

SEIS CICLOS DE SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE MEIOS  
IRMÃOS NO MILHO (*Zea mays* L.) CENTRALMEX

RAÚL TORRES SEGOVIA  
Instituto Agronomico Nacional  
Ministério de Agricultura e Pecuária  
PARAGUAI

Orientador: Ernesto Paterniani

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

PIRACICABA  
Estado de São Paulo - Brasil  
Abril 1976

A minha esposa

Aos meus pais

DEDICO

## A G R A D E C I M E N T O S

Agradecimentos a todas as pessoas e Instituições que de uma forma ou de outra contribuíram para a realização do curso de Doutorado e para o presente trabalho. Em especial a:

Eng<sup>o</sup>-Agr<sup>o</sup> Hernando Bertoni, Ramon Artecona e Dr. Francisco Oviedo, pelas facilidades outorgadas no que se refere a parte administrativa.

Prof. Dr. Ernesto Paterniani, pela sua orientação no planejamento, condução dos experimentos, análises dos dados, interpretação dos resultados e redação deste trabalho.

Prof. Dr. Roland Vencovsky pelas oportunas sugestões e críticas, principalmente no aspecto estatístico da presente tese.

Eng<sup>a</sup>-Agr<sup>a</sup> Margarida Lemos, por sua colaboração e sugestões na leitura do manuscrito.

# Í N D I C E

	Pág.
1. INTRODUÇÃO .....	1
1.1 - Antecedentes .....	1
1.2 - Objetivos .....	6
2. REVISÃO DA LITERATURA .....	8
3. MATERIAL E MÉTODO .....	17
3.1 - Material .....	17
3.2 - Método .....	19
3.2.1 - A seleção do milho Centralmex .....	19
3.2.2 - Estimação dos parâmetros genéticos .....	24
3.2.3 - Estimativas dos progressos obtidos .....	26
4. RESULTADOS OBTIDOS .....	31
4.1 - Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho Centralmex .....	31
4.2 - Estimativas dos parâmetros genéticos .....	35
4.3 - Estimativas dos progressos obtidos .....	37
5. DISCUSSÃO .....	39
5.1 - Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho Centralmex .....	39
5.2 - Estimativas dos parâmetros genéticos .....	43
5.3 - Estimativas dos progressos obtidos .....	49
6. RESUMO E CONCLUSÕES .....	52
7. SUMMARY AND CONCLUSIONS .....	56
8. LITERATURA CITADA .....	58
APÊNDICE 1 - TABELAS .....	66
APÊNDICE 2 - FIGURAS .....	93

## 1. INTRODUÇÃO

### 1.1 - Antecedentes

O milho é uma das plantas cultivadas mais importantes que contribui substancialmente na alimentação humana tanto direta como indiretamente. Apresenta ainda uma grande potencialidade para aumentar a produtividade média, talvez superior a qualquer outro cereal.

Os métodos de melhoramento genético que têm sido aplicados ao milho, com o passar do tempo, sofreram uma evolução bastante acentuada. Dependendo dos conhecimentos relativos ao melhoramento em geral e da planta de milho em particular, diferentes métodos e técnicas têm sido utilizados com o fim de melhorar a sua produtividade. Até o desenvolvimento do método do milho híbrido, a seleção massal, o esquema espiga-por-fileira e a hibridação varietal foram empregados sem, entretanto, resultar em progressos substanciais (RI

CHEY 1922; SPRAGUE 1955; VIÉGAS 1963). Os progressos reduzidos ou nulos obtidos pela seleção massal e pela seleção espiga-por-fileira, na primeira parte do presente século, não podem atribuir-se a falhas dos sistemas em si. Devem-se mais a deficiências no controle do ambiente e à completa ausência de controle parental. Os cruzamentos varietais teriam sido valiosos exceto pela falta de compreensão de certos princípios genéticos e porque os ganhos obtidos a partir dos cruzamentos não foram suficientes para estimular seu desenvolvimento (RICHEY 1922, LONNQUIST 1967).

Graças aos trabalhos de EAST (1908) e SHULL (1909) foi mostrado que com a criação de linhagens puras, abria-se uma nova oportunidade de se obter melhoramento do milho de uma maneira mais eficiente que no passado. O cruzamento das linhagens obtidas, submetidas a intensa seleção, restaurava o vigor perdido com a endogamia. JONES (1918), estabelecendo a técnica do cruzamento duplo, desfez as dúvidas levantadas sobre a eficiência prática do método que assim passou definitivamente para a sua aplicação. As décadas de 30 e de 40 presenciaram a grande expansão do milho híbrido nos Estados Unidos.

No caso do milho híbrido o sucesso depende em grande parte do desenvolvimento de um grande número de linhagens e da avaliação dessas linhagens em ensaios. Seleção intensiva é praticada durante o processo de endogamia, porém, há evidências que sugerem que tal seleção é mais efetiva em melhorar as linhagens como tais, do que em modificar a capacidade de produção dos híbridos resultan-

tes. A necessidade de se manejar grande número de linhagens é consequência da deficiência do método de produção de milho híbrido. Essa deficiência resulta em parte, do grande número de genes que afetam muitos caracteres de interesse e da rápida fixação de alelos durante as contínuas autofecundações. Estes dois fatores tendem a minimizar as oportunidades de seleção (SPRAGUE 1955a).

A partir de 1935-40 os melhoristas de milho começaram a dar mostras de inquietude, pois apesar dos grandes esforços realizados não se obtinham progressos compensadores. Procurou-se por vários processos se obter novas linhagens ou melhorar as que já se haviam obtido. Contudo, os progressos foram limitados basicamente, pela falta de conhecimento quanto ao tipo de ação gênica envolvida no fenômeno da heterose. Era geralmente aceito que enquanto não se soubesse com profundidade o mecanismo do vigor do híbrido, não se poderia alcançar a máxima eficiência em produção de grãos (VIEGAS 1963, DRUMMOND 1967, PATERNIANI 1969). Foi então, que se fez evidente a necessidade do melhoramento populacional como um meio de se obter melhores linhagens.

Os esquemas de melhoramento populacional designados como seleção recorrente, oferecem a possibilidade de minimizar as dificuldades decorrentes do grande número de genes envolvidos e da rápida fixação gênica, através do processo de recombinação, que favorece a maior oportunidade de combinar alelos favoráveis. Além do mais, permite a progressiva concentração de genes desejáveis nas populações melhoradas (SPRAGUE 1955a, PATERNIANI 1965).

O primeiro tipo de seleção recorrente foi designado como seleção recorrente fenotípica (HAYES e GABER 1919, SPRAGUE e BRIMHAL 1950). Neste esquema não se emprega testador e a seleção de indivíduos numa população pode ser feita antes ou depois de autofecundação. É aplicável para caracteres de alta herdabilidade, apresentando sucesso nos primeiros ciclos de seleção (JENKINS et al., 1954).

Os outros tipos de seleção recorrente envolvem o uso de um testador para se obter uma medida dos caracteres do híbrido. A escolha de um testador está determinada pelo tipo de ação gênica que se assume ser de maior importância. No caso de seleção recorrente para capacidade geral de combinação como proposta por JENKINS (1940), um testador de base genética ampla é empregado para se obter uma medida dos efeitos gênicos aditivos. A população melhorada onde a frequência dos genes favoráveis foi aumentada, pode ser utilizada como uma variedade melhorada, ou como uma fonte de linhagens para produção de híbridos (SPRAGUE e MILLER 1950, SPRAGUE 1955a, PATERNIANI, 1966).

A seleção recorrente para capacidade específica de combinação foi originalmente delineada por HULL (1945) para situações onde os efeitos gênicos não aditivos, principalmente sobredominância são grandemente responsáveis pelo vigor híbrido. O esquema básico é semelhante ao da seleção recorrente para capacidade geral de combinação, constituindo a diferença essencial na utilização de um testador de base genética restrita. No esquema original foi indi

cado o emprego de uma linhagem como testador. Do ponto de vista prático pode-se usar como testador um híbrido simples. O método concentra em uma população heterogênea genes que dão a máxima heterose em relação a um testador específico (HULL 1945, SPRAGUE e MILLER 1950, SPRAGUE 1955a, SPRAGUE et al. 1959).

Os métodos antes mencionados têm possibilidades limitadas em obter ganhos devido a que cada um deles aproveita principalmente só um tipo de ação gênica responsável pela expressão do caráter em estudo. COMSTOCK, ROBINSON e HARVEY (1949), delinearam um processo de melhoramento que permite uma seleção efetiva baseada em qualquer tipo de ação gênica prevalecente, e onde o objetivo final é o desenvolvimento de híbridos para uso comercial. Tal delineamento é atualmente conhecido como Seleção Recíproca Recorrente. Sua utilização com modificações apresenta-se promissora (JONES, COMPTON e GARDNER 1971).

Mais recentemente, LONNQUIST (1961), indicou que a seleção massal, mediante uso de novas técnicas introduzidas, visando principalmente ao controle da heterogeneidade do solo, proporciona eficiência maior e tem sido denominada "seleção massal estratificada". O método foi empregado com sucesso pelo menos nos primeiros ciclos de seleção (ZINSLY 1969).

Os esquemas de seleção recorrente mencionados, apesar de serem úteis para aumentar a produção, possuem o inconveniente de completarem uma geração, após alguns anos de trabalho, recaindo a pressão de seleção em apenas um ano. No caso da seleção massal

estratificada, só conduz a progresso certo, na medida em que as plantas escolhidas produzem progênes superiores. Esta situação motivou aos melhoristas a prosseguir pesquisas para obter métodos de seleção ainda mais eficientes.

## 1.2 - Objetivos

LONNQUIST (1964) sugeriu um esquema de seleção recorrente utilizando famílias de meios irmãos no qual procurou adaptar o método espiga-por-fileira. O método de seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos é um método recorrente combinado: são selecionadas as melhores progênes (seleção entre) e dentro destas as melhores plantas (seleção dentro). O método emprega portanto, a variação genética aditiva e baseia-se essencialmente na variabilidade genética e na recombinação das unidades selecionadas.

PATERNIANI (1967), assinala, que a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, é eficiente para aumentar a frequência dos genes favoráveis e deve ser utilizada quando se deseja obter variedades melhoradas a curto prazo.

Do ponto de vista básico, como do ponto de vista prático, é importante o melhor conhecimento das possibilidades e da eficiência do método de seleção. Dessa forma o presente estudo foi desenvolvido com os seguintes objetivos:

- Obter informações adicionais sobre a eficiência do método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos para o melhoramento do milho.

- Comparar o comportamento da população Centralmex H.S. VI , com os ciclos anteriores e com híbridos comerciais, estimando-se o progresso já obtido.

- Estimar parâmetros genéticos incluindo a variância genética aditiva e o progresso genético esperado, para o próximo ciclo, comparando-o com o progresso já obtido nos ciclos anteriores.

- Efetuar um novo ciclo de seleção na variedade Centralmex a fim de se obter um progresso adicional no seu melhoramento.

## 2. REVISÃO DA LITERATURA

A primeira contribuição de grande importância, no sentido de esclarecer os efeitos da seleção, foi feita por LOUIS DEVIL MORIN, na França, em 1843, ao verificar que a melhor apreciação do valor genético de uma planta é obtida a partir de sua progênie e não do exame fenotípico da planta individual. O teste de progênie foi empregado com sucesso no melhoramento de plantas e tornou-se conhecido como o "Princípio do Isolamento de Vilmorin" (SPRAGUE 1955).

O método de melhoramento do milho conhecido com o nome de "seleção espiga-por-fileira" (ear-to-row) baseia-se essencialmente no emprego do teste de progênie. As plantas selecionadas são colhidas separadamente e as sementes obtidas de cada planta mãe, semeadas numa fileira constituindo uma progênie. O exame das progênies indica se as plantas escolhidas eram geneticamente superiores, bem como o grau de segregação dentro de cada progênie. Essas progênies podem ser plantadas na forma de ensaio de competição, com repe

tições, o que permite a sua melhor avaliação. Para a obtenção da próxima geração, escolhe-se um certo número de progênies para serem recombinadas numa nova população. Isso pode ser feito usando-se as melhores plantas das melhores progênies, ou usando-se sementes remanescentes das plantas que deram as progênies superiores (RICHEY 1922, PATERNIANI 1968).

Nesse tipo de seleção, pode-se praticar uma autofecundação nas melhores plantas das melhores progênies com o fim de fixar as qualidades desejáveis. Isso, entretanto, pode trazer uma considerável queda no vigor, dependendo da cultura em questão. Mesmo na ausência de autofecundação, deve-se ter o cuidado de não restringir demasiadamente o número de progênies a serem recombinadas na geração seguinte, a fim de evitar a endogamia acentuada, acarretando perda de vigor e produtividade. Além disso é recomendado o emprego de testemunhas a fim de fornecer uma melhor base para medir o progresso da seleção (RICHEY 1922).

O método de seleção espiga-por-fileira tem sido eficiente para melhorar caracteres pouco influenciados pelo ambiente. Entretanto, para caracteres como produtividade, os resultados foram desanimadores, pois a partir de certo ponto, os ganhos subsequentes eram cada vez menores. Em razão desses resultados, chegou-se a mencionar que as populações de milho não possuíam suficiente variância atitiva. Contudo, a dificuldade deveu-se mais a uma falta de apreciação do efeito mascarador do meio ambiente sobre os efeitos gênicos e da necessidade de se contar com controle parental (LENG 1962

e LONNQUIST 1967 ).

Mais recentemente, novos conhecimentos no campo da genética quantitativa baseados em pesquisas de ROBINSON, COMSTOCK e HARVEY (1955), demonstraram a existência de alta porção da variância aditiva nas populações de milho e seu deficiente aproveitamento devido a falhas na técnica experimental empregada. Em consequência LONNQUIST (1964) sugeriu algumas modificações do método de seleção espiga-por-fileira, que consistem sobretudo, no emprego de delineamentos experimentais adequados e certo controle na polinização, bem como cuidado para uma adequada amostragem de sementes. Ao novo método de melhoramento denominou-se "método de seleção espiga-por-fileira modificado".

Como indica o trabalho citado (LONNQUIST 1964), a escolha das famílias é baseada no comportamento médio em três locais; a escolha dos indivíduos dentro das famílias selecionadas é feita por seleção visual em um dos locais. Com um ciclo por ano, é possível diminuir os efeitos das interações genótipo x local, pela utilização da média de três locais na seleção das melhores progênie. As interações com anos ficam entretanto completamente confundidas com os valores dos genótipos em cada ciclo de seleção. Como o material é testado todos os anos, as interações genótipo x ano são minimizadas com o decorrer dos ciclos de seleção. O modelo proposto foi o seguinte:

$$P_{ijk} = u + (G_i + GY_{ik}) + (L_j + LY_{jk}) + (GL_{il} + GLY_{ijk}) + e_{ijk},$$

onde,  $P_{ijk}$  = produção de uma planta;  
 $u$  = média da população;  
 $G_i$  = valor genotípico do genótipo  $i$ ;  
 $L_j$  = efeito do local  $j$ ;  
 $Y_k$  = efeito do ano  $k$ ;  
 $GL_{ij}$  = interação do genótipo  $i$  com o local  $j$ ;  
 $GY_{ik}$  = interação do genótipo  $i$  com o ano  $k$ ;  
 $LY_{jk}$  = interação do local  $J$  com o ano  $k$ ;  
 $CLY_{ijk}$  = interação do genótipo  $i$  com o local  $j$  com o ano  $k$ ;  
 $e_{ijk}$  = efeito de variáveis aleatórias incontroláveis.

A metodologia empregada é apresentada a seguir:

1 - Uma amostra de espigas de uma variedade, composto ou variedade sintética é selecionada para ensaios de avaliação.

2 - Sementes de cada espiga são mantidas separadas. A variedade original e diversos híbridos duplos, são utilizados como testemunhas, em todos os anos, para permitir uma base constante de medida do progresso na seleção. Cada repetição é plantada em um local separado.

3 - Uma das repetições é plantada em local isolado de outra cultura de milho. Cada quatro fileiras do ensaio são seguidos por duas fileiras de plantas polinizadoras. As fileiras masculinas são oriundas de mistura de igual número de sementes de todas as espigas cujas progênes estão sendo avaliadas. As fileiras femininas são

despendoadas nesta repetição. Antes da colheita desta repetição, as 5 plantas com melhor aparência em cada uma destas progênes em estudo são marcadas. À medida que cada linha é colhida, as cinco espigas marcadas são colocadas em um saco.

4 - Após a obtenção dos dados das três repetições 20% das progênes são selecionadas. As 5 espigas escolhidas das progênes selecionadas constituem os tratamentos para os ensaios do próximo ano.

PATERNIANI (1967), apresenta resultados obtidos com o emprego desse método com ligeiras modificações, a que chamou "seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos". Foi utilizada uma população brasileira, Dente Paulista, formada pela mistura de igual número de sementes de milho de amostras obtidas do Estado de São Paulo.

A modificação do método "espiga-por-fileira" basicamente consistiu em plantar uma quarta repetição do ensaio, cerca de um mês mais tarde. As quatro repetições foram plantadas em dois locais, duas em cada local. As três primeiras repetições plantadas primeiramente, foram constituídas de progênes de meios-irmãos e das testemunhas repetidas em todos os locais.

A quarta repetição, além dos tratamentos do experimento, apresentava intercalada cada três fileiras uma fileira de plantas polinizadoras, oriundas de mistura de sementes, conforme o projeto original. As fileiras femininas, constituídas dos tratamentos do ensaio, foram despendoadas, realizando-se a emasculação cui-

dados das plantas das testemunhas. As melhores progênies foram reconhecidas, com base nos dados de produção e acamamento das três repetições colhidas primeiro. Foi praticada seleção massal dentro das melhores progênies na repetição isolada, e colhidas separadamente das espigas das plantas selecionadas.

A variabilidade genética do material, nos diferentes ciclos, avaliada por um coeficiente de variação genético foi de 15,3%, 9,3%, 9,1% e 7,1% desde a população original até o ciclo III, respectivamente. O progresso médio obtido foi de 13,6% por ciclo. Os resultados são superiores ao progresso obtido em um ciclo de seleção recorrente para capacidade geral de combinação, com a duração de 5 anos, conduzida com o mesmo material.

PATERNIANI (1968) enfatizou que o método de "seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos", permite minimizar as dificuldades originadas pelo grande número de genes envolvidos na expressão de alguns caracteres e a rápida fixação gênica. Além do mais, possibilita a progressiva concentração de genes desejáveis nas populações melhoradas e obtenção de progresso genético contínuo. Consequentemente, aumento de produção no decorrer dos ciclos de seleção. Estes aumentos podem ser devidos à recombinação gênica e "crossing over", que liberam a variabilidade potencial durante os ciclos de seleção.

Do ponto de vista prático, as seguintes vantagens do esquema podem ser mencionadas:

- Cada ciclo pode ser completado em um ano, que é um intervalo de tempo reduzido. Isso conduz a um maior ganho por ano e menor interação por anos com o decorrer do programa.

- A execução do esquema é bastante simples o que possibilita que um grande número de plantas e, portanto, de genótipos sejam testados (PATERNIANI 1967).

WEBEL e LONNQUIST(1967) trabalhando com uma variedade do "Corn Belt" adaptada à região do Meio-Oeste dos Estados Unidos da América do Norte obtiveram um progresso médio de 9,44% por ciclo de acordo com a análise de regressão da produção em relação aos 4 ciclos. Isto indica alta eficiência, sobretudo considerando-se a relativa maior uniformidade do milho utilizado.

PATERNIANI (1968) avaliando o método de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento do milho, concluiu que é eficiente para aumentar a produtividade da população Piramex empregado no estudo. O melhoramento total obtido após os quatro ciclos de seleção foi de 15,2% a mais do que a população original.

SILVA (1969), aplicando o método do melhoramento em estudo a uma população denominada Cateto Colômbia Composto, sintetizada pelo Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", concluiu que as estimativas do progresso total esperado, indicam a possibilidade de aumento de 8,8% a 10,9% sobre a média para população do ciclo II em relação ao ciclo I. A variabi

lidade genética foi estimada em 9,2% para o ciclo original. Em trabalhos similares de seleção foram relatados os coeficientes de variação genética de 15,3% para o Dente Paulista (PATERNIANI 1967), de 11,27% para a variedade Hays Golden (WEBEL e LONNQUIST 1967) e de 10,56% para a população Piramex (PATERNIANI 1968), todos para a população original.

Segundo ZINSLY (1969), o ganho médio observado para três populações de milho utilizando o método de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos foi de 13,8%. Para seleção entre famílias de meios-irmãos o ganho foi de 5,9%. Dentro de famílias, o valor alcançado foi de 7,9%.

QUEIROZ (1969), utilizando a população de milho denominada Dentado Composto A, indicou que o progresso genético esperado na produção através da seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos apresentou um valor em torno de 6%. Assim mesmo, verificou que existe uma grande variabilidade genética no composto sob estudo.

Outras pesquisas têm sido conduzidas mais recentemente empregando o método de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, com sucesso satisfatório (MOTA 1974, AYALA et al. 1975).

Além do mais, o método tem sido empregado combinado com a seleção recorrente recíproca, esquema que recebeu a denominação de "seleção recorrente recíproca em famílias de meios-irmãos" (PATERNIANI 1970, JONES, COMPTON e GARDNER 1971). Os ganhos observados e o coeficiente de variação genética indicam que o esquema u-

tilizado conduz a um aumento de produtividade entre os cruzamentos, podendo ser o método bastante promissor para se obter híbridos melhores que os disponíveis (PATERNIANI 1974).

VENCOVSKY (1975) salienta que o esquema é especialmente promissor quando a finalidade principal é o melhoramento das populações como tais.

### 3. MATERIAL E MÉTODO

#### 3.1 - Material

Em 1963 as populações de milho Piramex I da América Central foram cruzadas entre si. Esse cruzamento visou sobretudo a obtenção de uma população de maior variabilidade genética do que o milho Piramex.

Para o desenvolvimento do trabalho, uma amostra representativa de sementes das 171 progênies de meios-irmãos de Piramex I foi semeada em lote isolado de despendoamento como fileiras femininas. As fileiras masculinas foram semeadas com sementes da variedade América Central, em duas datas separadas de uma semana. Desta maneira procura-se ampliar o período de disponibilidade de pólen, bem como fazer com que as fileiras femininas recebam uma amostra mais representativa de pólen das plantas polinizadoras. A proporção usada foi de três fileiras femininas de Piramex I para uma masculi-

na da América Central.

Na colheita foram obtidas várias centenas de espigas do cruzamento em questão. Um número igual de sementes de cada espiga foi utilizado para efetuar o plantio da geração  $F_1$  em 1964, em lote isolado de polinização livre. Após a colheita, foram escolhidas 285 espigas, agora representando a geração  $F_2$ , e que constituíram a população Centralmex original (PATERNIANI 1968).

As gerações subsequentes foram selecionadas pelo método de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, durante seis ciclos.

A nova população produzida no Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, São Paulo, denominada Centralmex, possui como germoplasma básico a raça de milho Mexicano Tuxpeño, encontrada em cultivo na costa do Golfo do México. Apresenta-se ao nível de parcela experimental com uma produção média de 7.445 kg/ha, altura da planta de 2,80 m, altura da espiga de 1,58 m e florescendo aos 79 dias (MOTA 1974). As espigas têm 14 fileiras de grãos em média, com grãos dentados amarelos. Provavelmente possui uma alta frequência de genes desejáveis e ampla variabilidade genética. Atualmente é muito usada como variedade comercial no Estado de São Paulo e em grande parte do território brasileiro. Nas regiões produtoras de milho, no Paraguai, apresenta comportamento satisfatório.

Como testemunhas, a fim de fornecer uma melhor estimativa do progresso genético observado no decorrer dos ciclos de se

leção, foram empregados os seguintes híbridos duplos comerciais:

- H-6999 e H-7974 de grãos semi-dentados amarelos e produzidos pela Secretaria da Agricultura de São Paulo.

- Ag-17 , Ag-203 e Ag-152 de grãos semi-dentados, amarelos e produzidos pela Sementes Agrocere S.A.

### 3.2 - Método

#### 3.2.1 - A seleção do milho Centralmex

O método utilizado foi o proposto por LONNQUIST(1964) e denominado por PATERNIANI (1967), de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos. O método aproveita essencialmente a variância genética aditiva, permitindo uma boa avaliação das progênies testadas.

Como ponto de partida para a execução do trabalho foram empregadas progênies da população Centralmex original, formada pelo cruzamento das populações Piramex I e América Central. Cada uma das espigas selecionadas foi debulhada separadamente constituindo-se em famílias de meios-irmãos a serem testadas em ensaios de produção. Usou-se o delineamento látice simples duplicado com quatro repetições. Três repetições foram plantadas entre 15 de outubro e 15 de novembro.

Cada parcela ocupou uma área de  $10 \text{ m}^2$ , sendo o espaçamento de 1 m entre parcelas e 0,40 m entre covas; cada cova recebeu três sementes deixando-se após o desbaste duas plantas por cova.

A quarta repetição foi plantada cerca de 1 mês mais tarde, em área isolada de outras culturas de milho, constituindo-se em um campo de cruzamento controlado.

As fileiras femininas foram as progênies testadas. As fileiras masculinas foram formadas por mistura de igual número de sementes de cada um dos tratamentos. Usou-se a proporção de três fileiras femininas para uma masculina. Essa repetição foi plantada cerca de um mês mais tarde para que, por ocasião da colheita, já se disponha dos dados das três outras repetições. Assim, são selecionadas as melhores plantas, da repetição isolada, dentro apenas das fileiras cujos tratamentos foram os mais produtivos nas três repetições anteriores. Obteve-se assim uma nova quantidade de espigas a serem testadas de maneira semelhante no próximo ciclo. Além disso foi completado um ciclo por ano, obtendo-se um teste de progênies (repetições I a III) e a recombinação das unidades selecionadas (repetições IV).

Com o propósito de dispor de mais informações, depois do período de floração foi realizada a escolha de 10 plantas competitivas por parcela, de onde coletaram-se os seguintes dados: altura da planta, do nível do solo até a inserção da última folha; altura da espiga, tomada ao nível do solo até a inserção da espiga principal.

Pouco antes da colheita, procedeu-se à contagem do número de plantas em cada progênie, considerando parcela completa ("stand" ideal) as que apresentam 50 plantas. Igualmente foram fei-

tas observações de número de plantas acamadas, dando valores de 1 a 5. Anotações com valor 1 correspondem ao 100% de plantas erectas; o valor 5 classifica as progênes totalmente acamadas. Estas anotações de interesse agrônômico permitem uma melhor avaliação das progênes a serem selecionadas.

Todas as parcelas foram colhidas manualmente e no caso de plantas com mais de uma espiga, todas elas foram reunidas, pois compreendem a mesma progênie de meios-irmãos.

Para melhor compreensão, na tabela 1, são relacionados os experimentos utilizados nos seis ciclos de seleção do milho Centralmex, com as principais informações relativas ao planejamento de cada ensaio.

As 285 progênes que constituíram a população de milho "Centralmex Original", plantadas em 1965, em três ensaios látice simples 10 x 10, com quatro repetições, foram avaliadas, testando-se 95 progênes em cada ensaio, correspondendo os demais tratamentos às testemunhas. Após a condução dos ensaios da maneira usual, e obtenção dos dados finais, foram selecionadas 63 progênes. De cada uma destas, escolheram-se as espigas de 4 a 5 plantas, obtendo-se 291 progênes de meios-irmãos correspondentes a Centralmex I.

Essas 291 progênes da Centralmex I foram plantadas em 1966 em três ensaios látice simples 10 x 10, com quatro repetições. Em cada ensaio foram testadas 91 progênes, correspondendo os demais tratamentos às testemunhas. Foram selecionadas um total de 61 progênes e de cada uma foram escolhidas cerca de 4 a 5 plantas,

dispondo-se de 294 progênies de meios-irmãos correspondentes à população Centralmex II.

As 294 progênies de meios-irmãos Centralmex II foram plantadas em 1967 em três ensaios látice simples 10 x 10, com quatro repetições. Em cada ensaio avaliaram-se 97 progênies, sendo os demais tratamentos as testemunhas. Logo depois da obtenção dos dados finais, foram selecionadas 72 progênies, escolhendo-se as melhores 4 ou 5 plantas de cada uma delas, obtendo-se 284 espigas, correspondentes a progênies de meios-irmãos Centralmex III.

As 284 progênies representativas do Centralmex III foram plantadas em 1968 em três ensaios látice simples 10 x 10, com quatro repetições. As progênies por ensaios foram distribuídas em número de 91, 97 e 96, sendo os demais tratamentos constituídos por testemunhas. Ao final foram selecionadas 72 progênies. De cada uma destas foram escolhidas as espigas de 4 a 5 plantas resultando em 388 progênies de meios-irmãos da população Centralmex IV.

A partir do ano de 1969, por conveniência de programação nos trabalhos do Instituto de Genética, alterou-se o esquema de melhoramento até então em prática, ou seja, avaliação e recombinação de progênies no mesmo ano (um ano por ciclo). As progênies de meios-irmãos foram testadas em um ano e só as selecionadas foram re combinadas no ano seguinte (dois anos por ciclo). Assim as 388 progênies Centralmex IV, foram plantadas em 1969, em quatro ensaios látice 10 x 10 com 4 repetições. Em cada ensaio avaliaram-se 97 progênies, sendo os demais tratamentos as testemunhas. Foram seleciona

das 87 progênies e de cada uma destas, escolhidas 4 ou 5 plantas dis<sub>pondo</sub>-se de 500 espigas que corresponderam às progênies da popula<sub>ção</sub> Centralmex V.

As 500 progênies, logo depois de recombinadas em 1970, foram armazenadas até 1972, ano em que foram plantadas em cinco ensaios látice 10 x 10 com três repetições. Em cada ensaio foram testadas 100 progênies. Após a condução dos ensaios da maneira usual e obtenção dos dados finais foram selecionadas 89 progênies, que re<sub>combinadas</sub> no seguinte ano permitiu dispor de 500 espigas, progênies de meios-irmãos, correspondendo à população Centralmex VI.

Novamente as 500 progênies Centralmex VI foram plantadas em 1974, em cinco ensaios látice simples 10 x 10 com três repetições. Em cada ensaio foram testadas 100 progênies. Ao final foram selecionadas 79 progênies. Na parcela de recombinação foram selecionadas 4 a 5 plantas de cada uma delas para reconstituir a nova população melhorada.

No decorrer de todos os ciclos de seleção, após a co<sub>lheita</sub> as produções de todas as parcelas foram corrigidas em função das variações do "stand". O ajuste foi feito para 50 plantas por parcela empregando a fórmula de ZUBER (1942):

$$P.G.G. = P.G. \frac{H - 0,3 F}{H - F},$$

onde, P.G.G. = peso de campo corrigido;

P.G. = peso de campo;

H = número de plantas da parcela sem folhas;

F = número de plantas faltantes.

Essa fórmula que é de uso geral em ensaios de milho, leva em consideração a competição entre as plantas. Adiciona 0,7 da produção média para as plantas falhadas, e considera que 0,3 é recuperado pelas plantas próximas às falhas.

Por último, com os dados relativos às produções dos tratamentos corrigidos, procedeu-se à análise de variância segundo o processo de análise com recuperação da informação interblocos, para o delineamento látice simples, duplicado (FEDERER 1955, COCHRAN e COX 1957).

### 3.2.2 - Estimação de parâmetros genéticos

Foram computadas as estimativas de parâmetros genéticos, levando em conta os componentes de variância ao nível de parcela e ao nível de indivíduo. Como indicou VENCOVSKY (1969), as variâncias de progênies de meios-irmãos ( $\sigma_p^2$ ), as variâncias do efeito de parcelas ( $\sigma_e^2$ ) e as variâncias entre plantas dentro de parcelas ( $\sigma_d^2$ ) são facilmente estimáveis a partir da esperança dos quadrados médios  $E(QM)$  (Tabela 2).

Por meio da tabela, deduz-se que a variância de progênies de meios-irmãos é estimada como segue:

$$\sigma_p^2 = \frac{Q_2 - Q_1}{P} .$$

Conforme a indicação de COMSTOCK e ROBINSON (1948), a variância genética aditiva foi considerada a partir da variância de progênes:

$$\sigma_A^2 = 4 \sigma_p^2 = 4 \sigma_{mi}^2 / n^2 = 4 \frac{(Q_2 - Q_1)}{r n^2},$$

onde,  $\sigma_A^2$  é a estimativa da variância genética aditiva;

$\sigma_{mi}^2$  é a estimativa da variância entre progênes de meios-irmãos;

$n$  é o número de indivíduos por progênie;

$\sigma_p^2$  é a estimativa da variância entre progênes, ao nível de indivíduo;

$r$  é o número de repetições.

Segundo ROBINSON et al. (1955), pode-se estimar a variância entre plantas dentro de parcela ( $\sigma_d^2$ ), como sendo igual a 10 vezes a variância entre parcelas. O resíduo obtido na análise combinada da variância contém os dois componentes (Tabela 2).

$$\sigma_d^2 = 10 \sigma_e^2.$$

Um outro parâmetro estimado foi o coeficiente de variação genética. Empregaram-se os valores obtidos na estimativa da variância de meios-irmãos ( $\sigma_{mi}^2$ ) e a média da população ( $\bar{X}_{mi}$ ), como segue:

$$G.V. \text{ genética} = \frac{\sqrt{\sigma_{mi}^2}}{\bar{X}_{mi}} \cdot 100 = \frac{\sqrt{\frac{Q_2 - Q_1}{\sigma_p^2}}}{\bar{X}_{mi}} \cdot 100.$$

O cálculo da herdabilidade no sentido restrito é o quociente da variância genética aditiva e a variância fenotípica de um caráter (VENCOVSKY 1969). Deve portanto, ser considerado em relação a um determinado ambiente e como indicou PATERNIANI(1968), no presente caso é de interesse a herdabilidade expressa pela relação entre a variância genética aditiva ( $\sigma_A^2$ ) e a variância entre plantas dentro de parcelas ( $\sigma_d^2$ ). Obtem-se assim, a estimativa utilizando a seguinte expressão:

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_d^2} .$$

### 3.2.3 - Estimativas dos progressos obtidos

O progresso esperado, quando se utiliza a seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, onde a avaliação e recombinação das progênes foram feitas no mesmo ano (1 ciclo por ano), foi estimado seguindo o modelo proposto por ROBINSON e COCHRAN (1965), e mais recentemente adaptada por VENCOVSKY (1969). Desta maneira avaliou-se a contribuição da seleção praticada entre as progênes e a contribuição da seleção massal dentro das progênes, separadamente, como segue:

$$\Delta = \frac{K_1 \cdot (1/8) \sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_p^2 + \sigma_e^2 / r + \sigma_d^2 / n \cdot r}} + \frac{K_2 \cdot (3/8) \sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_d^2}} ,$$

onde,  $\Delta$  = progresso genético esperado;

$K_1$  = constante que depende da intensidade de seleção entre famílias;

$K_2$  = constante que depende da intensidade de seleção dentro de famílias;

$\sigma_A^2$  = variância genética aditiva;

$\sigma_p^2$  = variância de progênies a nível de indivíduos;

$\sigma_e^2$  = variância do efeito de parcelas;

$\sigma_d^2$  = variância entre plantas dentro de parcelas;

r = número de repetições nos ensaios das progênies de meios-irmãos;

n = número de plantas por parcela.

Os valores de  $K_1$  e  $K_2$  dependem da intensidade de seleção e são funções de Z e P; onde Z é o valor da ordenada que divide a porção selecionada da não selecionada e P é a proporção selecionada. FISCHER e YATES (1954) apresentam tabelas para o cálculo de  $K_i$ .

No progresso genético esperado, sob consideração, a seleção atuou sobre os indivíduos mães, uma vez que os pais constituem uma amostra tomada ao acaso da população.

No caso da seleção de meios-irmãos onde se obtém um ciclo cada dois anos, a seleção atua tanto sobre os indivíduos pais como sobre as mães. Considerando-se este sistema de seleção o primeiro termo da expressão empregada para a estimativa do progresso genético, passou a ter o numerador  $K_1 \cdot 1/4 \sigma_A^2$  ao invés de  $K_1 \cdot (1/8) \sigma_A^2$ . Convém notar que a contribuição da seleção massal é a mesma nestes dois casos, isto porque dentro das famílias a seleção se baseou sempre só no fenótipo da mãe (VENCOVSKY 1969).

Para a estimativa do progresso genético observado, foi feita uma análise de regressão, utilizando as produções médias de cada ciclo, expressas em relação ao original igual a 100. Assim foi obtido o coeficiente de regressão e a equação da reta, como segue:

$$b = \frac{\sum X \cdot Y}{\sum X^2} \quad \text{e} \quad Y = a + b X$$

onde,  $b$  = coeficiente de regressão;

$X$  = ciclos de melhoramento;

$Y$  = produções médias de cada ciclo;

$a$  = interação da linha de regressão com a ordenada.

Utilizando os mesmos valores das produções médias de cada ciclo, foi feita uma análise de regressão passando pelo valor 100 que corresponde à população original (STEEL e TORRIE 1960). Para tal efeito, BARBIN (1975) <sup>1/</sup>, considerou a equação da reta igual a:

$$Y = 100 + b X ,$$

sendo,

$$b = \frac{\sum X Y - 100 \sum Y}{\sum X^2} .$$

Para efeitos das comparações, as médias de produção das progênies em cada ciclo, foram expressas em relação à média das

---

<sup>1/</sup> BARBIN, D. - 1975 [Comunicação pessoal].

testemunhas comuns. Os híbridos duplos comerciais H-6999B e Ag-17, foram empregados continuamente desde o ciclo original até o ciclo III. Desta maneira pode-se comparar produções obtidas em anos diferentes e avaliar as mudanças operadas nos diferentes ciclos. Assim, para ajustar as médias de produção da população por testemunhas, calculou-se o desvio entre a média geral de testemunhas e a média de testemunhas em cada ciclo de seleção. O desvio obtido para cada ciclo, quando positivo, subtraiu-se da média da população e quando negativo adicionou-se à média da população no correspondente ciclo de seleção. Por este processo foram obtidos os rendimentos da população ajustados (Tabela 3).

A partir do ano 1969, ciclo IV da seleção, até o ano 1974, ciclo VI da seleção, as testemunhas utilizadas para avaliar o comportamento da população em cada ciclo, não foram comuns no decorrer dos ciclos. Em vista disso, procedeu-se a padronização das testemunhas, empregando-se os dados das médias de produção das testemunhas disponíveis (Tabela 4).

Por sugestão de VENCOVSKY (1975)<sup>2/</sup>, as estimativas das médias das testemunhas para os anos em estudo, foram baseadas no método dos quadrados mínimos, como é abaixo descrito:

$$T_{1.1} = m + t_1 + a_1$$

$$T_{1.2} = m + t_1 + a_2$$

<sup>2/</sup> VENCOVSKY, R. - 1975 [Comunicação pessoal].

$$T_{2.1} = m + t_2 + \alpha_1$$

$$T_{2.3} = m + t_2 + \alpha_3$$

$$T_{3.2} = m + t_3 + \alpha_2$$

$$T_{3.3} = m + t_3 + \alpha_3$$

onde,  $T_{ij}$  = média de produção observada na testemunha  $i$  no ano  $j$ .

Os parâmetros estimados foram:

$\hat{m}$  = efeito da média geral de produção para todos os anos;

$\hat{t}_1$ ,  $\hat{t}_2$  e  $\hat{t}_3$  = efeitos das diferentes testemunhas, obtidos separadamente.

$\hat{\alpha}_1$ ,  $\hat{\alpha}_2$  e  $\hat{\alpha}_3$  = efeitos dos diferentes anos, obtidos separadamente.

Para resolver as equações, assumiu-se que:

$$\sum \hat{t}_i = 0$$

$$\sum \hat{\alpha}_i = 0$$

Com os valores das médias de produção estimadas para cada testemunha, em cada ciclo, procedeu-se ao ajuste das médias de produção da população, como foi indicado para os três primeiros ciclos.

#### 4. RESULTADOS OBTIDOS

##### 4.1 - Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho Centralmex

As Tabelas de 7 a 32 apresentam as análises de variação dos dados do caráter produção de grãos em kg por parcela de 10 m<sup>2</sup>, desde a população original até a correspondente ao ciclo VI. Análises em látice e/ou em blocos ao acaso foram utilizadas, sobretudo em função da existência ou não de perda de parcelas. Assim, à exceção dos ensaios conduzidos nos anos 1968 e 1969, onde por condições adversas o "stand" foi baixo e houve perda de uma repetição, respectivamente, o que só permitiu a análise em blocos ao acaso, os demais ciclos foram analisados como látice com recuperação da informação interblocos. Calculou-se uma eficiência em relação a blocos ao acaso dentro da amplitude compreendida entre 102,0% para o experimento 19-1972 (Tabela 27) até 169,8% para o experimento 5-1967 (Tabela 14).

Contudo a maioria dos ensaios teve uma eficiência de 115% ou mais, o que indica que a análise em látice teve uma eficiência, que embora pequena, pode contribuir para melhorar a análise.

Os coeficientes de variação dos experimentos para as análises de látice variaram de 14,1% para o experimento 15-1965 (Tabela 7) a 22,4% para o experimento 9-1966 (Tabela 12); valores relativamente altos, mas que ainda indicam precisão satisfatória. Para os experimentos com blocos ao acaso (Tabelas 16 a 22) os coeficientes de variação variaram de 14,3% a 19,6%, indicando boa precisão, considerando que só 3 repetições foram empregadas. Em geral todos os coeficientes de variação calculados podem ser considerados dentro dos limites aceitáveis da experimentação de campo.

Como resultado da análise estatística, o teste F revelou diferenças significativas para os tratamentos ajustados na análise de látice, com exceção dos experimentos 9-1966, 4-1967, 16-1972 e 16-1974. Para as análises em blocos ao acaso, excluindo os experimentos 22-1968, 14-1969 e 17-1969, o teste F revelou diferenças significativas entre os tratamentos (Tabelas 7 a 32). Isto quer dizer que há uma probabilidade muito baixa, inferior a 1% ou 5%, de que o valor de F observado tenha ocorrido por acaso.

Na parte inferior das tabelas de análises de variâncias são apresentadas as produções médias das progênes de meios-irmãos por experimento. Os valores observados indicam o alto potencial genético de produção das progênes sob avaliação e a consistência na capacidade de produção no decorrer dos ciclos. Muito embora

as produções obtidas, não sejam comparáveis entre os diferentes anos, permitem visualizar os níveis de produção possíveis de atingir nos mais diversos ambientes (anos).

O fato de cada ciclo de seleção ter sido conduzido em anos diferentes, dificulta a comparação dos resultados obtidos nos diferentes ciclos. Assim, ao avaliar os efeitos da seleção, estes ficam confundidos com os efeitos dos anos em que foi realizada a seleção. Para resolver este problema incluiu-se em todos os ensaios um grupo de germoplasma conhecido e constante, utilizando-se as suas médias de produção como ponto de referências nas comparações. A partir do ciclo original de seleção no ano 1965, até o ciclo II de seleção no ano 1968, foram utilizados dois híbridos duplos comerciais, H-6999B e Ag-17, em todos os ensaios, todos os anos (Tabela 3). Isto permitiu além das comparações entre ciclos, visualizar melhor o comportamento da população dentro de cada ciclo. As produções das progênes ao serem expressas em porcentagem das testemunhas, permitiram apreciar que a população Centralmex original produziu menos que a média das testemunhas (98,50%), enquanto que nos ciclos seguintes, as médias das progênes foram superiores às mesmas testemunhas (101,8 - 105,5 - 107,9%). Em relação à população original o ciclo I aumentou em 3,3%, o ciclo II 7,0% e o ciclo III 9,4% (Tabelas 34 a 37 e Figuras 1 a 4). As 63 progênes selecionadas da população original produziram 108,5%; as 61 progênes escolhidas no ciclo I produziram 116,0%; as 72 progênes escolhidas no ciclo II produziram 100,2% e as 72 progênes escolhidas no ciclo III produziram

123,1% em relação às testemunhas.

Nas Figuras 1 a 4, apresentam-se as distribuições das frequências das produções das famílias de meios-irmãos testadas e selecionadas, em porcentagem das testemunhas. Encontram-se também informações em relação ao tamanho da população, número de progênes selecionadas e suas respectivas produções em kg por 10 m<sup>2</sup>.

Como consequência do emprego de novas testemunhas com potencial genético de maior produção, as progênes ao serem expressas em porcentagem em relação à média de produção dos híbridos apresentaram para as populações Centralmex IV, Centralmex V e Centralmex VI, produções menores que a média de suas respectivas testemunhas (98,4% - 84,6% e 94,0%). Valores que não podem ser comparados considerando que os híbridos empregados nos diferentes ciclos não foram comuns. Contudo, o principal propósito do emprego de testemunhas que é o de conhecer melhor o comportamento das progênes para sua seleção mais eficiente dentro de cada ciclo, foi atingido.

Em relação à população Centralmex IV, as populações Centralmex V e Centralmex VI foram inferiores na expressão de suas produções. Contudo, as progênes selecionadas dentro de cada ciclo apresentaram valores em média, superiores às suas respectivas testemunhas (100,3% e 106,0%). Deve-se considerar na interpretação destes resultados o efeito do ambiente dentro de cada ciclo e a seleção dirigida para outros caracteres de interesse (altura da planta, altura da espiga, resistência ao acamamento) que muitas vezes excluem da seleção os indivíduos com maior produtividade (Tabela 38 a

40).

Nas Figuras 5 , 6 e 7 apresentam-se as distribuições das frequências das famílias de meios-irmãos testadas e selecionadas, expressas em porcentagem das testemunhas empregadas independentemente em cada ciclo de seleção.

#### 4.2 - Estimativas dos parâmetros genéticos

Para as estimativas de parâmetros genéticos consideram-se os componentes de variância a partir da esperança dos quadrados médios obtidos da análise conjunta dos experimentos conduzidos para cada ciclo de seleção. A tabela 33 apresenta as somas de quadrados de progênies de meios-irmãos e dos resíduos calculados na análise conjunta dos experimentos desde o ciclo original até o ciclo VI, que forneceram as bases para as estimativas desejadas.

As variâncias de progênies de meios-irmãos são apresentadas abaixo das Tabelas 41, 42, 43 e 44. Os valores obtidos foram erráticos, podendo-se considerar a variância de progênies ( $\sigma_{mi}^2$ ) nos primeiros três ciclos, mais alta na produção Centralmex I. Cabe recordar que estamos em presença de uma geração  $F_3$  onde além da variabilidade livre, pode-se expressar grande variabilidade potencial, considerando a segregação e recombinação de genes que governam caracteres quantitativos. Para os ciclos IV, V e VI foram encontrados valores que provavelmente têm sido influenciados pelo maior tamanho das populações sob avaliação (Tabelas 45 , 46 e 47).

Os coeficientes de variação genética são apresentados nas Tabelas 48 e 49. Para os três primeiros ciclos o maior valor foi encontrado para a população Centralmex I. A partir do ciclo IV de seleção, as estimativas apresentaram valores crescentes no transcorrer dos ciclos. De especial interesse são as estimativas dos coeficientes de variação genética obtidos, pois indicam o alto grau de variabilidade entre as progênes. Isto tem extrema importância pois indica a possibilidade de se obter progressos genéticos satisfatórios tanto para produção como para outras características agrônômicas.

As estimativas da variância genética aditiva são representadas nas Tabelas 48 e 49. Observa-se que a seleção não reduziu o componente de variância aditiva no decorrer dos ciclos. Ainda mais, apresentou-se um forte aumento do ciclo original para o ciclo I. Nas populações Centralmex II e III permaneceu constante. Posteriormente nos ciclos IV, V e VI mostrou-se com alto grau de expressão, possivelmente devido ao tipo de seleção aplicado e ao número de progênes recombinadas para formas as populações bases. A presença de variabilidade e alta variância genética aditiva deve-se relacionar também com a origem híbrida da população Centralmex.

Os valores de herdabilidade foram relativamente baixos, expressando-se na amplitude de 3,3% a 5,6% com uma média de 4,1% para os três primeiros ciclos. Os valores calculados para os ciclos IV, V e VI foram de 5,4%, 5,0% e 15,9% respectivamente, com uma média de 8,8% (Tabelas 48 e 49). Esses resultados indubitavelmente justificam o emprego de um método de melhoramento baseado em tes

tes de progênies para se alcançar maiores produções na prática de seleção, na população sob avaliação.

#### 4.3 - Estimativas dos progressos obtidos

Empregando os componentes de variância, obtiveram-se estimativas do progresso esperado como resultado da seleção (Tabelas 41 a 47). Os progressos genéticos esperados em gramas por planta e em porcentagem, devidos à seleção entre progênies de meios-irmãos (seleção entre) e a seleção massal (seleção dentro), podem ser vistos nas Tabelas 50 e 51. O progresso genético médio esperado, por ciclo de seleção, nos três primeiros ciclos foi de 3,25% por ciclo. O progresso genético observado foi de 3,19% como se pode apreciar pelo valor da regressão "b" na Figura 9. Utilizando os mesmos valores das produções médias de cada ciclo, ajustados pelas testemunhas comuns, foi feita uma análise de regressão passando pelo valor 100 que corresponde ao ciclo original. O valor do ganho genético observado, estimado pelo coeficiente da regressão foi igual a 3,30% (Figura 10).

Para os ciclos IV, V e VI de seleção (um ciclo cada dois anos) foram estimados os progressos genéticos em gramas por planta devidos à seleção entre progênies de meios-irmãos e à seleção dentro. Além do mais, o progresso médio esperado por ciclo foi expresso em porcentagem (Tabela 51). Como se pode ver, o valor do progresso médio esperado foi de 8,76% por ciclo. Para se obter informações sobre o progresso observado em média por ciclo precisam-se ajustar as médias de produção das progênies pelas médias das tes

testemunhas comuns utilizadas em todos os experimentos e em todos os ciclos. Só desta maneira pode-se comparar produções obtidas em anos diferentes e avaliar as mudanças operadas nos diferentes ciclos. As testemunhas empregadas desde o ano 1969, ciclo IV da seleção até o ano 1974, ciclo VI de seleção, não foram comuns no decorrer dos ciclos. Em vista disso, as estimativas das médias das testemunhas foram baseadas no método dos quadrados mínimos, empregando-se os dados das médias de produção das testemunhas disponíveis (Tabela 4 e 5). Baseados nestas médias estimadas das testemunhas, procedeu-se ao ajuste das médias das produções das progênies e à estimativa do progresso genético médio observado (Figura 8). O valor de "b" observado empregando o artifício mencionado para avaliar os efeitos genéticos e ambientais não permitiram visualizar progressos no caráter produção de grãos.

Nos ciclos original a IV foi possível estimar de maneira adequada o progresso obtido que foi de 3,30%. Nos ciclos subsequentes, devido às mudanças nas testemunhas não se pode obter estimativas precisas dos progressos. De qualquer modo, a variedade Centralmex atingiu produções elevadas, comparáveis às dos melhores híbridos disponíveis. Considerando a variabilidade existente, é de se esperar que os progressos continuem nos ciclos seguintes.

## 5. DISCUSSÃO

### 5.1 - Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho Centralmex

O melhoramento de populações tem merecido especial atenção dos melhoristas de milho, considerando seu dinamismo (melhoramento gradativo e contínuo) e a exploração mais ampla da variabilidade genética. A população base é de fundamental importância para o sucesso do programa de melhoramento. Consideraram-se materiais promissores as populações que apresentam um alto potencial para produtividade associado a uma ampla base genética, resultando numa variabilidade suficiente para permitir progressos satisfatórios, tanto para produção como para outras características agronômicas. A população de milho Centralmex apresentou os atributos desejáveis que permitem acreditar no sucesso da seleção.

Os experimentos conduzidos para avaliar as diferenças entre as progênies de meios-irmãos podem ser considerados com precisão razoável para experimentos de campo. Experimentos agrícolas com coeficientes de variação inferiores a 10%, são considerados bem precisos, mas não raro ele está entre 10 e 20% (PIMENTEL GOMES 1966). Trabalhos referentes à experimentação com milho empregando análise em látice ou em blocos ao acaso apresentam coeficientes de variação na amplitude de 10 a 22%, considerando-se de precisão satisfatória (PATERNIANI 1967, 1968, QUEIROZ 1969 e MOTA 1974).

Ao interpretar os resultados calculados para o coeficiente de variação, PATERNIANI (1968) mencionou que existem fatores, inerentes à própria natureza do material e método, que contribuem para um aumento do erro residual e conseqüentemente levam a um aumento do coeficiente de variação. Assim, a variabilidade genética dentro das progênies testadas é responsável, em certa medida, do coeficiente de variação o qual será maior em progênies que não têm a mesma identidade genética. As plantas que constituem uma progênie de meio irmãos, tendo inúmeros progenitores masculinos apresentam diversidade genética dentro dos tratamentos, influenciando no acréscimo do coeficiente de variação. Além do mais, a interação genótipo x ambiente, nas localidades onde os experimentos contam apenas com uma repetição faz que o componente devido a interações seja incluído na variância residual, contribuindo, para tornar maior o respectivo coeficiente de variação. Com o decorrer dos ciclos, à medida que a população sob seleção se torna mais uniforme, poderá ser desejável plantar pelo menos duas repetições por local, o que permitirá maior

precisão na avaliação das progênes e respectivas interações por ambiente.

No presente caso, os coeficientes de variação dos ensaios das progênes de milho Centralmex foram razoáveis e satisfatórios (Tabelas 48 e 49), considerando-se, inicialmente a heterogeneidade do material devido a sua origem híbrida, as condições ambientais (anos 1968-69), que obrigaram à análise dos dados em blocos ao acaso e finalmente à modalidade na instalação dos ensaios. Assim mesmo os resultados calculados no presente trabalho encontram-se dentro da amplitude que indicaram outras pesquisas conduzidas com sucesso.

O efeito da seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos sobre a produtividade no milho Centralmex, durante os três primeiros ciclos de seleção foram obtidos, no sentido desejado (Tabelas 34, 35, 36 e 37). As médias de produção observadas indicaram alto potencial genético e adaptação às condições ambientais. Contudo, só ao expressar as médias de produção em porcentagem das testemunhas pode-se observar os benefícios da seleção refletido nas porcentagens de produção das progênes em aumento no decorrer dos ciclos, em relação às testemunhas. Deve-se considerar que a população em estudo e os híbridos duplos empregados como testemunhas reagiram de maneira idêntica às flutuações de ambiente. Isso possibilitou a melhor avaliação das progênes dentro de cada ciclo e a comparação dos resultados de produções médias, do ciclo original ao ciclo III (Figuras 1 a 4).

Desde o ciclo IV, ao ciclo VI de seleção, os valores observados para o caráter produção de grãos, apresentaram-se com alta expressão, mas decrescendo no decorrer dos ciclos (8.238, 7.131 e 5.931 kg/ha para os ciclos IV, V e VI, respectivamente). Os valores encontrados para as testemunhas mostraram suas produções ainda mais elevadas. Como consequência, ao expressar as produções das progênies em porcentagem das médias das testemunhas empregadas para cada ciclo, se observa para as progênies, valores de 98,4%, 84,6% e 94,0% para os ciclos IV, V e VI ( Tabelas 38, 39 e 40). Muito embora estes resultados permitiram a avaliação das progênies dentro de cada ciclo, comparações entre ciclos não podem ser feitas com precisão em vista da metodologia empregada.

O comportamento das progênies e suas respectivas testemunhas possivelmente foi consequência do efeito do fator ano interagindo sobre os genótipos. Como indicaram FINLAY et al. (1963) as seleções de indivíduos de alta produção sob condições favoráveis podem mostrar diminuição em sua potencialidade sob condições menos favoráveis. Os genótipos reagem em resposta à determinada condição ambiental com um acréscimo ou diminuição em seus rendimentos, na ordem aditiva ou multiplicativa. O tipo de resposta depende da constituição genética das progênies e da sua capacidade de adaptação.

FALCONER (1960), indicou que uma diferença específica de ambiente pode ter um maior efeito em alguns genótipos que em outros, ou pode apresentar-se uma mudança na ordem com respeito ao mérito em uma série de genótipos, quando estes são avaliados em di-

ferentes ambientes. Na situação em que se seleciona uma população durante vários ciclos como assinalou ALLARD et al. (1964), as flutuações dos anos podem influir sobre a seleção fugindo ao controle do pesquisador, prever com acerto o comportamento da população em gerações futuras.

Em consequência, pode-se acreditar que as produções observadas no ciclo IV de seleção foram afetadas por condições ambientais particulares que possibilitaram a obtenção de altos rendimentos. Posteriormente as produções voltaram a estabilizar-se com um ligeiro aumento no ciclo V e VI em relação ao ciclo III. Contudo, a prática da seleção dentro de cada ciclo possivelmente possibilitou a obtenção dos melhores genótipos que não expressaram toda sua potencialidade genética ao serem recombinados.

## 5.2 - Estimativas dos parâmetros genéticos

Na decomposição da variância genética total, o comportamento genético aditivo é o mais importante porque determina as propriedades genéticas observáveis na população e é a responsável pela resposta à seleção. Mais ainda, é o único componente que pode ser estimado diretamente a partir das observações feitas na população. Segundo COMSTOCK e ROBINSON (1948), a variância genética aditiva foi estimada baseada no conhecimento das variâncias de progênies (Tabelas 48 e 49). A julgar pelos valores estimados, da população original para o ciclo I, a variância aditiva aumentou substancialmente. No ciclo II diminuiu, para sofrer um novo acréscimo no ciclo

III. Nos ciclos IV, V e VI a tendência foi para alcançar maiores valores.

LONNQUIST et al. (1966) indicaram que a seleção massal aplicada durante seis ciclos no milho Hays Golden, aumentou a produção de grãos em 12,7% em relação à população original. Contudo, a variância genética aditiva não sofreu diminuição. Para o caráter prolificidade, em populações não irradiadas e irradiadas com neutrons térmicos, a variância aditiva do sexto ciclo de seleção foi maior que a da população original.

WEBEL e LONNQUIST (1967), indicaram que ao avaliar populações por vários ciclos de seleção é comum observar que a maior queda na variabilidade genética ocorre no primeiro ciclo de seleção. Daí por diante essa variabilidade permanece relativamente constante. PATERNIANI (1968) trabalhando com milho Piramex por quatro ciclos de seleção encontrou uma forte diminuição da variância aditiva do ciclo original para o ciclo I. Essa variância no ciclo I e subsequentes foi cerca de cinco vezes menor do que a existente na população original. VENCOVSKY (1968) assinala como resultados de suas pesquisas, a mesma tendência no comportamento da variância genética estimada nos sucessivos ciclos de seleção. O fenômeno pode ser atribuído à redução das grandes diferenças como consequência da primeira seleção e fixação em grande parte de genes maiores.

Ao analisar os resultados mencionados na literatura e os obtidos no presente trabalho é de interesse considerar algumas in formações. Ter conhecimento da origem da população sob seleção, con

siderar o número de progênies recombinadas e inclusive considerar a metodologia empregada no manejo das progênies na prática de seleção. Assim, o aumento da variância genética aditiva na população Centralmex I em relação à original, pode-se acreditar como consequência da origem híbrida da população, que expressa toda a sua potencialidade no ciclo I de seleção. Posteriormente no decorrer dos ciclos sob pressão de seleção ela se estabiliza. A partir do ciclo IV o incremento pode ser devido principalmente ao maior número de progênies selecionadas e recombinadas em cada ciclo e à modalidade de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos — um ciclo cada dois anos. Este último procedimento ao permitir o controle parental do lado masculino e feminino favorece uma maior concentração de genes desejáveis.

A estimativa do comportamento genético aditivo para a população Centralmex no transcurso dos seis ciclos de seleção possibilita acreditar na obtenção de progressos substanciais nos ciclos futuros. Para maior garantia é conveniente aplicar as recomendações de PATERNIANI (1968), em relação ao número de progênies de meios-irmãos a serem testadas, que sempre que possível, deve ser superior a 300; a intensidade de seleção de 20% entre progênies, e ao redor de 10% para a seleção dentro (massal). Além disso, o uso de maior número de repetições em cada local de avaliação das progênies, seria útil para minimizar os efeitos da interação genótipo por ambiente e proporcionar maior adaptação das variedades, em ciclos mais avançados. A escolha das progênies, com base nas produções, expressas em porcentagem das tes

temunhas, tem também como objetivo a diminuição do efeito do ambiente sobre os genótipos selecionados em cada ciclo.

Além da variância genética, um outro parâmetro genético permite estimar a variabilidade existente na população: o coeficiente de variação genética que mede o grau de variabilidade expresso em porcentagem. Para sua estimativa foram utilizadas as variâncias de progênes e a média de produção da população em cada ciclo de seleção (Tabelas 48 e 49). Os valores encontrados expressaram aumento de variabilidade do ciclo original para o ciclo I. Posteriormente diminuiu, estabilizando-se nos ciclos II e III. Nos ciclos IV, V e VI apresentou valores crescentes no decorrer do programa de melhoramento. Em trabalhos similares de seleção foram relatados os coeficientes de variação genética de 15,3% para o Dente Paulista (PATERNIANI 1967), de 11,27% para a variedade "Hays Golden" (WEBEL e LONNQUIST 1967), de 10,56% para a população Piramex (PATERNIANI 1968) e de 9,2% para o caráter produção de grãos do composto Cateto Colombia (SILVA 1969), todos para a população original. Para a população Centralmex IV, PATERNIANI et al. (1973) indicaram o coeficiente de variação genética de 6,36%. A mesma população irradiada com raios-gama (10.000 R) apresentou para o caráter peso de grãos o coeficiente de variação genético de 6,31%. MOTA (1974), para a população e caráter mencionado encontrou o valor de 11,29% para o coeficiente de variação genético.

Trabalhando durante quatro ciclos de seleção PATERNIANI (1968), na população do milho Piramex, para o caráter produ-

ção de grãos obteve valores de 10,52; 5,94; 4,87; 3,34 e 6,79% do ciclo original ao ciclo IV respectivamente.

Os resultados estimados para o coeficiente de variação genético para a população Centralmex no decorrer dos seis ciclos de seleção podem ser considerados satisfatórios e possibilitam a obtenção de progressos genéticos desde o ponto de vista teórico. Contudo, como indicou ZINSLY (1969), a variabilidade genética medida através do coeficiente de variação genético tem as suas limitações, podendo-se considerar a principal causa de erro em sua estimativa, o aumento da média da população nos sucessivos ciclos de melhoramento. Essa consideração pode-se aplicar aos resultados da presente pesquisa.

Para melhor estimativa do coeficiente da variação genética PATERNIANI (1968), recomenda empregar a produção média das testemunhas comuns em todos os ensaios em vez da produção média geral de todas as progênies. Isto permitiria diminuir a possibilidade de erro na estimativa do parâmetro quando se trabalha durante vários ciclos de seleção.

Outra informação de interesse que podemos obter baseados no coeficiente de variação genética está relacionada à capacidade de adaptação da população aos mais diversos ambientes. A estabilidade dos caracteres de interesse agrônômico estão diretamente associados à maior variabilidade genética. De modo geral, duas são as formas pelas quais um cultivar apresenta maior estabilidade. No primeiro caso, o cultivar pode ser constituído de inúmeros genótipos

cada qual adaptado a uma diferente amplitude de variação ambiental. No segundo caso os indivíduos em si desenvolvem uma reação estabilizadora de maneira que cada membro da população é bem adaptado a diversos ambientes. Os dois tipos de mecanismos estão presentes nas populações geneticamente heterogêneas, como as variedades de milho (ALLIARD e BRADSHAW 1964, ULINICI 1973). Em consequência dos coeficientes de variação genética encontrados para a população Central-mex é de se esperar sua ampla adaptação às condições ambientais, característica desejável em toda população melhorada.

O coeficiente de herdabilidade (Tabelas 48 e 49) permite conhecer a quantidade relativa de variância genética aditiva que é utilizável no melhoramento. Na pesquisa, os valores estimados foram baixos, indicando pouca variação genética entre os indivíduos meios-irmãos, em relação à variação fenotípica total dentro das progenies.

As estimativas de herdabilidade encontradas na literatura apresentam para o caráter produção de grãos valores de 20,1% (ROBINSON et al. 1949); 11,0% para o milho Dente Paulista; 5,6% para o milho Cateto e 1,0% para Caingang (ZINZLY 1969); 15,3% e 29,1% de herdabilidade no composto Cateto Colombia para a população original e ciclo I (SILVA 1969); 14,0% e 8,5% para o Composto Dentado e Composto Flint respectivamente (MIRANDA FILHO et al. 1972). PATERNIANI (1968) em sua pesquisa com o milho Piramex durante quatro ciclos de seleção encontrou valores de 35,6%; 9,2%; 8,1%; 2,4% e 8,7% do ciclo original até o ciclo IV respectivamente. Previu que com a

continuação da seleção, nos ciclos seguintes é de se esperar uma diminuição acentuada dos valores da herdabilidade. Nesse caso, a seleção massal dentro de progênes será de pouco valor devendo-se aplicar maior concentração de trabalho na seleção de meios-irmãos entre progênes.

### 5.3 - Estimativas dos progressos obtidos

Para estimar o progresso genético esperado na seleção três unidades são fundamentais: a unidade de seleção, a unidade de recombinação ou cruzamento e os indivíduos que constituem a nova população (VENCOVSKY 1969). Utilizando estas informações foi estimado o progresso genético desde a população Centralmex original até o ciclo III (Tabela 48), sendo os ganhos observados, em média, para cada ciclo amplamente satisfatórios. Isto concorda com os resultados apresentados por PATERNIANI (1968), que obteve para o milho Piramex um melhoramento médio por ciclo de 3,79%, empregando o mesmo método de seleção. SILVA (1969), indicou que as estimativas do progresso total esperado possibilitam um aumento de 8,8% a 10,9% sobre a média para a população do ciclo II em relação ao ciclo I. Valores de 13,8% de ganho genético médio por ciclo foram encontrados nas populações de milho Dentado Paulista, Caigang e Cateto (ZINSLY 1969) e 6% na população Dentado Composto A (QUEIROZ 1969).

As estimativas dos progressos esperados no presente trabalho expressas em média de três ciclos, foi de 3,25%, sendo o progresso observado de 3,30% por ciclo. A concordância é bastante

razoável. GARDNER (1961), comparou o progresso observado e esperado na prática da seleção massal na variedade Hays Golden durante quatro gerações. Os valores estimados e observados foram de 3,9% e 4,50% respectivamente, mostrando uma comparação satisfatória. PATERNIANI (1968) encontrou valores de 5,81% por ciclo para o progresso esperado versus 3,79% por ciclo para o progresso observado. Muito embora a diferença encontrada não seja muito grande, deve-se obter ainda maior quantidade de comparações deste tipo, antes de se estabelecer se os progressos realizados pela seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos correspondem ao que é esperado teoricamente.

Na estimativa do progresso esperado para os ciclos IV, V e VI os valores encontrados para cada ciclo de seleção apresentaram-se concordantes com os de outras pesquisas conduzidas. Assim mesmo, a média obtida para cada ciclo considerando todos os ciclos envolvidos permitiu esperar progressos substanciais (Tabela 49).

Ao estimar o ganho observado, com dados das médias de progênies ajustadas pelas médias de testemunhas estimadas pelo método dos quadrados mínimos, não se detectou progresso algum. Possivelmente devido a uma sobrestimação das médias das testemunhas, baseadas em poucos dados disponíveis (Tabelas 4 e 5), que ao serem empregadas para ajustar as médias das progênies das populações Centralmex IV, V e VI não controlou na medida desejada o efeito ambiental que se expressa como componente de cada fenótipo (Tabela 6). A alta produção observada para as pro-

gênes no ciclo IV (ano 1969) pode ser considerada como desvio, devido sobretudo a interação com ano. A seleção das progênes baseou-se em seus comportamentos num determinado ano. Pode ocorrer que as condições dos anos seguintes sejam menos favoráveis para os genótipos que apresentaram melhor comportamento no ano anterior. Como expressaram PATERNIANI (1968) e VENCOVSKY (1969), um mesmo genótipo (progênie) reage de maneira diferente na presença de condições ambientais diferentes. Além do mais, a magnitude da interação genótipo por ano é muito maior que a interação genótipo por local dentro de uma determinada área. Em menor grau os resultados obtidos puderam ser afetados pelo tamanho da amostra (Tabela 42) que pode ocasionar a diminuição da frequência dos genes desejáveis. Contudo, a seleção dirigida para outros caracteres de interesse como altura da planta, altura de espiga e resistência ao acamamento foi considerada no decorrer dos ciclos servindo de auxiliares para a obtenção de progênes melhor adaptadas às necessidades da cultura de milho atual.

As estimativas dos parâmetros genéticos indicaram que a população Centralmex possui alta variabilidade tanto livre como potencial a qual dá perspectiva de aumentos subsequentes de produção de grãos na prática de seleção. O método de seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos permitiu aproveitar o componente genético aditivo, possibilitando progressos substanciais sem reduzir a variabilidade. Possivelmente essa variabilidade corresponde a segregações entre blocos poligênicos.

Os progressos genéticos esperados concordam com dados disponíveis na literatura e com os progressos observados, até ao ciclo III de seleção. Desde o ciclo IV a comparação de progênies entre ciclos não permitiu observar ganhos como consequência da metodologia empregada para diminuir o efeito ambiental (testemunhas não comuns no decorrer dos ciclos).

A alternativa utilizada do ciclo original ao ciclo III, que consistiu em incluir em todos os ensaios, todos os anos, dois híbridos duplos comerciais e empregar a média de produção destes germoplasmas como referência em todas as comparações, resolveria de momento o problema. Contudo, novas pesquisas devem ser conduzidas para uma melhor avaliação do ganho genético observado como resposta à seleção.

## 6. RESUMO E CONCLUSÕES

O método de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos é um esquema de seleção recorrente combinada: são selecionadas as melhores progênies (seleção entre) e dentro destas as melhores plantas (seleção dentro). O método utiliza essencialmente a variação genética aditiva, recombinação das unidades selecionadas.

A população Centralmex, produzida no Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, foi utilizada como material genético para o melhor conhecimento das possibilidades e eficiência do método de seleção. Como testemunhas, com o objetivo de minimizar o efeito do ambiente no decorrer dos ciclos de seleção, foram empregados híbridos duplos comerciais.

Usou-se o delineamento látice simples 10 x 10 duplicado durante os quatro primeiros ciclos de seleção. No quinto e sexto

to ciclo, devido ao número crescente de progênies a serem avaliadas, foi utilizado o delineamento látice triplo. Assim mesmo, o método de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos foi empregado com a modificação sugerida por PATERNIANI (1967), desde o ciclo original até o ciclo III (um ciclo cada ano). Por conveniências na programação dos trabalhos do Instituto de Genética, desde o ciclo IV até o ciclo VI empregou-se o método de seleção como originalmente proposto (um ciclo cada dois anos).

Com os dados de produção de grãos obtidos em cada experimento foi feita a análise da variância em látice ou em blocos ao acaso para estimar as diferenças entre progênies e a partir das esperanças dos quadrados médios, estimar os parâmetros genéticos de sejadros, para um melhor conhecimento da população sob seleção. Dados de acamamento e "stand" foram utilizados como auxiliares para obter maior eficiência na escolha dos fenótipos.

Os resultados obtidos nos seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população do milho Centralmex permitem chegar às seguintes conclusões:

- A população Centralmex apresentou-se com um alto potencial para produtividade, associado a uma ampla base genética, resultando numa variabilidade suficiente para obter progressos satisfatórios, tanto para produção como para outras características agronômicas. As produções médias alcançadas, a magnitude das estimativas da variância genética aditiva e o coeficiente de variação genética, confirmam o exposto.

- Em consequência dos coeficientes de variação genética encontrado para a população Centralmex é de se esperar sua adaptação a várias condições ambientais, característica desejável em toda população melhorada.

- Os valores dos coeficientes de herdabilidade são baixos, indicando pequena variação genética entre os indivíduos meios-irmãos em relação à variação fenotípica dentro das progênes. É recomendável nesta situação concentrar maior trabalho na seleção entre progênes.

- A estimativa do progresso genético esperado desde a população Centralmex original até o ciclo III, em média, para cada ciclo foi satisfatória (3,25%). A concordância com o progresso observado baseada no coeficiente de regressão foi razoável (3,30%). Na estimativa do progresso esperado para os ciclos IV, V e VI os valores encontrados para cada ciclo apresentaram-se concordantes com os de outras pesquisas conduzidas. Assim mesmo, o progresso médio esperado, considerando todos os ciclos envolvidos, foi substancial. Contudo, ao estimar o progresso genético observado não se detectou mudança na população sob seleção. Possivelmente, o fato é devido à forte interação genótipo x ano e à metodologia empregada para minimizar os efeitos ambientais e estimar o progresso observado. De qualquer modo, a variedade Centralmex atingiu produções elevadas e considerando a variabilidade existente é de se esperar que os progressos continuem nos ciclos seguintes.

- A eficiência do método de seleção entre e dentro de progê-  
nias de meios-irmãos fica comprovada, tendo em consideração o aumen-  
to na frequência de genes favoráveis (do ciclo original até o ciclo  
III), a variabilidade mantida no decorrer dos ciclos e os ganhos ge-  
néticos observados, apesar dos quocientes de herdabilidade encontra-  
dos. A prática do método baseado em testes de progênias e recombina-  
ção das unidades selecionadas permitiu aproveitar a componente gené-  
tica aditiva, resultando na obtenção de populações superiores.

- Para maior eficiência na avaliação das progênias dentro de  
cada ciclo, a seleção deve basear-se nas produções expressas em por-  
centagens das testemunhas comuns em todos os experimentos. O empre-  
go de testemunhas comuns em todos os experimentos, todos os ciclos  
é recomendável para determinar as mudanças operadas na população du-  
rante vários ciclos de seleção.

A utilização do método de seleção entre e dentro de  
famílias de meios-irmãos nas populações de milho Centralmex permi-  
tiu considerá-lo pouco trabalhoso, e muito prático quando se deseja  
obter variedades melhoradas a curto prazo.

## SUMMARY AND CONCLUSIONS

The method of selection among and within half-sib families is a combined recurrent selection scheme. Selection is practiced both among and within progenies. The method has been used to develop the high yielding variety Centralmex. Six cycles of selection have been completed so far. In most of the cycles, 500 half-sib families are evaluated in five 10 x 10 triple lattice design. Usually the 10% superior families are selected and recombined in the next generation. Common checks are used for comparison purpose.

The following general conclusions were obtained:

- 1 - Centralmex variety is a high yielding population, with still enough genetic variability for further improvement.
- 2 - Heritability values were rather low, indicating that selection should be directed mainly among progenies.

3 - The expected genetic progress was rather consistent and concordant with the realized progress for the initial cycles, until cycle III. On the average 3,2% of gain per cycle was obtained. In the next three cycles, even though the expected gain remained stable and concordant with other finding, the study did not detect substantial change in the population.

4 - On the whole the results add further support for the efficiency of the selection scheme employed.

5 - The method of selection among and within half-sib families does not require elaborate facilities and has shown great efficiency since a high yielding variety was obtained.

## 8. LITERATURA CITADA

ALLARD, R.W. e BRADSHAW, A.D. 1964. Implications of Genotype Environmental interactions in applied plant breeding. *Crop Science* 4: 503-508.

AYALA, O.S. e SAWAZAKI, E. 1975. Avaliação de progênies de meios-irmãos da população Composto Flint de milho (Zea mays L.). *Científica* 3(2):223-231.

COCHRAN, W.G. e COX, G.M. 1957. *Experimental Designs*. 2ª edição. John Wiley, New York. 611 p.

COMSTOCK, R.E. e ROBINSON, H.F. 1948. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometric* 4:254-266.

COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F. e HARVEY, P.H. 1949. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining abilities. Agron. J. 41: 360-367.

DRUMMOND, G.A. 1967. Melhoramento do milho. Bol. Soc. Brasil. Genet. 8: 42-44.

EAST, E.M. 1908. Inbreeding in corn. Rept. Connecticut Agric. Expt. Sta. 1907: 419-428.

FALCONER, D.D. 1960. Introduction to Quantitative Genetics. Oliver and Boyd. Londres, 365 p.

FEDERER, W.T. 1955. Experimental Design. Mac Millan Co. New York. 544 p.

FINLAY, K.W. e WILKINSON, G.N. 1963. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. Aust. Jour. of Agric. Res. 14: 742-754.

FISHER, R.A. e YATES, F. 1954. Tablas estadísticas para investigadores científicos. Aguillar. Madrid. 131 p.

GARDNER, G.O. 1961. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. Crop Sci. 1: 241.

HAYES, H.K. e GARBER, R.J. 1919. Synthetic production of high protein corn in relation to breeding. Am. Soc. Agron. 11: 309-318.

- HULL, F.H. 1945. Recurrent selection and specific combining ability in corn. J. Am. Soc. Agron. 37: 134-145.
- JENKINS, M.T. 1940. The segregation of genes affecting yield of grain in maize. J. Am. Soc. Agron. 32:55-63.
- JENKINS, M.T.; ROBERT, A.L. e FINDLEY, W.R. 1954. Recurrent selection as a method for concentrating genes for resistance to Helminthosporium turcicum leaf blight in corn. Agron. J. 46: 89-94.
- JONES, D.F. 1918. The effects of inbreeding and cross-breeding upon development. Corn. Agr. Expt. Sta. Bull. 207: 5-100.
- JONES, L.P.; COMPTON, W.A. e GARDNER, G.O. 1971. Comparison of full and half-sib reciprocal recurrent selection. Theor. Appl. Genetic 41: 36-39.
- LENG, E.R. 1962. Selection reversal in strains of corn previously long term selected for chemical composition. Crop. Sci. 2: 167-170.
- LONNQUIST, J.H. 1961. Progress from recurrent selection procedures for the improvement of corn populations. Nebraska Agric. Expt. Sta. Res. Bull. 197. 33 p.
- LONNQUIST, J.H. 1964. A modification of the ear-to-row procedure of the improvement of maize populations. Crop Sic. 4:227-228.
- LONNQUIST, J.H. 1967. Un programa para mejoramiento de maiz. CIMMYT. Mexico. 16 p. (mimeografado).

LONNQUIST, J.H.; COTA, A e GARDNER, C.O. 1966. Effect of mass selection and thermal neutron irradiation on genetic variances in a variety of corn (Zea mays L.). Crop. Sci. 6:330-332.

MIRANDA FILHO, J.B. e VENCOVSKY, R. 1972. Estimativas da variância genética aditiva de diversas populações locais. Rel. Cient. Inst. Genética. ESALQ. Piracicaba, S.P. : 61-67.

MOTA, M.G. 1974. Comportamento de progênies de meios-irmãos e  $S_1$  na variedade de milho (Zea mays L.) Centralmex. Tese de M.S. apresentada à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". Piracicaba, S.P. 52 p.

PATERNIANI, E. 1965. Seleção recorrente para capacidade geral de combinação em milhos da América Central. Ciência e Cultura 17: 555-559.

PATERNIANI, E. 1966. Genética e melhoramento de milho. In: Cultura e Adubação do Milho. Instituto Brasileiro de Potassa: 109-151.

PATERNIANI, E. 1967. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (Zea mays L.). Crop. Sci. 7: 212-216.

PATERNIANI, E. 1968. Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento do milho (Zea mays L.). Tese de concurso para provimento efetivo do cargo de Professor Catedrático da Cadeira nº 19 - Citologia e Genética da ESALQ. Piracicaba. SP. 92 p.

- PATERNIANI, E. 1969. Melhoramento de populações de milho. *Ciência e Cultura*. 21: 3-10.
- PATERNIANI, E. 1970. Esquemas modificados de seleção recorrente recíproca. *Rel. Cient. Inst. Genética. ESALQ. Piracicaba, S.P.* : 83-94.
- PATERNIANI, E.; ANDO, A.; MIRANDA FILHO, J.B. e VENCOVSKY, R. 1973. Efeitos de raios-gama no comportamento e na variância de progênies de meios-irmãos em milho. *Rel. Cient. Inst. Genética. ESALQ. Piracicaba, SP.* : 161.
- PATERNIANI, E. 1974. Seleção recorrente recíproca utilizando progênies de meios irmãos obtidas de plantas prolíficas. *Rel. Cient. Inst. Genética. ESALQ. Piracicaba, S.P.* : 187-191.
- PIMENTEL GOMES, F. 1966. *Curso de Estatística Experimental*. 3ª ed. Livraria Nobel S/A. 404 p.
- QUEIROZ, M.A. 1969. Correlações genéticas e fenotípicas em progênies de meios-irmãos de milho (*Zea mays L.*) e suas implicações no melhoramento. Tese de M.S. ESALQ. Piracicaba, S.P. 71 p.
- RICHEY, F.D. 1922. The experimental basis for the present status of corn breeding. *J. Am. Soc. Agron.* 14:1-7.
- ROBINSON, H.F. e COCHRAN, G.G. 1965. Estimación y significado de los parametros geneticos. *Fitotecnia Latio americana* 2: 23-38.
- ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E. e HARVEY, P.H. 1949. Estimates of heritability and the degree of dominance in corn. *Agron. J.* 41: 353-359.

- ROBINSON, R.F.; COMSTOCK, R.E. e HARVEY, P.H. 1955. Genetic variances in open-pollinated varieties of corn. Genetics 49: 45-60.
- SHULL, G.H. 1908. The composition of a field of maize. Rept. Amer. Breeders Assoc. 4:296-301.
- SILVA, J. 1969. Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho Catelo Colômbia Composto. Tese M.S. ESALQ. Piracicaba, S.P. 74 p.
- SPRAGUE, G.F. 1955. Problems in the estimation and utilization of genetic variability. Gold Spring Harbor Simposia on Quantitative Biology. 20:87-92.
- SPRAGUE, G.F. 1955 a. Corn breeding. In: Corn and corn improvement. Academic Press. New York. 699 p.
- SPRAGUE, G.F. e BRINHALL, B. 1950. Relative effectiveness of two systems of selection for oil content of the corn kernel. Agron. J. 42: 83-88.
- SPRAGUE, G.F. e MILLER, P.A. 1950. A suggestion for evaluation current concepts of the genetic mechanism of heterosis in corn. Agron. J. 42: 161-162.
- SPRAGUE, G.F.; RUSSEL, W.A. e GENNY, L.H. 1959. Recurrent selection for specific combining ability and type of gene action involved in yield heterosis in corn. Agron. J. 51:392-394.

- STEEL, R.G. e TORRIE, J.H. 1960. Principles and Procedures of Sta  
ristics. Mc Graw-Hill, New York. 481 p.
- ULINICI, V. 1973. Methods of establishing the environmental stabi  
lity of maize genotypes. Probleme de Genetica Zeoretica si Apli  
cata. 5(2): 106-142.
- VENCOVSKY, R. 1968. Estimativas de parâmetros genéticos em três  
ciclos de seleção em milho. Rel. Cient. Inst. Genética. ESALQ.  
Piracicaba. S.P. : 88-90.
- VENCOVSKY, R. 1969. Genética quantitativa. In: KERR, W.E. Melho  
ramento e Genética. Melhoramentos Ed. Univ. S.P. : 17-37.
- VENCOVSKY, R. 1975. Reciprocal Recurrent Selection Based on Half  
Sib Families. Quantitative Corn Genetics Meeting. Chicago.  
U.S.A. (Não publicado).
- VIEGAS, G.P. 1963. Melhoramento do milho. In: Genetical Princi  
ples and Plant Breeding. Blackwell, Scientific Publications.  
Oxford. 504 p.
- WEBEL, O.D. e LONNQUIST, J.H. 1967. An evaluation of modified ear-  
-to-row selection in a population of corn (Zea mays L.). Crop.Sci.  
7: 651-655.
- ZINSLY, J.R. 1969. Estudo comparativo entre a seleção massal e a  
seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos em milho (Zea  
mays L.). Tese de Doutorado. ESALQ. Piracicaba, S.P. 52 p.

ZUBER, M.S. 1942. Relative efficiency of incomplete block designs using corn uniformity trial data. J. Am. Soc. Agron. 34: 30-47.

APÊNDICE 1

T A B E L A S

Tabela 1. Relação dos experimentos utilizados, todos do tipo de delineamento látice simples 10 x 10, para a seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos do milho Centralmex.

População	Identifi- cação dos ensaios	Nº de repeti- ções	Nº de pro- gênies de meios-ir- mãos ava- liadas	Nº de teste- munhas
Centralmex original	15-1965	4	95	5
	16-1965	4	95	5
	17-1965	4	95	5
Centralmex I	7-1966	4	97	3
	8-1966	4	97	3
	9-1966	4	97	3
Centralmex II	4-1967	4	97	3
	5-1967	4	97	3
	6-1967	4	97	3
Centralmex III	22-1968	4	91	9
	23-1968	4	97	3
	24-1968	4	96	4
Centralmex IV	14-1969	4	97	3
	15-1969	4	97	3
	16-1969	4	97	3
	17-1969	4	97	3
Centralmex V	15-1972	3	100	*
	16-1972	3	100	*
	17-1972	3	100	*
	18-1972	3	100	*
	19-1972	3	100	*
Centralmex VI	16-1974	3	100	*
	17-1974	3	100	*
	18-1974	3	100	*
	19-1974	3	100	*
	20-1974	3	100	*

\* Nos ensaios de 1972 e 1974 foram incluídas duas testemunhas intercaladas a cada 5 blocos (50 parcelas).

Tabela 2. Esperanças matemáticas dos quadrados médios da análise combinada da variância para blocos ao acaso, para se estimar parâmetros genéticos.

Causa de variação	Q.M.	Esperança dos quadrados médios	
		Ao nível de totais de parcelas	Ao nível de indivíduos
Famílias meios-irmãos	$Q_2$	$\sigma_1^2 + r \sigma_{mi}^2$	$n\sigma_d^2 + n^2\sigma_e^2 + n^2 r \sigma_p^2$
Resíduo combinado	$Q_1$	$\sigma_1^2$	$n\sigma_d^2 + n^2\sigma_e^2$

$Q_1$  = quadrado médio do resíduo combinado;

$Q_2$  = quadrado médio de famílias de meios-irmãos;

$\sigma_1^2$  = variância entre progênes de meios-irmãos;

$r$  = número de repetições dos experimentos;

$n$  = número de plantas por parcela;

$\sigma_d^2$  = variância entre plantas dentro de parcelas;

$\sigma_e^2$  = variância do efeito de parcelas;

$\sigma_p^2$  = variáveis de progênes de meios-irmãos ao nível de indivíduos.

Tabela 3. Relação das médias de produção em kg/ha das progênes de meios-irmãos, das testemunhas e da população ajustada pelo modelo aditivo, no decorrer dos ciclos de seleção indicados.

Ciclos	$\bar{X}$ produção população kg/ha	$\bar{X}$ produção testemunhas kg/ha	Desvios	População ajustada kg/ha
0	5.880	5.983	+ 293	5.587
1	5.565	5.472	- 218	7.789
2	6.103	5.783	+ 93	6.010
3	5.929	5.520	- 170	6.099
		$\bar{X} = 5.690$		

Tabela 4. Relação das médias de produção, em kg/ha, das testemunhas utilizadas do ciclo IV ao ciclo VI de seleção e empregadas para a padronização de testemunhas nos correspondentes ciclos.

Testemunhas	Ciclo IV Ano 1969	Ciclo V Ano 1972	Ciclo VI Ano 1974
H-6999B	8.919	8.197	—
H-7974	8.838	—	7.570
Ag-152	—	8.648	7.622

Tabela 5. Relação das médias de produção, em kg/ha, das testemunhas estimadas pelo método dos quadrados mínimos (ciclos IV a VI).

Testemunhas	Ciclo IV Ano 1969	Ciclo V Ano 1972	Ciclo VI Ano 1974
H-6999B	8.786	8.515	7.503
H-7974	8.784	8.328	7.501
Ag-152	9.005	8.549	7.722
Médias	8.858	8.464	7.575

Tabela 6 - Médias de produção ajustadas das populações Centralmex IV, V e VI baseados nas médias de testemunhas estimadas pelo método de quadrados mínimos para os respectivos ciclos (em kg/ha).

Ano	Ciclos	$\bar{X}$ produção população kg/ha	$\bar{X}$ produção testemunhas kg/ha	Desvios	População ajustada kg/ha
1969	IV	8.238	8.858	+ 558	7.680
1972	V	7.131	8.464	+ 165	6.966
1974	VI	6.931	7.575	- 724	7.655
Média			8.299		

Tabela 7. Análise da variância do experimento 15-1965, látice simples 10 x 10 duplicado, referente a 95 progênies de meios-irmãos Centralmex original e 5 testemunhas. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1965-66.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	3	19,2566		
Tratamentos (não ajustados)	99	130,6333	1,3195	1,59**
Resíduo (blocos ao acaso)	(297)	(246,1158)	0,8287	
Blocos dentro de reps.(aj.)	36	88,1201	2,4478	
componente (a)	(18)	(56,5372)		
componente (b)	(18)	(31,5829)		
Resíduo intrabloco	261	157,9957	0,6053	
<b>T o t a l</b>	<b>399</b>	<b>396,0057</b>		
Tratamentos (ajustados)	99	114,5085	1,1566	1,91**

Média geral = 5,853 kg ; C.V.(látice) = 14,1% ; Eficiência = 122,0%.

Tabela 8. Análise da variância do experimento 16-1965, látice simples 10 x 10 duplicado, referente a 95 progênies de meios-irmãos Centralmex original e 5 testemunhas. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1965-66.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	3	206,7064		
Tratamentos (não ajustados)	99	144,3621	1,4582	1,31**
Resíduo (blocos ao acaso)	(297)	(330,7208)	1,1135	
Blocos dentro de reps.(aj.)	36	125,4651	3,4851	
componente (a)	(18)	(85,1727)		
componente (b)	(18)	(40,2924)		
Resíduo intrabloco	261	205,2557	0,7864	
<b>T o t a l</b>	<b>399</b>	<b>681,7893</b>		
Tratamentos (ajustados)	99	139,3711	1,4078	1,79**

Média geral = 5,986 kg ; C.V.(látice) = 15,7% ; Eficiência = 125,7%.

Tabela 9. Análise da variância do experimento 17-1965, látice simples 10 x 10 duplicado, referente a 95 progênies de meios-irmãos Centralmex original e 5 testemunhas. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1965-66.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	3	26,3316		
Tratamentos (não ajustados)	99	122,1624	1,2340	1,18
Resíduo (blocos ao acaso)	(297)	(309,0820)	1,0407	
Blocos dentro de reps.(aj.)	36	134,0352	3,7232	
componente (a)	(18)	(86,7755)		
componente (b)	(18)	(47,2597)		
Resíduo intrabloco	261	175,0468	0,6707	
<b>T o t a l</b>	<b>399</b>	<b>457,5760</b>		
Tratamentos (ajustados)	99	96,1140	0,9708	1,45**

Média geral = 5,800 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V.(látice) = 15,0% ;  
Eficiência = 136,5%.

Tabela 10. Análise da variância do experimento 7-1966, látice simples 10 x 10 duplicado, referente a 97 progênies de meios-irmãos Centralmex I e 3 testemunhas. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1966-67.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	3	1532,7843		
Tratamentos (não ajustados)	99	169,6079	1,7132	1,49**
Resíduo (blocos ao acaso)	(297)	(342,3369)	1,1526	
Blocos dentro de reps.(aj.)	36	117,0218	3,2506	
componente (a)	(18)	(86,7198)		
componente (b)	(18)	(30,3020)		
Resíduo intrabloco	261	225,3155	0,8633	
<b>T o t a l</b>	<b>399</b>	<b>2044,7291</b>		
Tratamentos (ajustados)	99	128,4148	1,2971	1,50**

Média geral = 5,452 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V.(látice) = 18,0% ;  
Eficiência = 119,4%.

Tabela 11. Análise da variância do experimento 8-1966, látice simples 10 x 10 duplicado, referente a 97 progênies de meios-irmãos Centralmex I e 3 testemunhas. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1966-67.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	3	1166,2897		
Tratamentos (não ajustados)	99	242,1392	2,4458	1,41 <sup>**</sup>
Resíduo (blocos ao acaso)	(297)	(516,5249)	1,7391	
Blocos dentro de reps.(aj.)	36	199,0522	5,5292	
componente (a)	(18)	(144,2699)		
componente (b)	(18)	(54,7823)		
Resíduo intrabloco	261	317,4727	1,2164	
<b>T o t a l</b>	<b>399</b>	<b>1924,9538</b>		
Tratamentos (ajustados)	99	213,7284	2,1589	1,77 <sup>**</sup>

Média geral = 5,599 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V.(látice) = 20,9% ;  
Eficiência = 126,8%.

Tabela 12. Análise da variância do experimento 9-1966, látice simples 10 x 10 duplicado, referente a 97 progênies de meios-irmãos Centralmex I e 3 testemunhas. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1966-67.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	3	983,4802		
Tratamentos (não ajustados)	99	217,5133	2,1971	1,33 <sup>*</sup>
Resíduo (blocos ao acaso)	(297)	(490,1176)	1,6502	
Blocos dentro de reps.(aj.)	36	99,3781	2,7605	
componente (a)	(18)	(59,5833)		
componente (b)	(18)	(39,7948)		
Resíduo intrabloco	261	390,7395	1,4971	
<b>T o t a l</b>	<b>399</b>	<b>1691,1111</b>		
Tratamentos (ajustados)	99	179,6491	1,8146	1,21

Média geral = 5,640 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V.(látice) = 22,4% ;  
Eficiência = 103,5% .

Tabela 13. Análise da variância do experimento 4-1967, látice simples 10 x 10 duplicado, referente a 97 progênies de meios-irmãos Centralmex II e 3 testemunhas. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1967-68.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	3	869,9111		
Tratamentos (não ajustados)	99	199,5230	2,0153	1,14
Resíduo (blocos ao acaso)	(297)	(523,8576)	1,7638	
Blocos dentro de reps.(aj.)	36	279,1101	7,7530	
componente (a)	18	203,2667		
componente (b)	18	75,8434		
Resíduo intrabloco	261	244,7475	0,9377	
<b>T o t a l</b>	<b>399</b>	<b>1593,2917</b>		
Tratamentos (ajustados)	99	101,1562	1,0217	1,09

Média geral = 5,840 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V.(látice) = 17,7% ;  
Eficiência = 163,4%.

Tabela 14. Análise da variância do experimento 5-1967, látice simples 10 x 10 duplicado, referente a 97 progênies de meios-irmãos Centralmex II e 3 testemunhas. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1967-68.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	3	648,8820		
Tratamentos (não ajustados)	99	162,9694	1,6462	1,23
Resíduo (blocos ao acaso)	(297)	(397,0235)	1,3367	
Blocos dentro de reps.(aj.)	36	218,7154	6,0754	
componente (a)	18	142,0013		
componente (b)	18	76,7141		
Resíduo intrabloco	261	178,3081	0,6832	
<b>T o t a l</b>	<b>399</b>	<b>1208,8749</b>		
Tratamentos (ajustados)	99	111,4540	1,1258	1,65**

Média geral = 6,250 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V.(látice) = 14,2% ;  
Eficiência = 169,8% .

Tabela 15. Análise da variância do experimento 6-1967, látice simples 10 x 10 duplicado, referente a 97 progênies de meios-irmãos Centralmex II e 3 testemunhas. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1967-1968.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	3	540,5796		
Tratamentos (não ajustados)	99	186,4477	1,8833	1,39*
Resíduo (blocos ao acaso)	(297)	402,2603	1,3544	
Blocos dentro de reps.(aj.)	36	201,2148	5,5837	
componente (a)	18	125,1551		
componente (b)	18	76,0597		
Resíduo intrabloco	261	201,0455	0,7703	
<b>T o t a l</b>	<b>399</b>	<b>1129,2876</b>		
Tratamentos (ajustados)	99	110,7233	1,1184	1,45*

Média geral = 5,840 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V.(látice) = 15,1% ;  
Eficiência = 153,4% .

Tabela 16. Análise da variância do experimento 22-1968, blocos ao acaso com 3 repetições, referente a 91 progênies de meios-irmãos Centralmex III e 2 testemunhas. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1967-68.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
E. repetições	2	745,0222	372,51	358,18**
E. tratamentos	92	107,3950	1,17	1,12
Resíduo	184	191,2735	1,04	
<b>T o t a l</b>	<b>278</b>	<b>1043,6907</b>		

Média geral = 5,940 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V. = 17,2% .

Tabela 17. Análise da variância do experimento 23-1968, blocos ao acaso com 3 repetições, referente a 97 progênies de meios-irmãos Centralmex III e 2 testemunhas. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1967-68.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
E. repetições	2	603,3363	301,6682	
E. tratamentos	98	127,8681	1,3048	1,58**
Resíduo	196	161,5932	0,8244	
T o t a l	296	892,7976		

Média geral = 5,790 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V. = 15,7%

Tabela 18. Análise da variância do experimento 24-1968, blocos ao acaso com 3 repetições, referente a 96 progênies de meios-irmãos Centralmex III e 2 testemunhas. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1967-68.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
E. repetições	2	725,7719	362,88	
E. tratamentos	97	142,6742	1,47	1,75**
Resíduo	194	163,1428	0,84	
T o t a l	293	1031,5889		

Média geral = 6,050 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V. = 15,2%.

Tabela 19. Análise da variância do experimento 14-1969, blocos ao acaso com 3 repetições, referente a 97 progênies de meios-irmãos Centralmex IV e 3 testemunhas. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1969-70.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
E. repetições	2	69,7934	34,8967	
E. tratamentos	99	257,9114	2,6052	1,05
Resíduo	198	493,0411	2,4901	
T o t a l	299	820,7459		

Média geral = 8,030 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V. = 19,6%.

Tabela 20. Análise da variância do experimento 15-1969, blocos ao acaso com 3 repetições, referente a 97 progênies de meios-irmãos Centralmex IV e 3 testemunhas. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1969-70.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
E. repetições	2	129,3064	64,6802	
E. tratamentos	99	302,8494	3,0591	1,70**
Resíduo	198	357,2777	1,8044	
T o t a l	299	789,4875		

Média geral = 8,340 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V. = 16,1%.

Tabela 21. Análise da variância do experimento 16-1969, blocos ao acaso com 3 repetições, referente a 97 progênies de meios-irmãos Centralmex IV e 2 testemunhas. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1969-70.

Causas da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
E. repetições	2	9,3070	4,6540	
E. tratamentos	99	197,1601	1,9915	1,39*
Resíduo	198	283,1221	1,4299	
T o t a l	299	481,2129		

Média geral = 8,340 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V. = 14,3%.

Tabela 22. Análise da variância do experimento 17-1969, blocos ao acaso com 3 repetições, referente a 97 progênies de meios-irmãos Centralmex IV e 2 testemunhas. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1969-70.

Causas da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
E. repetições	2	15,5144	7,7572	
E. tratamentos	99	239,0313	2,4145	1,28
Resíduo	198	372,9513	1,8836	
T o t a l	299	627,4970		

Média geral = 8,950 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V. = 15,3%.

Tabela 23. Análise da variância do experimento 15-1972, látice 10 x 10, com 3 repetições, referente a 100 progênies de meios-irmãos Centralmex V. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1972-73.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	2	215,8466		
Tratamentos (não aj.)	99	215,0911		
Blocos dentro de reps(aj.)	27	112,0494	4,1499	
Resíduo intrabloco	171	211,5306	1,2340	
<b>T o t a l</b>	<b>299</b>	<b>754,5179</b>		
Tratamentos (aj.)	99	180,8037	1,8263	1,48*

Média geral = 7,326 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V.(látice) = 15,9% ;  
Eficiência = 120,5%.

Tabela 24. Análise da variância do experimento 16-1972, látice 10 x 10, com 3 repetições, referente a 100 progênies de meios-irmãos Centralmex V. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1972-73.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	2	299,6249		
Tratamentos (não aj.)	99	230,4554		
Blocos dentro de reps(aj.)	27	132,3018	4,9000	
Resíduo intrabloco	171	280,4035	1,6397	
<b>T o t a l</b>	<b>299</b>	<b>942,7857</b>		
Tratamentos (aj.)	99	201,2868	2,0332	1,24

Média geral = 7,185 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V.(látice) = 18,6% ;  
Eficiência = 116,5%.

Tabela 25. Análise de variância do experimento 17-1972, látice 10 x 10 com 3 repetições, referente a 100 progênies de meios-irmãos Centralmex V. Produções de milho em  $\text{kg}/10 \text{ m}^2$ . 1972-73.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	2	432,6201		
Tratamentos (não aj.)	99	246,6949		
Blocos dentro de reps(aj.)	27	107,6630	3,9875	
Resíduo intrabloco	171	251,4649	1,4705	
T o t a l	299	1038,4431		
Tratamentos (aj.)	99	194,6538	1,9662	1,34*

Média geral = 7,099  $\text{kg}/10 \text{ m}^2$  ; C.V.(látice) = 17,8% ;  
Eficiência = 113,5% .

Tabela 26. Análise da variância do experimento 18-1972, látice 10 x 10 com 3 repetições, referente a 100 progênies de meios-irmãos Centralmex V. Produções de milho em  $\text{kg}/10 \text{ m}^2$ . 1972-73.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	2	930,2889		
Tratamentos (não aj.)	99	273,2328		
Blocos dentro de reps(aj.)	27	82,1690	3,0432	
Resíduo intrabloco	171	335,6547	1,9628	
T o t a l	299	1621,3457		
Tratamentos (aj.)	99	266,2147	2,6890	1,37*

Média geral = 6,861  $\text{kg}/10 \text{ m}^2$  ; C.V.(látice) = 20,9% ;  
Eficiência = 102,5% .

Tabela 27. Análise da variância do experimento 19-1972, látice 10 x 10 com 3 repetições, referente a 100 progênies de meios-irmãos Centralmex V. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1972-73.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	2	905,6904		
Tratamentos (não aj.)	99	309,1757		
Blocos dentro de reps(aj.)	27	81,1657	3,0061	
Resíduo intrabloco	171	348,3631	2,0372	
T o t a l	299	1644,3950		
Tratamentos (aj.)	99	294,4557	2,9743	1,46*

Média geral = 7,155 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V.(látice) = 20,4% ;  
Eficiência = 102,0% .

Tabela 28. Análise da variância do experimento 16-1974, látice 10 x 10 com 3 repetições, referente a 100 progênies de meios-irmãos Centralmex VI. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1974-75.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	2	1,8876		
Tratamentos (não aj.)	99	199,4687		
Blocos dentro de reps(aj.)	27	96,0660	3,5580	
Resíduo intrabloco	171	207,2052	1,2117	
T o t a l	299	504,6277		
Tratamentos (aj.)	99	155,9458	1,5752	1,30

Média geral = 6,817 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V.(látice) = 16,8% ;  
Eficiência = 116,0% .

Tabela 29. Análise da variância do experimento 17-1974, látice 10 x 10 com 3 repetições, referente a 100 progênies de meios-irmãos Centralmex VI. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1974-75.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	2	2,8720		
Tratamentos (não aj.)	99	248,7077		
Blocos dentro de reps(aj.)	27	137,2533	5,0834	
Resíduo intrabloco	171	159,5731	0,9331	
<b>T o t a l</b>	<b>299</b>	<b>548,4062</b>		
Tratamentos (aj.)	99	170,8973	1,7262	1,85**

Média geral = 6,738 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V.(látice) = 15,1% ;  
Eficiência = 144,6%.

Tabela 30. Análise da variância do experimento 18-1974, látice 10 x 10 com 3 repetições, referente a 100 progênies de meios-irmãos Centralmex VI. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1974-75.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	2	1193,6832		
Tratamentos (não aj.)	99	293,0795		
Blocos dentro de reps(aj.)	27	117,0458	4,3350	
Resíduo intrabloco	171	255,5227	1,4942	
<b>T o t a l</b>	<b>299</b>	<b>1869,3313</b>		
Tratamentos (aj.)	99	258,0039	2,6061	1,75**

Média geral = 7,683 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V.(látice) = 16,6% ;  
Eficiência = 115,6%.

Tabela 31. Análise da variância do experimento 19-1974, látice 10 x 10 com 3 repetições, referente a 100 progênies de meios-irmãos. Centralmex VI. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1974-75.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	2	966,4644		
Tratamentos (não aj.)	99	248,0144		
Blocos dentro de reps(aj.)	27	127,3149	4,7153	
Resíduo intrabloco	171	216,6952	1,2684	
T o t a l	299	1588,6952		
Tratamentos (aj.)	99	197,1163	1,9911	1,5667*

Média geral = 7,620 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V. (látice) = 15,4% ;  
Eficiência = 124,6%.

Tabela 32. Análise da variância do experimento 20-1974, látice 10 x 10 com 3 repetições, referente a 100 progênies de meios-irmãos Centralmex VI. Produções de milho em kg/10 m<sup>2</sup>. 1974-75.

Causa da variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Repetições	2	198,0852		
Tratamentos (não aj.)	99	224,7866		
Blocos dentro de reps(aj.)	27	92,6552	3,4316	
Resíduo intrabloco		210,1810	1,2291	
T o t a l	299	725,7082		
Tratamentos (aj.)	99	186,3299	1,8821	1,5313**

Média geral = 6,862 kg/10 m<sup>2</sup> ; C.V.(látice) = 16,8% ;  
Eficiência = 114,4%.

Tabela 33. Quadrados médios e respectivos graus de liberdade das progênies de meios-irmãos e do resíduo, obtidos da análise conjunta dos experimentos para cada ciclo de seleção referente ao milho Centralmex.

População	Entre progênies de meios-irmãos		Resíduo combinado	
	G.L.	Q <sub>2</sub>	G.L.	Q <sub>1</sub>
Centralmex original	282	1,2858	846	1,0055
Centralmex I	288	2,1466	864	1,5163
Centralmex II	291	1,7961	873	1,5068
Centralmex III	287	1,3169	574	0,8990
Centralmex IV	297	2,5519	594	1,9081
Centralmex V	495	2,5751	990	1,9624
Centralmex VI	495	2,4520	990	1,2280

Tabela 34. Comportamento médio das 285 progênies de meios-irmãos do milho Centralmex original e da respectiva amostra selecionada, 1965.

Material	População			Amostra selecionada		
	Nº	kg/ha	% Relati va teste munha	Nº	kg/ha	% Relati va teste munha
Progênies	285	5.880	98,50	64	6.486	108,42
Testemunhas (H-6999B e Ag-17)	--	5.982	1100,00	--	--	--

Tabela 35. Comportamento médio das 291 progênies de meios-irmãos de milho Centralmex I e da respectiva amostra selecionada, 1966.

Material	População			Amostra selecionada		
	Nº	kg/ha	% Relati va teste munha	Nº	kg/ha	% Relati va teste munha
Progênies	291	5.565	101,8	--	6.345	115,9
Testemunhas (H-6999B e Ag-17)	--	5.472	100,0	--	--	--

Tabela 36. Comportamento médio das 294 progênies de meios-irmãos de milho Centralmex II e da respectiva amostra selecionada. 1967.

Material	População			Amostra selecionada		
	Nº	kg/ha	% Relati va teste munha	Nº	kg/ha	% Relati va teste munha
Progênies	294	6.103	105,5	72	5.800	100,2
Testemunhas (H-6999 e Ag-17)	---	5.786	100,0	---	---	---

Tabela 37. Comportamento médio das 284 progênies de meios-irmãos de milho Centralmex III e da respectiva amostra selecionada. 1968.

Material	População			Amostra selecionada		
	Nº	kg/ha	% Relati va teste munha	Nº	kg/ha	% Relati va teste munha
Progênies	284	5.926	107,9	72	6.793	123,1
Testemunhas (H-6999 e Ag-17)	---	5.520	100,0	---	---	---

Tabela 38. Comportamento médio das 388 progênes de meios-irmãos de milho Centralmex IV e da respectiva amostra selecionada. 1969.

Material	População			Amostra selecionada		
	Nº	kg/ha	% Relati va teste munha	Nº	kg/ha	% Relati va teste munha
Progênes	388	8.238	98,4	87	9.275	108,5
Testemunhas (E-6999 , E-7974 Ag-203)	--	8.546	100,0	--	--	--

Tabela 39. Comportamento médio das 500 progênes de meios-irmãos de milho Centralmex V e da respectiva amostra selecionada. 1972.

Material	População			Amostra selecionada		
	Nº	kg/ha	% Relati va teste munha	Nº	kg/ha	% Relati va teste munha
Progênes	500	7.131	84,6	89	8.445	100,3
Testemunhas (E-6999 e Ag-152)	--	8.422	100,0	--	--	--

Tabela 40. Comportamento médio das 500 progênes de meios-irmãos de milho Centralmex VI e da respectiva amostra selecionada. 1974.

Material	População			Amostra selecionada		
	Nº	kg/ha	% Relati va teste munha	Nº	kg/ha	% Relati va teste munha
Progênes	500	6.931	94,0	79	8.054	106,0
Testemunhas (H-7974 e Ag-156)	--	7.596	100,0	--	--	--

Tabela 41. Progresso esperado da seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho Centralmex. 1965.

Material	Intensidade de seleção %	Progresso esperado	
		g/planta	% Relativa população
População	--	117,60	100,00
Seleção entre	24,0	1,61	1,40
Seleção dentro	10,00	1,28	1,10
Produção esperada	--	120,49	102,50
Testemunhas	--	119,64	101,78

C.V. genética = 4,5% ;  $\sigma_{mi}^2 = 0,0701$  ;  $h^2 = 3,3\%$ .

Tabela 42. Progresso esperado entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho Centralmex I. 1966.

Material	Intensidade de seleção %	Progresso esperado	
		g/planta	% Relativa população
População	--	111,30	100,00
Seleção entre	21,0	2,97	2,70
Seleção dentro	10,0	2,34	2,10
Produção esperada	--	116,61	104,80
Testemunhas	--	109,44	98,40

C.V. genética = 7,1% ;  $\sigma_{mi}^2 = 0,1576$  ;  $h^2 = 5,0$  .

Tabela 43. Progresso esperado da seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho Centralmex II. 1967.

Material	Intensidade de seleção %	Progresso esperado	
		g/planta	% Relativa população
População	--	122,06	100,00
Seleção entre	24,5	1,40	1,10
Seleção dentro	10,0	1,08	0,90
Produção esperada	--	124,54	102,00
Testemunhas	--	115,72	94,80

C.V. genética = 4,4% ;  $\sigma_{mi}^2 = 0,0723$  ;  $h^2 = 2,3\%$  .

Tabela 44. Progresso esperado da seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho Centralmex III. 1968.

Material	Intensidade de seleção %	Progresso esperado	
		g/planta	% Relativa população
População	--	118,52	100,0
Seleção entre	25,4	2,33	2,0
Seleção dentro	10,0	2,02	1,7
Produção esperada	--	122,87	103,7
Testemunhas	--	110,40	93,2

C.V. genética = 5,4% ;  $\sigma_{mi}^2 = 0,1045$  ;  $h^2 = 5,6\%$  .

Tabela 45. Progresso esperado da seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho Centralmex IV. 1969.

Material	Intensidade de seleção %	Progresso esperado	
		g/planta	% Relativa população
População	--	164,76	100,0
Seleção entre	22,4	6,28	3,8
Seleção dentro	10,0	2,84	1,7
Produção esperada	--	173,88	105,5
Testemunhas	--	170,92	103,7

C.V. genética = 5,6% ;  $\sigma_{mi}^2 = 0,2146$  ;  $h^2 = 5,4\%$  .

Tabela 46. Progresso esperado da seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho Centralmex V. 1972.

Material	Intensidade de seleção %	Progresso esperado	
		g/planta	% Relativa população
População	--	142,62	100,0
Seleção entre	17,8	6,48	4,5
Seleção dentro	10,0	2,67	1,9
Produção esperada	--	151,77	106,4
Testemunha	--	168,44	118,1

C.V. genética = 6,3% ;  $\sigma_{mi}^2 = 0,2042$  ;  $h^2 = 5,0\%$  .

Tabela 47. Progresso esperado da seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no milho Centralmex VI. 1974.

Material	Intensidade de seleção %	Progresso esperado	
		g/planta	% Relativa população
População	--	142,88	100,0
Seleção entre	15,8	13,90	9,7
Seleção dentro	10,0	6,73	4,7
Produção esperada	--	163,51	114,4
Testemunha	--	151,92	106,3

C.V. genética = 8,9% ;  $\sigma_{mi}^2 = 0,2042$  ;  $h^2 = 15,9\%$

Tabela 48. Estimativas das variâncias genéticas aditivas ( $\sigma_A^2$ ) juntamente com os coeficientes de variação genética devidos a seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos, e valores de herdabilidade ( $h^2$ ). Um ciclo por ano.

Ano	Ciclo	N	$\sigma_A^2$ ( $\times 10^{-4}$ ) kg/planta	C.V. genética %	$h^2$
1965	C <sub>0</sub>	285	1,1212	4,5	3,3
1966	C <sub>1</sub>	291	2,5210	7,1	5,0
1967	C <sub>2</sub>	294	1,1572	4,4	2,3
1968	C <sub>3</sub>	284	1,6716	5,4	5,6

Tabela 49. Estimativas das variâncias genéticas aditivas ( $\sigma_A^2$ ) juntamente com os coeficientes de variação genética, devidos e seleção entre e dentro de progênes de meios-irmãos, e valores de herdabilidade ( $h^2$ ). Um ciclo cada dois anos.

Ano	Ciclo	N	$\sigma_A^2$ ( $\times 10^{-4}$ ) kg/planta	C.V. genética %	$h^2$
196	C <sub>4</sub>	388	3,4336	5,6	5,4
1972	C <sub>5</sub>	500	3,2677	6,3	5,0
1974	C <sub>6</sub>	500	6,528	8,9	15,9

Tabela 50. Estimativas dos progressos genéticos esperados em g/planta e em porcentagem, devidos a seleção entre progênie de meios-irmãos (seleção entre) e a seleção massal (seleção dentro) no milho Centralmex. Um ciclo por ano.

Ano	Ciclo	$\bar{X}$ Produção População g/planta	Progresso esperado g/planta			Progresso total esperado em %
			Entre	Dentro	Total	
1965	C <sub>0</sub>	117,60	1,61	1,28	2,89	2,5
1966	C <sub>1</sub>	111,30	2,97	2,34	5,31	4,8
1967	C <sub>2</sub>	122,06	1,40	1,08	2,48	2,0
1968	C <sub>3</sub>	118,52	2,33	2,02	4,35	3,7
Médias		117,37	2,08	1,68	3,76	3,25

Tabela 51. Estimativas dos progressos genéticos esperados em g/planta e em porcentagem, devidos a seleção entre progênie de meios-irmãos (seleção entre) e a seleção massal (seleção dentro) no milho Centralmex. Um ciclo cada dois anos.

Ano	Ciclo	$\bar{X}$ Produção População g/planta	Progresso esperado g/planta			Progresso total esperado em %
			Entre	Dentro	Total	
1969	C <sub>4</sub>	164,76	6,28	2,84	9,12	5,5
1972	C <sub>5</sub>	142,62	6,48	2,67	9,15	6,4
1974	C <sub>6</sub>	142,88	13,90	6,73	20,63	14,4
Médias		150,09	8,88	4,08	12,96	8,76

APÉNDICE 2

F I G U R A S

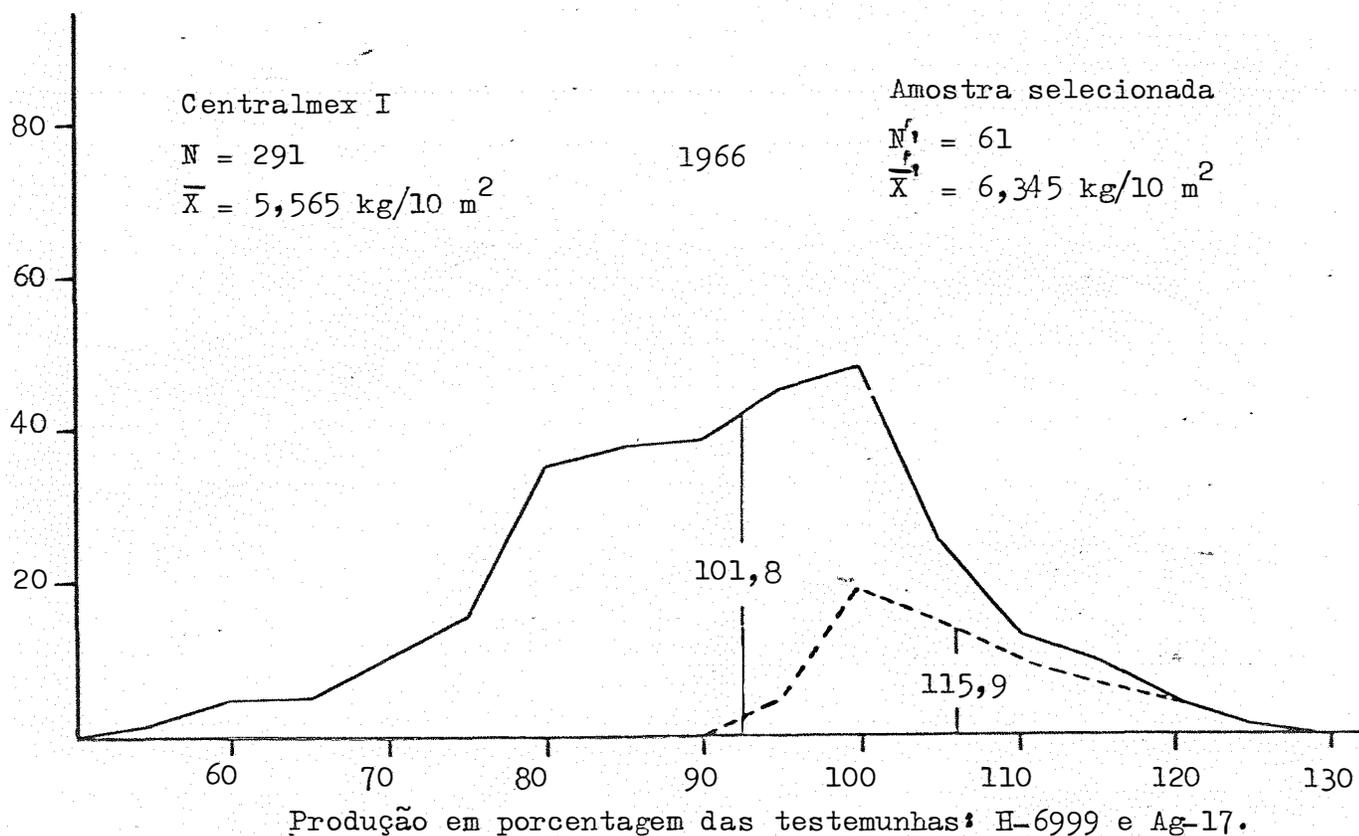
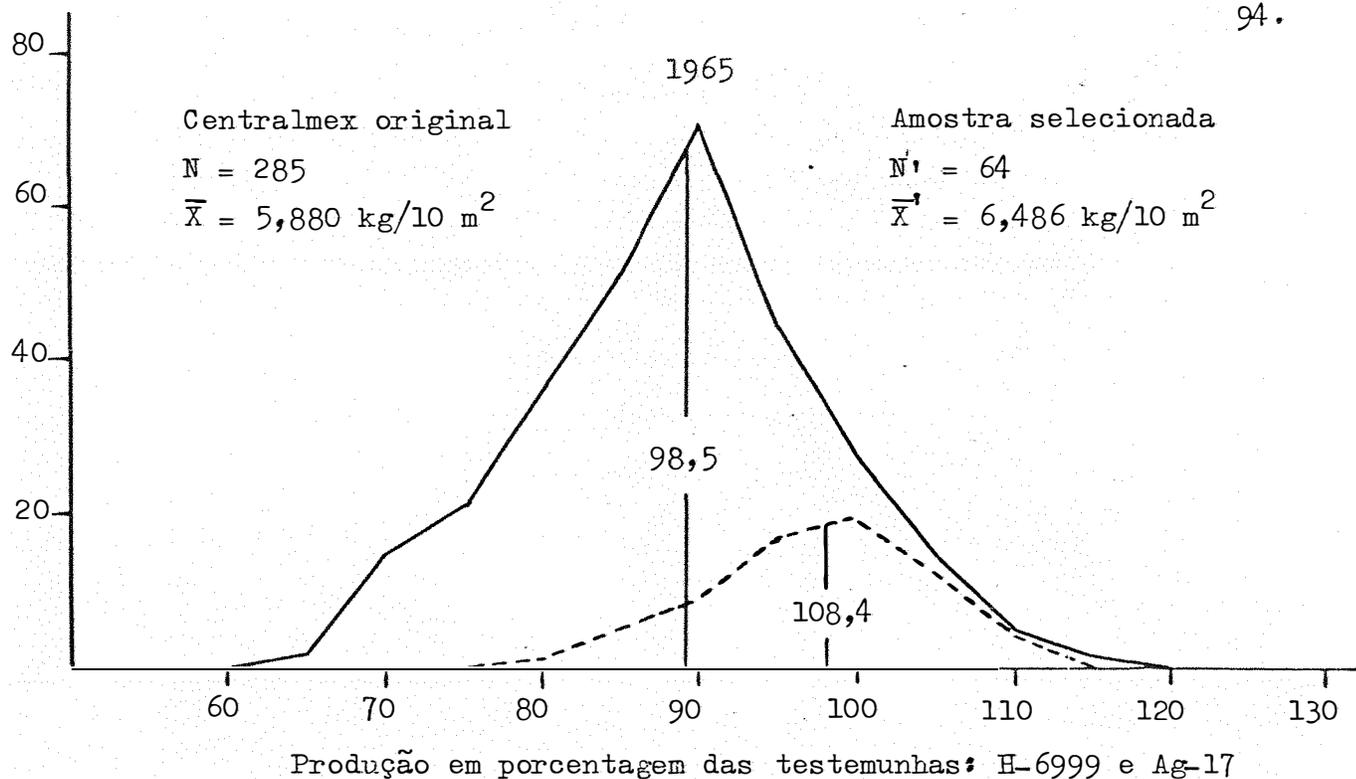
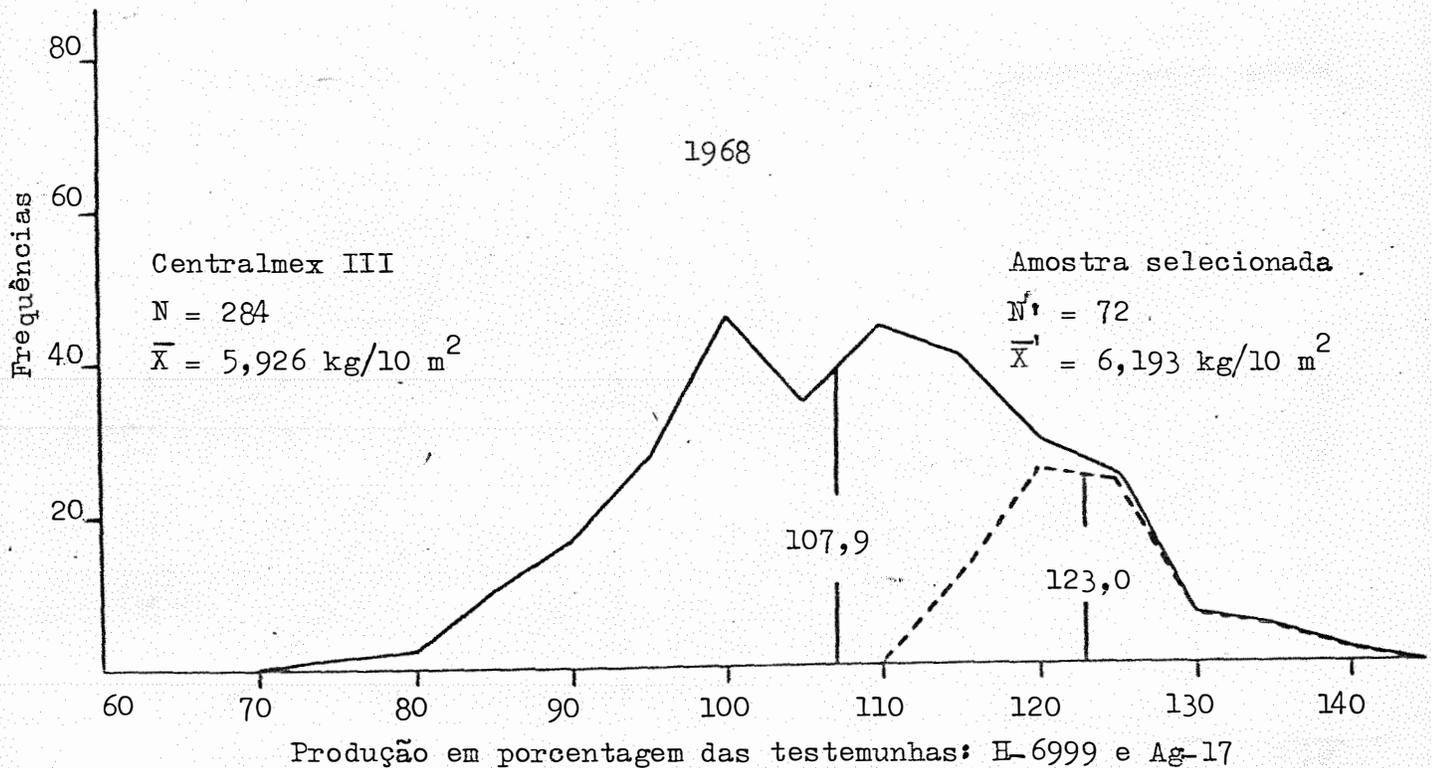
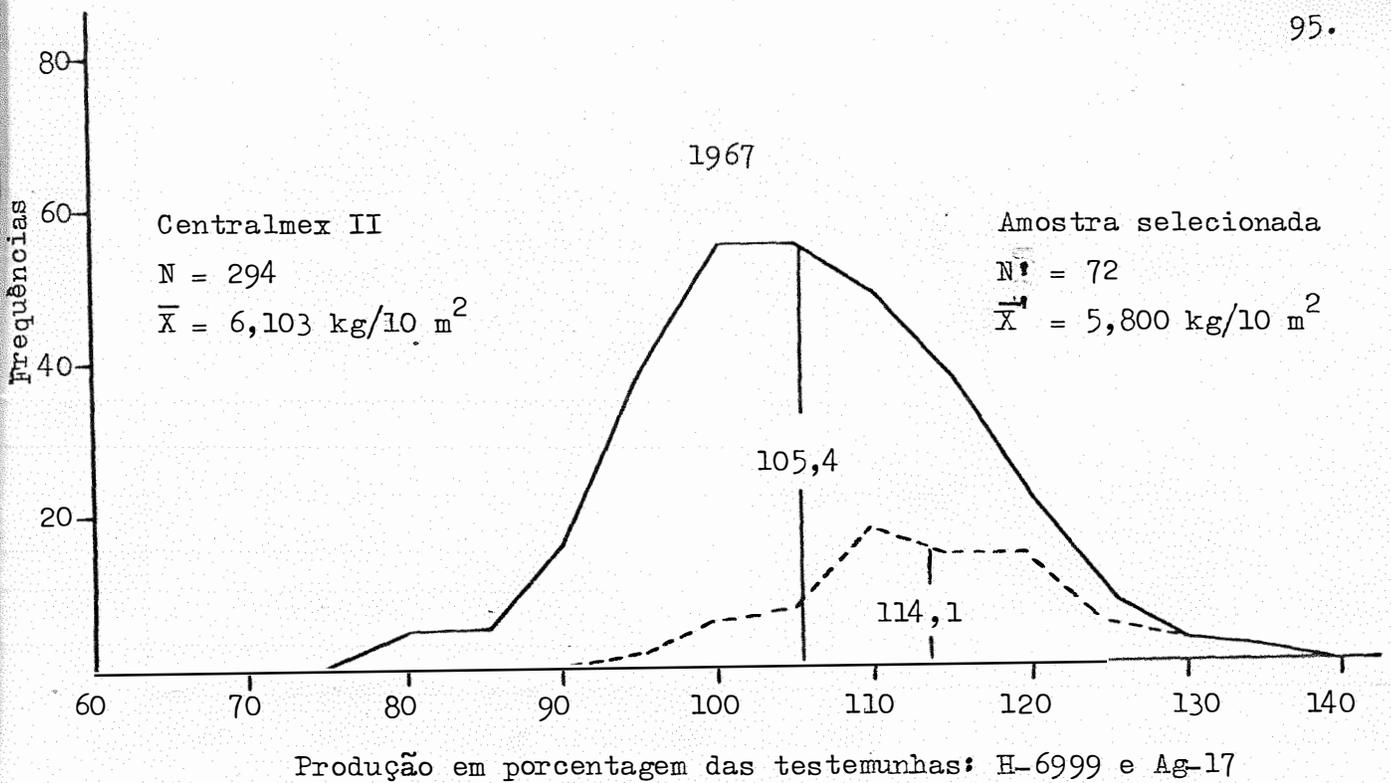
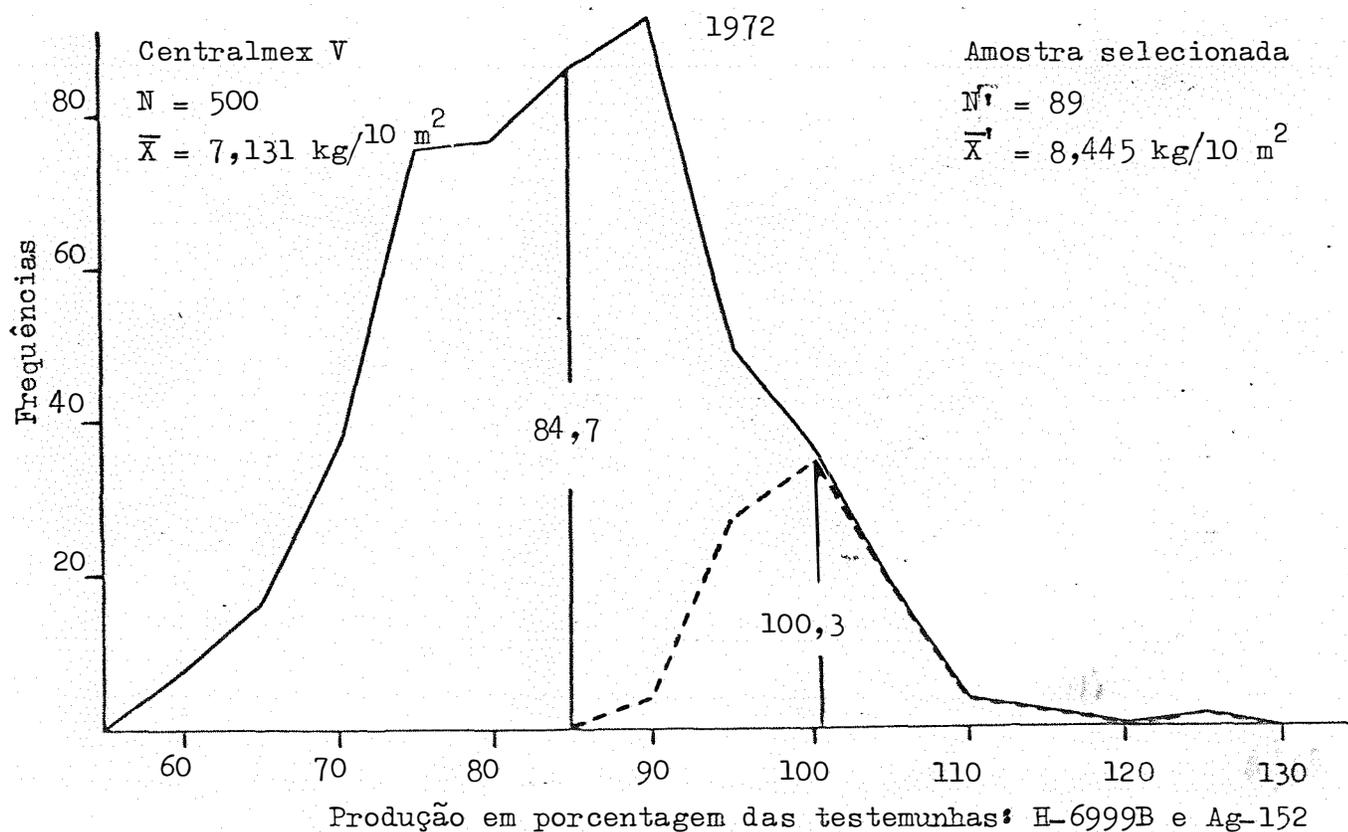
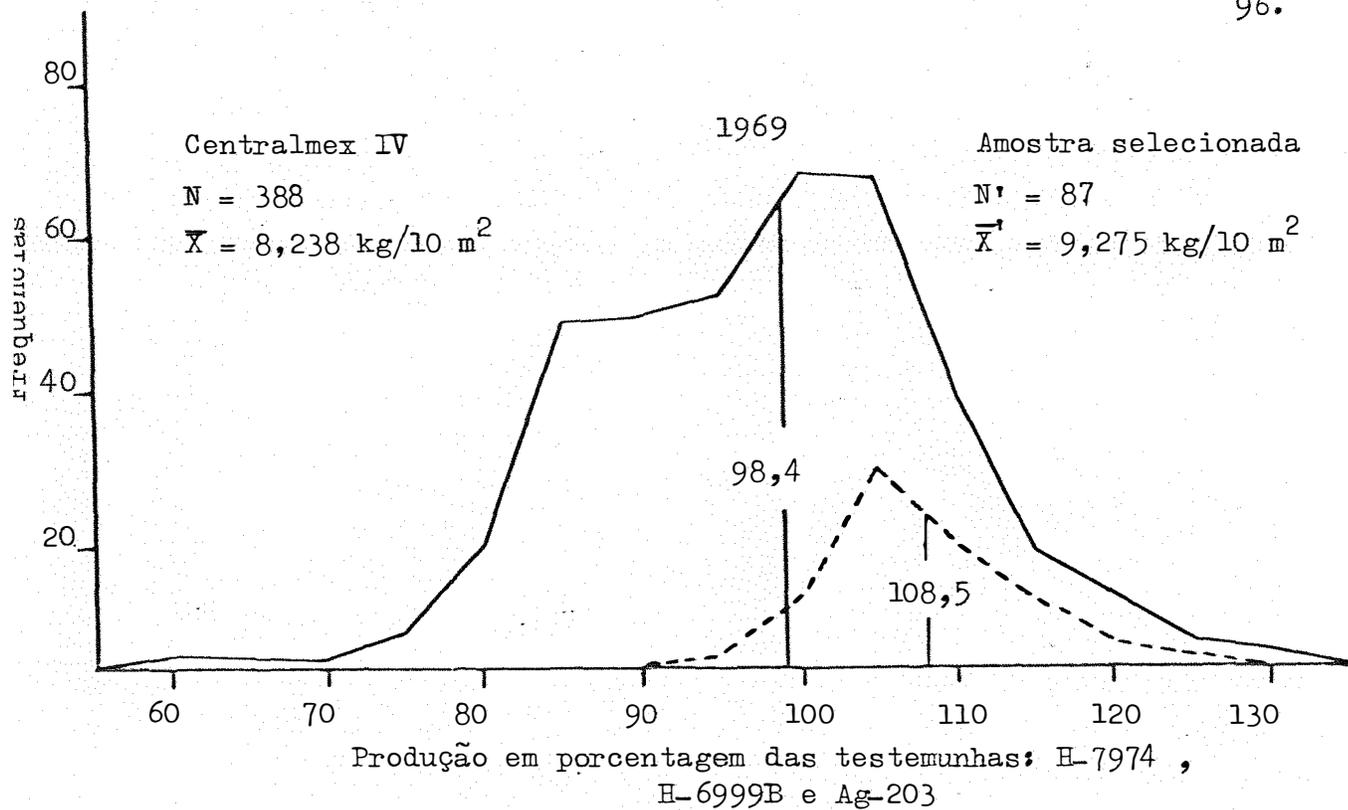


Figura 1 e 2 - Distribuição das frequências das produções (em % das testemunhas) das progênes de meios-irmãos da população Centralmex testadas e selecionadas.



Figuras 3 e 4 - Distribuição das frequências das produções (em % das testemunhas) das progênies de meios-irmãos da população Centralmex testadas e selecionadas.



Figuras 5 e 6 - Distribuição das frequências das produções (em % das testemunhas) das progênies de meios-irmãos da população Centralmex, testadas e selecionadas.

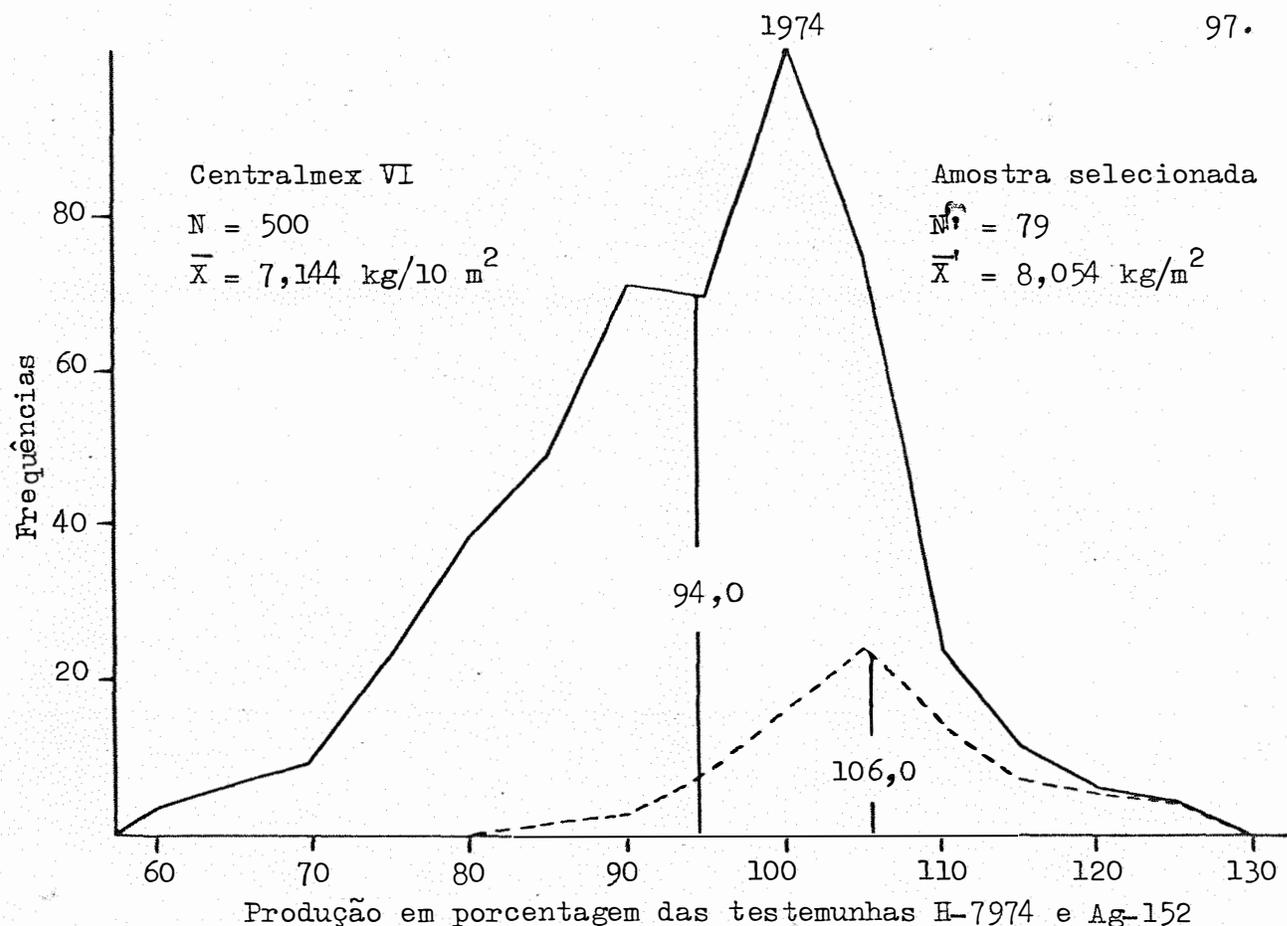


Figura 7 - Distribuição das frequências das produções (em % das testemunhas) das progênes de meios-irmãos da população Centralmex testadas e selecionadas

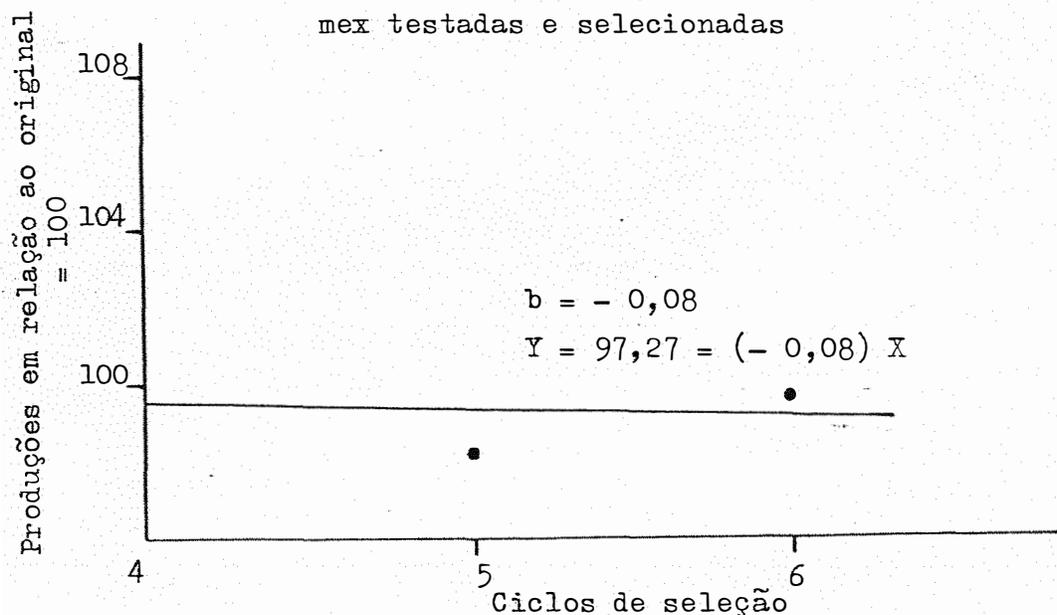


Figura 8 - Regressão da produtividade de milho em relação ao original (= 100) em função dos ciclos de seleção entre e dentro de progênes de meios irmãos (1 ciclo cada dois anos).

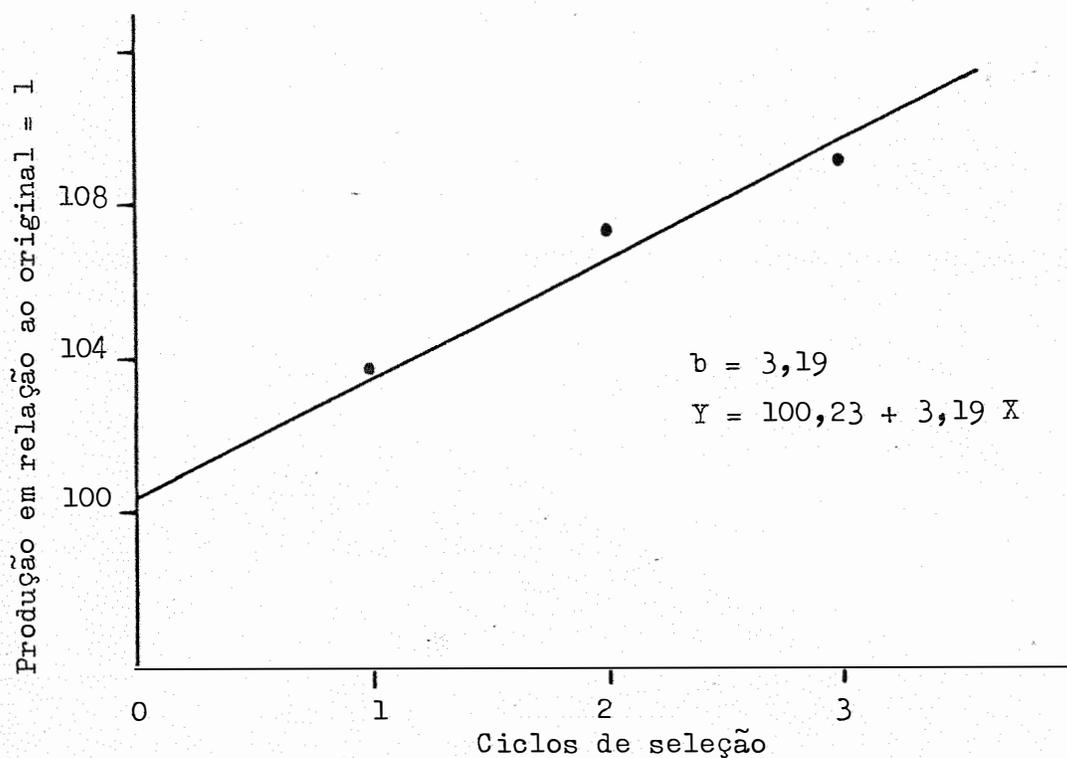


Figura 9 - Regressão da produtividade de milho em relação ao original (= 100) em função dos ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos (1 ciclo por ano).

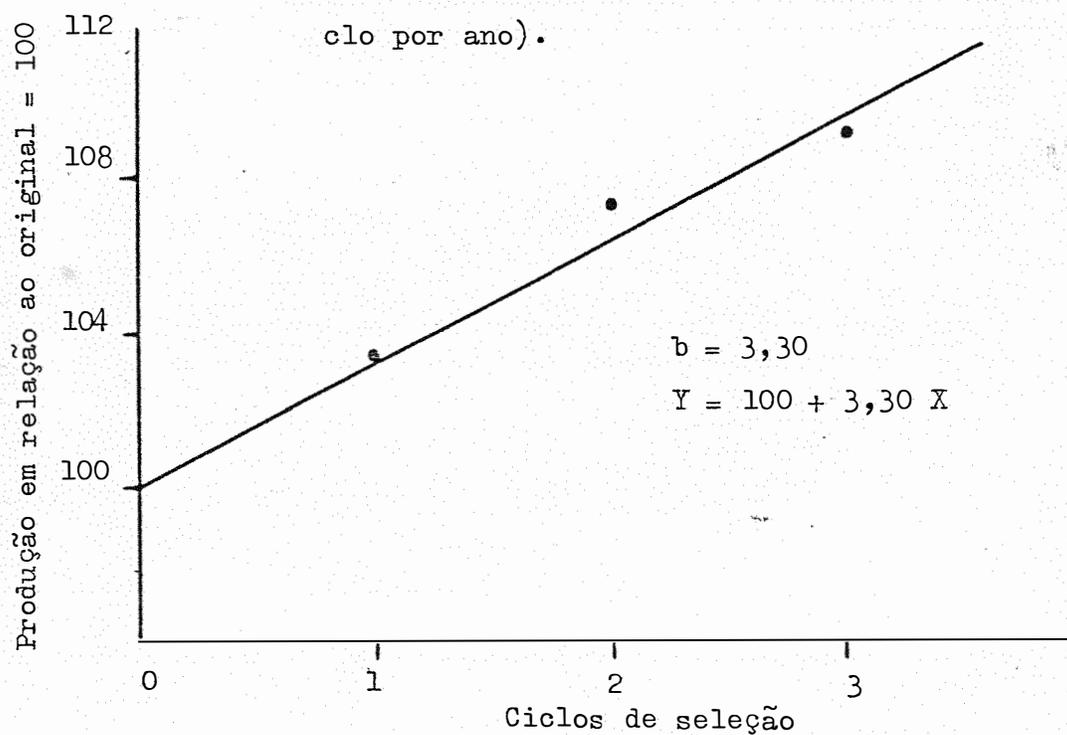


Figura 10 - Regressão, passando pelo valor 100, da produtividade de de milho em relação ao original (= 100), em função dos ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos (1 ciclo por ano).