468	-	BIANCO (1984)
Piranão VF-1	934	-	BIANCO (1984)
CMS-39**	297	9,92	AGUIAR (1986)
Média de 58 estimativas***	309	11,00	VENCOVSKY **et alii** (1988)

* Média dos locais: Campinas, Manduri, Pindorama e Ribeirão Preto, SP, e de 13 ciclos com progênies de meios irmãos.

** Média dos locais: Lavras, Ijaci e Sete Lagoas, MG.

*** Levantamento envolvendo vários locais do Brasil.

Obs.: As demais estimativas foram obtidas em um local, no Departamento de genética da ESALQ/USP, Piracicaba, SP.

quais, COMPTON & BAHADUR, 1977; PÉREZ **et alii**, 1984; POMMER **et alii**, 1977; SANTOS & NASPOLINI FILHO, 1986a,b). Alguns, por outro lado, não observaram esta redução na variância genética da população original para o ciclo I de seleção (LIMA, 1977; LONNQUIST **et alii**, 1966; PACHECO, 1987; TORREZ SEGOVIA, 1976).

Diversos experimentos têm sido reportados na literatura sobre os efeitos da seleção na variabilidade genética populacional do caráter produção de grãos, embora com número limitado de ciclos de seleção praticados. MOLL & STUBER (1974) levantaram alguns destes trabalhos, sendo que os mesmos não apresentavam uma queda significativa na variabilidade genética. HALLAUER (1981) sumarizou os resultados obtidos em seis programas de seleção da Universidade de Iowa (EUA), sendo que em nenhum destes tinha havido uma diminuição da variância genética aditiva com o avanço dos ciclos. Para a produção de grãos, portanto, devido ao grande número de "loci" envolvidos neste caráter, as variâncias genéticas não diminuiriam significativamente com os ciclos de seleção (entre outros, FREY, 1983; HALLAUER, 1981; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981; MOLL & STUBER, 1974; SPRAGUE & EBERHART, 1977).

2.1.2. Estimativas do coeficiente de herdabilidade e do progresso esperado por seleção

A herdabilidade de um caráter quantitativo ex

pressa a proporção da variação total que é atribuída aos efeitos médios dos genes, sendo a mesma importante pelo papel preditivo em medir o grau de correspondência entre os valores fenotípicos e genéticos (FALCONER, 1964). HANSON (1963) expressou a herdabilidade em termos de conceitos de seleção, definindo-a como "a fração do diferencial de seleção que se espera ganhar quando a seleção é praticada em uma unidade de referência definida", podendo esta unidade de seleção ser ao nível de plantas individuais ou de médias de progênies.

A estimação da herdabilidade no melhoramento de plantas tem como objetivo principal determinar o progresso esperado por seleção. Uma vez escolhida a população (ou populações) base, segundo LAMKEY & HALLAUER (1987), dois dos mais importantes fatores num programa de melhoramento são: como o material genético deve ser testado (em termos de repetições, locais e anos) e qual método de melhoramento proporcionará um ganho mais rápido. Segundo os autores, a base para tomar estas decisões é proporcionada pelas estimativas da herdabilidade e os parâmetros que contribuem para a mesma.

As estimativas de herdabilidade ao nível de médias de progênies são freqüentemente obtidas em experimentos de seleção. Segundo RAMALHO (1977), como os melhoristas normalmente utilizam números diferentes de repetições, locais, anos e tipos de progênies nas unidades de seleção, torna-se difícil comparar os resultados obtidos. Desta for-

ma, a herdabilidade no sentido restrito, ao nível de plantas, como argumenta RAMALHO (1977), é comparável em um maior número de situações.

Conforme SPRAGUE (1966), as estimativas da herdabilidade entre diferentes populações, sendo submetidas a diferentes níveis de controle ambiental, não são comparáveis diretamente, pois a mesma varia com a precisão na qual é estimada a variância ambiental. Embora a herdabilidade seja um valor relativo que depende da estrutura genética da população e da amplitude de ambientes considerados, em geral a mesma tende a dar valores mais altos ou mais baixos para determinados caracteres. Desta forma, enquanto a altura da planta em milho, por exemplo, tende a apresentar alta herdabilidade, por outro lado a produção é o caráter com o valor mais baixo dentre todos os caracteres.

HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) obtiveram, de 99 estimativas da literatura, uma estimativa média da herdabilidade para a produção de 18,7% (ignorando as interações genótipo por ambiente), a qual foi calculada como $h^2 = \sigma_A^2/(\sigma^2+\sigma_D^2+\sigma_A^2)$ (σ^2 é o erro experimental ao nível de parcelas), e com uma amplitude encontrada menor que 30%. No levantamento efetuado por RAMALHO (1977), a herdabilidade estimada ao nível de plantas variou de 2,09 a 28,45%, com média de 9,67% de 30 estimativas. Na amostra envolvendo 58 testes de progênies, VENCOVSKY **et alii** (1988) obtiveram, para a herdabilidade ao nível de plantas, uma amplitude de 1,5 a 29,0% e uma média de 11,0%. De-

ve-se considerar também que as estimativas obtidas por estes autores e por RAMALHO (1977) devem estar superestimadas devido aos ensaios terem sido conduzidos em um só local. Outras estimativas da herdabilidade no sentido restrito, ao nível de plantas individuais, para o caráter produção de grãos, são apresentadas na Tabela 1.

Com relação ao progresso esperado por seleção, as suas expressões permitem a comparação de diferentes esquemas de seleção, permitindo assim que o melhorista tenha condições de julgar qual método deve ser o mais eficiente nas condições de seu trabalho e também permitem saber quanta variação genética irá se explorar quando se aplica um determinado esquema (VENCOVSKY, 1987). Segundo FALCONER (1964), ROBINSON & COCKERHAM (1965), entre outros, os valores do progresso esperado se referem à população gerada pela recombinação do material selecionado da população que se estimou a variância genética, ou em outras palavras, se referem a um ciclo de seleção somente. Portanto, não é possível extrapolar o progresso esperado para gerações futuras, uma vez que não se pode predizer as mudanças nas variâncias genéticas e ambientais. No levantamento efetuado por VENCOVSKY et alii (1988), a média do progresso esperado por seleção foi de 4,9% por geração. Os valores encontrados, entretanto, devem estar superestimados por se utilizar na fórmula de predição os diferenciais de seleção estandardizados, ao passo que a seleção foi em geral baseada em caracteres múltiplos e não somente

a produção. De qualquer maneira, os autores consideram que esta taxa média reflete o potencial e efetividade da seleção recorrente com progênies de meios irmãos em nossas condições.

2.2. Seleção recorrente

Foi HULL (1945) quem introduziu na literatura a expressão "seleção recorrente" para designar que o processo de seleção é cíclico e, exceto para a seleção recorrente fenotípica, é dividido em três fases: obtenção de progênies, avaliação e recombinação dos materiais selecionados. O conceito de seleção recorrente é bastante amplo, de maneira que os atuais métodos de melhoramento de populações se enquadram na modalidade de seleção recorrente (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1987; PÉREZ **et alii**, 1984).

A seleção recorrente visa essencialmente o aumento da freqüência de alelos favoráveis para os caracteres sob seleção. De acordo com LAMKEY & HALLAUER (1984), os métodos de seleção recorrente foram delineados para aumentar a média dos caracteres sob seleção (seleção de progênies tendo alelos favoráveis) e para manter a variabilidade genética para nova seleção (recombinação das progênies superiores). Segundo ainda os autores, a seleção recorrente usualmente é imposta em populações de base genética ampla.

Os métodos de melhoramento de populações (seleção recorrente) são divididos em dois grupos: a) interpopulacional, quando visa melhorar a resposta heterótica entre duas populações (ou seja, visa explorar o vigor de híbrido na geração F_1) e b) intrapopulacional, quando visa o melhoramento da população **per se**. No primeiro caso, uma população é melhorada em função da outra, sendo que melhores linhagens podem ser obtidas progressivamente com os ciclos de seleção. No segundo caso, as subseqüentes populações melhoradas assumem grande importância em regiões onde se cultivam variedades locais. Além disso, podem ser utilizadas na formação de híbridos intervarietais ou como fonte de linhagens para a utilização em híbridos. De fato, é amplamente reconhecido que a utilização de populações melhoradas aumenta a probabilidade de obtenção de híbridos superiores.

São relatados brevemente a seguir apenas dois métodos de seleção recorrente intrapopulacional, por estarem relacionados com o presente trabalho: seleção massal estratificada (considerando que qualquer esquema de seleção massal está enquadrado na categoria de seleção recorrente fenotípica) e seleção recorrente com progênies de meios irmãos.

2.2.1. Seleção massal estratificada

Dentre os métodos de melhoramento de populações, o mais simples é a seleção massal, a qual consiste em

selecionar espigas desejáveis das melhores plantas e plantar as sementes selecionadas. Neste método o controle parental é reduzido, pois o mesmo é feito somente através do genitor feminino, sendo também reduzido o controle ambiental. Uma modificação, com o objetivo de tornar a seleção massal mais eficiente, foi empregada por GARDNER (1961) para permitir um certo controle sobre a heterogeneidade do solo. O objetivo desta modificação é minimizar o efeito do ambiente e consiste basicamente em dividir o terreno em estratos, sendo feita a seleção independentemente em cada estrato. Segundo ZINSLY (1968), esta modificação da seleção massal, acrescentada da introdução de novas técnicas, ficou conhecida como "seleção massal estratificada". PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987) apresentam descrições detalhadas sobre este esquema de seleção, assim como vantagens e limitações.

Vários trabalhos utilizando seleção massal estratificada são reportados na literatura, geralmente com ganhos satisfatórios, sendo alguns apresentados na Tabela 2.

2.2.2. Seleção recorrente com progênies de meios irmãos

O uso de progênies de meios irmãos como teste de progênies foi introduzido por Hopkins [1], citado por HAL-

---

[1] HOPKINS, C.G. Improvement in the chemical composition of the corn kernel. **Illinois Agr. Expt. Sta. Bull**, Illinois, 55: 205-40, 1899.

Tabela 2. Resultados obtidos por seleção massal estratificada para a produção de grãos em algumas populações de milho.

População	Intens.de seleção (%)	Nº de ciclos	Ganhos por ciclo(%)	Referências
Moroti	12,2	2	23,50	ZINSLY (1968)
Caingang	11,4	2	15,30	ZINSLY (1968)
Dente Paulista	14,4	2	21,70	ZINSLY (1968)
Cateto	14,5	2	2,30	ZINSLY (1968)
Krug	7,5	6	1,60	HALLAUER & SEARS (1969)
Iowa Ideal	7,5	5	1,40	HALLAUER & SEARS (1969)
Dente Paulista	20,0	5	3,80	VENCOVSKY **et alii** (1970)
Cateto Minas Gerais	20,0	3	1,70	VENCOVSKY **et alii** (1970)
Composto Flint	10,0	6	3,40	AYALA OSUNA (1976)
Composto Dentado	10,0	6	2,80	AYALA OSUNA (1976)
MB-22	5,0	9	4,40	CARMEN & ARBOLEDA (1982)
MB-23	5,0	9	0,30	CARMEN & ARBOLEDA (1982)
Neelum	10,0	4	6,13	BACKTASH (1986)
Composto 12 Negro	2,0	2	5,87	AVILA (1987)

LAUER & MIRANDA FILHO (1981), consistindo numa modificação da seleção massal para aumentar a precisão das avaliações das plantas a serem selecionadas e ficando conhecido por "seleção espiga por fileira". O método consistia essencialmente em escolher um certo número de espigas com caracteres desejáveis e plantar as sementes destas espigas em fileiras individuais, sendo que com base no teste de progênies as espigas que davam origem às progênies superiores eram selecionadas para originar a próxima geração. Devido ao sucesso obtido com este método para alterar os teores de óleo e proteína do milho, o mesmo foi utilizado para aumentar a produtividade, mas pouco ou nem mesmo nenhum progresso foi obtido.

Várias modificações foram apresentadas e não mostraram ser efetivas em aumentar a produtividade. São várias as causas apontadas para este insucesso (segundo PATERNIANI, 1967 e HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981): a) falta de técnicas de campo adequadas para a seleção; b) isolamento inadequado, ou seja, controle parental não controlado e c) seleção rigorosa em pequenas populações, levando à rápida endogamia.

LONNQUIST (1964) introduziu modificações neste método, sobre pela introdução de delineamentos experimentais para avaliar as progênies, controle de polinização e adequada amostragem de sementes, denominando-o de "seleção espiga por fileira modificado". Como o mesmo trata-se em essência da avaliação e seleção de famílias de meios irmãos

e posterior seleção dentro das famílias selecionadas, foi proposta por PATERNIANI (1967) a denominação de "seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos". Embora PATERNIANI (1967) tenha introduzido ligeiras modificações no método de LONNQUIST (1964), ambas as proposições são referidas na literatura como um mesmo método. Resumidamente, este consiste em avaliar as progênies em delineamentos experimentais e com repetições. São selecionadas as melhores progênies baseando-se em suas médias, as quais são recombinadas em lotes com isolamento reprodutivo para evitar contaminações. Em seguida faz-se seleção dentro das progênies selecionadas (seleção massal), sendo que as espigas das plantas selecionadas são avaliadas na geração seguinte.

Entre as vantagens da seleção com progênies de meios irmãos é a não exigência de polinizações manuais, sendo assim as mesmas obtidas com relativa facilidade. Também, com a seleção entre progênies em um dado ano e recombinação no ano seguinte, permite-se o controle de gametas em ambos os sexos, além de, segundo MIRANDA FILHO (1979), dar oportunidade para alterar as fases de avaliação e de recombinação para duas ou mais populações.

A seleção recorrente com progênies de meios irmãos teve boa aceitação, sendo hoje amplamente utilizada no melhoramento intrapopulacional. Vários trabalhos da literatura têm mostrado a sua efetividade, sendo alguns deles apresentados na Tabela 3.

Tabela 3. Resultados obtidos pela seleção recorrente com progênies de meios irmãos para produção de grãos em algumas populações de milho.

População	Nº de ciclos	Ganhos por ciclo(%)	Referências
Dente Paulista	3	13,60	PATERNIANI (1967)
Piramex	4	3,79	PATERNIANI (1968)
Composto Flint	2	3,00	LIMA **et alii** (1974)
Composto Dentado	2	2,00	LIMA **et alii** (1974)
Kitale Composite A	6	2,20	DARRAH (1975)
Centralmex	3	3,30	TORRES SEGOVIA (1976)
IAC-1	8	1,90	MIRANDA **et alii** (1977)
ESALQ VD-2	3	10,80	LIMA (1977)
Hays Golden	10	5,26	COMPTON & BAHADUR (1977)
IAC Maya	13	2,84	SAWAZAKI (1979)
IAC Maya o_2	4	4,50	POMMER & GERALDI (1983)
IAC-1 o_2	4	10,70	POMMER & GERALDI (1983)
Dentado Composto Nordeste	3	2,70	SANTOS & NASPOLINI Fº (1986a)
Flint Composto Nordeste	3	5,09	SANTOS & NASPOLINI Fº (1986b)
Composto 13 Amarelo	2	5,34	AVILA (1987)

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material

ESALQ PB-1

No presente trabalho foi utilizada a população ESALQ PB-1 de milho, cuja origem é resumidamente relatada a seguir.

Esta população foi sintetizada a partir de fontes de germoplasmas que apresentam uma arquitetura de plantas já próxima da desejada, caracterizados principalmente pelo porte reduzido. Tendo sido obtida no Departamento de Genética da ESALQ/USP, originalmente tinha a denominação de Composto Planta Baixa (MIRANDA FILHO, 1974; 1977). A mesma foi formada pelo intercruzamento de sete variedades de milho, tendo o porte baixo como um caráter poligênico: 'Tuxpeño Crema I', 'Mezcla Amarilla', 'Eto Blanco', 'Antigua Grupo 2', 'MEB -I', 'Piracar-I' e 'Cateto Argentina-Uruguai'.

Uma descrição resumida de cada uma destas variedades, assim como o procedimento nas quais estas foram intercruzadas, são dados por MIRANDA FILHO (1974). Após os cruzamentos destas variedades em todas as combinações pos-

síveis (cruzamento dialélico), obtiveram-se os híbridos intervarietais. Estes foram intercruzados e a população resultante foi multiplicada por mais três gerações para recombinação e homogeneização, sendo procedida nesta fase seleção branda para caracteres agronômicos de interesse (MIRANDA FILHO, 1977).

Na população base obtida, denominada no presente trabalho de população original, foi iniciado um programa de melhoramento objetivando obter, além de linhagens endogâmicas, uma variedade de milho tendo como principais atributos agronômicos a produtividade e o porte reduzido da planta.

Testemunhas

Foram utilizadas como testemunhas, nos diversos ciclos de seleção as variedades 'Piranão VD-1' no 2º ciclo e 'Piranão VD-2' no 3º e 4º ciclos , uma amostra da população ESALQ PB-1 original no 3º ciclo e os híbridos duplos comerciais Agroceres 401 (Ag-401) e Cargill 511 (C-511) (5º ciclo).

A variedade 'Piranão VD-1' foi obtida a partir do cruzamento entre as variedades 'Piramex III' e 'Tuxpeño braquítico' (br_2 br_2), sendo originalmente denominada simplesmente de 'Piranão' (PATERNIANI **et alii**, 1977). A variedade 'Piranão VD-2' representa a versão braquítica do 'ESALQ VD-2' (denominada originalmente de Composto Dentado), onde se empre-

gou a variedade 'Piranão' como fonte doadora do gene br_2 (PATERNIANI et alii, 1977).

O híbrido duplo comercial Ag-401 apresenta grãos semi-dentados de cor alaranjada e o C-511 grãos semi-dentados amarelos e ciclo intermediário. Nos cultivos comerciais estes híbridos têm apresentado boas produtividades.

3.2. Execução experimental

O desenvolvimento do presente trabalho foi baseado no estudo de cinco ciclos de seleção recorrente na população ESALQ PB-1, os quais fazem parte do programa de melhoramento de populações do Departamento de Genética da ESALQ/USP, e sendo apresentados a seguir.

3.2.1. População original e primeiro ciclo de seleção

Após a fase de recombinação e homogeneização, as sementes obtidas foram plantadas no ano agrícola de 1974/75, na área experimental situada no Bairro de Água Santa (município de Piracicaba-SP) num lote de cerca de 2.500m^2. Foi

utilizado um espaçamento de 1,0m entre linhas e 0,20m entre plantas, resultando em uma densidade de 50.000 plantas/ha e totalizando cerca de 12.150 plantas. Considerando que este número de plantas representam a população base, o conjunto destas formou para o presente estudo a população ESALQ PB-1 original, ou seja, aquela que não sofreu nenhum esquema de seleção (desconsiderando-se a seleção branda sofrida durante a fase de recombinação e homogeneização). Nesta população efetuou-se um ciclo de seleção massal estratificada e, para isso, subdividiu-se o terreno em 243 estratos de $10m^2$ (uma linha de 10m de comprimento) com 50 plantas cada um, aproximadamente.

Cerca de oito plantas foram selecionadas visualmente baseando-se principalmente na prolificidade, altura da planta e altura da espiga. Posteriormente, no laboratório, descartaram-se as espigas inferiores, considerando - se principalmente a sanidade e conformação da espiga, restando por estrato 4 a 5 espigas selecionadas. Foram tomados dados de produção de grãos (expresso em peso de espigas despalhadas) de cada estrato individual em gramas/planta, relativos às médias das 50 plantas e às médias das 4 a 5 plantas selecionadas no laboratório. Desta forma, obtiveram-se os diferenciais de seleção dos estratos subtraindo-se as médias das 4 a 5 plantas selecionadas das médias das 50 plantas. Neste ciclo, selecionaram-se 1.000 plantas (espigas) de um total de 12.150 plantas da população

original, praticando-se uma intensidade de seleção média de 8,23%.

3.2.2. Segundo ciclo de seleção

As plantas selecionadas no ciclo anterior constituiram-se em 1.000 progênies (ou famílias) de meios irmãos, que foram avaliadas no mesmo local do ciclo anterior, em 1975/76 em 10 experimentos em látice simples 10 x 10, parcialmente balanceado. Utilizaram-se parcelas de 5,0m^2 (linhas de 5,0m de comprimento e espaçadas de 1,0m), com 0,20m entre covas e uma planta/cova após o desbaste, tendo portanto um stand ideal de 25 plantas/parcela. A cada 50 progênies foram plantadas intercaladamente duas parcelas da testemunha 'Piranão VD-1'. Os tratos culturais foram idênticos aos padrões de cultivo comerciais.

Desta avaliação foram feitas duas seleções, de maneira que o programa de melhoramento desta população foi dividido em duas partes:

a) Seleção recorrente visando o melhoramento **per se** da população — das 1.000 progênies de meios irmãos foram selecionadas 100, praticando-se portanto uma intensidade de seleção entre progênies de 10%, sendo a partir daí o programa continuado;

b) Seleção recorrente para obtenção de linhagens — 20 progênies, das 100 selecionadas (seleção a), tive-

ram uma parte das suas sementes separadas para a condução de um outro programa com o objetivo de se obterem linhagens endogâmicas. Neste caso, a intensidade de seleção foi de 2% entre progênies .

As progênies selecionadas, em ambos os casos, foram recombinadas em lotes isolados em 1977/78, usando-se o sistema de despendoamento e sementes remanescentes. Nestes lotes utilizaram-se linhas de 15m, com 0,30m entre plantas (50 plantas/linha) e 1,0m entre linhas. As progênies selecionadas foram representadas por linhas femininas (despendoadas), sendo as linhas masculinas (polinizadoras) constituídas de uma mistura de igual quantidade de sementes de todas as progênies selecionadas. Selecionaram-se de 3 a 8 plantas de cada linha feminina (seleção massal), que após seleção no laboratório obtiveram-se 500 e 147 progênies nas seleções (a) e (b), respectivamente. Desta forma, a intensidade de seleção praticada dentro das progênies nas seleções (a) e (b) foi de 10% e aproximadamente 15%, respectivamente.

3.2.3. **Terceiro ciclo de seleção**

As progênies de meios irmãos obtidas no segundo ciclo foram avaliadas experimentalmente em 1978/79, em dois locais: Estação Experimental de Anhembi e no Bairro de Água Santa (Piracicaba-SP). Os experimentos da Estação de Anhembi apresentaram muitas falhas devido às anormalida

des climáticas (falta de chuvas) ocorridas nesta região, de modo que foram analisados somente os dados do Bairro de Água Santa. Na seleção (a) utilizaram-se 5 experimentos em látice simples 10 x 10, parcialmente balanceado e perfazendo 500 tratamentos. Na seleção (b) foram utilizados 3 experimentos em látice 7 x 7, balanceado (147 tratamentos, com 8 repetições). Todos os experimentos foram plantados seguindo as mesmas técnicas experimentais do ciclo II. Foram colocadas em cada experimento, como testemunhas, seis parcelas de uma amostra da população ESALQ PB-1 original e seis da variedade 'Piranão VD-2'.

Em (a) selecionaram-se 100 progênies (intensidade de seleção de 20%), sendo suas sementes remanescentes plantadas em lote isolado para recombinação em 1979/80 (esquema semelhante ao 2º ciclo). Após seleção fenotípica, foram obtidas 500 progênies de meios irmãos para o próximo ciclo (intensidade de seleção de 10%). Em (b) selecionaram-se 30 progênies superiores (intensidade de seleção de aproximadamente 20%). Posteriormente, a subpopulação formada foi utilizada na obtenção de linhagens endogâmicas. A partir desta fase, os dados do presente trabalho referiram-se somente à seleção (a).

3.2.4. **Quarto ciclo de seleção**

As 500 progênies obtidas da seleção (a) no

ciclo III foram avaliadas em 5 experimentos em látice quádruplo 10 x 10, parcialmente balanceado (4 repetições) na Estação Experimental de Água Santa em 1980/81 e segundo as técnicas experimentais já descritas. Foi colocada a testemunha 'Piranão VD-2' sistematicamente no início e final de cada experimento. Selecionaram-se 146 progênies (seleção entre de 29%, aproximadamente), sendo esta seleção mais branda devido a este ciclo ter se caracterizado por condições experimentais atípicas. As sementes remanescentes das progênies selecionadas foram recombinadas em 1982 / 82, semelhantemente ao esquema do 2º ciclo, sendo obtidas 196 progênies de meios irmãos para o próximo ciclo (seleção dentro de 3%, aproximadamente).

3.2.5. Quinto ciclo de seleção

No ano seguinte (1983/84), após a recombinação, as progênies de meios irmãos foram avaliadas em dois locais, Estação Experimental de Caterpillar (Piracicaba - SP) e no Bairro de Água Santa, em 4 experimentos no delineamento de látice triplo 7 x 7, parcialmente balanceado. Utilizaram-se parcelas de 5,0m e espaçadas de 1,0m (como nos esquemas anteriores) e duas testemunhas (C-511 e Ag-401), sendo estas colocadas sistematicamente no início e final de cada experimento. Os resultados deste ciclo foram utilizados por SANTOS (1985) para fins comparativos no estudo do potencial ge-

nético de raças brasileiras de milho. Após a avaliação, com base na média dos dois locais, selecionaram-se 39 progênies (intensidade de seleção de aproximadamente 20%). Os dados referentes a esta avaliação representam as últimas informações do processo de seleção recorrente na população ESALQ PB-1.

3.3. Análise estatístico-genética

O caráter avaliado no presente trabalho foi a produção de grãos, pelo procedimento dado a seguir.

Em todos os ciclos, por ocasião da colheita, foram anotados o stand final de cada parcela (excessão do 1º ciclo) e as espigas foram colhidas, despalhadas e armazenadas em laboratório para uniformização dos teores de umidade. Posteriormente, foram pesadas em balança eletrônica, sendo que para a primeiro ciclo tomaram-se os dados de peso total de cada estrato e das 4 a 5 plantas selecionadas, tendo sido então estes transformados em gramas/planta. Para os ciclos de II a V anotaram-se o peso total de espigas despalhadas em kilogramas/parcela.

Não foram determinados os teores de umidade em todos os ciclos (excessão do 5º). Como as progênies foram provenientes da mesma população e devido às espigas terem sido colhidas em época apropriada para completa maturidade, supôs-se que as mesmas não variaram significativamente

quanto ao teor de umidade. Portanto, excetuando-se o ciclo V, não foram feitas correções de espigas para um teor de umidade padrão.

As parcelas em todos os experimentos apresentaram variações com relação ao stand ideal que foi de 25 plantas. Devido a isto, foram feitas correções do peso total de espigas para o stand ideal pelo método de covariância (STELL & TORRIE, 1960), com uma modificação, pois ao invés de médias de todas as parcelas, foi considerada para o cálculo cada parcela individualmente. Para tanto, efetuaram-se análises de variância para o stand e análises de covariância para stand x produção, ambas como blocos casualizados. A partir destas análises foram obtidos os coeficientes de regressão linear (β) pelo coeficiente SP_{xy}/SQ_x, onde SP_{xy} é a soma de produtos residual da análise de covariância, SQ_x é a soma de quadrados residual da análise de variância e $\underline{x}$ e $\underline{y}$ representam o stand e a produção, respectivamente. As correções foram efetuadas ao nível de totais de parcelas, sendo o peso médio de campo corrigido para o stand ideal de plantas dado pela fórmula:

$$Pc = Po - \beta(St_o - St_i), \text{ onde:}$$

Pc: peso de espigas corrigido para o stand ideal;

Po: peso de espigas observado;

β: coeficiente de regressão linear do peso de campo em relação às variações de stand;

St_o: stand observado;

St_i: stand ideal (25 plantas).

3.3.1. Análise de variância

Com exceção do ciclo I (o qual não se utilizou progênies), foram efetuadas análises de variância com os dados dos experimentos individuais. Para se obter a análise de variância agrupada foi testada a homogeneidade dos erros entre os experimentos. Para tanto, foi considerada a relação QM1/3QM2, onde QM1 é o maior e QM2 o menor dos quadrados médios dos erros dos experimentos individuais (PIMENTEL GOMES, 1985). Sendo os valores encontrados menores que 1, e de acordo com o autor, permitiu-se que fosse efetuada a análise agrupada.

Para os ciclos II, III e IV realizou-se a análise de variância segundo o delineamento em blocos casualizados, devido à baixa e/ou não eficiência das análises de látice. Todos os efeitos, com exceção da média geral, foram considerados aleatórios, sendo utilizado o seguinte modelo matemático:

$$Y_{ij} = \mu + p_i + b_j + e_{ij}, \quad \text{onde:}$$

Y_{ij}: total da progênie i, no bloco j;

μ: média geral (efeito fixo), $\therefore$ $E(\mu) = \mu$ e $E(\mu^2) = \mu^2$ (E = esperança matemática);

p_i: efeito aleatório da progênies i (i=1,2,...,I), ∴
$E(P_i) = 0$ e $E(P_i^2) = \sigma_p^2$;

b_j: efeito aleatório do bloco j(j=1,2,...,J), ∴
$E(b_j) = 0$ e $E(b_j^2) = \sigma_b^2$;

e_{ij}: erro experimental associado à progênie i no bloco j, ∴
$E(e_{ij}) = 0$ e $E(e_{ij}^2) = \sigma^2$;

onde:

σ_p^2: variância genética entre progênies;

σ_b^2: variância ambiental entre blocos;

σ^2: variância do erro experimental entre parcelas.

O ciclo V foi analisado segundo o delineamento em látice devido à eficiência em relação a blocos casualizados, de acordo com o modelo:

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

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

μ, p_i: referem-se às identificações dadas anteriormente;

r_j : efeito aleatório da repetição j(j=1,2,...,J), ∴
$E(r_j) = 0$ e $E(r_j^2) = \sigma_r^2$;

$b_{k(j)}$: efeito aleatório do bloco k, na repetição j, ∴
$E[b_{k(j)}] = 0$ e $E[b_{k(j)}^2] = \sigma_b^2$;

$e_{ik(j)}$: erro experimental associado ao tratamento i, dentro do bloco k, na repetição j, ∴
$E[e_{ik(j)}] = 0$ e $E[e_{ik(j)}^2] = \sigma^2$.

onde:

σ_r^2: variância ambiental entre repetições;

σ_b^2: variância ambiental entre blocos, dentro de repetições;

σ^2: variância do erro experimental entre parcelas, dentro de blocos.

Considerando que o 5º ciclo foi avaliado em dois locais, e tendo-se verificado a homogeneidade dos erros intrablocos médios, onde se utilizou o mesmo procedimento dado para as análises agrupadas, pôde-se efetuar a análise de variância conjunta, com os totais de tratamentos ajustados. Os locais foram considerados como efeito fixo, sendo utilizado o seguinte modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + p_i + \ell_k + (p\ell)_{ik} + \bar{e}_{ij(k)}$$

onde:

Y_{ijk} : total da progênie i, na repretição j, do local k;

μ : média geral;

p_i : efeito aleatório da progênie i $(i = 1,2,\ldots,P)$;

ℓ_k : efeito fixo do local k $(k = 1,2)$;

$(p\ell)_{ik}$: efeito da interação progênies x locais;

$\bar{e}_{ij(k)}$: erro efetivo médio associado à progênie i, na repetição j, dentro do local k.

As análises referentes às correções de stand e aos experimentos individuais foram realizadas em computador, sendo as análises em látice baseadas no procedimento dado por COCHRAN & COX (1957). Os esquemas das análises de variân-

cia individuais em blocos casualizados e em látice, encontram se na Tabela 4.

Tabela 4. Esquema das análises de variância dos experimentos individuais, segundo os delineamentos em blocos casualizados e em látice, para o caráter peso de espigas, ao nível de totais de parcelas.

Blocos casualizados			Látice		
F.V.	G.L.	Q.M.	F.V.	G.L.	Q.M.
Progênies (não ajust.)	I-1	Q_1	Progênies (ajust.)	K^2-1	Q_1
Resíduo	[(r-1)I-1)]-1*	Q_2	Erro intrabloco	[(k-1)(rk-K-1)]-1*	Q_2

I: número de tratamentos; r: número de repetições;
K: tamanho do sub-bloco;
1*: é subtraído 1 grau de liberdade devido à correção de stand .

No presente trabalho não foram tomados os dados de plantas individuais mas sim de totais de parcelas, situação esta que geralmente ocorre quando o caráter avaliado é a produção de grãos. Devido a isto, não puderam ser obtidos diretamente os quadrados médios dentro de progênies, das análises de variância agrupadas, para se estimar as variâncias fenotípicas dentro de progênies. Para o presente trabalho assumiu-se a relação $\sigma_d^2 = 10\ \sigma_e^2$, a qual tem sido utilizada por muitos autores (GARDNER, 1961; MIRANDA **et alii**, 1977; PÉ

REZ **et alii**, 1984; SANTOS & NASPOLINI FILHO, 1986a;b; SAWAZAKI, 1979; SILVA, 1969; WEBEL & LONNQUIST, 1967, entre outros). Para a obtenção e interpretação dos componentes genéticos das esperanças dos quadrados médios utilizou-se a metodologia dada por VENCOVSKY (1987). Os fatores de ajuste para os parâmetros genéticos devido às correções de stand, apresentados por FEDERER (1951), não foram utilizados, pois quando há um número grande de tratamentos os mesmos são próximos de 1,0, o que consequentemente acarretaria somente pequenas mudanças nas magnitudes dos parâmetros. O esquema das análises de variância agrupadas, com base em totais de parcelas (para os ciclos de II a V), segundo os delineamentos em blocos casualizados e em látice, com as esperanças dos quadrados médios [E(QM)] ao nível de plantas individuais, são apresentados na Tabela 5.

A análise de variância conjunta foi efetuada para o ciclo V, após as análises de variância agrupadas para cada local, segundo o delineamento em látice. Na Tabela 6 é apresentado o esquema da mesma, com as esperanças matemáticas dos quadrados médios [E(QM)] ao nível de plantas individuais.

3.3.2. Estimativas dos componentes de variância e parâmetros afins

As estimativas dos componentes de variância

Tabela 5. Esquema das análises de variância agrupadas, segundo os delineamentos em blocos casualizados e em látice, com as esperanças matemáticas dos quadrados médios [E(QM)] ao nível de plantas individuais, para o caráter peso de espiga.

Blocos casualizados				Látice				E(QM)
F.V.	G.L.	Q.M.	F	F.V.	G.L.	Q.M.	F	
Prog. (não aj.)/Exp.	g_1	Q_1	Q_1/Q_2	Prog. (aj.)/Exp.	g_1	Q_1	Q_1/Q_2	$n\sigma_d^2 + n^2\sigma_e^2 + rn^2\sigma_p^2$
Resíduo médio	g_2	Q_2	-	Erro intr.médio	g_2	Q_2	-	$n\sigma_d^2 + n^2\sigma_e^2$
Dentro	g_3	Q_3	-	Dentro	g_3	Q_3	-	σ_d^2

σ_p^2: variância genética entre progênies, ao nível de plantas;

σ_e^2: variância ambiental entre parcelas, ao nível de plantas;

σ_d^2: variância fenotípica dentro de progênies, ao nível de plantas. Foi considerada como $\sigma_d^2 = 10\ \sigma_e^2$;

n: número de plantas por parcela (n = stand ideal);

r: número de repetições;

g_1, g_2, g_3: obtidos a partir dos somatórios dos GL's das análises individuais correspondentes;

Q_1, Q_2, Q_3: obtidos a partir de médias dos QM's das análises individuais correspondentes.

foram obtidas ao nível de plantas individuais, de acordo com as esperanças matemáticas dos quadrados médios apresentados na Tabela 5. Obtiveram-se as estimativas da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}^2_p$), da variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}^2_e$) e da variância fenotípica dentro de progênies ($\hat{\sigma}^2_d$), segundo as relações:

$\hat{\sigma}^2_p = (Q_1 - Q_2)/rn^2$; e $\hat{\sigma}^2_e = Q_2/(10n+n^2)$, e $\hat{\sigma}^2_d = 10\ \sigma^2_e$, onde r é o nº de repetições e n é o stand ideal.

Subsequentemente, para as estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}^2_A$), da variância fenotípica ao nível de plantas ($\hat{\sigma}^2_F$) e entre médias de progênies de meios irmãos ($\hat{\sigma}^2_{\bar{F}}$), dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito, ao nível de plantas ($\hat{h}^2\%$) e de médias de progênies ($\hat{h}^2_{\bar{x}}\%$), utilizaram-se as relações:

$$\hat{\sigma}^2_A = 4\hat{\sigma}^2_p \qquad \hat{\sigma}^2_F = \hat{\sigma}^2_p + \hat{\sigma}^2_e + \hat{\sigma}^2_d \qquad \hat{\sigma}^2_{\bar{F}} = \hat{\sigma}^2_p + \frac{\hat{\sigma}^2_e}{r} + \frac{\hat{\sigma}^2_d}{nr}$$

$$\hat{h}^2\% = \frac{\hat{\sigma}^2_A}{\hat{\sigma}^2_F} \cdot 100 \qquad \hat{h}^2_{\bar{x}}\% = \frac{\hat{\sigma}^2_p}{\hat{\sigma}^2_{\bar{F}}} \cdot 100$$

Para a obtenção das estimativas das variâncias genética e ambiental, relativas aos dois locais (ciclo V), considerou-se as esperanças matemáticas dos quadrados médios da análise de variância conjunta, conforme a Tabela 6. Foram

Tabela 6. Esquema da análise de variância conjunta, segundo o delineamento em látice, com as esperanças matemáticas dos quadrados médios [E(QM)] ao nível de plantas individuais, para o caráter peso de espigas.

F.V.	G.L.	Q.M.	E(QM)	F
Repetições/Locais/Exp.	$e\ell(r-1)$	Q_R	$\sigma^2 + n^2p\sigma_r^2$	Q_R/Q_E
Progênies(aj.)/Exp.	$e(P-1)$	Q_P	$\sigma^2 + n^2\ell r\sigma_p^2$	Q_P/Q_E
Locais/Exp.	$e(\ell-1)$	Q_L	$\sigma^2+n^2r(\ell/\ell-1)\sigma_{p\ell}^2+n^2p\sigma_r^2+n^2prV_\ell$	$(Q_L+Q_E/(Q_R+Q_{PL})$
Prog.(aj.)/Exp. x Locais/Exp.	$e(P-1)/\ell-1$	Q_{PL}	$\sigma^2 + n^2r(\ell/\ell-1)\sigma_{p\ell}^2$	Q_{PL}/Q_E
Erro efetivo médio	ge	Q_E	σ^2	

σ_p^2: variância genética entre médias de progênies, ao nível de plantas;

σ^2: variância do erro experimental dentro de locais, sendo $\sigma^2 = n\sigma^2d + n^2\ \sigma_e^2$ (ao nível de plantas individuais, sendo n = stand ideal);

σ_r^2: variância ambiental entre repetições dentro de locais;

$\sigma_{p\ell}^2$: variância da interação progênies x locais;

$V\ell$: variância entre locais;

e,r,ℓ: número de experimentos, repetições e locais, respectivamente;

P,p: número de progênies, por experimento e total, respectivamente;

ge: soma dos graus de liberdade dos erros efetivos médios nos 2 locais;

QE: média dos QM's dos erros efetivos nos 2 locais.

determinadas as estimativas da variância genética entre médias de progênies ($\hat{\sigma}^2_p$), da variância do erro experimental dentro de locais ($\hat{\sigma}^2$) e das variâncias das interações progênies x locais ($\hat{\sigma}^2_{p\ell}$) e aditiva x locais ($\hat{\sigma}^2_{A\ell}$) através das expressões:

$$\hat{\sigma}^2_p = (Q_P - Q_E)/n^2\ell r$$

$$\hat{\sigma}_{p\ell} = (Q_{PL} - Q_E)/n^2 r(\ell/\ell-1)$$

$$\hat{\sigma}^2_{A\ell} = 4\ \hat{\sigma}^2_{p\ell}$$

$$\hat{\sigma}^2 = Q_E$$

As estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}^2_A$) e dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito, ao nível de plantas ($\hat{h}^2$) e de médias de progênies ($\hat{h}^2_{\bar{x}}$) foram determinadas conforme as expressões apresentadas para um só local. Para as estimativas das variâncias fenotípicas entre plantas ($\hat{\sigma}^2_F$) e entre médias de progênies ($\hat{\sigma}^2_{\bar{F}}$) utilizaram-se as expressões:

$$\sigma^2_F = \sigma^2_p + \sigma^2_{p\ell} + \sigma^2_e + \sigma^2_d\ ;$$

$$\hat{\sigma}^2_{\bar{F}} = \hat{\sigma}^2_p + \frac{\hat{\sigma}^2_{p\ell}}{\ell} + \frac{\hat{\sigma}^2_e}{\ell r} + \frac{\hat{\sigma}^2_d}{\ell rn}\ ,$$

onde:

$\hat{\sigma}^2_e$ e $\hat{\sigma}^2_d$ correspondem às médias dos valores das análises de variância agrupadas de cada local.

Também foram obtidas estimativas dos parâme-

tros:

a. Coeficiente de variação genética:

$C\hat{V}g\% = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2}}{\bar{x}} \cdot 100$ ($\bar{x}$ = estimativa da média de progênies; $\hat{\sigma}_p^2$ e $\bar{x}$ são referentes a plantas individuais);

b. Coeficiente de variação experimental:

$C\hat{V}e\% = \frac{\sqrt{Q2}}{n.\bar{X}} \cdot 100$ (n = nº de plantas por parcela;

c. Índices de variação $\hat{b}$ e $\hat{b}^*$ (VENCOVSKY, 1987 e CHAVES & MIRANDA FILHO[2], respectivamente):

$\hat{b} = C\hat{V}g\%/C\hat{V}e\%$;

$\hat{b}^* = \frac{\hat{\sigma}_p}{\hat{\sigma}/\sqrt{r}}$ (estimativas dos desvios padrões genético entre médias de progênies ($\hat{\sigma}_p$) e residual ($\hat{\sigma}$); r = nº de repetições).

3.3.3. **Precisão das estimativas**

As variâncias associadas às estimativas de variâncias genéticas: entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), da interação progênies x locais ($\hat{\sigma}_{p\ell}^2$) e aditiva x local ($\hat{\sigma}_{A\ell}^2$) e do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias de progênies ($\hat{h}_{\bar{x}}^2$) foram obtidas com base no procedimento descrito por VELLO & VENCOVSKY (1974), sendo os

---

[2] CHAVES, L.J. & MIRANDA FILHO, J.B. de. Potencial genético para seleção de um composto de milho (*Zea mays* L.). Trabalho apresentado ao 17º Congresso Nacional de Milho e Sorgo. Piracicaba, 1988.

erros apresentados sob a forma dos desvios padrões respectivos, através das expressões:

a - Análise de variância agrupada (Tabela 5):

$$s(\hat{\sigma}_P^2) = \left[\frac{2}{(rn^2)^2}\left(\frac{Q1^2}{g_1 + 2} + \frac{Q2^2}{g_2 + 2}\right)\right]^{1/2};$$

$$s(\hat{\sigma}_A^2) = \left[\frac{32}{(rn^2)^2}\left(\frac{Q1^2}{g_1 + 2} + \frac{Q2^2}{g_2 + 2}\right)\right]^{1/2} = 4\ s(\hat{\sigma}_P^2);$$

$$s(\hat{h}_{\bar{x}}^2) = \left[\left(\frac{2}{g_1 + 2} + \frac{2}{g_2 + 2}\right)(1 - h_{\bar{x}}^2)^2\right]^{1/2}.$$

b - Análise de variância conjunta (Tabela 6):

$$s(\hat{\sigma}_p^2) = \left[\frac{2}{(n^2\ell r)^2}\left(\frac{Q_P^2}{g_P + 2} + \frac{Q_E^2}{g_E + 2}\right)\right]^{1/2};\ s(\hat{\sigma}_A^2) = 4s(\hat{\sigma}_P^2);$$

$$s(\hat{\sigma}_{p\ell}^2) = \left[\frac{2}{N}\left(\frac{Q_{PL}}{g_{PL} + 2} + \frac{Q_E}{g_E + 2}\right)\right]^{1/2};\ s(\hat{\sigma}_{A\ell}^2) = 4s(\hat{\sigma}_{p\ell}^2);$$

$$s(\hat{h}_{\bar{x}}^2) = \left[\left(\frac{2}{g_P + 2} + \frac{2}{g_E + 2}\right)(1 - h_{\bar{x}}^2)^2\right]^{1/2}.$$

onde, $N = (n^2 r(\ell/\ell-1))^2$

3.3.4. Estimativas dos progressos esperados com seleção

O progresso observado por seleção pôde ser ob

tido somente no ciclo III, já que uma das testemunhas utilizadas foi uma amostra da população original. O mesmo também poderia ser obtido se fossem utilizados como testemunhas híbridos no decorrer dos ciclos. Com exceção do ciclo III, no qual estimaram-se os progressos esperado e observado, para os demais ciclos foram obtid s somente os progressos esperados por seleção, de acordo com as fórmulas fornecidas por VENCOVSKY (1987):

a) Seleção massal estratificada num só sexo:

$$\hat{G}_s = \overline{ds} \cdot \frac{(1/2)\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_d^2}$$

$\hat{G}s$: estimativa do progresso esperado com seleção massal estratificada;

$\overline{ds}$: diferencial de seleção médio;

$\hat{\sigma}_A^2$: estimativa da variância genética aditiva da população base;

$\hat{\sigma}_p^2, \hat{\sigma}_d^2$: estimativas das variâncias genética entre médias de progênies e fenotípica dentro de progênies, respectivamente.

Observação: $\hat{\sigma}_A^2$, $\hat{\sigma}_p^2$ e $\hat{\sigma}_d^2$ foram obtidas da avaliação do ciclo posterior.

b) Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos (com sementes remanescentes, dois anos por ciclo):

Devido à seleção ter sido não truncada (além da produtividade outros caracteres como altura da planta,

altura da espiga e acamamento foram considerados), utilizaram se os diferenciais de seleção (em g/planta) para que os progressos esperados com seleção entre progênies não fossem superestimados, onde:

$ds = X_S - X_F$

ds = diferencial de seleção

X_S = média da produção da amostra selecionada;

X_F = média da produção das progênies avaliadas.

Da mesma forma, deveria-se utilizar os diferenciais de seleção para não superestimar o progresso esperado com seleção dentro de progênies. Não foi possível obter os diferenciais de seleção com a seleção dentro pois não se dispôs das produções das plantas individuais. Desta forma, utilizou-se uma modificação da fórmula do progresso usada por LIMA (1977), admitindo-se que para a seleção dentro de progênies é utilizado o mesmo critério para a seleção entre. Assim:

$$\hat{G}s = ds \cdot \frac{1/4\ \hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2} + c \cdot \frac{K_2 \cdot 3/8\ \hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}d}$$

$\hat{G}s$: estimativa do progresso esperado com seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos, com sementes remanescentes;

$\hat{\sigma}_A^2$: estimativa da variância genética aditiva da pop.base;

c : $\hat{G}s_e(ds)/\hat{G}s_e(K_1)$: proporção entre a estimativa do progresso esperado entre utilizando-se diferencial de seleção e K1, respectivamente;

$\hat{G}s_e(ds)$: estimativa do progresso esperado devido à seleção entre progênies de meios irmãos obtidos a partir de ds ($Gs_e(ds) = ds.\ 1/4\ \hat{\sigma}^2_A/\hat{\sigma}^2_{\bar{F}}$);

$\hat{G}s_e(K_1)$: estimativa do progresso esperado devido à seleção entre progênies de meios irmãos obtidos a partir de K_1($Gs_e(K_1) = K_1.1/4\ \hat{\sigma}^2_A/\hat{\sigma}_{\bar{F}}$);

K_1, K_2 : diferenciais de seleção estandartizados, correspondentes à seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos, respectivamente;

$\hat{\sigma}^2_{\bar{F}}$, $\hat{\sigma}_{\bar{F}}$: estimativas da variância fenotípica e do desvio padrão fenotípico, respectivamente, entre médias de progênies de meios irmãos;

$\hat{\sigma}_d$: estimativa do desvio padrão fenotípico dentro de progênies de meios irmãos.

3.3.5. Distribuições de freqüência das médias de progênies

Também foram apresentados os histogramas das distribuições de freqüência da população original, do ciclo I e das médias de progênies dos ciclos de II a V, com os intervalos de classe de 8 g/planta (Figuras 1 a 6). Na Figura 1, os dados são de médias das 50 plantas de cada estrato, não sendo incluídas a amostra selecionada pois a seleção se deu em todos os estratos.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análise geral dos dados

As informações gerais sobre a seleção massal estratificada são apresentadas na Tabela 7. Na Figura 1(A) pode ser observada a distribuição de frequência da população original, com os dados tomados de média das 50 plantas de cada estrato e com amplitude obtida de 185 a 312 g/pl. A Figura 1(B) apresenta a distribuição de frequência dos diferenciais de seleção relativos aos 243 estratos, sendo obtida uma média de 43,5 g/pl e uma amplitude de -36 a +129 (em g/pl).

As espigas, por ocasião da pesagem, apresentaram-se com um elevado teor de umidade (média de 24,9%), estando a média das 12.150 plantas, portanto, superestimada. De qualquer forma, as condições climáticas foram em geral satisfatórias para o desenvolvimento das plantas, mesmo sem ter proporcionado um alto índice de prolificidade para auxiliar na seleção massal estratificada. As diferenças obtidas entre as produções dos estratos observados na Figura 1(A) podem ter sido devidas às diferenças ambientais entre os diferen

tes estratos e também à variação genética entre as plantas, visto que a população encontrava-se num estádio inicial de melhoramento e sendo desta forma heterogênea. Não foi possível, entretanto, determinar a proporção que cada uma destas variáveis contribuiu para as diferenças entre as produções dos estratos.

Com relação à Figura 1(B), a pequena porcentagem dos diferenciais de seleção negativos ocorreu devido à seleção ter sido visual e com base também em outros caracteres da planta e da espiga. Desta forma, nem sempre as plantas selecionadas foram as mais produtivas. Deve-se observar também que o programa de melhoramento desta população tem como objetivo a obtenção de plantas produtivas e de porte baixo, sendo que diversos autores têm constatado uma correlação positiva e significativa entre produção e altura da planta (FAKOREDE, 1979; MOLL & KAMPRATH, 1977; MARTINS, 1986; SEGOVIA, 1983).

No intuito de fornecer uma idéia geral do processo de seleção das progênies, na Tabela 8 são apresentados: o número de progênies avaliadas e selecionadas, as intensidades de seleção entre e dentro de progênies, os diferenciais de seleção observados entre progênies em g/pl (ds) e estandartizados (k) e o stand médio. O stand médio bem baixo do ciclo IV foi devido à seca na época de emergência das plantas, tendo o mesmo correspondido a 58% do stand ideal.

Nas correções de stand não se ateve à signifi

cância da análise de variância do stand pois supôs-se que as diferenças observadas ocorreram de forma aleatória, pois as progênies estudadas foram provenientes da mesma população, aliada ao fato das mesmas apresentarem um bom vigor das sementes. MIRANDA FILHO (1977 e 1979) fez avaliações preliminares na população em estudo (ciclos II e III(a), respectivamente), usando o método de correção de Zuber. No presente caso a correção do stand foi efetuada através do método da covariância, que segundo GOMES & GOMES (1976) deve ser o mais satisfatório por usar os dados do próprio experimento para ajustar as produções com stands irregulares. Deve-se notar, entretanto, que os métodos de correção não são exatos, de forma que a produção corrigida não corresponde exatamente a que a parcela teria com stand ideal (GOMES & GOMES, 1976; MIRANDA FILHO, 1987).

Os valores e significâncias dos quadrados médios de progênies e do erro das análises de variância individuais são apresentados nas Tabelas 9 (ciclos II a IV) e 10 (ciclo V).

Nota-se, pelas Tabelas 9 e 10, que nem todos os experimentos apresentaram diferenças estatísticas significativas entre progênies detectadas pelo teste F. Provavelmente uma das razões para que isso ocorresse devido ao número de repetições utilizado ter sido de uma maneira geral baixo. De fato, nota-se, por exemplo que no ciclo III(b) os 3 experimentos apresentaram diferenças estatísticas altamente significativas entre progênies, enquanto

que no ciclo II somente 2 experimentos entre os 10 apresentaram significância. Deve-se observar que enquanto o ciclo III(b) foi avaliado em 8 repetições, no ciclo II utilizaram-se duas repetições apenas.

Verifica-se pela Tabela 9 que no ciclo IV o experimento 4 apresentou o quadrado médio de progênies menor em relação ao do erro, o que forneceria consequentemente neste experimento uma estimativa da variância genética negativa. É mais provável que a grande diminuição do quadrado médio de progênies (ocorrendo também de uma maneira geral com os outros experimentos deste ciclo) tenha sido devido à correção dos stands observados extremamente baixos.

Os valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância agrupadas são apresentados nas Tabelas 11 (ciclos II a IV) e 12 (ciclo V). Observa-se que os ciclos III(b) e V apresentaram diferenças estatísticas altamente significativas entre progênies. Mais uma vez, uma das razões para a não significância observada nos ciclos II e III(a), pode ter sido pela utilização de duas repetições apenas nestes dois ciclos, o que diminui consequentemente o poder do teste F. Por ter sido baixo o quadrado médio de progênies no ciclo IV, o teste F não detectou significância, embora o número de graus de liberdade do resíduo médio tenha sido o maior dentre os ciclos estudados.

A análise de variância conjunta do ciclo V é apresentada na Tabela 14. O teste F para locais dentro de ex

perimentos foi não significativo, mostrando que a diferença apresentada pelas médias gerais das progênies não foi significativa entre os locais. Verifica-se também que as médias de progênies para os 4 experimentos foram próximas nos dois locais (Tabela 15). O teste F para progênies dentro de experimentos, por outro lado, foi altamente significativo (Tabela 14), evidenciando a existência de progênies com produções estatisticamente superiores, sem estas estarem confundidas com a interação genótipo por ambiente. O teste F para a interação foi significativo, mostrando que as progênies apresentaram comportamento diferenciado nos locais onde foram avaliadas.

A quantificação da precisão experimental foi obtida pelas estimativas do coeficiente de variação experimental ($C\hat{V}e\%$), sendo amplamente conhecido que quanto menor for este coeficiente maior será a precisão das avaliações. As estimativas do CVe% obtidas das análises de variância agrupadas apresentam-se nas Tabelas 11 (ciclos II a IV) e 12 (ciclo V).

As estimativas do CVe% obtidas das análises de variância individuais de cada experimento são apresentadas na Tabela 13, podendo-se perceber que os coeficientes não apresentaram variação de grande magnitude dentro de cada ciclo. Os valores das análises individuais e agrupadas variaram de 10,56 a 19,09% e 11,58 a 16,05%, respectivamente, enquanto que o $C\hat{V}e\%$ da análise conjunta foi de 13,93% (Tabela 14). RAMALHO (1977) obteve, do levantamento de 30 estimativas obtidas no Departamento de Genética da

ESALQ/USP uma amplitude nas estimativas do CVe% de 7,7 a 23,27%, com média de 16,37%, e estando portanto a variação observada no presente trabalho dentro desta amplitude. No levantamento de VENCOVSKY **et alii** (1988) envolvendo 58 testes de progênies de meios irmãos foi obtida uma média nas estimativas do CVe% de 16,3%. Os autores consideram que uma das falhas nos programas de seleção recorrente nas nossas condições é usualmente a baixa precisão experimental obtida nos testes, ensaios e experimentos em geral, considerando que, das 58 estimativas do CVe% obtidas, somente 11 foram menores que 12%. Quando se compara o $C\hat{V}e\%$ entre experimentos diferentes deve-se, entretanto, tomar um certo cuidado. Isto porque os mesmos são obtidos em condições experimentais diferentes, onde os experimentos normalmente diferem no número de repetições e de progênies, tamanho das parcelas, etc., além da diversidade das populações. Pode-se considerar, apesar disto, que as estimativas dos CVe% obtidas indicaram uma precisão experimental aceitável para fins de seleção.

As maiores estimativas do $C\hat{V}e\%$ das análises agrupadas foram obtidas nos ciclos IV (16,05%) e V em Caterpillar (15,36%), sendo estes os ciclos que apresentaram as menores médias de progênies, ou seja, 120,3 e 123,5 g/planta, respectivamente (Tabela 16). O ciclo V na Água Santa, por outro lado, apresentou o menor valor, com o quadrado médio do erro experimental mais baixo de todos os ciclos estudados.

Na Tabela 13 são apresentadas as eficiências do delineamento em látice em relação a blocos casualizados. Segundo MIRANDA FILHO (1987), pode-se analisar um experimento como blocos casualizados quando se obtêm valores de eficiência do látice entre 100 e 110%. Baseando-se neste resultado, somente o ciclo V foi analisado como látice pois, à exceção do experimento 1 do ciclo IV (eficiência de 124%), os demais experimentos dos ciclos II a IV apresentaram valores com baixa e/ou não eficiência.

Devido à eficiência do látice em relação a blocos casualizados nos ciclos II a IV terem sido de uma maneira geral baixas (Tabela 13), pode-se inferir que nestes ciclos as áreas experimentais mostraram-se homogêneas. A eficiência do látice apresentada no ciclo V demonstrou haver heterogeneidade da área experimental onde o ensaio foi conduzido.

Os dados relativos às médias do peso de espigas de progênies e testemunhas, e percentagens das médias de progênies em relação as das testemunhas são apresentados nas Tabelas 15 (ciclos II e III) e 16 (ciclos IV e V). A população estudada apresenta-se com porte um pouco mais alto que as testemunhas 'Piranão VD-1' e 'Piranão VD-2'. Foram observadas também maior altura da planta da ESALQ PB-1 em relação à 'Piranão VD-1' nos ensaios de MACHADO et alii (1978), PEIXOTO et alii (1976) e RISSI et alii (1976), sendo superiores à 'Piranão VD-1' em 28; 5 e 22%, respectivamente. As testemunhas

'Piranão VD-1' e 'Piranão VD-2', portanto, devem ter sofrido algum efeito de competição nos ciclos II a IV, visto que não foram utilizadas bordaduras.

Serão apresentados ao longo da discussão alguns resultados de outros autores sobre a população em questão e as testemunhas utilizadas, já que estas não foram constantes nos diferentes ciclos de seleção com progênies de meios irmãos.

Como informação adicional do ciclo II, outras amostras do mesmo foram utilizadas como parte de ensaios por PEIXOTO **et alii** (1976), MACHADO **et alii** (1978), no Departamento de Genética da ESALQ / USP, RISSI **et alii** (1976), em 4 locais, e pela EMBRAPA/CNPMS (1977), em 10 locais. PEIXOTO **et alii** (1976) e MACHADO **et alii** (1978) obtiveram a produção média da ESALQ PB-1 superior em 5,4% e equivalente ao 'Piranão VD-1', respectivamente. A ESALQ PB-1 foi superior em 19,8% ao 'Piranão VD-1' pelos ensaios da EMBRAPA/CNPMS (1977) (média dos 10 locais), enquanto que RISSI **et alii** (1976) obtiveram a produção da primeira, em relação à última, superior em 5,7% (média dos 4 locais).

Com relação ao ciclo II, as médias obtidas de progênies por experimento variaram de 172,3 a 195,6 g/pl (Tabela 15), enquanto que a variação das médias da testemunha 'Piranão VD-1' foi de 142,5 a 169,8 g/pl (Tabela 15). As progênies foram superiores à testemunha em todos os experimentos numa amplitude de 9,7 a 22,1%. A média

de progênies deste ciclo foi de 181,4 (ou 9.070 kg/ha), sendo superior à 'Piranão VD-1' em 14,6%. Segundo MIRANDA FILHO (1977), esta testemunha tem se apresentado com um bom nível de produtividade em comparação com as melhores variedades e híbridos em diversos experimentos. Considerando o estádio de melhoramento em que a ESALQ PB-1 encontrava-se por ocasião destes ensaios, embora o efeito de competição não deva ser ignorado, já poderia considerá-la promissora e com boas possibilidades de obtenção de uma variedade produtiva e de porte baixo.

Nas Figuras de 2 a 6 são apresentadas as distribuições de frequência relativas às médias de progênies avaliadas e selecionadas. As Figuras 4 e 5 (relativas ao ciclo V) não fazem referência às amostras selecionadas pois a seleção neste ciclo baseou-se na média das progênes dos dois locais. Observa-se, pelas Figuras, que as frequências das amostras selecionadas aproximaram-se da distribuição normal em consequência da seleção entre progênies ter sido não truncada.

A magnitude das médias de progênies no ciclo III(a) foi inferior ao II (Tabela 15). As distribuições de frequência dos ciclos II e III(a) encontram-se nas Figuras 2(A) e 2(B), respectivamente. A amplitude obtida das progênies avaliadas no ciclo II foi de 117,0 a 251,6 g/pl, enquanto que a do ciclo III(a) foi de 94,1 a 214,2 g/pl. Observa-se pelas Figuras 2(A) e 2(B) que aparentemente houve uma re-

dução na amplitude de variação das médias de progênies no ciclo III(a) em relação ao II devido ao efeito ambiental. Nota-se pois, pela Figura 2(B), que a maior frequência das progênies se concentrou numa amplitude de 132 a 180 g/pl, embora a observada tenha sido de 94,1 a 214,2 g/pl.

O ciclo III(b) (originado a partir de uma intensidade de seleção de 2%) apresentou uma média de progênies inferior em 10%, aproximadamente, em relação ao III(a) (originado a partir de uma intensidade de seleção de 10%), não tendo portanto correspondido teoricamente com o esperado. Apesar disto, as progênies foram superiores às testemunhas ESALQ PB-1 original e 'Piranão VD-2' em 4,8 e 7,7% em média, respectivamente. Na Figura 3 é observada a distribuição de frequência das médias de progênies avaliadas e da amostra selecionada, onde apresentaram variação de 111,9 a 183,8 g/pl.

A respeito da comparação entre os ciclos III (a) e III(b), deve ser ressaltado que os ensaios foram conduzidos não com o objetivo específico de comparar o efeito das intensidades de seleção de 10% e 2% sobre as médias e variâncias, mas os mesmos constituíram-se em programas de melhoramento com objetivos diferentes.

Comparando-se a superioridade das progênies em relação às testemunhas entre os ciclos III(a) e III(b), pode-se verificar que, em relação à 'Piranão VD-2', não foram expressivamente diferentes (6,4 e 7,7% superiores à tes-

temunha 'Piranão VD-2', respectivamente para os ciclos citados), conforme a Tabela 15. Com relação à testemunha ESALQ-PB-1 original, a superioridade das progênies para os ciclos III(a) e III(b) foram de 18,2 e 4,8%, respectivamente. Uma explicação para estes resultados não esperados é que, além de os ensaios não terem sido conduzidos numa mesma área experimental, utilizaram-se variedades de polinização aberta como testemunhas, e não híbridos. As amostragens das testemunhas nos ciclos de II a IV, por serem variedades e portanto geneticamente heterogêneas, deveriam ter sido maiores que as utilizadas. Nota-se também que, para os ciclos III(a) e III(b) as amostragens das testemunhas não foram as mesmas (40 e 165 parcelas, respectivamente).

Outra explicação para que a média do ciclo III (b) tenha sido menor que a do III(a) é que, como o primeiro originou-se a partir de uma alta intensidade de seleção, pode ter havido neste caso interação genótipos x ano. Aquelas vinte melhores progênies do ciclo II, que originaram o ciclo III(b), podem ter sido melhor adaptadas no ano em que foram avaliadas, mas não repetindo a boa performanfe no caso do ciclo III(b).

O arranjamento das progênies dos ciclos III(a) e III(b) no campo se deu na forma de repetições dentro de grupos, sendo estes em número de dois e constituídos pelas duas subpopulações. As áreas experimentais foram homogêneas dentro de grupos (não eficiência dos experimentos em látice),

ao passo que entre grupos isto não ocorreu (médias de progênies de ciclo III(b) menor que o do III(a)). Desta forma, se o objetivo tivesse sido comparar o efeito das duas intensidades de seleção, um procedimento mais indicado poderia consistir em arranjar as parcelas na forma de grupos dentro de repetições ao invés de repetições dentro de grupos. Este procedimento seria justificado pois, embora seja mais provável haver um maior erro experimental, entretanto o controle local dentro de repetições tornaria-se melhor (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981).

O ciclo IV foi o que apresentou a menor média de progênies. A distribuição de frequência das médias de progênies avaliadas e selecionadas encontra-se na Figura 4, onde a amplitude obtida foi de 90,0 a 156,9 g/pl.

O ciclo V, ao contrário dos demais, foi conduzido em dois locais, devendo-se observar também que, para as testemunhas, se teve acesso somente às médias entre os 4 experimentos. O local Água Santa apresenta um solo de terra roxa estruturada, em contraposição ao latossol vermelho amarelo de textura média em Caterpillar. A média de progênies na Água Santa foi maior que em Caterpillar (130,2 e 123,5 g/pl, respectivamente, da Tabela 16) em função do solo da primeira ser um pouco mais fértil que o da última. As Figuras 5(A) e 5(B) apresentam a distribuição de frequência das médias de progênies avaliadas, observando-se amplitudes de 84,4 a 157,6 g/pl e de 96,7 a 168,6 g/pl para Caterpillar e

Água Santa, respectivamente. A Figura 6 mostra a distribuição de frequência, com a amostra selecionada, relativa à média dos dois locais.

Observa-se na Tabela 16 que a média dos dois locais foram de 126,8 g/pl (6.340 kg/ha) correspondendo em 91,6% da média das duas testemunhas (Cargill-511 e Agroceres-401). Pode-se constatar que a população ESALQ PB-1, no 5º ciclo, apresentou uma performance relativamente boa, visto que as testemunhas são híbridos duplos comerciais com boas produtividades.

4.2. Estimativas de parâmetros genéticos

4.2.1. Coeficientes de variação genética, índices de variação, variâncias genéticas entre progênies e aditiva, ambiental entre parcelas e fenotípica e herdabilidade

As estimativas do coeficiente de variação genética ($C\hat{V}g\%$) obtidas das análises de variância individuais de cada experimento são apresentadas na Tabela 13, enquanto que as estimativas obtidas das análises agrupadas são dadas nas Tabelas 11 (ciclos II a IV) e 12 (ciclo V). O $C\hat{V}g\%$ obtido na análise conjunta (ciclo V) encontra-se na Tabela 14. Estas estimativas indicam a quantidade de variabilida-

de genética entre progênies, em relação às médias populacionais respectivas. O $C\hat{V}g\%$, quando utilizado na comparação de diferentes ciclos ou entre diferentes populações, é limitado por depender da média do caráter em questão. PATERNIANI (1968) e ZINSLY (1969) consideram que a causa principal de erro em sua estimativa é o aumento da média obtida com os sucessivos ciclos de seleção. Desta forma, uma comparação no presente estudo entre as estimativas do CVg% dos diversos ciclos portanto, não seria de grande valia devido às médias das progênies terem sido diferentes.

Os valores do $C\hat{V}g\%$ obtidos das análises individuais variaram de 0,56 a 9,21% (Tabela 13), apresentando assim grande variação entre experimentos. Para as análises agrupadas e conjunta (Tabelas 11, 12 e 14), excetuando o ciclo IV que caracterizou-se por condições experimentais ruins, a variação foi de 4,15 a 6,82%. Esta amplitude encontra-se dentro da obtida por RAMALHO (1977), que foi de 3,37 a 15,31%. TORRES SEGOVIA (1976), estudando a população Centralmex, de base ampla, em 6 ciclos de seleção de progênies de meios irmãos, obteve uma variação nas estimativas do $C\hat{V}g\%$ de 4,41 a 7,13%, sendo desta forma semelhante aos valores que foram obtidos. LIMA (1977), por outro lado, obteve valores superiores, variando de 6,25 a 7,34% em três ciclos de seleção no composto ESALQ VD-2. De qualquer forma, os valores do $C\hat{V}g\%$ obtidos encontram-se dentro daqueles normalmente reportados pela literatura.

As magnitudes do $C\hat{V}g\%$ obtidos das análises dos locais Caterpillar e Água Santa separadamente (Tabela 12) foram maiores que da análise conjunta dos dois locais (Tabela 14). Isto ocorreu porque as variância genética entre médias de progênies obtida da análise conjunta apresenta-se isolada da interação progênies x locais. Apesar das estimativas do CVg% dependerem das médias, diversos autores, obtendo valores em torno de 7-8%, consideram como indicadores do potencial genético das populações nas quais foram obtidas (LIMA & PATERNIANI, 1977; LIMA et **alii**, 1974; SANTOS & NASPOLINI FILHO, 1986a; ZIMBACK, 1985). Os valores obtidos no ciclo V (6,82 e 6,19%, respectivamente para Caterpillar e Água Santa, Tabela 12) indicam, portanto, que a população em estudo deve continuar respondendo à seleção caso a mesma tenha continuidade.

As estimativas do índice de variação $\hat{b}$ (sugerido por VENCOVSKY, 1987) obtidas das análises de variância individuais encontram-se na Tabela 13. Houve também, assim como as estimativas do CVg%, uma grande variação entre os diferentes experimentos.

O índice de variação $\hat{b}$ poderia ser a alternativa para solucionar o problema da comparação da variabilidade genética entre diferentes ciclos ou populações. Este índice quantifica a proporção da variabilidade genética em relação à variabilidade ambiental e, como é tirado o efeito de médias, pode-se comparar a variabilidade em populações avaliadas em diferentes ambientes. Pode-se perceber também que

comparando-se os valores do $C\hat{V}g\%$ e $\hat{b}$ do ciclo V nos dois locais (Tabela 13) não houve necessariamente uma relação direta entre estas duas estimativas.

Os valores de $\hat{b}$ obtidos nas análises agrupadas encontram-se nas Tabelas 11 (ciclos II a IV) e 12 (ciclo V). Para os ciclos II, III(a), III(b); IV e V (este último em Caterpillar e Água Santa), a variação genética entre progênies correspondeu a 34, 38, 41, 19, 44 e 53% da variação observada do erro experimental, respectivamente. A estimativa obtida da análise conjunta (Tabela 14) foi de 0,42, sendo assim aproximadamente da mesma magnitude da análise agrupada no local Caterpillar.

Embora a comparação das médias entre os ciclos III(a) e III(b) não pudesse ser efetuada devido as diferentes áreas experimentais, agora pode ser feita usando o índice $\hat{b}$. O ciclo III(b), obtido a partir de uma intensidade de seleção de 2%, não apresentou uma queda na variabilidade livre em relação ao ciclo III(a), obtido a partir de uma intensidade de 10%. Os valores de $\hat{b}$ entre estes dois ciclos não foram expressivamente diferentes, mostrando que a alta intensidade de seleção entre progênies não conduziu a uma redução da variabilidade genética em relação à baixa intensidade. Isto é salientado pelas magnitudes das variâncias genéticas entre progênies destes dois ciclos, as quais foram bem próximas (60,000 e 61,800 (g/pl^2) nos ciclos III(a) e III(b), respectivamente, da Tabela 17). Resultados semelhan-

tes foram observadas por MÔRO (1982), que aplicando uma alta intensidade de seleção (1,6%), também não observou uma diminuição da variabilidade genética de população selecionada em relação à original.

A intensidade de seleção que é praticada num programa de seleção recorrente está relacionada, entre outros fatores, com o tamanho efetivo populacional, o qual diz respeito à representatividade genética de uma amostra em relação à geração imediatamente anterior. Calculando-se o tamanho efetivo aproximado para cada ciclo com progênies de meios irmãos como sendo igual a quatro vezes o número de progênies recombinadas (VENCOVSKY, 1987), foi obtido um valor médio (média harmônica) aproximadamente da ordem de 300. Este valor é relativamente alto. Sob este nível médio de tamanho efetivo que foi mantido, a seleção foi eficiente, como será visto adiante. PEREIRA (1980) concluiu que os tamanhos efetivos mínimos necessários para garantir sucesso na seleção para populações: do tipo composto, pouco melhorada e melhorada não aproximadamente 40, 50 e 25, respectivamente. RAWLINGS (1970) concluiu que nos programas de seleção recorrente um tamanho efetivo de 30 a 45 poderia ser adequado para obter progressos a longo prazo. Estes trabalhos mostram que o tamanho efetivo a ser mantido para evitar que a oscilação genética cause a fixação de alelos indesejáveis na condição homozigota, além de perdas da variabilidade, é relativamente pequeno. O valor do tamanho efetivo da subpopulação formada sob alta intensidade de seleção é de aproximadamente 80, sendo que esta apre-

sentou média inferior àquela formada sob baixa intensidade, como já observado. Pode-se entretanto afirmar que este valor de 80 é suficientemente alto para que não proporcionasse problemas com endogamia e consequente redução da média de produção das progênies.

O índice de variação, embora possa ser usado na comparação da variabilidade genética, a finalidade principal segundo VENCOVSKY (1987) é indicar se os materiais genéticos em questão, numa dada fase de avaliação, se prestam à seleção. De acordo com o autor, uma situação muito favorável para a seleção de progênies de milho é quando $\hat{b}$ apresentar valor próximo ou superior a 1,0. No levantamento envolvendo diversas populações de milho apresentado por RAMALHO (1977), bem como as populações estudadas por CANTON (1988), CRISÓSTOMO (1978), RISSI (1980), SANTOS & NASPOLINI FILHO (1986a e b); SOARES FILHO (1987) e ZIMBACK (1985), os valores do índice de variação $\hat{b}$ variaram dentro dos limites de 0,22 a 0,88. Os valores de $\hat{b}$ presentemente obtidos situaram-se portanto dentro desta amplitude (excetuando-se o valor obtido no ciclo IV).

No presente trabalho houve uma expressiva redução no índice de variação $\hat{b}$ no ciclo IV (Tabela 11) em relação aos demais, pois este ciclo apresentou o $C\hat{V}g\%$ menor (em virtude da baixa magnitude da estimativa da variância genética entre médias de progênies), em contrapartida ao $C\hat{V}e\%$

que foi um dos mais elevados. Excetuando-se este ciclo, as estimativas do índice de variação $\hat{b}$ não apresentaram variação de grande magnitude ao longo dos ciclos.

O índice de variação $\hat{b}$ (sugerido por CHAVES & MIRANDA FILHO[2]) corresponde à razão entre o desvio padrão genético entre médias de progênies ($\hat{\sigma}_p$) e o erro padrão da média ($\hat{\sigma}_m$). Este último, por sua vez, é igual ao desvio padrão residual ($\hat{\sigma}$) dividido pela raiz quadrada do número de repetições. O erro padrão da média, por ser dependente do número de repetições que é utilizado em cada dada situação particular, não torna possível a utilização do índice $\hat{b}^*$ para comparar a variabilidade genética entre diferentes ciclos ou populações. Pela mesma razão, o índice $\hat{b}^*$, em contrapartida, apresenta-se com vantagem em relação ao índice $\hat{b}$ para indicar se uma determinada situação apresenta-se favorável ou não à seleção. Na comparação entre ciclos de seleção ou populações, envolvendo o mesmo número de repetições, torna-se todavia indiferente a utilização de $\hat{b}$ ou $\hat{b}^*$.

Na Tabela 11 são apresentadas estimativas de $\hat{b}^*$ para os ciclos de II a IV, enquanto que as estimativas para o ciclo V referentes às análises individuais dos dois locais e conjunta encontram-se nas Tabelas 12 e 14, respectivamente. Observa-se que o ciclo IV apresentou o menor dentre os valores de $\hat{b}^*$ obtidos, embora com um maior número de repetições em relação aos ciclos II, III(a) e V, devido à pequena magnitude do $\hat{\sigma}_p$. Para os demais ciclos, entretanto, veri

fica-se que houve um aumento proporcional de $\hat{b}^*$ com o número crescente de repetições.

Pelos valores de $\hat{b}$ referentes aos ciclos III (a) e III(b), da Tabela 11, observa-se que os mesmos apresentaram variabilidade genética em valores relativos aproximadamente iguais. Entretanto, para fins de seleção, o ciclo III(b) mostrou-se mais favorável, conforme indicado pelo valor de $\hat{b}^*$, que foi cerca de duas vezes maior do que em III (a). Através da relação $\hat{b}^*/\hat{b} = \sqrt{r}$, a transformação de $\hat{b}$ em $\hat{b}^*$ é imediata e de fácil visualização.

Com respeito aos componentes de variância, para a seleção massal estratificada foi calculada a estimativa da variância fenotípica entre estratos, que correspondeu a 456,373 $(g/pl)^2$ (Tabela 7). Sua obtenção objetivou apenas fornecê-la como um dado adicional, visto que as estimativas obtidas por outros autores praticamente não são fornecidas pela literatura. Deve-se observar, entretanto, que a mesma deve estar superestimada em consequência das médias do peso de espigas no ciclo I terem se apresentado com elevada umidade por ocasião da pesagem.

Para os ciclos seguintes, as estimativas da variância genética entre progênies e aditiva, obtidas das análises agrupadas, são apresentadas na Tabela 17, com os respectivos erros padrões. Houve uma expressiva redução na magnitude das variancias genéticas no ciclo IV, embora isto não ocorreu com as médias de progênies, pois foram corrigi-

das para o stand ideal. O processo de correção por covariância tem a desvantagem de diminuir a magnitude das diferenças das produções das progênies, beneficiando as menos produtivas e prejudicando as de maior produção por utilizar em cada experimento os coeficientes β médios. Consequentemente, a variância genética entre progênies ficará subestimada, sendo este fator mais evidenciado à medida que diminui o stand médio observado. Isto, portanto, contribui para diminuição das estimativas de variância genética, principalmente no ciclo IV, que apresentou um stand médio muito baixo (14,5 plantas, da Tabela 8). Observa-se também que diminuindo a magnitude da variância genética aumentou o erro populacional associado (Tabela 17).

Se não considerar o ciclo IV e tomando-se o ciclo V na Água Santa (visto que os ciclos anteriores foram conduzidos neste local), as estimativas de σ_p^2 e σ_A^2 apresentaram pequena variação, sendo que as diferenças observadas situram-se dentro dos erros padrões respectivos. Pode-se observar, além disso, que houve um aumento na variância genética no ciclo V (Água Santa), embora o erro populacional associado a esta estimativa tenha sido 23,9%.

Como cada ciclo de seleção é conduzido em anos diferentes torna-se difícil a comparação das estimativas das variâncias genéticas entre os mesmos, visto que o efeito ambiental varia de ano a ano e as variâncias genéticas são dependentes das médias. GHINI & MIRANDA FILHO (1979) utilizaram um artifício na comparação entre estimativas de parâme-

tros de populações diferentes e possuindo diferentes médias e supondo que o efeito dos ambientes sobre os genótipos se dá segundo um modelo multiplicativo. Utilizando-se este procedimento em que a média dos diversos ciclos serviu como referência, obtiveram-se as $\hat{\sigma}^2_A$ ajustadas de 147,056; 210,044; 261,845; 80,060 e 327,000 $(g/pl)^2$ para os ciclos II, III(a), III(b), IV e V na Água Santa, respectivamente. Assim, pode-se notar que o ciclo IV a $\hat{\sigma}^2_A$ observada foi menor que a ajustada, mas mesmo assim este ajuste não acompanha o valor real que a estimativa observada teria. Observa-se também, que houve um aumento mais evidenciado da σ^2_A ajustada do 1º para o 2º ciclo com progênies, o que é possível também que a variância genética possa aumentar nos primeiros ciclos de seleção se a frequência inicial dos alelos favoráveis for baixa (MOLL & STUBER, 1974).

A magnitude da $\hat{\sigma}^2_p$ foi maior no local Caterpillar que na Água Santa. A média de progênies, por outro lado, foi menor na Caterpillar talvez devido às condições de fertilidade terem sido piores em relação à Água Santa. SOUZA JUNIOR **et alii** (1981), estudando a população Suwan (BR-105), e SOARES FILHO (1987), as populações 'Piranão VD-2B' e 'Piranão VF1B', argumentaram que há uma tendência a maior discriminação entre progênies sob condições de estresse, dado pela maior $\hat{\sigma}^2_p$. PACHECO (1987), estudando a população CMS-39 em dois locais, observou maior $\hat{\sigma}^2_p$ no local com menor produtividade. Os resultados mostraram - se semelhantes aos obti -

dos por estes autores, tomando-se com cautela entretanto devido aos erros padrões. AGUIAR (1986), por outro lado, estudando a população CMS-39 em 3 locais, obteve maiores valores da $\hat{\sigma}^2_p$ nos locais com maior produtividade e concordando assim com o que tem dado a entender os ensaios de seleção (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1981).

As estimativas de σ^2_A obtidas nos vários ciclos (Tabelas 17 e 19) encontram-se abaixo da média dos levantamentos efetuados por RAMALHO (1977), HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) e VENCOVSKY **et alii** (1988) que foram de 320,0; 468,6 e 309,0 $(g/pl)^2$, respectivamente. Pode-se considerar assim que as estimativas da σ^2_A encontradas não devem ser muito elevadas.

Na Tabela 19 observa-se as estimativas das variâncias das interações progênies x locais e aditiva x locais. Quando se objetiva obter materiais genéticos para um ambiente mais amplo é sabida a necessidade de que a seleção seja baseada em testes conduzidos em mais de um local, pois selecionando-se em um local apenas, o ganho poderá estar superestimado pela interação genótipo por ambiente. A magnitude da interação é dependente em grande parte do tipo de material ensaiado e também das condições de ambiente em jogo, conforme considera VENCOVSKY (1987). COMSTOCK & MOLL (1963) afirmam que um tipo de progênie como o de meios irmãos, como liberam pouca variabilidade, espera-se normalmente que apresentem uma interação genótipo por ambiente de pequena

magnitude. Reforçando esta colocação, MIRANDA FILHO & VENCOVSKY (1972) e RAMALHO (1977), apresentando levantamento da $\hat{\sigma}^2_A$ a partir de progênies de meios irmãos, obtiveram estimativas de um mesmo local, comparadas com aquelas obtidas em mais de um ambiente, não muito superestimadas, apesar de que as comparações não tenham sido feitas ao nível de uma mesma população.

As estimativas da variância genética obtidas das análises de cada local separadamente (ciclo V, Tabela 17) foram maiores que as estimativas da análise conjunta (Tabela 19) por terem-se apresentado inflacionadas pelas variâncias da interação genótipo por ambiente. A $\hat{\sigma}^2_{p\ell}$ obtida da análise conjunta correspondeu a 35,5% da $\hat{\sigma}^2_p$, não sendo assim proporcionalmente muito elevada. Nota-se que se fosse utilizado o modelo aleatório a magnitude da $\hat{\sigma}^2_{p\ell}$ neste caso teria sido duas vezes maior que aquela que foi obtida. Assim, a interação genótipo por ambiente não deve ter prejudicado seriamente a prática da seleção baseando-se na média dos dois locais. De qualquer forma, um procedimento mais adequado consistiria em selecionar um maior número de progênies com base na média e dentre estas selecionariam-se as que apresentassem baixa interação ou não interação, no intuito de obter um material para ambiente mais amplo.

As estimativas da herdabilidade referentes a plantas individuais permitem fazer comparações com outras populações. Como esperado, as estimativas obtidas foram meno-

res que as herdabilidades a nível de médias de progênies (Tabelas 18 e 19). Pode-se observar também que, como a variação fenotípica dentro de parcelas é igual a $\hat{\sigma}^2_d$, os coeficientes de herdabilidade referentes a uma suposta seleção dentro de parcelas foram ligeiramente maiores que os referentes a plantas individuais, embora não tenham sido apresentados.

As estimativas da h^2 ao nível de plantas foram baixas devido aos altos valores da variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}^2_e$) e da variância fenotípica dentro de progênies ($\hat{\sigma}^2_d$), o que elevou, consequentemente, a magnitude da variância fenotípica entre plantas ($\hat{\sigma}^2_F$). Excetuando a estimativa obtida no ciclo V na Água Santa, as demais foram menores que a média encontrada por VENCOVSKY **et alii** (1988), assim como a média obtida por vários autores, contidas na Tabela 1, que foi de 12,99%. Com relação ao ciclo IV, verifica-se que o valor extremamente pequeno da $\hat{h}^2$ deveu-se à pequena magnitude da $\hat{\sigma}^2_A$. No ciclo V (considerando os dois locais), devido à $\hat{\sigma}^2_A$ não estar inflacionada pela $\hat{\sigma}^2_{A\ell}$ quando estimada da análise conjunta, consequentemente a estimativa da herdabilidade ao nível de plantas foi menor, comparado com os obtidos para cada local separadamente.

Com relação à precisão das estimativas dos parâmetros genéticos, os erros obtidos, representados em porcentagem das estimativas da variância genéticas, foram de 30,1; 35,7; 20,8; 55,8; 30,5; 23,9 e 20,6% para os ciclos II,

III(a), III(b), IV e IV e V (este último, na Caterpillar, Água Santa e análise conjunta), respectivamente. Pode-se perceber que a magnitude do erro proporcional associado a cada estimativa foi função da magnitude das variâncias genéticas e também do número de repetições e de progênies avaliadas. Para as estimativas da $h^2_{\bar{x}}$, os erros proporcionais associados representaram 26,8; 30,9; 9,5; 50,3; 21,9; 15,1 e 12,9% das respectivas estimativas para os ciclos citados. Observa-se também que o ciclo IV teve um grande erro proporcional, em contraste com os outros ciclos.

À medida que aumentou o número de progênies e repetições, houve uma tendência na diminuição das estimativas dos erros associados, estando assim de acordo com VELLO & VENCOVSKY (1974), embora sem ter ocorrido uma relação direta destes fatores. Pode-se perceber também que, excetuando-se as estimativas da $h^2_{\bar{x}}$ dos ciclos II e III(a), as demais tiveram os erros proporcionais menores à medida que o valor da $\hat{h}^2_{\bar{x}}$ aumentou, concordando também com os autores citados.

Pelas estimativas da $\hat{h}^2_{\bar{x}}$ (Tabelas 18 e 19), verifica-se que o ciclo IV apresentou um valor extremamente baixo, não tendo sido assim favorável para a prática da seleção, em contrapartida o ciclo III(b), com 8 repetições, apresentou o valor mais alto (56,9%). No ciclo V, a $\hat{h}^2_{\bar{x}}$ obtida da análise conjunta foi maior em relação às análises de cada local pois a $\hat{\sigma}^2_{\bar{F}}$ foi também menor, não ocorrendo o mesmo entretanto com a herdabilidade ao nível de plantas.

4.2.2. Estimativas dos progressos esperados com seleção

O progresso esperado com a seleção massal estratificada foi de 1,4 g/planta, ou 0,6%. Embora com um ciclo completado apenas, o progresso foi menor que os encontrados por diversos autores, excetuando-se o resultado de CARMEN & ARBOLEDA (1982) na população MB.23, como mostrados na Tabela 2. Para caracteres de baixa herdabilidade os resultados com seleção massal não tem sido consistentes (MULAMBA **et alii**, 1983) e devem ser devidos, segundo PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987), entre outros fatores à natureza do material e técnica experimental empregada. Para a obtenção do progresso esperado foram utilizadas as estimativas de parâmetros genéticos do ciclo II e não da população original, de forma que a estimativa obtida seria aquela esperada se fosse praticada seleção massal estratificada na população de ciclo I e não na população original. Pela baixa magnitude do progresso obtido desta maneira, justificou-se a utilização de progênies de meios irmãos, como realmente foi feito.

Na Tabela 20 são apresentadas as estimativas do progresso esperado para os ciclos de II a V, indicando as proporções devidas a seleção entre e dentro de progênies e o progresso total, em g/pl e em porcentagem da média. No presente trabalho, a seleção entre progênies provavelmente foi mais eficiente que a seleção dentro pois, enquanto a primeira baseou - se principalmente na produção e em ensaios com

mais de uma repetição, a segunda, por outro lado, foi baseada nos caracteres da planta e da espiga.

Para a avaliação do progresso por seleção deve ser mantido ao longo dos ciclos uma população controle, que pode ser uma amostra da população original ou um grupo de germoplasmas conhecidos (híbridos, caso do milho). Para MOLL & STUBER (1974), a primeira alternativa provavelmente proporciona um melhor resultado, não concordando entretanto com SILVA (1969) que argumenta que os híbridos apresentam várias vantagens em relação à população original. MOLL & STUBER (1974) argumentam, todavia, considerando os inconvenientes que as duas alternativas apresentam, que deve ser tomada cautela quando utilizar qualquer população controle.

Deve-se esclarecer que as denominações de ciclo II a V referiram-se às fases de avaliação de progênies, embora o mais correto fosse quando da recombinação. Assim, cada ciclo em questão deve refletir as propriedades genéticas do ciclo anterior. Uma das testemunhas no ciclo III foi uma amostra da população original e pode-se observar na Tabela 15 que a porcentagem das médias de progênies em relação à população original foram de 118,2 e 104,8% nos ciclos III(a) e III(b), respectivamente. As progênies foram superiores, portanto, à população original, em 18,2 e 4,8%. Estes valores, desta forma, referem-se ao progresso observado, após dois ciclos de seleção.

Um número grande de trabalhos têm sido relatado sobre os progressos esperados com seleção de progênies de

meios irmãos. Diversos autores, entretanto, tem observado valores do progresso esperado superestimados em relação ao progresso observado, sendo esta discrepância devida entre outros fatores à utilização do diferencial de seleção estandartizado com seleção não truncada (p.ex. MIRANDA **et alii**, 1977; PÉREZ **et alii**, 1984; SANTOS & NASPOLINI FILHO, 1986a).

O uso do diferencial de seleção no presente trabalho (para a seleção entre) e também do índice "c" (para a seleção dentro) na obtenção do progresso esperado para o ciclo III(b) resultou num valor bastante próximo do progresso observado (5,7 e 4,8%, respectivamente, Tabelas 20 e 15), embora este último deve estar superestimado, como será visto mais adiante. LIMA (1977), utilizando a mesma metodologia, em três ciclos de seleção obteve também valores concordantes entre os progressos esperado e observado (8,15 e 10,8% respectivamente).

A testemunha ESALQ PB-1 original foi originada de sementes com menor vigor e menor germinação pois a multiplicação das sementes para a sua manutenção se deu dois anos antes do plantio dos ensaios do ciclo III, e portanto as médias das mesmas devem estar subestimadas. De fato, as testemunhas ESALQ PB-1 original apresentaram menor stand médio em relação às progênies, que foi de 15,7 plantas no ciclo III(a) e de 19,9 plantas no III(b), enquanto que o stand médio das progrênies foi de 19,2 e 20,2 plantas, respectivamente (Tabela 8).

A grande discrepância entre os progressos es-

perado e observado para o ciclo III(a), 2,9 e 18,2%, respectivamente (Tabelas 15 e 20), deve ter ocorrido pela diferença de vigor e germinação das sementes entre as progênies e a testemunha (ESALQ PB-1 original) e também pela baixa representatividade destas, como já relatado. Os progressos esperados obtidos no ciclo II para os ciclos III(a) e III(b) foram de 2,9 e 5,6%, respectivamente (Tabela 20), sendo maior para o ciclo III(b) devido ao diferencial de seleção ter sido maior também, 26,2 g/pl para o III(a) e 41,2 g/pl para o III(b) (Tabela 8).

Uma discussão para comparar as testemunhas 'Piranão VD-1' e 'Piranão VD-2' será feita a seguir. Valores bastante próximos entre 'Piranão VD-1' e 'Piranão VD-2', foram obtidos por SOUZA JUNIOR (1981) e entre 'Piranão VD-1' e 'Piranão VD-2B' por LORDELO (1982), sendo a última bem semelhante à 'Piranão VD-2' e com a mesma origem genética (SOARES FILHO, 1987). No presente trabalho, a superioridade das progênies no ciclo III(a) em relação à 'Piranão VD-2' deveria ter sido maior que a do ciclo II em relação à 'Piranão VD-1' quando se considera os resultados de SOUZA JUNIOR (1981) e LORDELO (1982). Tal fato, no entanto, não aconteceu, talvez devido à pequena representatividade das parcelas da testemunha no ciclo III(a), visto que foram utilizados somente 4 parcelas por experimento, confrontando com as 200 das progênies. Pelos ensaios da EMBRAPA/CNPMS (1977 e 1978) pode-se deduzir indiretamente, todavia, que a 'Piranão VD-2' foi ligeiramente superior ao 'Piranão VD-1'. A ESALQ PB-1, com 1 ciclo de

seleção massal estratificada, foi superior em 19,8% ao 'Piranão VD-1' na média de 10 locais (EMBRAPA/CNPMS, 1977. Por outro lado, com um ciclo adicional de seleção de progênies de meios irmãos a mesma produziu 9,35% mais que o 'Piranão VD-2', nos ensaios do EMBRAPA/CNPMS (1978), na média de 27 locais. Se considerar estes tados, os valores obtidos no ciclo III(a) concordariam com os esperados.

Tomando-se somente as testemunhas do ciclo III(b), já que em III(a), as amostragens das mesmas foram bem baixas, verifica-se pela Tabela 15 que ESALQ PB-1 original e 'Piranão VD-2' não foram expressivamente diferentes (135,5 e 131,8 g/pl, respectivamente). Entretanto, a primeira deve ter sido na realidade um tanto superior à segunda em razão do baixo vigor das sementes, como já relatado. Por outro lado, no ciclo II, com um ciclo de seleção massal estratificada a população ESALQ PB-1 foi superior à testemunha 'Piranão VD-1' em 14,6%. Considerando que 'Piranão VD-1' e 'Piranão VD-2' são equivalentes (SOUZA JUNIOR, 1981 e LORDELO, 1982), ou mesmo a segunda ligeiramente superior à primeira (EMBRAPA/CNPMS, 1977 e 1978), verifica-se, indiretamente, que a seleção massal estratificada inicialmente na população ESALQ PB-1 foi efetiva, embora o progresso esperado tenha sido pequeno pela razão já exposta.

Vários autores são concordantes de que a seleção massal pode ser o procedimento mais apropriado nos estádios iniciais da seleção recorrente (HALLAUER, 1980; LONN-

QUIST, 1967; MIRANDA FILHO, 1985; MULAMBA **et alii**, 1983; PATERNIANI, 1968, entre outros). LONNQUIST (1967) argumentou que a seleção massal aplicada inicialmente em compostos permitiria a máxima utilização da variabilidade genética aditiva presente, podendo neste caso praticar altas intensidades de seleção.

A seleçao massal estratificada, com intensidade de 8,23%, embora não tenha sido alta, permitiu assegurar progressos posteriores com a utilização de progênies, visto que no último ciclo os híbridos duplos comerciais usados como testemunhas C-511 e Ag-401 foram somente 9,22% superiores às progênies. A intensidade de seleção praticada, além disso, não implicou em um tamanho efetivo pequeno, o que pode se manter alto mesmo com alta intensidade de seleção. A seleção massal estratificada, em relação à massal simples, é mais eficiente pois, ao contrário desta, permite reduzir o efeito da variação ambiental, sendo os fenótipos afetados por somente uma porção pequena da variação no solo e microclima sobre o campo como um todo (MOLL & STUBER, 1974), além de não implicar em recursos adicionais. Assim, nos estadios iniciais de um programa de melhoramento intrapopulacional, a seleção massal estratificada deve ser mais eficiente que a seleção massal simples.

O progresso esperado no ciclo IV, para a geração seguinte, foi muito baixo (0,6%). Isto deveu-se ao diferencial de seleção, assim como o coeficiente de herdabilidade, terem sido baixos, em comparação com os outros ciclos.

O baixo diferencial de seleção obtido (4,1 g/planta) foi devido à intensidade de seleção branda que foi praticada entre progênies (29%) em consequência da precisão experimental ter sido baixa também. A superioridade das progênies em relação à testemunha 'Piranão VD-2' foi de 3,1% (Tabela 16), tendo sido desta forma menor que os ciclos III(a) e III(b), de 6,4 e 7,7%, respectivamente (Tabela 15). Deve-se observar, entretanto, que a testemunha 'Piranão VD-2' encontrava-se, por esta ocasião, em processo de seleção contínua, conforme relato de PATERNIANI (1980). A testemunha utilizada no ciclo IV (avaliado em 1980/81) encontrava-se, portanto, com um nível de melhoramento superior a do ciclo III (avaliado em 1978/79), embora as amostras se referiram à mesma testemunha.

No ciclo V o progresso esperado por seleção para o local Caterpillar foi praticamente igual àquela baseado na média dos dois locais (Tabela 20). O progresso para Água Santa entretanto foi menor que o da média dos dois locais (Tabela 20), e foi devido principalmente à maior $\hat{\sigma}^2_F$ da Água Santa em relação à estimativa da análise conjunta.

Com relação às estimativas do progresso esperado por seleção com progênies de meios irmãos fornecidas pela literatura, pode-se verificar que as discrepâncias existentes são devidas principalmente às populações utilizadas (graus de melhoramento em que se encontram), intensidades de seleção, precisão experimental, além das interações progênies por local quando as mesmas são avaliadas em um só lo-

cal. No presente trabalho pode-se verificar que as estimativas do progresso foram grandemente influenciadas pelas precisões experimentais, além de erros que podem estar contidos devido à utilização dos diferenciais de seleção nas suas estimativas. De fato, o diferencial de seleção, por ser uma estimativa e por depender da magnitude da variação fenotípica, pode levar a erros. O diferencial de seleção estandartizado, por outro lado, que deve ser utilizado quando a seleção é truncada, fornece uma estimativa mais precisa do progresso por ser um valor paramétrico. Excetuando-se o progresso esperado que foi obtido no ciclo IV, as demais estimativas da maneira como foram obtidas, situaram-se dentro da amplitude encontrada por VENCOVSKY **et alii** (1988) a partir de 58 estimativas, que foi de 2,1 a 24,2 g/pl/geração.

4.3. Considerações finais

A avaliação do progresso por seleção na população em estudo tornou-se dificultosa por não serem constantes as testemunhas ao longo dos ciclos. Apesar disto, a utilização de comparações indiretas, fornecidas pelos resultados de alguns outros autores sobre a população em questão, deu mostras de que a seleção recorrente foi eficaz. Os resultados de LAVENDOVSKY (1987), estudando a alocação diferencial de recursos em três populações de milho (uma amostra de progê-

nies do ciclo V e as populações segregantes resultantes de cruzamentos com as raças não melhoradas Cravo e Entrelaçado), forneceram outra evidência disto. O autor concluiu que houve uma significativa pressão de seleção direcional na população ESALQ PB-1 com o objetivo de elevar a quantidade de recursos alocados para a semente, que foi evidenciada pelos maiores valores médios do índice de colheita e esforço reprodutivo em relação às raças não melhoradas. Os resultados do último ciclo de seleção também evidenciam o alto potencial de produtividade da população ESALQ PB-1, que em valor relativo foi de 91,6% em relação aos híbridos comerciais Cargill 511 e Agroceres 401. As boas perspectivas de ganhos adicionais por seleção são evidenciadas pelos valores da variância genética aditiva e do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênies que foram, na média dos dois locais, de 272,000 $(g/pl)^2$ e 41,68%. Supondo seleção truncada, com 10% de seleção entre e 10% dentro de progênies e utilizando as médias das estimativas dos ciclos estudados, a população ESALQ PB-1 teria, em dois ciclos uma produção equivalente à média dos dois híbridos.

Pelas estimativas dos parâmetros genéticos pode-se verificar que a população ESALQ PB-1 deve continuar respondendo à seleção para peso de espigas. ANDRADE (1988), utilizando amostras da subpopulação b e praticando três ciclos de seleção divergente para número de ramificações do pendão e altura da espiga, observou uma ampla variabilida

de genética para altura da espiga e principalmente para número de ramificações do pendão, além de uma baixa correlação entre altura da planta e produção. Estas observações valem também para a subpopulação a, que deverá responder, além da produção, à seleção para menor altura da espiga e menor número de ramificações do pendão. De fato, segundo MIRANDA FILHO[3], a população em estudo tem apresentado resposta, além destes caracteres, à acamamento, arquitetura da planta, etc.

Por último, além da possível utilização da população em estudo como variedade, outros autores evidenciaram também a potencialidade da mesma em combinações híbridas. Assim, TOLEDO & MIRANDA FILHO (1986) obtiveram depressão por endogamia relativamente baixa para produção e demais caracteres, concluindo-se, pelo menos no que diz respeito ao comportamento **per se**, pela possibilidade de obtenção de boas linhagens endogâmicas. MIRANDA FILHO (1986) utilizou amostras da população ESALQ PB-1 como parte de avaliação de híbridos intervarietais. Os híbridos mais heteróticos para produção de grãos foram ESALQ PB-1 x Amarillo del Bajio e ESALQ PB-1 x Suwan, com valores da heterose em relação à média dos pais de 19,2 e 17,9%, respectivamente. SOUZA JUNIOR (1983) utilizou um sintético a partir da recombinação de progênies S_1 da referida população, indicando o alto potencial

---

[3] MIRANDA FILHO, J.B. de (Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP, Piracicaba). Comunicação pessoal, 1988.

da mesma para utilização em programas de melhoramento de populações e para obtenção de híbridos.

5. CONCLUSÕES

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

a) A população ESALQ PB-1 apresenta-se com um nível satisfatório de produtividade, conforme análise de seu comportamento ao longo dos ciclos de seleção;

b) Comparações diretas e indiretas levam a concluir que quatro ciclos de seleção recorrente foram efetivos no aumento da produtividade da população ESALQ PB-1, sendo a média de progênies do quinto ciclo equivalente a 91,6% das testemunhas (híbridos duplos comercials Agroceres 401 e Cargill 511);

c) A seleção com alta (10%) e baixa (2%) intensidades no segundo ciclo não revelou diferenças em relação à alteração da média de produção, embora o esquema experimental (delineamento com repetições dentro de experimentos e de subpopulações) não tenha sido ideal para tais comparações);

d) Com um ciclo de seleção a aplicação de al-

ta intensidade de seleção (2%) não resultou em diminuição de variabilidade em relação à baixa intensidade (10%);

e) A seleção massal estratificada apresenta-se como um procedimento inicial vantajoso para a prática subsequente de seleção com progênies em um programa de seleção recorrente intrapopulacional;

f) A um nível de tamanho efetivo relativamente alto ($\bar{N}e$ aproximadamente da ordem de 300 na média de quatro ciclos com seleção de progênies), a seleção recorrente permitiu a manutenção da variabilidade genética no decorrer dos ciclos, apesar de a seleção ter se mostrado eficiente no aumento da produtividade;

g) Uma resposta expressiva na produtividade é esperada em ciclos adicionais de seleção, conforme revelam as estimativas de parâmetros genéticos tais como a variância genética aditiva, coeficiente de variação genética e índice de variação;

h) Nos próximos ciclos de seleção para produtividade, ênfase maior deve ser dada à seleção entre progênies em relação à seleção dentro de progênies, conforme sugerem os baixos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas individuais.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGUIAR, P.A. de. Avaliação de progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambiente. Lavras, 1986. 69p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura de Lavras).

AGUILAR MORAN, J.F. Avaliação do potencial genético de linhagens e respectivos testadores obtidos de duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1984. 118p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

ANDRADE, J.A. da C. Seleção divergente para tamanho do pendão e posição da espiga na população ESALQ-PB1 de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1988. 136p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

AVILA, G. Seleccion masal y familiar en una poblacion compuesta de maiz. In: MUGNOZZA, G.T.S., coord. Investigaciones sobre el mejoramiento genetico y cultural de trigo duro, girassol, maiz, frijol, lupino y haba en Bolivia. Roma, Inst. Italo-Latino Americano, 1987. p.125-31.

AYALA OSUNA, J. Stratified mass selection for production in two maize populations. In: ANNUAL MEETING AMERICAN SOCIETY

OF AGRONOMY, 68., Houston, 1976. Apud Agronomy Abstracts, Madison, 1976. p.45.

BACKTASH, F.Y. Evaluation of modified mass selection and recurrent selection in corn. Egyptian Journal of Genetics and Citology, Giza, 15: 263-72, 1986.

BIANCO, S. Avaliação do potencial genético de populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico para teor de óleo na semente. Piracicaba, 1984. 98p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

CANTON, T. Avaliação de oito ciclos de seleção recorrente na população de milho (*Zea mays* L.) Suwan DMR. Piracicaba, 1988. 112p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

CARMEN, C.O. & ARBOLEDA, R.F. Modificaciones fenotipicas por efecto de seleccion massal estratificada en dos poblaciones braquiticas de maiz (*Zea mays* L.). Acta Agronomica. Palmira, 32: 5-20, 1982.

COCHRAN, W.G. & COX, G.M. Experimental designs. 2.ed. New York, John Wiley and Sons, 1957. 611p.

COCKERHAM, C.C. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.F., ed. Statistical genetics and plant breeding. Washington, Nat. Res. Council, 1963. p.53-94.

COMPTON, W.A. & BAHADUR, K. Ten cycles of progress from modified ear to row selection in corn (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 17: 378-80, 1977.

COMSTOCK, R.E. & MOLL, R.H. Genotype-environment interactions. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.F. Statistical genetics and plant breeding. Washington, National Academy of Sciences-National Research Council, 1963. p.164-96.

COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. Biometrics, Raleigh, 4: 254-66, 1948.

COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. Estimation of average dominance of genes. In: GOWEN, J.W., ed. Heterosis, Ames, Iowa State University Press, 1952. p.494-516.

CRISÓSTOMO, J.R. Estimação de parâmetros genéticos visando seleção em dois compostos de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1978. 71p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

DARRAH, L.R. Maize genetics. In: RECORD RESEARCH. Annual report, 1971. East African Agric. and For. Res. Org., 1975.

DUDLEY, J.W. & MOLL, R.H. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variances in plant breeding. Crop Science, Madison, 9: 257-62, 1969.

EMBRAPA/CNPMS. Ensaio nacional de milho precoce: resultados do ano agrícola de 1976/77. Sete Lagoas, M.G. [1977] - n.p.

EMBRAPA/CNPMS. Ensaio nacional de milho de planta baixa: resultados do ano agrícola de 1977/78. Sete Lagoas, MG, [1978], n.p.

FAKOREDE, M.A.B. Interrelationships among grain yield and agronomic traits in a syntetic population of maize. Maydica, Bergamo, 24: 181-92, 1979.

FALCONER, D.S. Introduction to quantitative genetics. 2.ed. New York, Ronald Press, 1964. 365p.

FISHER, R.A. The correlation between relatives in the supposition of Mendelian inheritance. Transaction Royal Society Edinburg, London, 52: 399-433, 1918.

FREY, K.J. Plant population management and breeding. In: WOOD, D.R., ed. Crop Breeding. Madison, American Society of Agronomy, 1983. p.55-88.

GARDNER, C.O. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. Crop Science, Madison, 1: 241-5, 1961.

GARDNER, C.O. Quantitative genetic studies and population improvement in maize and sorghum. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, Ames, 1976. Proceedings. Ames, POLLOK, E.; KEMPTHORNE, O.; BARLEY Jr., B.B., eds, 1977. p.475-89.

GERALDI, I.O. Estimação de parâmetros genéticos de caracteres do pendão em milho (*Zea mays* L.) e perspectivas de melhoramento. Piracicaba, 1977. 103p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

GOMES, K.A. & GOMES, A.A. Statistical procedures for agricultural research with emphasis on rice. Los Baños, INRI, 1976. 294p.

GHINI, R. & MIRANDA FILHO, J.B. Herdabilidade da altura da planta e da espiga no segundo ciclo de seleção da população ESALQ PB-1 de milho. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, (13): 130-8, 1979.

GOODMAN, M.M. Estimates of genetic variance in adapted and exotic populations of maize. Crop Science, Madison, 5: 87-90, 1965.

HALLAUER, A.R. Relation of quantitative genetics to applied maize breeding. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 3: 207-33, 1980.

HALLAUER, A.R. Selection and Breeding Methods. In: FREY, K.J. ed. Plant Breeding II. Ames, Iowa State University Press, 1981. p.3-35.

HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. de. Quantitative genetics in maize breeding. Ames, Iowa State University Press, 1981. 468p.

HALLAUER, A.R. & SEARS, J.H. Mass selection for yield in two varieties of maize. Crop Science, Madison, 9: 47-50, 1969.

HANSON, W.D. Heritability. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H. F., ed. Statistical genetics and plant breeding. Washington, Nat. Res. Council, 1963. p.125-39.

HULL, F.H. Recurrent selection for specific combining ability in corn. Journal of the American Society of Agronomy, Madison, 37: 134-45, 1945.

HULL, F.H. Recurrent selection and overdominance. In: GOWEN, J.W., ed. Heterosis. Ames, Iowa State University Press, 1952. p.451-73.

JOHNSON, E.C.; FISCHER, K.S.; EDMEADES, G.O.; PALMER, A.F.E. Recurrent selection for reduced plant height in Lowland tropical maize. Crop Science, Madison, 26: 253-60, 1986.

LAMKEY, K.R. & HALLAUER, A.R. Comparison of maize populations improved by recurrent selection. Maydica, Bergamo, 29: 357-74, 1984.

LAMKEY, K.R. & HALLAUER, A.R. Heritability estimated from recurrent selection experiments in maize. Maydica, Bergamo, 32: 61-78, 1987.

LAVENDOVSKY, I.M. de F. Alocação diferencial de recursos em populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1987. 87p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

LERNER, I.M. The genetic basis of selection. New York, John Wiley and Sons, 1958. 298p.

LIMA, M. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos na população de milho (*Zea mays* L.) ESALQ VD-2. Piracicaba, 1977. 71p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

LIMA, M. & PATERNIANI, E. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em progênies de meios irmãos de milho (*Zea mays* L.) ESALQ VD-2 e suas implicações com o melhoramento. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, (13): 84-9, 1977.

LIMA, M.; PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. de. Avaliação de progênies de meios irmãos no segundo ciclo de seleção em dois compostos de milho. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba (8); 78-85, 1974.

LINDSEY, M.F.; LONNQUIST, J.H.; GARDNER, C.O. Estimates of genetic variance in open-pollinated varieties of Cornbelt corn. Crop Science, Madison, 2: 105-8, 1962.

LONNQUIST, J.H. A modification of the ear-to-row procedures for the improvement of maize populations. Crop Science, Madison, 4: 227-8, 1964.

LONNQUIST, J.H. Genetic variability in maize and indicated procedures for its maximum utilization. Ciência e Cultura, São Paulo, 19: 135-44, 1967.

LONNQUIST, J.H.; COTA, O.A.; GARDNER, C.O. Effect of mass selection and thermal neutron irradiation on genetic variances in a variety of corn (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 6: 330-2, 1966.

LORDÊLO, J.A.C. Parâmetros genéticos das populações de milho Piranão VD-2 e Piranão VF-1. Piracicaba, 1982. 63p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

MACHADO, J.A.; ZINSLY, J.R.; PATERNIANI, E. Avaliação de cultivares de milho (*Zea mays* L.) de porte baixo. In: REUNIÃO BRASILEIRA DE MILHO E SORGO, 11., Piracicaba, 1976. Anais. Piracicaba, ESALQ, Departamento de Genética, 1978. p.39.

MARTINS, C. da S. Potencial genético de linhagens e híbridos de duas populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico. Piracicaba, 1986. 135p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

MIRANDA FILHO, J.B. de. Cruzamentos dialélicos e síntese de compostos de milho (*Zea mays* L.) com ênfase na produtividade e no porte da planta. Piracicaba, 1974. 116p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

MIRANDA FILHO, J.B. de. Avaliação de famílias de meios irmãos na população ESALQ PB-1. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, (11): 90-4, 1977.

MIRANDA FILHO, J.B. de. Avaliação de famílias de meios irmãos do segundo ciclo de seleção da população ESALQ PB-1 de milho. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba (13): 149-58, 1979.

MIRANDA FILHO, J.B. de. Breeding methodologies for tropical maize. In: BRANDOLINI, A. & SALAMINI, F. ed. Breeding strategies for maize production improvement in the tropics. Firenze, FAO, Instituto Agronomico per L'Oltremare, 1985. p.177-206.

MIRANDA FILHO, J.B. de. Avaliação de híbridos intervarietais de milho no esquema de cruzamento dialélico parcial. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15., Maceió, 1984. Anais. Sete Lagoas, EMBRAPA/CNPMS, 1986. p.195-201.

MIRANDA FILHO, J.B. de. Princípios de experimentação e análise estatística. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., ed. Melhoramento e produção do milho, 2a. ed. Campinas, Fundação Cargill, 1987. cap. 17, p.765-95.

MIRANDA FILHO, J.B. de & VENCOVSKY, R. Estimativas da variância genética aditiva de diversas populações de milho. Relatório Científico do Departamento de Genética, (6): 61-6, 1972.

MIRANDA, L.T. de; MIRANDA, L.E.C. de; POMMER, C.V.; SAWAZAKI, E. Oito ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho IAC-1. Bragantia, Campinas, 36: 187-96, 1977.

MOLL, R.H. & KAMPRATH, E.J. Effects of population density upon agronomic traits associated with genetic increases in yield of *Zea mays* L. Agronomy Journal, 69: 81-4, 1977.

MOLL, R.H. & ROBINSON, H.F. Quantitative genetic investigations of yield of maize. Der Züchter, Berlin, 37: 192-99, 1967.

MOLL, R.H. & STUBER, C.W. Comparisons of response to alternatice selection procedures initiated with two populations of maize (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 11: 706-11, 1971.

MOLL, R.H. & STUBER, C.W. Quantitative genetics - Empirical results relevant to plant breeding. Advances in Agronomy, New York, 26: 277-313, 1974.

MÔRO, J.R. Efeito da alta intensidade de seleção no melhoramento de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1982. 59p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

MULAMBA, N.N.; HALLAUER, A.R.; SMITH, O.S. Recurrent selection for grain yield in a maize population. Crop Science, Madison, 23: 536-40, 1983.

PACHECO, C.A.P. Avaliação de progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambiente - 2º ciclo de seleção. Lavras, 1987. 109p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura de Lavras).

PAL, S.S.; KHEHRA, A.S.; DHILLON, B.S. Genetic analysis of and advance in a maize population. Maydica, Bergamo, 31: 153-62, 1986.

PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a brazilian population of maize (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 7: 212-6, 1967.

PATERNIANI, E. Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no melhoramento do milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1968. 92p. (Prof. Catedrático - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP).

PATERNIANI, E. Melhoramento genético de populações de milho. In: KERR, W.E., ed. Melhoramento e Genética. São Paulo, EDUSP, 1969. Cap. 2, p.39-59.

PATERNIANI, E. Avaliação de cultivares de milho braquítico. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba (14): 61-8, 1980.

PATERNIANI, E. & MIRANDA FILHO, J.B. de. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., eds. Melhoramento e produção do milho. 2. ed., Campinas, Fundação Cargill, 1987. cap. 6, p.217-74.

PATERNIANI, E.; ZINSLY, J.R.; MIRANDA FILHO, J.B. de. Populações melhoradas de milho obtidas pelo Instituto de Genética. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, (11): 108-14, 1977.

PEIXOTO, T.C.; PATERNIANI, E.; LOSCHIAVO, L.A. O efeito da introdução de poligenes para redução do porte das plantas de milho (*Zea mays* L.). Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, (10): 174-7, 1976.

PEREIRA, M.B. Progresso imediato e fixação de genes em um método de seleção. Piracicaba, 1980. 125p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

PÉREZ, F.R.; ARÉVALO, C.G.; SPEZZI, S.; GARGIULO, C.A. Selecion entre y dentro de progenies de médios hermanos en la variedad de maiz Teea 64. Revista Industrial y Agrícola de Tucumán, Tucumán, 61: 27-39, 1984.

PIMENTEL GOMES, F. Curso de estatística experimental. 11.ed. São Paulo, Nobel, 1985. 466p.

POMMER, C.V. & GERALDI, I.O. Selection among and within half-sib families in opaque-2 maize populations. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 6: 461-72, 1983.

POMMER, C.V.; MIRANDA, L.T. de; MIRANDA, L.E.C. de; SAWAZAKI, E. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho IAC-1 opaco 2. Bragantia, Campinas, 36: 197-205, 1977.

RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional baseados em famílias não endógamas. Piracicaba, 1977. 112p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiróz"/USP).

RAWLINGS, J.O. Present status of research on long and short -term recurrent selection in finite populations - choice of population size. In: MEETING OF THE WORKING GROUP ON QUANTITATIVE GENETICS., 2, New Orleans, 1970. New Orleans, USDA/SFES, 1970. p.1-15.

RISSI, R. de. Estimação de parâmetros genéticos em duas subpopulações da variedade de milho (*Zea mays* L.) Piranão. Piracicaba, 1980. 87p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

RISSI, R. de; VIEGAS, G.P.; PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. de. Comportamento de híbridos e populações de milho (*Zea mays* L.) de porte baixo em duas densidades de plantio e em quatro locais. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, (10): 186-96, 1976.

ROBINSON, H.F. & COCKERHAM, C.C. Estimación y significado de los parámetros genéticos. Fitotecnia Latinoamericana, San José, 2: 23-38, 1965.

ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Genetic variances in open-pollinated varieties of corn. Genetics, Princeton, 40: 45-60, 1955.

SANTOS, M.X. dos. Estudo do potencial genético de duas raças brasileiras de milho (*Zea mays* L.) para fins de melhoramento. Piracicaba, 1985. 186p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

SANTOS, M.X. dos & NASPOLINI FILHO, V. Estimativas de parâmetros genéticos em três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) Dentado Composto Nordeste. Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 9: 307-19, 1986a.

SANTOS, M.X. dos & NASPOLINI FILHO, V. Estimativas de parâmetros genéticos para peso de espigas na população de milho "Flint Composto Nordeste". Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, 21: 739-46, 1986b.

SAWAZAKI, E. Treze ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos para produção de grãos no milho IAC Maya. Piracicaba, 1979. 99p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

SEGOVIA, V.F.S. Avaliação da seleção massal em ambos os sexos para prolificidade em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1983. 91p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

SILVA, J. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho Cateto Colômbia Composto. Piracicaba, 1969. 74p. ("Magister Scientiae" - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiróz"/USP).

SILVA, J.C. & HALLAUER, A.R. Estimation of epistatic variance in Iowa Sttilk Synthetic maize. Journal of Heredity, Washington, 66: 290-6, 1975.

SILVA, W.J. da & LONNQUIST, J.H. Genetic variances in populations developed from Full-sib and S_1 testcross progeny selection in a open-pollinated variety of maize. Crop Science, Madison, 8: 201-4, 1968.

SOARES FILHO, W. dos. Características fenotípicas e genéticas das populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico Piranão-VD2B e Piranão-VF1B. Piracicaba, 1987. 185p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiróz"/USP).

SOUZA JUNIOR, C.L. de. Análise de cruzamentos dialélicos e predição de compostos de milho (*Zea mays* L.) braquítico. Piracicaba, 1981. 102p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

SOUZA JUNIOR, C.L. de. Variabilidade genética em milho (*Zea mays* L.) e relações com a seleção recorrente intra e interpopulacional. Piracicaba, 1983. 151p. (Doutorado-Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiróz"/USP).

SOUZA JUNIOR, C.L. de; GERALDI, I.O.; ZINSLY, J.R. Correlações genéticas e fenotípicas entre seis caracteres da população de milho (*Zea mays* L.) Suwan. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, (14): 146-52, 1980.

SOUZA JUNIOR, C.L. de; GERALDI, I.O.; ZINSLY, J.R. Influência do tamanho do pendão na expressão da prolificidade em milho (*Zea mays* L.). Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, (15): 248-57, 1981.

SPRAGUE, G.F. Quantitative genetics in plant improvement. In: FREY, K.J., ed. Plant breeding, Ames, Iowa State University Press, 1966. cap. 8, p.315-47.

SPRAGUE, G.F. & EBERHART, S.A. Corn breeding. In: SPRAGUE, G.F., ed. Corn and corn improvement. 2.ed. Madison, American Society of Agronomy, 1977. cap. 6, p.305-62.

SPRAGUE, G.F. & TATUM, L.A. General vs. specific combining ability in single crosses of corn. Journal of American Society Agronomy, Madison, 34: 923-32, 1942.

STEEL, R.G.D. & TORRIE, J.H. Principles and procedures of statistics. New York, McGraw-Hill, 1960. 481p.

SUBANDI & COMPTON, W.A. Genetic studies in a exotic population of corn (*Zea mays* L.) grown under to plant densities. Theoretical Applied Genetics, Berlin, 44: 153-9, 1974.

TOLEDO, C.V.F. de & MIRANDA FILHO, J.B. de. Progênies autofefundadas de duas populações de milho e de progênies de irmãos germanos interpopulacionais. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15., Maceió, 1984. Anais. Sete Lagoas, EMBRAPA/CNPMS, 1986. p.133-9.

TORRES SEGOVIA, R. Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos do milho (*Zea mays* L.) Centralmex. Piracicaba, 1976. 98p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

VELLO, N.A. & VENCOVSKY, R. Variâncias associadas às estimativas de variância genética e coeficientes de herdabilidade. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, (8): 238-48, 1974.

VENCOVSKY, R. Estimativas de parâmetros genéticos em três ciclos de seleção em milho. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, (2): 88-90, 1968.

VENCOVSKY, R. Genética Quantitativa. In: KERR, W.E., ed. Melhoramento e genética. São Paulo, EDUSP, 1969. cap. 1, p.17-38.

VENCOVSKY, R. Herança Quantitativa. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., eds. Melhoramento e produção do milho, 2.ed. Campinas, Fundação Cargill, 1987. cap. 5, p.137-214.

VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J.B. de; SOUZA JUNIOR, C. L. Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., Raleigh, 1987. Proceedings. Sunderland, WEIR, B.S.; EISEN, E.J.; GOODMAN, M.M., eds., 1988. p.465-77.

VENCOVSKY, R.; ZINSLY, J.R.; VELLO, N.A. Efeito da seleção massal estratificada em duas populações de milho e no cruzamento entre elas. Relatório Científico do Departamento de Genética, (4): 145-50, 1970.

WEBEL, O.D. & LONNQUIST, J.H. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 7: 651-5, 1967.

ZIMBACK, L. Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em uma variedade de milho dentado opaco (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1985. 169p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiróz"/USP).

ZINSLY, J.R. Estudo sobre a seleção massal em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1968. 118p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiróz"/USP).

ZINSLY, J.R. Estudo comparativo entre a seleção massal e a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1969. 89p. (Doutorado-Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiróz"/USP).

T A B E L A S

Tabela 7. Informações gerais sobre o primeiro ciclo de seleção recorrente (seleção massal estratificada) na população ESALQ PB-1. Água Santa, 1974/75.

Nº de plantas avaliadas por estrato	50
Nº de plantas selecionadas por estrato	4 a 5
Produção média das plantas selecionadas	289,7g/pl
Produção média das plantas avaliadas	246,2g/pl
Diferencial de seleção médio dos estratos	43,5g/pl
Número de estratos	243
Dimensão dos estratos	$10m^2$
Intensidade de seleção média	8,23%
Nº total de plantas avaliadas	12.150
Nº total de plantas selecionadas	1.000
Variância fenotípica entre estratos	$456,373(g/pl)^2$

Tabela 8. Número de progênies avaliadas e selecionadas, intensidade de seleção (%) entre e dentro de progênies, diferenciais de seleção observados entre progênies (ds) e estandartizados entre (k_1) e dentro (k_2) de progênies e stand médio, por ciclo de seleção.

Ciclos de seleção	Ano agrícola de avaliação	Nº progênies		Intensidade de seleção (%)		ds	k_1	k_2	Stand médio
		Avaliadas	Selecionadas	Entre	Dentro				
II	1975/76	1.000	100/20	10/2	10/14,7	26,2/ 41,2	1,7550/ 2,4209	1,704/ 1,704	24,6
III(a) 1/	1978/79	500	100	20	10	12,1	1,3998	1,704	19,2
III(b) 2/	1978/79	147	30	20	-	12,5	1,3998	-	20,2
IV	1980/81	500	146	29	3	4,1	1,1804	2,250	14,5
V 3/	1983/84	196	39	20	-	15,1/ 8,3	1,3998	-	21,8/ 18,6

1/ e 2/: referem-se às subpopulações formadas sob baixa (10%) e alta (2%) intensidades de seleção, respectivamente.

3/: ds e stand médio dos locais Caterpillar e Água Santa, respectivamente.

k_1 e k_2: em unidades de desvio padrão ($k = ds/\sigma_F$) da distrib. normal correspondente; valores obtidos das tabelas 6.1 e 6.2 dadas por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981).

Tabela 9. Valores dos quadrados médios (QM), graus de liberdade (GL) e testes de significância (F) das análises de variância individuais, referentes ao caráter peso de espigas e aos ciclos de II a IV, ao nível de totais de parcelas [(Kg/5m²)].

Ciclos de seleção	Experimentos	Progênies		Erro		F
		GL	QM	GL	QM	
II	1	99	0,446	98	0,330	1,35 ns
	2	99	0,339	98	0,281	1,21 ns
	3	99	0,424	98	0,260	1,63 **
	4	99	0,322	98	0,248	1,30 ns
	5	99	0,325	98	0,301	1,08 ns
	6	99	0,385	98	0,362	1,06 ns
	7	99	0,350	98	0,297	1,18 ns
	8	99	0,317	98	0,307	1,03 ns
	9	99	0,374	98	0,265	1,41 *
	10	99	0,424	98	0,337	1,26 ns
III(a)1/	1	99	0,427	98	0,354	1,21 ns
	2	99	0,329	98	0,251	1,31 ns
	3	99	0,351	98	0,323	1,09 ns
	4	99	0,300	98	0,201	1,49 *
	5	99	0,260	98	0,159	1,63 **
III(b)2/	1	48	0,539	335	0,219	2,46 **
	2	48	0,615	335	0,201	3,06 **
	3	48	0,476	335	0,282	1,69 **
IV	1	99	0,230	296	0,229	1,00 ns
	2	99	0,293	296	0,259	1,13 ns
	3	99	0,370	296	0,242	1,53 *
	4	99	0,220	296	0,244	0,90 ns
	5	99	0,223	296	0,190	1,17 ns

1/ e 2/ : Referem-se às subpopulações formadas sob baixa (10%) e alta (2%) intensidades de seleção, respectivamente.

ns,*,** : Teste F não significativo, e significativo aos níveis de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 10. Valores dos quadrados médios (QM), graus de liberdade (GL) e teste de significância (F) das análises de variância individuais (por experimento), referentes ao caráter peso de espigas e ao ciclo V, para os locais Caterpillar e Água Santa, ao nível de totais de parcela [(kg/ $5m^2$)], segundo o delineamento em látice.

Experimentos	Caterpillar					Água Santa				
	Progênies		Erro intrabl.		F	Progênies		Erro intrabl.		F
	GL	QM	GL	QM		GL	QM	GL	QM	
1	48	0,436	77	0,178	2,45**	48	0,258	77	0,109	2,36*
2	48	0,410	77	0,294	1,39ns	48	0,180	77	0,128	1,41ns
3	48	0,285	77	0,215	1,32ns	48	0,204	77	0,152	1,34ns
4	48	0,303	77	0,212	1,43ns	48	0,414	77	0,178	2,33**

ns: teste F não significativo

**,*: teste F significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 11. Valores dos quadrados médios (QM), graus de liberdade (GL), testes de significância (F), coeficientes de variação experimental ($C\hat{V}e\%$) e genética ($C\hat{V}g\%$) e índices de variação ($\hat{b}$ e b*), das análises de variância agrupadas, referentes ao caráter peso de espigas e aos ciclos de II a IV, ao nível de totais de parcelas [(kg/5m^2)], segundo o delineamento em blocos casualizados.

Ciclos de seleção	Progênies/Exp.		Erro médio		F	$C\hat{V}e\%$	$C\hat{V}g\%$	$\hat{b}$	$\hat{b}$*
	GL	QM	GL	QM					
II	990	0,371	980	0,299	1,24ns	12,06	4,15	0,34	0,49
III(a)1/	495	0,333	490	0,258	1,29ns	13,02	4,96	0,38	0,54
III(b)2/	144	0,543	1005	0,234	2,32**	13,65	5,54	0,41	1,15
IV	495	0,267	1480	0,233	1,15ns	16,05	3,06	0,19	0,38

1/ e 2/: Referem-se às subpopulações formadas sob baixa e (10%) e alta (2%) intensidades de seleção, respectivamente.

ns,**: Teste F não significativo e significativo ao nível de 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 12. Valores dos quadrados médios (QM), graus de liberdade (GL), testes de significância (F), coeficientes de variação experimental ($C\hat{V}e\%$) e genética ($C\hat{V}g\%$) e índices de variação ($\hat{b}$ e $\hat{b}^*$), das análises de variância agrupadas dos locais Caterpillar e Água Santa, referentes ao caráter peso de espigas e ao ciclo V, ao nível de totais de parcelas [(kg/5m²)], segundo o delineamento em látice.

F.V.	Caterpillar			Água Santa		
	GL	QM	F	GL	QM	F
Progênies (aj.)/Exp.	192	0,358	1,59**	192	0,264	1,86**
Erro intrabloco médio	308	0,225		308	0,142	
	$C\hat{V}e\%$ =	15,36		$C\hat{V}e\%$ =	11,58	
	$C\hat{V}g\%$ =	6,82		$C\hat{V}g\%$ =	6,19	
	$\hat{b}$ =	0,44		$\hat{b}$ =	0,53	
	$\hat{b}^*$ =	0,83		$\hat{b}^*$ =	0,93	

Tabela 13. Estimativas dos coeficientes de variação experimental ($C\hat{V}e\%$) e genética ($C\hat{V}g\%$), dos índices de variação ($\hat{b} = C\hat{V}g\%/C\hat{V}e\%$) e eficiências do látice, por experimento, para o caráter peso de espigas e relativas aos ciclos de II a V.

Ciclos de seleção	Experimentos	$C\hat{V}e\%$	$C\hat{V}g\%$	$\hat{b}$	EFL%
II	1	12,74	5,33	0,42	103,07
	2	11,95	3,84	0,32	101,29
	3	11,84	6,65	0,56	101,14
	4	11,23	4,34	0,39	97,64
	5	12,03	2,40	0,20	106,28
	6	13,18	2,35	0,18	100,33
	7	12,18	3,64	0,30	100,97
	8	12,74	1,62	0,13	101,59
	9	10,64	4,82	0,45	100,91
	10	11,87	4,26	0,36	111,55
III(a)1/	1	15,49	4,97	0,32	100,33
	2	12,03	4,74	0,39	95,06
	3	14,38	2,99	0,21	100,21
	4	11,93	5,92	0,50	96,81
	5	10,56	5,95	0,56	96,06
III(b)2/	1	12,79	5,46	0,43	100,00
	2	12,46	6,32	0,51	99,98
	3	15,72	4,61	0,29	102,20
IV	1	16,94	0,56	0,033	124,00
	2	17,55	3,18	0,18	103,68
	3	15,57	5,66	0,36	105,80
	4	16,10	2,52	0,16	111,84
	5	14,13	2,94	0,21	109,83
V3/	1	13,25/	9,21/	0,69/	120,36/
		10,87	7,33	0,67	121,91
	2	19,09/	6,92/	0,36/	131,18/
		11,73	4,32	0,37	110,11
	3	14,98/	4,93/	0,33/	121,60/
		11,48	3,88	0,34	102,92
	4	14,27/	5,40/	0,39/	151,18/
		11,93	7,93	0,67	115,60

III(a)1/ e (b)2/: Referem-se às subpopulações formadas sob baixa (10%) e alta (2%) intensidades de seleção.

V3/ : Os primeiros e segundos valores de cada experimento correspondem aos locais Caterpillar e Água Santa, respectivamente, sendo os demais ciclos conduzidos na Água Santa.

Tabela 14. Análise de variância conjunta dos locais Caterpillar e Água Santa, coeficiente de variação experimental ($C\hat{V}e\%$) e genética ($C\hat{V}g\%$) e índices de variação ($\hat{b}$ e $\hat{b}^*$), referentes ao caráter peso de espigas e ao ciclo V, ao nível de totais de parcelas [(kg/5m^2)], segundo o delineamento em látice.

F.V.	GL	QM	F aprox.
Repetições/Locais/Exp.	16	1,240	--
Progênies (aj.)/Exp.	192	0,398	2,04**
Locais/Exp.	4	3,661	2,56ns
Prog.(aj.)/Exp.xLocais/Exp.	192	0,267	1,37*
Erro efetivo médio	616	0,195	--

$C\hat{V}e\% = 13,93$

$C\hat{V}g\% = 5,80$

$\hat{b} = 0,42$

$\hat{b}^* = 0,72$

Tabela 15. Estimativas de médias de progênies ($\bar{x}$ prog.), de médias de testemunhas ($\bar{x}$ test.) e porcentagem das médias de progênies em relação as das testemunhas (% test.), por experimento, para o caráter peso de espigas, relativas aos ciclos II e III, em g/planta.

Ciclos de seleção+	Experimentos	$\bar{x}$ prog.	Testemunhas					
			'Piranão VD-1'		'Piranão VD-2'		ESALQ PB-1 original	
			$\bar{x}$ test.	% test.	$\bar{x}$ test.	% test.	$\bar{x}$ test.	% test.
II	1	180,3	160,5	112,3	-	-	-	-
	2	177,4	155,9	113,8	-	-	-	-
	3	172,3	157,1	109,7	-	-	-	-
	4	177,3	154,9	114,5	-	-	-	-
	5	182,4	157,7	115,7	-	-	-	-
	6	182,6	162,6	112,3	-	-	-	-
	7	178,9	160,4	111,5	-	-	-	-
	8	174,0	142,5	122,1	-	-	-	-
	9	193,6	163,4	118,5	-	-	-	-
	10	195,6	169,8	115,2	-	-	-	-
	Média	181,4	158,5	114,6	-	-	-	-
III(a) 1/	1	153,6	-	-	149,3	102,9	121,5	126,4
	2	166,6	-	-	149,1	111,8	156,2	106,7
	3	158,1	-	-	165,8	95,3	131,2	120,5
	4	150,3	-	-	140,7	106,8	127,3	118,1
	5	151,1	-	-	130,9	115,4	126,4	119,5
	Média	156,0	-	-	147,2	106,4	132,5	118,2
III(b) 2/	1	146,4	-	-	137,2	106,7	140,4	104,3
	2	143,9	-	-	136,9	105,1	139,7	103,0
	3	135,1	-	-	121,4	111,3	126,3	107,0
	Média	141,8	-	-	131,8	107,7	135,5	104,8

+: Ciclos conduzidos no local Água Santa.

1/ e 2/: Referem-se às subpopulações formadas nas baixa (10%) e alta (2%) intensidades de seleção, respectivamente.

Tabela 16. Estimativas de médias de progênies ($\bar{x}$ prog.), de médias de testemunhas ($\bar{x}$ test.) e porcentagens das médias de progênies em relação as das testemunhas (% test.), por experimento, para o caráter peso de espigas, relativas aos ciclos IV e V, em g/planta.

Experimentos	Ciclo IV (test. Piranão VD-2)			Ciclo V+ (test. C-511 e Ag-401)					
	Água Santa			Água Santa			Caterpillar		
	$\bar{x}$ prog.	$\bar{x}$ test.	% test.	$\bar{x}$ prog	$\bar{x}$ test.	% test.	$\bar{x}$ prog.	$\bar{x}$ test.	% test.
1	113,0	114,5	98,7	121,5	--	--	127,4	--	--
2	116,0	109,7	105,7	122,0	--	--	113,6	--	--
3	126,4	121,6	103,9	135,8	--	--	123,8	--	--
4	122,7	123,8	99,1	141,5	--	--	129,1	--	--
5	123,4	114,3	108,0	--	--	--	--	--	--
Média	120,3	116,8	103,1	130,2	144,3	90,2	123,5	132,8	93,0

+ : Dispôs-se somente das médias entre as testemunhas C-511 a Ag-401 dos 4 experimentos individuais.

Tabela 17. Estimativas da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}^2_p$), variância genética aditiva ($\hat{\sigma}^2_A$), variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}^2_e$) e variância fenotípica dentro de progênies ($\hat{\sigma}^2_d$), ao nível de plantas [(g/planta)^2] das análises de variância agrupadas, referentes ao caráter peso de espigas e aos ciclos de II a V.

Estimativas +	Ciclos de seleção					
	II	III(a)	III(b)	IV	V 1/	V 2/
$\hat{\sigma}^2_p$	56,800 (17,122)	60,000 (21,419)	61,800 (12,881)	13,600 (7,591)	70,933 (21,650)	65,067 (15,540)
$\hat{\sigma}^2_A$	227,200 (68,488)	240,000 (85,676)	247,200 (51,524)	54,400 (30,364)	283,732 (86,600)	260,268 (62,160)
$\hat{\sigma}^2_e$	341,714	294,857	267,429	266,285	257,143	162,286
$\hat{\sigma}^2_d$	3417,143	2948,850	2674,286	2662,850	2571,428	1622,857

+: Entre parênteses: erro padrão das estimativas

1/,2/: Referem-se respectivamente aos locais Caterpillar e Água Santa, respectivamente

Obs.: Ciclos de II a IV conduzidos no local Água Santa.

Tabela 18. Estimativas da variância fenotípica entre plantas ($\hat{\sigma}^2_F$) e entre médias de progênies ($\hat{\sigma}^2_{\bar{F}}$), ao nível de plantas [(g/planta)^2] e dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito, ao nível de plantas ($\hat{h}^2\%$) e de médias de progênies ($\hat{h}^2_{\bar{x}}\%$), em porcentagem, das análises de variância agrupadas, referentes ao caráter peso de espigas e aos ciclos de II a V.

Estimativas +	Ciclos de seleção					
	II	III(a)	III(b)	IV	V 1/	V 2/
$\hat{\sigma}^2_F$	3815,657	3303,428	3003,515	2942,735	2899,504	1850,210
$\hat{\sigma}^2_{\bar{F}}$	296,000	266,400	108,600	106,800	190,933	140,800
$\hat{h}^2\%$	5,95	7,26	8,23	1,85	9,78	14,07
$\hat{h}^2_{\bar{x}}\%$	19,19 (5,14)	22,52 (6,97)	56,91 (5,40)	12,73 (6,40)	37,15 (8,14)	46,21 (6,96)

+: Entre parênteses: erro padrão das estimativas

1/, 2/: Referem-se aos locais Caterpillar e Água Santa, respectivamente.

Obs.: Ciclos de II a IV conduzidos no local Água Santa.

Tabela 19. Estimativas da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}^2_p$), variância genética aditiva ($\hat{\sigma}^2_A$), variâncias das interações progênies x locais ($\hat{\sigma}^2_{p\ell}$) e aditiva x locais ($\hat{\sigma}^2_{A\ell}$), variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}^2_e$), variância fenotípica dentro de progênies ($\hat{\sigma}^2_d$), variância fenotípica entre plantas ($\hat{\sigma}^2_F$), e fenotípica entre médias de progênies ($\hat{\sigma}^2_{\bar{F}}$), em $(g/planta)^2$, e coeficientes de herdabilidade no sentido restrito, ao nível de plantas ($\hat{h}^2\%$) e de médias de progênies, em porcentagem, para o caráter peso de espigas, referentes à análise conjunta do ciclo V.

Estimativas	Magnitudes +
$\hat{\sigma}^2_p$	54,133 (11,175)
$\hat{\sigma}^2_A$	216,532 (44,700)
$\hat{\sigma}^2_{p\ell}$	19,200 (7,811)
$\hat{\sigma}^2_{A\ell}$	76,800 (31,244)
$\hat{\sigma}^2_e$	209,714
$\hat{\sigma}^2_d$	2097,145
$\hat{\sigma}^2_F$	2380,189
$\hat{\sigma}^2_{\bar{F}}$	112,666
$\hat{h}^2\%$	9,10
$\hat{h}^2_{\bar{x}}$	48,05 (6,05)

+ Entre parênteses: o erro padrão das estimativas

Tabela 20. Estimativas do progresso esperado (Ĝs) por seleção entre, dentro e total, de progênies de meios irmãos com sementes remanescentes, em g/planta e em percentagem da média (%), para o caráter peso de espigas e relativas aos ciclos de II a V.

Ciclos	Ĝs entre		Ĝs dentro		Ĝs total	
	g/planta	%	g/planta	%	g/planta	%
II+	5,0/7,9	2,8/4,3	2,2/2,5	1,1/1,4	7,2/10,3	2,9/5,7
III(a)	2,7	1,7	1,5	1,0	4,2	2,7
III(b)	7,1	5,0	-	-	7,1	5,0
IV	0,5	0,4	0,3	0,2	0,8	0,6
V1/	5,6	4,5	-	-	5,6	4,5
V2/	3,8	2,9	-	-	3,8	2,9
V3/	5,6	4,4	-	-	5,6	4,4

+ : Os primeiros e segundos valores referem-se, respectivamente, aos progressos esperados nas subpopulações formadas sob baixa (10%) e alta (2%) intensidades de seleção, respectivamente.

V1/,V2/,V3/ : Referem-se aos progressos esperados para os locais Caterpillar, Água Santa e ambos os locais, respectivamente.

F I G U R A S

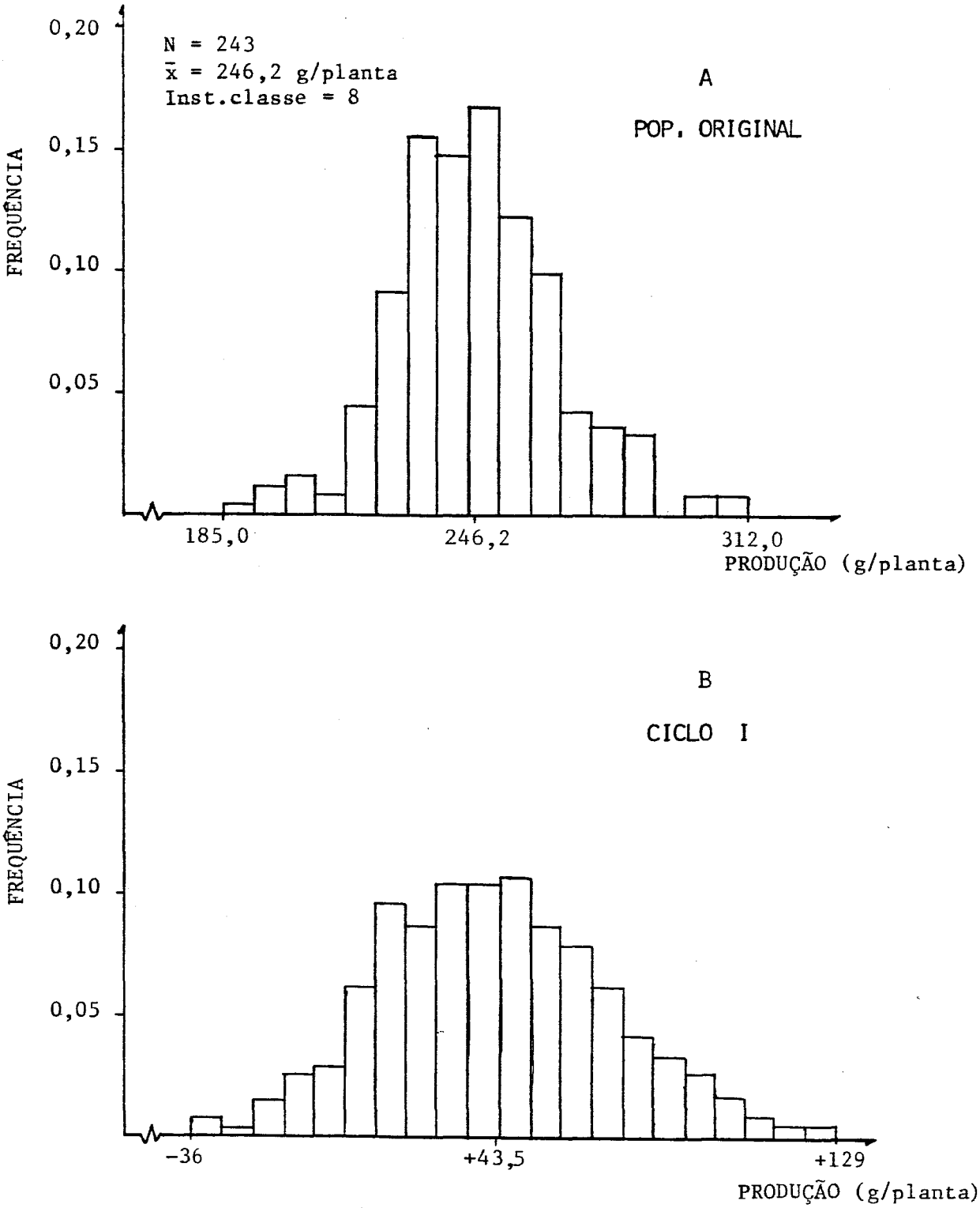


Figura 1. Histogramas da distribuição de frequência da pop. ESALQ PB-1 original, com médias de estratos (A), e do ciclo I, com diferenciais de seleção (B). Água Santa, 1974/75.

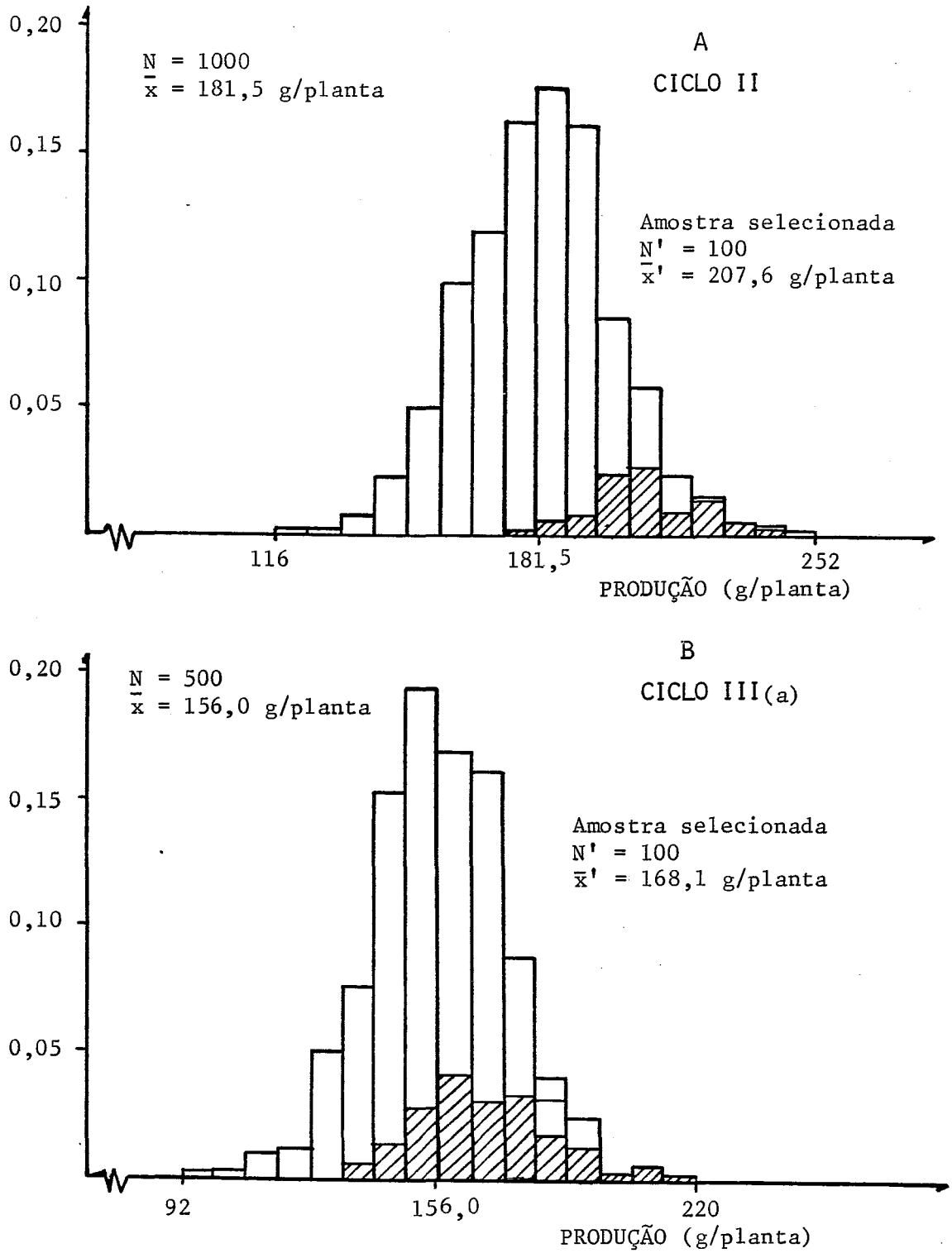


Figura 2. Histogramas da distribuição de frequência (pop. ESALQ PB-1) das médias de prog. avaliadas e selecionadas, para o caráter peso de espigas, dos ciclos II e III(a). Água Santa, A: 1975/76 e B: 1978/79.

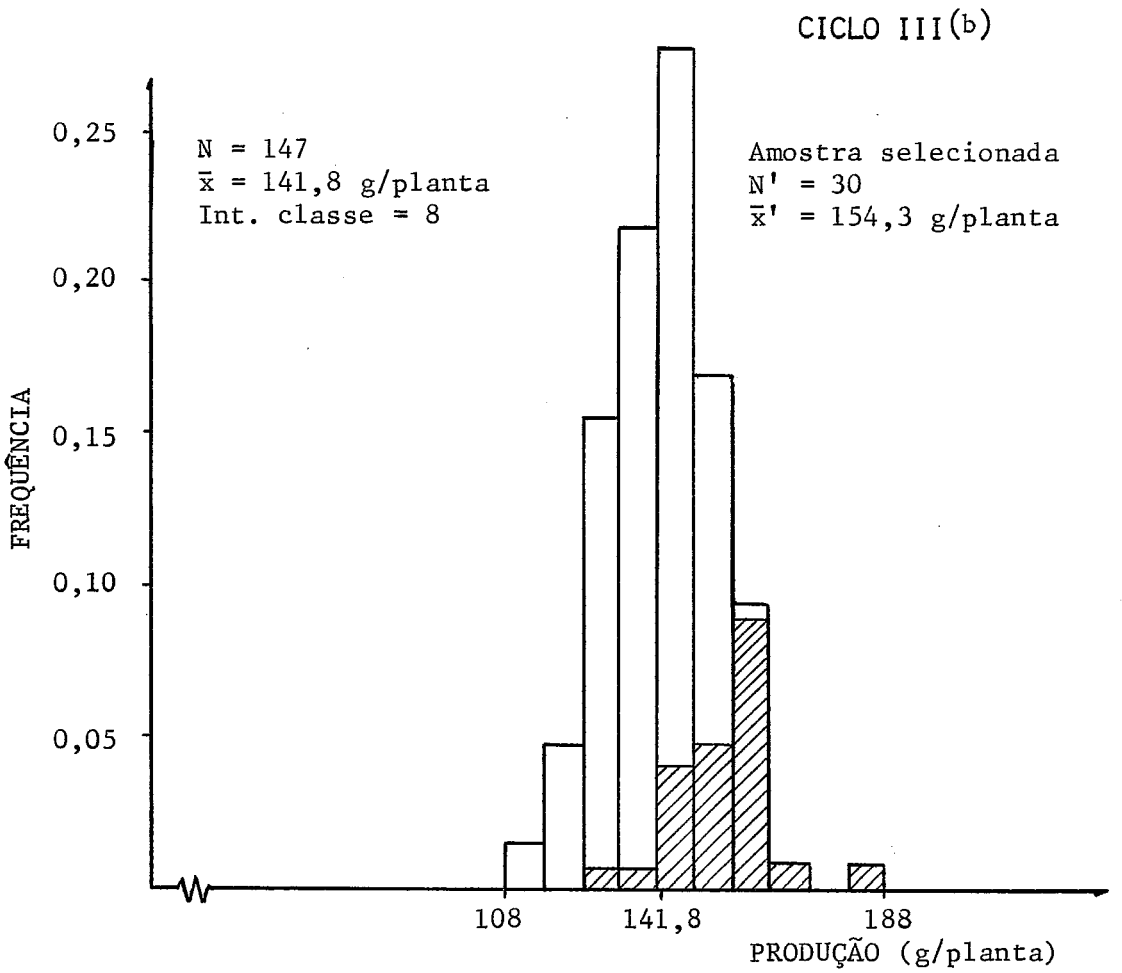


Figura 3. Histograma da distribuição de frequência (pop. ESALQ PB-1) das médias de prog. avaliadas e selecionadas para o caráter peso de espigas, do ciclo III(b). Água Santa, 1978/79.

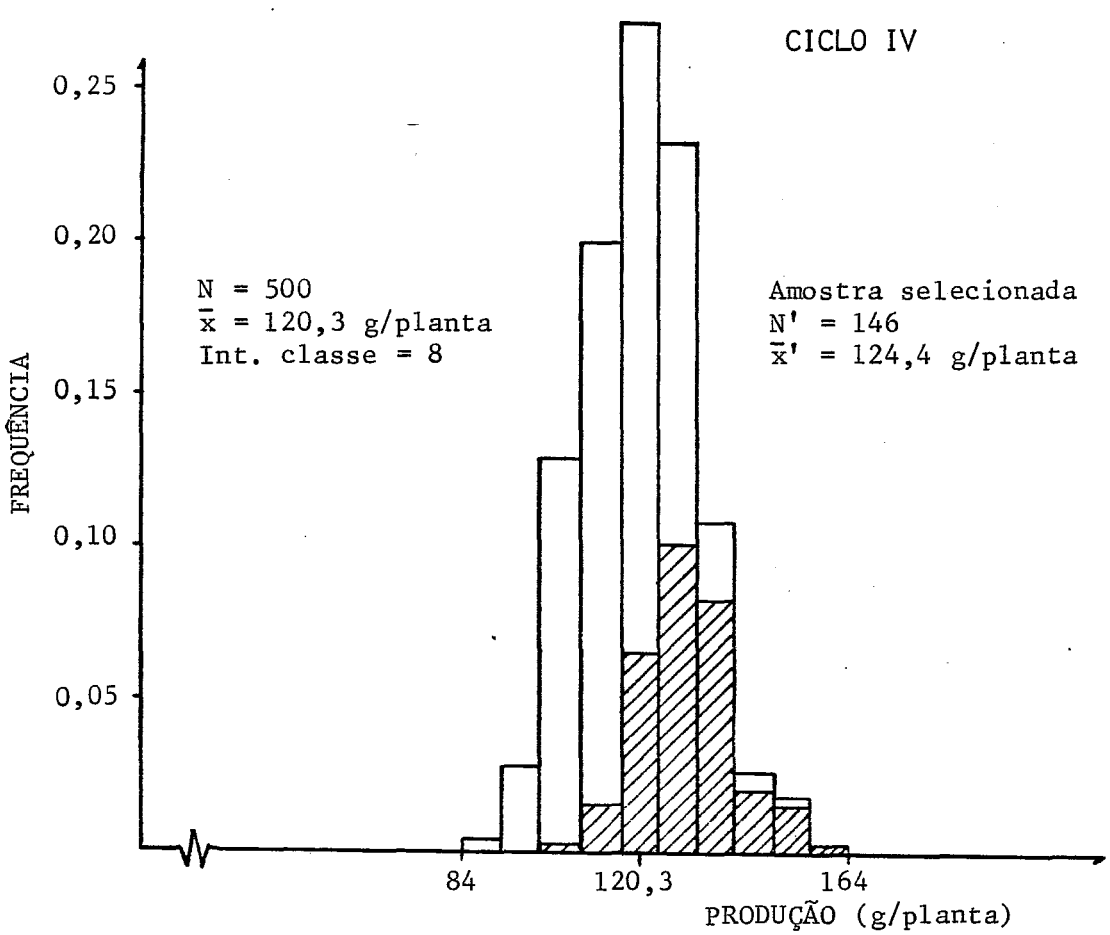
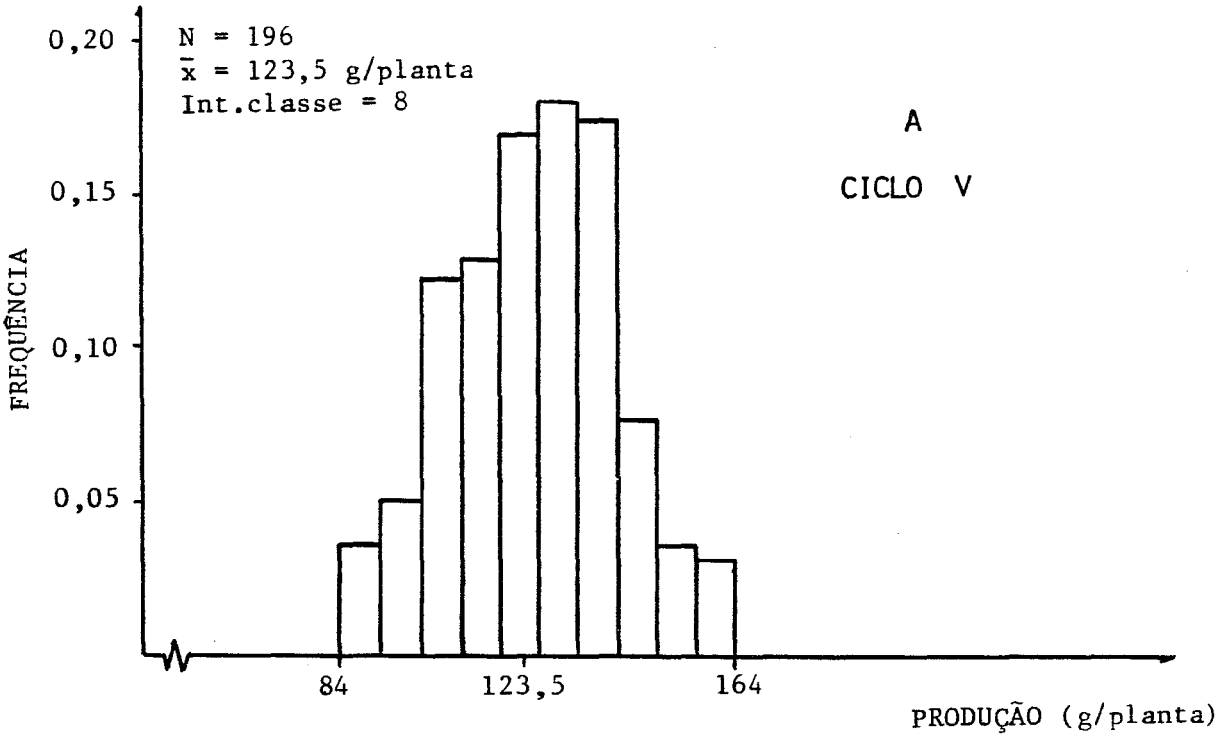


Figura 4. Histograma da distribuição de frequência (pop. ESALQ PB-1) das médias de prog. avaliadas e selecionadas, para o caráter peso de espigas, do ciclo IV. Água Santa, 1980/81.



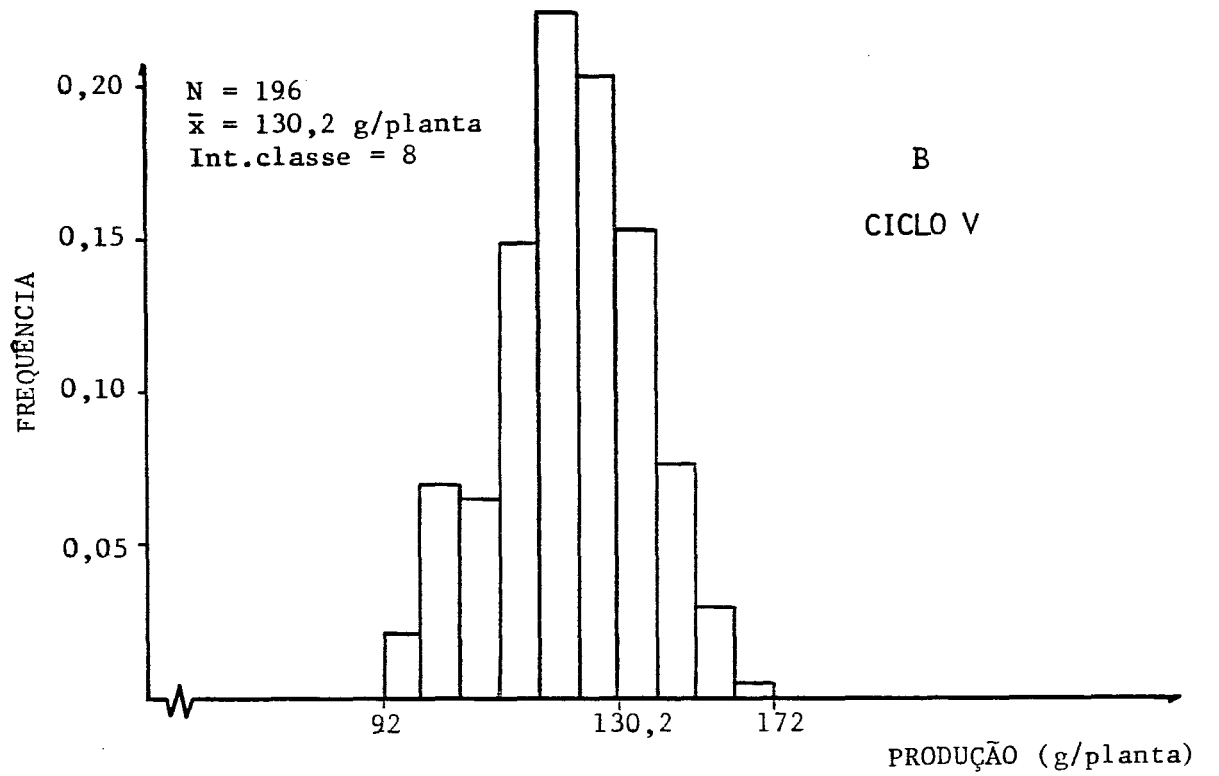


Figura 5. Histogramas da distribuição de frequência (pop. ESALQ PB-1) das médias de progenies avaliadas, para o caráter peso de espigas, do ciclo V: A: Caterpillar e B: Água Santa, 1983/84.

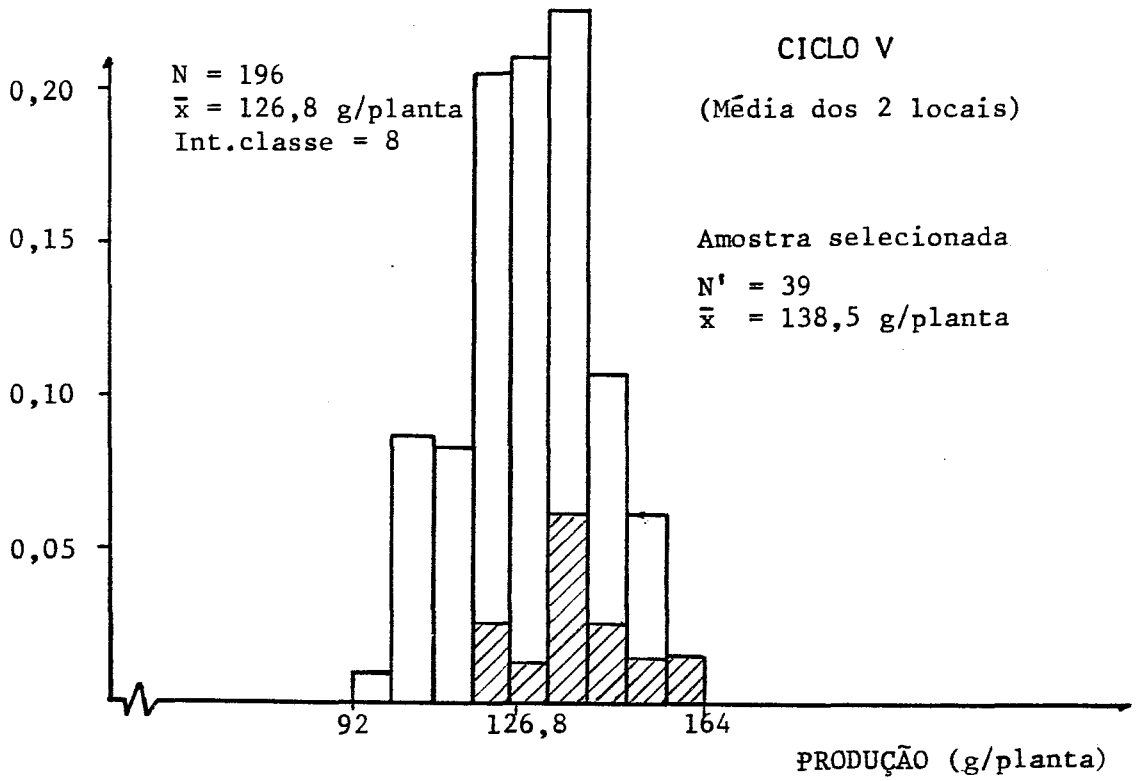


Figura 6. Histograma da distribuição de frequência (pop. ESALQ PB-1) das médias de progênies avaliadas e selecionadas, para o caráter peso de espigas, do ciclo V. Média dos locais Carterpillar e Água Santa, 1983/84.