

**INTERAÇÃO GENÓTIPOS x LOCALIDADES EM HÍBRIDOS
CRÍPTICOS DE MILHO S₁ x S₁, NAS REGIÕES SUDESTE E
NORDESTE BRASILEIRAS**

MANOEL XAVIER DOS SANTOS

Engenheiro Agrônomo
Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária

Orientador : DR. JOÃO RUBENS ZINSLY

Dissertação apresentada à Escola Superior de Agricultura
"Luz de Queiroz", da Universidade de São Paulo,
para obtenção do título de Mestre em Genética e
Melhoramento de Plantas.

P I R A C I C A B A
Estado de São Paulo - Brasil
Outubro, 1977

BIOGRAFIA DO AUTOR

Manoel Xavier dos Santos, filho de Tarcizo José dos Santos e Helena Xavier dos Santos, nasceu em Pôrto da Fôlha - Sergipe, aos 18 dias do mês de dezembro de 1949. Em 1970, ingressou na Faculdade de Agronomia do Médio São Francisco, Juazeiro-Bahia, obtendo o diploma de Engenheiro Agrônomo, em 8 de dezembro de 1973. Em março de 1974, iniciou o desempenho de suas atividades profissionais, em Recife - Pe., como pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), desenvolvendo trabalhos com o Projeto Milho para o Nordeste, até janeiro de 1976.

Àqueles que culturalmente rudes,
por falta de uma oportunidade,
mas, sábios no amor e na bondade
vencem a luta, por não serem covardes,

D E D I C O .

AGRADECIMENTOS

O autor recebeu o entusiasmo e colaboração eficiente de diversas pessoas. Externa os mais sinceros agradecimentos a todas elas, essencialmente:

- . ao Prof. Dr. João Rubens Zinsly, pela decisiva orientação, estímulo e amizade constantes, na execução deste trabalho;
- . à Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, pela concessão do treinamento;
- . ao Centro de Pesquisa Agropecuária do Trópico Semi-árido, pela atenção e disponibilidade na realização dos ensaios;
- . ao Prof. Dr. Ernesto Paterniani pela compreensão como Diretor do Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".
- . aos Profs. Drs. Roland Vencovsky e Natal Antonio Vello, pela amizade e espírito humanitário, bem como pela valiosa ajuda e orientação, na efetivação das análises estatísticas.
- . aos docentes do Curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela dedicação e ensinamentos.
- . ao Prof. Dr. Flávio Cesar A. Tavares, pela alta capacidade altruística;
- . aos colegas Isaias Olívio Geraldi, Magno A. Patto Ramalho e Fabrizio D'Ayala Valva, pelas prestimosas sugestões.

. aos amigos e colegas Valdemar Naspolini, Manoel Abílio de Queiroz e Luiz Henrique de Oliveira, pelo despreendimento na condução dos ensaios em Petrolina, Pe.

. aos funcionários do Instituto de Genética, pela amabilidade e atenções recebidas.

. aos colegas de curso, que compartilharam dos momentos alegres.

Í N D I C E

1. RESUMO	1
2. INTRODUÇÃO	3
3. REVISÃO DE LITERATURA	7
3.1 - Hibridação em Milho	7
3.2 - Interação Genótipos x Localidades	15
4. MATERIAL E MÉTODOS	23
4.1 - Material	23
4.2 - Métodos	25
4.2.1 - Obtenção dos cruzamentos $S_0 \times S_0$ e $S_1 \times S_1$	25
4.2.2 - Ensaio de produção dos cruzamentos $S_1 \times S_1$	26
4.2.3 - Coleta de dados	28
4.2.4 - Análise estatística	29
4.2.5 - Decomposição da interação tratamentos x locais	31
4.2.6 - Seleção e progresso esperado	33
4.2.7 - Correlação genética e correlações intra-classes	33
5. RESULTADOS	34
6. DISCUSSÃO	39
7. CONCLUSÕES	50

1. RESUMO

O presente trabalho teve por objetivo o estudo da interação genótipos x localidades em híbridos crípticos de milho ($S_1 \times S_1$), na segunda geração de interoruzamentos, em duas regiões brasileiras: Sudeste e Nordeste. As populações que originaram estes tratamentos foram o Composto A e o Composto B, sintetizados no Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". Estes compostos, apresentam suficiente variabilidade genética e alta produtividade, tanto "per se" como em cruzamentos.

Foram avaliados 104 tratamentos em dois látices triplos duplicados, 9x9 e 6x6, respectivamente, sendo três repetições de cada látice ensaiadas em Piracicaba, SP e outras três em Petrolina, Pe.

Os experimentos acima tiveram seis e sete tratamentos adicionais, respectivamente. Foi considerado o caráter peso de sementes.

Os coeficientes de variação genéticos estimados , demonstraram a existência de variabilidade genética suficiente para a continuidade do programa, confirmando a prévia estimativa da ampla base genética das populações originais.

O estudo da interação genótipos x localidades revelou significância estatística. A decomposição desta interação mostrou que em quase sua totalidade é do tipo complexa, sendo que o tipo simples teve pouca influência no valor final.

Os valores dos coeficientes de correlação intraclasses e da correlação genética, confirmaram estes resultados.

Sugeriu-se para a região Nordeste um aproveitamento dos tratamentos testados através do uso de métodos de melhoramento simples, visando à obtenção de materiais de bases genéticas amplas.

Insinuou-se a continuação do método dos híbridos crípticos para a região Sudeste, acreditando-se na viabilidade de obtenção de linhagens.

Os valores obtidos para os progressos esperados em cada local afiguraram-se como promissores para a seleção.

Com base na escolha dos 40% de genótipos superiores de Piracicaba, SP, identificaram-se os genótipos correspondentes em Petrolina, Pe. A partir destes, fez-se uma estimativa para o progresso esperado, cujo resultado revelou um ganho bastante reduzido, confirmando o significado da interação complexa detectada.

2. INTRODUÇÃO

Supõe-se que há milênios de anos o milho vem sendo cultivado pelos povos, constituindo-se alimentação básica para as populações. Fazendo-se um retrospecto de sua origem, observa-se que desde a chegada dos europeus à América, ele já era cultivado tanto entre as civilizações mais adiantadas, como entre as tribos menos desenvolvidas.

Atualmente o milho é cultivado em todos os continentes, sendo o cereal de maior difusão no mundo, tendo uma distribuição desde o nível do mar, até altitudes superiores a 3.500 metros, e em regiões que apresentem as precipitações variando de 250 mm a 5.000 mm.

Uma grande variação de raças existentes, torna possível seu cultivo em diversas regiões climáticas, contanto que, por um período de três meses no ano, a temperatura média não seja inferior a 19 °C, e a média de temperatura noturna não caia além de 13 °C.

Esta grande capacidade de adaptação é, em grande parte, devido ao seu extenso conjunto gênico, tornando possível, desta maneira, desenvolver-se nas mais variadas condições ambientais. Através do desenvolvimento de sua história, observa-se que a mais constante preocupação dos estudiosos foi em elevar a produtividade deste cereal. Os trabalhos de hibridação intervarietal foram os primeiros a surgir, entretanto, apenas serviram para o fornecimento de informações iniciais. Depois que SHULL (1908, 1909) e EAST (1908, 1909) expuseram os trabalhos sobre endogamia e cruzamento entre linhagens, passou-se por uma fase bastante animadora, seguindo-se outra fase de descrença. Logo após que JONES (1918) sugeriu o método para a formação do híbrido duplo, o sucesso foi tão impactuoso, que rapidamente tornou-se aceito e desenvolvido em muitos locais onde o milho é cultivado.

Após este ponto de partida, surgiram diversos métodos de obtenção de linhagens, cada vez mais aperfeiçoados, entre os quais o método da cova simples, a seleção por "pedigree", o uso de diplóides homozigotos, o teste precoce, a endogamia suave, a seleção gamética, o melhoramento convergente e retrocruzamento, sendo, entretanto, o mais usado, o método "standard". Basicamente, este método consiste na autofecundação das plantas que apresentem as melhores características agronômicas dentro de uma população. Praticam-se a seleção tanto entre como dentro das linhagens, até se atingir um bom nível de homozigose. As linhagens são testadas para capacidade geral de combinação e, posteriormen

te para capacidade específica de combinação.

Recentemente, despontaram novas idéias para a obtenção de linhagens, partindo-se de duas populações melhoradas e prolíficas, cuja manifestação de heterose seja detectada quando inter-cruzadas. Desta maneira, a seleção para capacidade específica é feita diretamente, isolando-se famílias de irmãos gemínos inter-populacionais, designados de híbridos crípticos duplos. O procedimento usado para a obtenção dos híbridos crípticos, baseia-se em autofecundar e cruzar plantas isoladamente das duas populações. Os resultados obtidos dos diversos cruzamentos são aferidos em ensaios de produção e, as sementes autofecundadas e leitas com base nos ensaios, constituirão o novo material para plantio, autofecundações e cruzamentos. Repete-se o procedimento, até que as linhagens tenham homozigose e homogeneidade.

Um dos principais problemas no melhoramento de plantas, é se fazer avaliações comparativas dos cultivares, uma vez que o comportamento das mesmas oscilam de ambiente para ambiente. O reconhecimento de indivíduos genotipicamente superiores, em ambientes de condições climáticas semelhantes, é de fácil distinção, muito embora, resultados significativos foram encontrados para a interação genótipo x local, mesmo estando dentro de uma pequena região geográfica.

O Brasil, apresentando uma extensa faixa territorial e uma grande variação de ambientes, o milho ocupa posição

de destaque dentro da agricultura nacional, apesar da grande diversificação de regiões existentes.

O Nordeste brasileiro, representando 18,2% do território nacional, caracterizado por ser uma região de irregularidades de clima, solo, e, essencialmente de chuvas, tendo levado genótipos específicos do Estado de São Paulo, estes apresentaram produções inferiores ou iguais às variedades locais. À luz destes conhecimentos, constata-se que o melhor híbrido, em diferentes localidades, nem sempre é o mesmo, variando a escolha do melhor conforme as diversas condições do ambiente.

Assim é que, o presente trabalho tem por objetivo avaliar o comportamento dos cruzamentos $S_1 \times S_1$, com interação genótipos x localidades, em híbridos crípticos de milho, obtidos dos cruzamentos entre dois compostos A e B, sintetizados no Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

3. REVISÃO DE LITERATURA

Tendo-se como principal objetivo o estudo do comportamento de híbridos crípticos ($S_1 \times S_1$) de milho em diferentes ambientes, inicialmente serão revistos os trabalhos básicos desenvolvidos com a hibridação do milho, até o atual estágio de aprimoramento tecnológico. A segunda parte, abrangerá trabalhos atinentes à interação de genótipos em diferentes ambientes.

3.1 - Hibridação em Milho

A mais constante preocupação dos pesquisadores tem sido elevar a produtividade do milho. BEAL (1877), relata a possibilidade deste acréscimo, fazendo uso da geração F_1 resultante do cruzamento entre variedades de polinização livre. Na última década do século XIX, MORROW e GARDNER (1893), sugeriram outros processos para obtenção de sementes híbridas F_1 , visando também a produção de híbridos intervarietais.

SHULL (1908, 1909) e EAST (1908, 1909), foram os pioneiros em relatar os trabalhos sobre endogamia e cruzamentos entre linhagens, abrindo o campo para o desenvolvimento do milho híbrido. Pouco tempo depois, surgiu a dificuldade em se obter linhas endogâmicas desejáveis, impedindo, desse modo, obter quantidades suficientes de sementes híbridas. O uso de híbridos simples, para obtenção de híbridos duplos, conforme sugeriu JONES (1918) solucionou a problemática anterior. O impacto causado pelo método proposto foi de tamanha magnitude que, comercialmente, começou a ser usado em larga escala. Por este processo, o método "standard" de obtenção de linhagens, consiste em se fazer sucessivas autofecundações nas melhores plantas de populações, até um nível desejável de homozigose e uniformidade. Em seguida, são realizados testes para capacidade geral de combinação e, posteriormente, para a capacidade específica de combinação.

A ciência do melhoramento, como um processo contínuo, objetivando desenvolver sempre mais o método do milho híbrido não permaneceu estagnada. Pelo desenrolar de mais de três décadas, surgiram diversas metodologias para obtenção de linhagens, as quais são citadas, conforme SPRAGUE (1955): o método da cova simples, da seleção por pedigree, da seleção gamética, dos diplóides homozigotos, do teste precoce, do melhoramento convergente e retrocruzamento, e da endogamia suave. De todos eles, o mais usado ainda é o método "standard". O impacto causado, juntamente

com o enorme sucesso conseguido por meio de comprovados ganhos de produção, fez com que cada vez mais tornasse o método do milho híbrido aceito. Entretanto, deparou-se com uma dificuldade: as linhagens produzidas decaíam sensivelmente de produção, muito em bora, os trabalhos realizados tenham sido bem maiores do que para a obtenção dos primeiros híbridos.

O melhoramento de populações, para aumentar a frequência de genes favoráveis, e como fonte de linhagens mais produtivas, foi o que sugeriu LONNQUIST (1949, 1951, 1961), bem como PATERNIANI (1966, 1969) em sua revisão, onde cita os diversos métodos que podem ser empregados. A formação de compostos é um dos métodos empregados, uma vez que é grande a gama de variabilidade existente, possibilitando, desta maneira, praticar-se a seleção para os mais variados atributos agronômicos, conforme citam CASTRO et alii (1968) e PATERNIANI (1968).

A partir deste ponto, novas idéias e métodos surgiram, em consequência do melhoramento de populações, visando não só melhorar a eficiência no obter de linhagens e híbridos, como também ganhar tempo na sua obtenção.

A avaliação do comportamento de famílias de irmãos germanos interpopulacionais, derivadas de duas variedades sintéticas melhoradas, é descrita no trabalho de LONNQUIST e WILLIAMS (1967), que conceituam como sendo híbridos crípticos duplos. Esta conceituação é dada, baseando-se no fato de que, sendo uma de

terminada planta de uma população provavelmente heterozigota num grande número de loci e, portanto, resultante da união de dois gametas diferentes, supõe-se que duas linhagens homozigotas ao produzirem os mesmos gametas, recomporiam a referida planta. Ter-se-ia desta forma um híbrido simples, originado do cruzamento entre duas linhagens que o melhorista não as tem, sendo portanto ocultas ou crípticas. Sendo uma planta de uma variedade um híbrido críptico simples, o cruzamento de duas plantas de variedades diferentes, constituirá um híbrido duplo críptico. A identificação dos híbridos duplos crípticos superiores e, posterior escolha das linhagens crípticas, que podem reconstituir o cruzamento, constitui-se como meta principal do método dos híbridos crípticos. Dessa maneira, a seleção para capacidade específica de combinação pode ser realizada diretamente, com redução de tempo para o desenvolvimento de híbridos superiores.

Ainda, LONNQUIST e WILLIAMS (1967), fazendo uso de populações SSS_{III} e B_{IV} , nos ciclos III e IV de seleção recorrente para capacidade geral de combinação, obtiveram 102 híbridos crípticos que foram avaliados em dois anos consecutivos. A heterose média encontrada foi de 31%, com uma variação de - 8% a 51%, indicando assim uma variação muito grande entre as 102 famílias de irmãos germanos interpopulacionais. O rendimento médio dos cruzamentos $S_0 \times S_0$ foi 6% maior do que os três híbridos testemunhas. Dos cinco melhores híbridos crípticos selecionados (S_0

$x S_0$), obteve-se dentro de cada par, um bom número de cruzamentos $S_1 \times S_1$. Em ensaios de competição, os rendimentos dos dois tipos $S_0 \times S_0$ vs $S_1 \times S_1$), foram essencialmente iguais. Constataram ha ver grandes variações entre cruzamentos feitos dentro de cada fa mília. Desta maneira, concluíram, que populações previamente se- lecionadas, e que exibam respostas heteróticas quando cruzadas, reduzem bastante o tempo dispendido para o desenvolvimento de bons híbridos, uma vez que o melhoramento prévio das populações é feito às custas da variabilidade genética aditiva, não se tor- nando, pois, necessário o desenvolvimento preliminar de linha- gens e sua posterior avaliação para capacidade geral de combina- ção.

Tendo por base estes princípios, HALLAUER (1967a, b) apresentou resultados de um método para obtenção de híbridos simples, bastante semelhante ao anterior, cujo procedimento pos- sibilita maximizar a seleção para efeitos genéticos não aditivos, na obtenção de híbridos simples, pela utilização de plantas pro- líficas. O método é também baseado na obtenção de híbridos críp- ticos e na autofecundação das plantas parentais. O procedimento proposto permite isolar os melhores pares de linhagens durante o processo da autofecundação, levando à obtenção direta dos híbri- dos simples.

A sugestão de HALLAUER e EBERHART (1970), através do método da seleção recorrente recíproca com progênes de irmãos

germanos, assemelha-se bastante ao método dos híbridos crípticos. Neste método, a seleção aumenta a frequência dos genes favoráveis que contribuem para a variância genética aditiva. Conseqüentemente, a seleção explora a capacidade geral de combinação. No método dos híbridos crípticos, a seleção aumenta a frequência de genes que se complementam nas duas populações, enfatizando assim a capacidade específica de combinação.

A aplicação da seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos germanos foi utilizada por MORO et alii (1974), tendo como populações bases, os Compostos A e B, obtidos no Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". Através de ensaios realizados com 297 famílias ($S_0 \times S_0$) de irmãos germanos, verificaram que a média dos tratamentos ensaiados, mostrou-se superior em todos os experimentos, quando comparada com a média das testemunhas.

Dessa maneira, verifica-se que a diferença desse método de melhoramento para a maioria dos demais, está no fato de que são selecionados pares de genótipos, em vez de genótipos, em cada geração de endogamia. O caráter prolificidade, é um fator essencial para o uso desse método. Uma descrição do método é exposta a seguir, consistindo das seguintes fases:

Fase I: Efetua-se o cruzamento de plantas individuais S_0 , entre as duas populações prolíficas, usando para isso a espiga superior. As plantas usadas no cruzamento, são também autofecun-

dadas (segunda espiga) para manter o genótipo. Os híbridos produzidos são avaliados em ensaios de produção, e as sementes autofecundadas de cada planta S_0 são guardadas.

Fase II: São plantadas, pareadamente, em espiga por fileira, as linhagens S_1 que representam as plantas S_0 , cruzadas e selecionadas. Procedimento idêntico usado em S_0 para autofecundação e cruzamento é repetido. Obtém-se assim, cruzamentos $S_1 \times S_1$ e sementes autofecundadas S_2 . É sugerido que sejam efetuados 4 a 6 cruzamentos dentro de cada par de progênies S_1 .

Fase III: Faz-se ensaios dos cruzamentos $S_1 \times S_1$. As sementes S_2 obtidas por autofecundação, dão continuidade ao programa, sendo plantadas em espiga por fileira, em pares, as quais correspondem aos cruzamentos $S_0 \times S_0$.

Fase n: Repete-se o mesmo procedimento, até que as linhagens tenham boa homozigose e uniformidade.

Utilizando-se de populações previamente selecionadas para prolificidade e produção, como Cateto PG, Azteca PG, Maya V e IAC-1 IV, bem como de uma população não melhorada WP 12, SILVA (1970) usou a metodologia descrita por HALLAUER (1967 a,b), encontrando ganhos genéticos bem expressivos em quase todos os grupos de cruzamentos individuais. Pôde-se averiguar assim, a evidência da capacidade do método em detectar e aproveitar efeitos genéticos altamente expressivos.

Avaliando a aplicação do método dos híbridos crípticos para obtenção de linhagens de milho, no Estado de Minas Gerais, MAGNAVACA (1973) usou duas populações de ampla base genética, denominada Cateto Colômbia Composto e Dentado Composto A. O número de cruzamentos $S_0 \times S_0$ testados foi de 104, e o de cruzamentos $S_1 \times S_1$ foi de 89, sendo que as intensidades de seleção utilizadas foram 37,5% e 37,2%, respectivamente. Ficou evidenciado no trabalho que, a porcentagem de cruzamentos superiores às testemunhas e à geração F_1 do cruzamento entre as populações parentais, nas duas gerações, mostraram a eficiência do método para detectar cruzamentos específicos. Verificou-se também, a produtividade de alguns híbridos crípticos $S_1 \times S_1$, superiores a dois dos melhores híbridos comerciais da região, acreditando, pois, na viabilidade de se obter linhagens para a síntese de híbridos de alta produtividade.

IOPES (1974), avaliou o comportamento de 173 híbridos crípticos $S_0 \times S_0$, obtidos do cruzamento entre os Compostos A e B, em Piracicaba, São Paulo, verificando que houve uma heterose de 5,14% em relação à média dos pais. Isto sugere que os Compostos A e B, constituem-se em boas fontes para a obtenção de linhagens. Constatou também que, entre os 173 híbridos crípticos testados, 78 cruzamentos $S_0 \times S_0$ mostraram-se superiores em rendimento às testemunhas HD AG-152 e à variedade Centralmex. Alguns híbridos crípticos apresentaram rendimentos bem altos, o que

vem a comprovar uma redução no tempo necessário para a obtenção de híbridos, quando são usadas populações que exibem heterose quando intercruzadas.

3.2 - Interação Genótipos x Localidades

Acredita-se que para qualquer material genético com o qual o melhorista esteja trabalhando, as interações genótipos x ambientes estejam presentes. Há, entretanto, unanimidade entre os pesquisadores sobre as dificuldades advindas dela, em se demonstrar diferenças significativas entre genótipos.

O interrelacionamento de fatores genéticos e não genéticos é chamado interação genótipos x ambientes. A magnitude da interação genótipos x ambientes propicia ao melhorista escolher genótipos de ampla adaptação ou de adaptação restrita a ambientes específicos. Quando se detectam interações significativas, é sugerido que num programa de melhoramento devem ser escolhidos genótipos específicos para cada ambiente. Assim, a extrapolação de genótipos para ambientes diferentes daqueles das condições experimentais, só deve ser feita quando se é assegurado que o novo ambiente é bem representativo das mesmas condições experimentais. Isto é bastante discutível entre os melhoristas de plantas, e as opiniões muitas vezes são divergentes, por mais que as técnicas sejam aprimoradas. A escolha de genótipos específicos para ambientes especiais, acarretaria em subdividir em extensas áreas, e

conseqüentemente, a elaboração de um programa de melhoramento para cada sub-divisão, além de haver grande dispêndio de recursos humanos, genéticos e financeiros. Este aspecto é discutido por EBERHART e RUSSEL (1969), onde levam em conta a estratificação de ambientes para diminuir o efeito das interações genótipos x ambientes. Consideram que, mesmo com o refinamento da técnica, a interação de genótipos com locais constantes dentro de uma micro-região em anos diferentes, é imprevisível e, frequentemente, tende a ser significativa. Outra corrente de pesquisadores é a favor de que as características mais importantes para o melhorista são produção e qualidade, não implicando, pois, que um determinado indivíduo apresente uma constância fenotípica em ambientes variáveis. Assim, uma baixa interação genótipos x ambientes para esses caracteres torna-se interessante ao melhorista, desde que haja um retorno econômico alto e estável, e que seja indiferente a ano ou local, tendo, desta forma, um certo grau de suporte às flutuações transitórias do ambiente.

JONES (1958) acredita que a homeostase constitui-se num fator de evolução e sobrevivência sob condições naturais. Assim, em condições ambientais variáveis, os heterozigotos exibem uma maior estabilidade que os homozigotos, podendo isto ser demonstrado experimentalmente, pela menor variância dos híbridos F_1 em relação às progênes menos heterozigotas.

Coeficientes de variação, durante dois anos, foram determinados por ADAMS e SHANK (1959) como medida de homeostase, em híbridos F_1 e seus progenitores homozigotos. Verificaram que os híbridos apresentaram coeficientes de variação inferiores aos pais homozigotos, tendo desta forma, maior estabilidade tanto para produção como para outros caracteres agrônômicos, como altura de planta e espiga, comprimento e diâmetro de espigas.

O problema da estabilidade, segundo ALLARD e BRADSHAW (1964) é visto de um modo geral sob dois aspectos: homeostase populacional e individual. O primeiro é enxergado como sendo formado de diferentes genótipos, sendo cada um deles adaptado a uma diferente faixa de variação ambiental. O segundo é visto como uma consequência duma reação estabilizadora dos indivíduos "per se", de modo que cada membro da população adapta-se a diversos ambientes. Desta maneira, populações de base genética restrita são mais dependentes da homeostase individual para conservar seus caracteres, porém, em populações de ampla base genética, ambos os tipos de homeostase estão presentes.

Uma série de ensaios foram conduzidos por SPRAGUE e FEDERER (1951) em Iowa, Estados Unidos da América, de 1940 a 1948, onde constataram que os híbridos duplos são mais estáveis em sua produção, em diferentes localidades, que híbridos simples e top-crosses. Sugeriram então, que a base genética estreita dos híbridos formados de linhagens endógamas, era a responsável pela

maior amplitude de variação da produção. Quatro anos após, foi que SPRAGUE (1955 a) chegou a concluir que, quanto maior a heterogeneidade do material testado, menor interação com o ambiente, daí a necessidade de realizar-se repetições num maior número de localidades a fim de que possa confrontar com a mesma exatidão, os ensaios de híbridos simples e duplos.

SILVA et alii (1963) estudando o efeito de locais, anos e repetições de cultivares de milho no Estado de São Paulo, averiguaram que o híbrido simples (H 300) sofreu mais as oscilações regionais que outros híbridos e variedades testados, enquanto que a variedade "Cateto Fomento", conservou-se com maior uniformidade quanto ao caráter produtividade, a que é atribuída a sua maior heterogeneidade genética.

Fazendo uso de germoplasmas de diferenças bases genéticas como híbridos, populações, variedades sintéticas e variedades locais, RUSCHEL (1968) selecionou quatro locais da região Centro-Sul do Brasil, a fim de estudar o efeito da interação genótipos x localidades. Os resultados obtidos confirmaram ser os híbridos de capacidade adaptativa menor, enquanto que os cultivares melhorados foram os menos evidentes às instabilidades ambientais.

Resultados interessantes para diversos caracteres foram conseguidos por RUSCHEL (1970 a, b), durante 6 anos, em diversas regiões brasileiras e em inúmeros locais, empregando qua

tro grupos de genótipos, os quais foram classificados segundo a origem do material genético em: populações, variedades sintéticas, variedades locais e híbridos. As conclusões apresentadas, revelaram nos híbridos uma capacidade adaptativa restrita, tornando-se todavia, mais produtivos dentro de sua região de origem. Além de se mostrarem mais estáveis na produtividade, as variedades sintéticas, juntamente com as populações, foram as que menos sofreram às influências do meio ambiente.

Essa maior flexibilidade de materiais em se adaptarem às variações ambientais, já era vista por SPRAGUE e JENKINS (1943), que aconselhavam o uso de sintéticos para áreas ponderadas como marginais para o cultivo do milho.

As justificativas apresentadas por PATERNIANI (1965) para essa maior capacidade adaptativa, evidenciam que o grande número de genótipos de populações heterogêneas que entram na composição, quer seja através de processo de seleção, quer seja pela combinação de um número maior de linhagens, confere aos sintéticos mais homeostase em relação aos híbridos, uma vez que nestes, apenas tomam parte em sua composição duas a quatro linhagens puras de milho.

Uma maior estabilidade de variedades melhoradas, foi encontrada também por MIRANDA e COSTA (1972) em 49 ensaios de produção de milho realizados no Nordeste do Brasil, durante três anos, em relação a híbridos duplos, variedades locais e populações.

Pode-se constatar algumas vezes, o aparecimento de resultados inesperados, não concordantes com os de SPRAGUE e FEDERER (1951), JONES (1958) e RUSCHEL (1970 a, b), onde, à medida que aumenta a heterogeneidade genética do material, a interação com o meio decresce. Isto é o que se pode observar nos resultados de dois anos de pesquisa na região do "Corn Belt", relatados por EBERHART e RUSSEL (1969), onde, a partir de 10 linhagens comuns, fizeram uso de igual quantidade de híbridos simples e duplos, objetivando comparar a homeostase desses materiais. Os resultados revelaram híbridos simples tão estáveis quanto híbridos duplos, entretanto, ficou comprovado a superioridade produtiva dos híbridos duplos, em relação a híbridos simples e comerciais.

Também, RUSCHEL e PENTEADO (1970) analisando 81 ensaios de produção realizados nas regiões Nordeste, Centro e Sul do Brasil, conduzidos nos anos agrícolas de 1962/63 a 1967/68, detectaram haver maior capacidade homeostática para os híbridos que as variedades.

De igual forma, NASPOLINI (1975) com os dados de um ano de pesquisa, estudou a estabilidade para peso de espigas e peso de grãos em híbridos simples, híbridos duplos, compostos e variedades, averiguando uma maior tendência à estabilidade nos híbridos simples e compostos, ao contrário das variedades e híbridos duplos.

Informações interessantes são também encontradas no trabalho desenvolvido por COSTA (1976) que estudando o efeito

das interações genótipos x localidades nos Estados do Piauí e Maranhão - Brasil, utilizou dezesseis cultivares de milho, classificados em cinco grupos: populações, variedades melhoradas, híbridos duplos, híbridos simples e um híbrido intervarietal. Pela análise dos dados, observou que o grupo de populações foi o que se mostrou com menor estabilidade fenotípica, com base nas médias de produção, enquanto que o grupo dos híbridos duplos deixou trans- parecer maior capacidade adaptativa. Por outro lado, o híbrido intervarietal Phoenix demonstrou homeostase genética superior aos híbridos duplos, aparecendo com uma alta estabilidade fenotípica de produção.

A discrepância destes resultados deixa os melhoristas de milho em alerta para o problema da interação genótipos x ambientes. Assim é que, SILVA et alii (1963) recomendaram a realização de ensaios em diversas localidades, e, quando da impossibilidade disto, é que se torna conveniente o aumento do número de repetições e anos. Conforme os autores, dois anos parecem ser mais indicativos para ensaios comparativos de cultivares.

Outros resultados foram também relatados por OTSUKA et alii (1972), STUBER et alii (1973) e STUBER E MOLL(1974), a respeito dos efeitos da interação genótipos x ambientes. As conclusões conciliantes entre eles indicam que, a menos que ensaios experimentais sejam efetuados em grande número de localidades, os erros causados pela interação genótipos x ambientes tor-

nam-se maiores em predições de milho híbrido, que os efeitos epistáticos.

Em continuidade ao trabalho de NASPOLINI (1975), LEMOS (1976) estudando as características peso de espigas e peso de grãos, encontrou os maiores valores de interação tratamento x anos para os híbridos simples e duplos, denotando assim, um comportamento menos estável, em comparação com os compostos e variedades que mostraram maior homeostasia às mudanças ambientais sofridas em dois anos.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1 - Material

Os compostos A e B, obtidos no Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", com ampla variabilidade genética, alta produtividade, prolificidade e capacidade heterótica desejáveis nos cruzamentos, constituíram-se no passo inicial para aplicação do método dos híbridos crípticos.

Convém salientar que estes compostos encontravam-se na quinta geração de recombinação, sendo que para sua formação tomaram parte dez populações contidas no banco de germoplasma. A escolha destas dez populações para constituir cada composto "per se", foi baseada em expressões preditivas das estimativas das médias, conforme relatam VENCOVSKY et alii (1970). Inicialmente, em 1968/69, foi feito um dialélico e, em 1969/70 realizaram-se ensaios de produção das populações e respectivos cru-

zamentos entre elas. Na formação do Composto A, tomaram parte as populações: WP 4, WP 7 e WP 25 e, no Composto B, as populações restantes: WP 11, WP 17, WP 24, WP 33, WP 34 e Piracar.

Uma descrição sucinta, quanto às características de origem destas populações, é dada por PATERNIANI (1968), que assim expõe:

- WP 4 : Nariño 330 x Peru 330, Flint Branco.
- WP 7 : Eto Blanco: variedade conhecida de milho flint branco, obtida na Colômbia.
- WP 11 : Porto Rico Gpo. 2: Semi-dentado amarelo.
- WP 12 : Composto Semi-duro amarelo. Compreende uma das melhores coleções intervarietais de flints e semi-flints com dentados (Tuxpeño).
- WP 17 : Antigua Gpo. 2: Semi-flint amarelo do Caribe. Caracteriza-se por ter plantas baixas, precoces, prolíficas e parecem ter resistência à *Laphygma*, bem como alta capacidade de combinação com o Tuxpeño.
- WP 24 : PD (MS) 6: Flint Amarelo de Cuba obtido por seleção massal.
- WP 25 : La Posta: dentado branco. É um Tuxpeño branco de alta produtividade.
- WP 33 : Amarillo Salvadoreno: semi-dentado amarelo.
- WP 34 : Sintético de Flórida: semi-dentado amarelo.
- Piracar : Flint laranja, espigas curtas e algo cônicas. Floresce com cerca de 70 dias, sendo proveniente do México, onde foi obtido de uma combinação de 20 linhagens S_1 .

4.2 - Métodos

4.2.1 - Obtenção dos cruzamentos $S_0 \times S_0$ e $S_1 \times S_1$

Obedeceu-se preliminarmente à metodologia proposta por HALLAUER (1967 a). Os Compostos A e B foram plantados pareadamente, sequenciando-se sempre à cada fileira do Composto A, outra fileira do Composto B e, assim consecutivamente.

Na época do florescimento foi feita a seleção para eliminar as plantas com características agronômicas indesejáveis nos dois compostos. As plantas desejáveis das duas populações eram identificadas através de etiquetas, levando-se a termo a autofecundação da segunda espiga. Os cruzamentos pareados entre plantas dos Compostos A com B e vice-versa, realizados dois dias após a autofecundação, eram também identificados. Tal procedimento possibilita um melhor desenvolvimento da segunda espiga, conforme citam LONNQUIST e WILLIAMS (1967), evitando assim uma dominância apical, caso sejam as duas espigas autofecundadas e cruzadas ao mesmo tempo.

Obtiveram-se desta maneira, mil autofecundações com os respectivos cruzamentos. Em laboratório, procedeu-se a uma seleção para espigas, donde restaram 173 cruzamentos, com as respectivas espigas S_1 em cada composto.

LOPES (1974) utilizando-se destes 173 cruzamentos, realizou ensaios em 1972/73 no município de Piracicaba, SP e, ba

seado essencialmente nos dados de produção, praticou uma seleção branda, elegendo os melhores cruzamentos.

Baseando-se nesses cruzamentos eleitos, em 1973 fez-se uso das respectivas sementes remanescentes S_1 , realizando fora da época normal uma multiplicação das mesmas, pela técnica "sib", dado que as sementes existentes eram insuficientes para continuidade do método.

No ano agrícola 1974/75 plantaram-se 120 pares de linhagens S_1 selecionadas, para prosseguimento do programa. De maneira idêntica ao primeiro ano, foram realizadas autofecundações e cruzamentos, obtendo-se no final, cruzamentos $S_1 \times S_1$ com as respectivas linhagens S_2 .

Em decorrência da escassez de sementes para o estudo, somente 104 cruzamentos $S_1 \times S_1$ puderam ser aproveitados para sequenciar a programação, que faz parte de um projeto do Instituto de Genética.

4.2.2 - Ensaio de produção dos cruzamentos $S_1 \times S_1$

Os delineamentos experimentais empregados para avaliar os 104 cruzamentos ($S_1 \times S_1$), resultantes da segunda geração de intercrossamentos, foram dois látices triplos duplicados, sendo um 9 x 9 e outro 6 x 6. Três repetições de cada um dos látices foram ensaiadas no município de Piracicaba, SP e, outras três no município de Petrolina, Pe., no ano agrícola de 1976/77.

Para os dois locais, o experimento 9 x 9 foi constituído de 75 híbridos crípticos, sendo acrescido da cultivar Centralmex e dos Compostos Dentado e Flint, utilizados no Nordeste e Sudeste do Brasil, perfazendo 81 tratamentos. O experimento 6 x 6 foi formado por 29 híbridos crípticos, acrescentando-se os seis tratamentos adicionais antes mencionados e a cultivar Azteca da região Nordeste.

Os experimentos de Piracicaba, SP, iniciaram-se nos dias 14 e 15 de outubro e, os de Petrolina, Pe., em 8 e 9 de dezembro de 1976.

Em ambos os locais, cada parcela foi representada por uma fileira de 10 metros de comprimento. Utilizou-se o espaçamento de 1,00 metro entre fileiras e 0,40 metros entre plantas dentro de fileiras. Foram colocadas três sementes por cova. Depois do desbaste, realizado 15 dias após o plantio, restaram duas plantas por cova. Dessa forma, em todos os ensaios utilizaram-se parcelas de 50 plantas/10 m², correspondentes a uma população de 50.000 plantas por hectare. Todos os cuidados inerentes à experimentação e aos cultivos comerciais foram aplicados aos tratamentos.

Devido às condições adversas de pluviometria, os ensaios conduzidos em Petrolina, Pe., foram irrigados durante o período de desenvolvimento.

4.2.3 - Coleta de dados

Em todos os ensaios, as seguintes observações foram feitas em cada tratamento:

a) "stand" final - um pouco antes da colheita, foi realizada uma contagem do número de plantas existentes em cada parcela

b) peso das espigas - o total de espigas de cada tratamento, foi pesado conjuntamente, anotando-se o peso resultante em kilogramas;

c) peso das sementes - após a pesagem das espigas, as mesmas foram debulhadas, efetuando-se em seguida o peso dos sabugos. Por diferença entre peso de espigas e de sabugos, foram determinados os rendimentos de cada tratamento em kilogramas;

d) teor de umidade - utilizou-se o aparelho Steinlite Tester, modelo G, para as determinações. Considerou-se uma amostra de 100 gramas de sementes, representativa das espigas de cada tratamento.

Os dados referentes ao peso das sementes foram corrigidos para umidade e "stand". O teor de umidade das sementes foi ajustado para 15,5%, constante para todos os tratamentos, pela seguinte fórmula:

$$PC_{15,5\%} = \frac{PC(1 - U)}{(1 - 0,155)} ,$$

onde, $PC_{15,5\%}$ = peso de campo corrigido para 15,5% de umidade;

PC = peso de campo observado;

U = umidade de campo observada.

Tendo sido estabelecido o "stand" ideal de 50 plantas por parcela, os tratamentos que não apresentavam este número foram corrigidos, conforme a fórmula de ZUBER (1942):

$$PCC = PC_{15,5\%} \times \frac{H - 0,3F}{H - F},$$

onde, PCC = peso de campo corrigido para 15,5% de umidade e "stand" ideal de 50 plantas;

H = "stand" ideal (50 plantas por parcela);

$PC_{15,5\%}$ = peso de campo corrigido para 15,5% de umidade;

F = número de plantas não sobreviventes.

Este ajuste para "stand" ideal acrescenta 0,7 da produção média da parcela para cada falha (planta não sobrevivente), considerando que 0,3 da sua produção é recuperada pelo aumento na produção das plantas vizinhas.

4.2.4 - Análise estatística

Os dados de produção de sementes, corrigidos para umidade e "stand", foram submetidos à análise de variância, de acordo com os delineamentos em látices triplos 9x9 e 6x6. Cada experimento foi analisado individualmente para o local 1 (Piraci

caba, SP) e para o local 2 (Petrolina, Pe.). Essas análises foram feitas no computador eletrônico IBM-1130 do Departamento de Matemática e Estatística (ESALQ-USP).

Uma vez que nos ensaios acima estavam incluídos 6 e 7 tratamentos adicionais, respectivamente, para os locais 1 e 2, continuou-se o estudo, considerando somente os 75 e 29 híbridos crípticos.

Na etapa seguinte realizaram-se as análises conjuntas envolvendo os dois locais. Posteriormente, as análises conjuntas foram agrupadas ("pooled"), através da ponderação pelos graus de liberdade correspondentes aos látices 9x9 e 6x6.

Com base nas análises individuais dos látices triplos duplicados, tomaram-se os erros efetivos para estimar um erro médio (ponderado) para cada local e, logo após, agrupá-los ("pooled") através da ponderação, para se ter um erro efetivo geral para todos os experimentos.

Sequenciando o processo de análises, com base nas médias ajustadas dos tratamentos, determinou-se as variâncias fenotípicas para cada experimento, em cada local. A partir dessas variâncias encontrou-se uma variância média (ponderada), para o local 1 e outra para o local 2.

Como o principal intento é verificar a presença ou não da interação, o passo seguinte foi a realização de uma análise conjunta, somente dos 104 híbridos crípticos, efetivada pelo

agrupamento ("pooled"), ponderando os respectivos graus de liberdade.

Considerou-se os efeitos de tratamentos e locais como aleatórios e, através a esperança do quadrado médio, estimou-se a variância genética de tratamentos, como também da interação tratamentos por locais.

Voltou-se outra vez para o estudo da correlação genética, sem envolvimento dos tratamentos adicionais, obtendo-se a correlação do experimento 9x9 dos locais 1 e 2 e, do experimento 6x6 dos locais 1 e 2.

4.2.5 - Decomposição da interação tratamentos x locais

A decomposição da interação entre tratamentos e locais em simples e complexa, é imprescindível ao melhorista para a condução de futuros trabalhos. Para tal fim, obedeceu-se à recomendação de ROBERTSON (1959), que visa isolar do quadrado médio da interação tratamentos por locais, o componente devido à diferença na variação entre tratamentos dentro de cada local e, o componente devido à falta de correlação entre os tratamentos de um local para outro. A expressão abaixo indicada, adaptada para quadrados médios, foi retirada de COCKERHAM (1963):

$$Q_{TL}(L_1L_2) = \frac{(\sqrt{Q_{TL_1}} - \sqrt{Q_{TL_2}})^2}{2} + (\sqrt{Q_{TL_1} \cdot Q_{TL_2}}) (1 - \bar{r}_{L_1L_2}) ,$$

ou,

$$Q_{TL}(L_1L_2) = A_{L_1L_2} + B_{L_1L_2},$$

onde, $Q_{TL}(L_1L_2)$ = quadrado médio da interação tratamentos com locais (ver tabela 8);

Q_{TL_1} = variância (ponderada) entre as médias dos tratamentos no local 1;

Q_{TL_2} = variância (ponderada) entre as médias dos tratamentos no local 2;

$\bar{r}_{L_1L_2}$ = correlação média entre os locais 1 e 2;

$A_{L_1L_2}$ = componente responsável pela interação simples;

$B_{L_1L_2}$ = componente responsável pela interação complexa.

O cálculo da correlação (\bar{r}) entre os tratamentos nos locais 1 e 2, baseou-se na fórmula de FISHER,

$$\bar{r} = \frac{\sum(n_i - 3) z_i}{\sum(n_i - 3)},$$

e na tabela A.12, ambas sendo encontradas em STEEL e TORRIE(1960).

Na fórmula anterior:

\bar{r} = coeficiente de correlação média dos 104 tratamentos nos locais 1 e 2;

n_i = número de tratamentos no experimento i , correspondente aos látices 9x9 e 6x6;

z_i = correlações individuais transformadas, com a finalidade de obter uma aproximação à distribuição normal, correspondentes aos látices 9x9 e 6x6.

4.2.6 - Seleção e progresso esperado.

Simulou-se uma porcentagem de seleção branda (40%) sobre os 104 tratamentos, para cada local, concordante com HALLAUER (1967 a), que recomenda a escolha de 30 a 50% dos cruzamentos superiores.

Os cálculos dos diferenciais de seleção, bem como os progressos esperados, são vistos com maiores detalhes nos Apêndices 1 e 2.

4.2.7 - Correlação genética e correlações intraclases.

O estudo da interação foi complementado com o cálculo das correlações intraclases dos locais 1 e 2, bem como da correlação genética, conforme consta no Apêndice 4.

5. RESULTADOS

É interessante ressaltar, de início, que a característica peso de sementes, constituiu-se no fator primordial do presente estudo.

As médias dos tratamentos ajustados para os látices triplos duplicados 9x9 e 6x6, levando em conta os 81 e 36 tratamentos, nos dois locais, acham-se discriminadas nas tabelas 1 e 2, bem como pode-se perceber que estas tiveram valores compreendidos entre 2,99 a 6,92 kg/10 m².

Para o látice 9x9 em Piracicaba, SP, pode-se constatar a amplitude de variação de 5,22 a 8,25 kg/10 m², enquanto que em Petrolina, Pe., verifica-se a oscilação de 1,89 a 4,13 kg/10 m². Tomando-se por base o melhor tratamento adicional em cada local, na tabela 1, verifica-se que 19 e 11 híbridos crípticos tiveram produções superiores, correspondentes respectivamente aos locais 1 e 2.

Para o látice 6x6 observa-se uma faixa de variação de 5,15 a 7,53 kg/10 m² e 2,41 a 4,84 kg/10 m², correspondentes aos locais 1 e 2. Nenhum híbrido críptico mostrou-se superior ao melhor tratamento adicional em Piracicaba, SP, entretanto, em Petrolina, Pe., seis cruzamentos revelaram-se superiores, conforme identifica-se na tabela 2.

As tabelas 3 e 4 evidenciam os 40% de cruzamentos mais produtivos, correspondendo a 30 e 12 tratamentos, cujas médias gerais de produção foram 7,57 e 6,92 kg/10 m², bem como 3,46 e 4,21 kg/10 m², referentes respectivamente aos experimentos 9x9 e 6x6 nos locais 1 e 2. Esta suave intensidade de seleção foi feita apoiada nas recomendações de HALLAUER (1967 a).

Com base nas tabelas 3 e 4 construíram-se as tabelas 5 e 6, onde são visualizados os tratamentos em comum para cada experimento nos dois locais. Desta forma, observou-se que para os ensaios 9x9, com 20 tratamentos em comum, existe 46,6% de repetibilidade, enquanto que para os ensaios 6x6, com 6 tratamentos em comum, foi observado 50% de repetibilidade. Por outro lado, as tabelas 5 e 6 mostram ainda a classificação dos tratamentos em comum nos dois ambientes, onde se averigua na tabela 5, uma discrepância razoavelmente grande para a classificação dos tratamentos, sendo, todavia, constatada uma quase uniformidade na tabela 6.

As análises de variâncias para os látices triplos duplicados 9x9 e 6x6, considerando os totais de 81 e 36 tratamentos, nos dois locais, encontram-se nas tabelas 7 e 8. Acrescentam-se-lhes a eficiência dos delineamentos em látice em relação aos de blocos ao acaso, cuja variação foi de 109,7% a 136%, bem como, dados dos coeficientes de variação que oscilaram de 11,2% a 23,1%. Feita a aplicação do teste F para tratamentos ajustados, detectou-se significância para os tratamentos, exceto para o experimento 6x6 do local 1 (Piracicaba, SP).

A tabela 9 evidencia a análise conjunta do experimento 9x9 e 6x6 dos dois locais, mostrando ainda o coeficiente de variação de 9,91% e 10,66%, respectivamente.

O agrupamento ("pooled") das análises anteriores, pode ser verificado na tabela 10. Diferenças altamente significativas foram encontradas, com a aplicação do teste F, para a interação tratamentos x locais.

O cálculo da correlação genética (L_1L_2) para cada ensaio, obteve os valores de 0,31 para o experimento 9x9 e 0,30 para o experimento 6x6.

O adicionamento de 6 e 7 tratamentos para os experimentos 9x9 e 6x6, consecutivamente, poderiam estar mascarando os resultados obtidos, donde, segundo VENCovsky (*), faz-se necessá

(*) VENCovsky, R., 1977. Informação Pessoal. Departamento de Genética, ESALQ/USP.

rio a realização de novo estudo, levando-se em conta tão somente os 104 híbridos crípticos contidos nos experimentos.

Além de investigar e decompor a interação tratamentos por locais, planejou-se estimar o progresso esperado em cada local, outrossim, selecionar no local 1 e verificar o progresso no local 2. Assim é que, os erros efetivos contidos nas tabelas 7 e 8, serviram de base para o cálculo de um erro efetivo médio (ponderado) para cada local, e a partir destes, encontrou-se um erro efetivo geral ("pooled"), para o conjunto de experimentos, conforme consta nas tabelas 11 e 12.

As variâncias fenotípicas para os experimentos de cada local, conforme tabela 13.A, foram agrupadas ("pooled") através da ponderação pelos respectivos graus de liberdade, originando variâncias médias, segundo infere-se na tabela 13.B. A partir destes dados, tornou-se a fazer uma estimativa para as variâncias dos tratamentos em Piracicaba, SP e Petrolina, Pe., cujos valores foram 0,2074 e 0,1206. Adicionam-se ainda, os dados de coeficientes de variação genéticos 6,7% e 11% e, coeficientes de variação experimental de 11,4% e 24,5%, correspondentes aos locais 1 e 2.

Os quadrados médios e a esperança dos quadrados médios atinentes a tratamentos, interação tratamentos por locais e erro médio, são revelados pela análise conjunta ("pooled"), conforme mostra a tabela 14. Partindo-se destes dados, obteve-se uma

estimativa geral para a variância de tratamentos e da interação, cujos valores foram 0,1125 e 0,0511. O coeficiente de variação experimental apresentou valor de 8,98%.

A decomposição da interação tratamentos por locais, conforme se pode verificar no Apêndice 5, mostrou o valor de 0,0078 para a parte simples e, 0,2418 para a parte complexa, correspondentes a 3,125% e 96,875% respectivamente.

Em função da branda porcentagem de seleção praticada (40%), conforme mostram as tabelas 3 e 4, foi estimado o progresso esperado no próximo ciclo para o local 1 (0,29424 kg/10m²) e local 2 (0,21495 kg/10m²), correspondentes às porcentagens de 4,3 e 6,68%. Os cálculos destes progressos encontram-se nos Apêndices 1 e 2.

Os 40% dos tratamentos selecionados em Piracicaba, SP, foram reconhecidos em Petrolina, Pe., e a partir destes, estimou-se um progresso, segundo indica o Apêndice 3, cujo valor obtido foi de 0,05954 kg/10m², sendo, portanto, em termos percentuais, equivalente a 1,88%.

Determinaram-se as correlações intra-classes — 0,5110 e 0,3779 — correspondentes aos locais 1 e 2, bem como a correlação genética L_1L_2 , cujo valor foi de 0,1588. Todas estas estimativas afiguram-se em detalhes no Apêndice 4.

6. DISCUSSÃO

Um exame cuidadoso na média de todos os tratamentos é surpreendente ao leitor, onde deparar-se-á quase que constantemente com o dobro da produção de um local para o outro. Entretanto, não é de se estranhar tais nuances, quando se tem em mente a divergência de ambientes onde os tratamentos foram ensaiados. É ponto pacífico entre os melhoristas, que por melhores que sejam os genótipos, e se testados em dois ambientes contrastantes, os indivíduos não expressarão seu potencial genético com a mesma intensidade. Isto foi o que ocorreu: o local 1 (Piracicaba, SP), apresentou condições favoráveis de temperatura, clima e solo ideais ao cultivo do milho, enquanto que, o local 2 (Petrópolis, Pe.) concorreu quase que com a maioria destes fatores em oposição.

Estes resultados obtidos já eram esperados, uma vez que se pode constatar em MIRANDA e COSTA (1970, 1972), COSTA

(1973, 1976) e NASPOLINI et alii (1976) que as produções do Nordeste sempre giram em torno de 3.000 a 4.000 kg/ha, quando se levam materiais de base genética ampla da região Sudeste e lá são ensaiados. Por outro lado, existe uma rica literatura para consolidar os resultados destes mesmos materiais quando testados na região Sudeste. Assim é que, PATERNIANI (1970 a, b), PATERNIANI (1971, 1976), TORRES SEGOVIA (1976), LIMA et alii (1977), utilizando-se dos mesmos tratamentos adicionais, encontraram sempre uma produção média em torno de 6.000 a 8.000 kg/ha.

As análises individuais de variâncias dos látices triplos duplicados 9x9 e 6x6 confirmam, através do teste F, o comportamento diferencial dos tratamentos, bem como, os coeficientes de variação experimental mostram a variação de ambientes dentro de cada local e para cada experimento.

A alta significância encontrada para a interação tratamentos por locais, quando se efetuou a análise agrupada ("pooled") com os 117 tratamentos, revelou uma ação diferencial dos genótipos em diferentes ambientes. Isto já era de se esperar, dado que, uma simples observação nos tratamentos adicionais, para os dois locais, já fornece uma idéia da reversão de comportamento dos mesmos. Por outro lado, verificando-se conjuntamente a classificação dos tratamentos em comum, nas tabelas 5 e 6, comprova-se também esta mudança. Isto foi confirmado pelos valores das correlações genéticas obtidos, os quais se

mostraram razoavelmente baixos.

Comparando-se, entretanto, os 104 híbridos crípticos testados ou mais facilmente, os 40% de cruzamentos selecionados com os tratamentos adicionais, nota-se a superioridade de 19 e 17 cruzamentos, correspondentes aos locais 1 e 2. Por sua vez, deve-se salientar que, estes tratamentos adicionais são amplamente empregados na região Nordeste, e em parte na região Sudeste.

Desta forma, mesmo com a detecção da interação genótipos x localidades, os resultados obtidos não invalidam o presente trabalho, uma vez que as médias dos tratamentos selecionados, conforme sugestão de HALLAUER (1967 a) estão dentro dos limites esperados para cada ambiente.

Cabe, portanto, ao melhorista, usar sua engenhosidade, e aplicar um método de melhoramento menos sofisticado, e que se coadune para cada ambiente. O essencial é que faça um aproveitamento da variabilidade genética, procurando elevar sempre mais a produtividade e, deste modo, o agricultor possa usufruir de um retorno econômico, mais ou menos alto e estável. Aliás, convém lembrar, desde o limiar dos trabalhos de melhoramento com milho, conforme menciona BEAL (1877), até os dias atuais, esta foi sempre a meta final.

Sugere-se, tendo em vista as irregularidades de clima, solo e, essencialmente de chuvas, a obtenção de materiais de base genética ampla para a região Nordeste. Isto pode ser con

seguido, conforme o procedimento proposto por SPRAGUE e JENKINS (1943), para a obtenção de variedades sintéticas, ou então, por meio de outros esquemas de melhoramento, como a seleção de famílias de irmãos germanos, sugerida por HARLAND (1946), a seleção recorrente para capacidade geral de combinação, aconselhada por JENKINS (1940), bem como através da seleção recorrente baseada no comportamento de progênies S_1 .

Uma outra maneira de um possível aproveitamento das melhores linhagens S_2 , seria a formação de compostos. Segundo ZINSLY (1976), além de se poder aproveitar a heterose entre os compostos, na obtenção de linhagens, o efeito da endogamia torna-se menos acentuado, em virtude de que os genes deletérios foram eliminados em parte durante o processo da autofecundação.

Um procedimento desta natureza seria válido tanto para aumentar a produtividade, quanto para amenizar o grave problema da obtenção de sementes, bem como para diminuir os efeitos da interação genótipos x ambientes. Sabe-se que uma variedade sintética possui uma base genética ampla, e isto conforme os trabalhos de SPRAGUE e JENKINS (1943), SPRAGUE e FEDERER (1951), SPRAGUE (1955 a), JONES (1958), ADAMS e SHANK (1959), RUSCHEL (1970 a, b), MIRANDA e COSTA (1972) e diversos outros autores, além de interagir menos com os ambientes, confere como um subproduto, uma maior homeostase à população.

Considerando-se a região Sudeste brasileira como agronomicamente mais desenvolvida, dispondo, pois, de maior número de pessoal capacitado e, dado que as condições ambientais são mais ou menos constantes de ano para ano, sugere-se a continuidade do programa para a obtenção de linhagens. Prende-se a presente recomendação, ao fato de que a produtividade média de alguns híbridos crípticos $S_1 \times S_1$ mostrarem-se superiores aos melhores híbridos comerciais da região, crendo-se, pois, na viabilidade de se encontrarem linhagens para a síntese de híbridos de alta produtividade.

Torna-se válido destacar que, apenas a característica peso de sementes, foi levada em consideração, deixando-se de lado os atributos agrônômicos, os quais são extremamente importantes para obtenção de linhagens promissoras. ZINSLY (1976), apoiando-se no fato de que as linhagens obtidas em nossas condições sofrem bastante acamamento, bem como, que a prolificidade de cresce com as sucessivas autofecundações, julgou inviável a produção de linhagens, pelo método dos híbridos crípticos, como originalmente proposto.

Entretanto, conforme se pode verificar, tanto nas tabelas 1 e 2 como 3 e 4, os 19 híbridos crípticos mais produtivos, em relação ao melhor tratamento adicional, continuam sendo como um reflexo de cruzamentos que envolveram plantas superiores nas duas populações paternas, como consequência de um melhora-

mento anterior dessas populações, LONNQUIST e WILLIAMS (1967). Deste modo, os resultados obtidos inferem com os de LONNQUIST (1951, 1961) e PATERNIANI (1966, 1969), os quais recomendaram o melhoramento de populações para se tornarem mais eficientes como fontes de linhagens.

Sugere-se ainda, que para continuidade do programa, em vez de serem levadas a campo apenas os 42 cruzamentos selecionados, que correspondem a 42 pares de linhagens S_2 , sejam escolhidos outros cruzamentos testados, bem como linhagens S_2 que tiveram comportamentos agronômicos bons, mas, que por um impecilho qualquer não produziram sementes nos cruzamentos. Espera-se assim que, quanto maior a amostragem, maiores possibilidades para obtenção de boas linhagens.

O comportamento de diferentes genótipos em ambientes diversificados é importante ao melhorista não só sob o ponto de vista da grandeza ou não da interação, mas adquire um cunho essencialmente prático, onde se faz valer de múltiplas possibilidades, para um aproveitamento apropriado do potencial genético existente no material. Uma valiosa ferramenta, bastante usada pelos melhoristas, é a estatística, ou mais precisamente, a genética quantitativa. Alia-se assim, a prática com a teoria; as duas têm que permanecer lado a lado.

Assim sendo, sabe-se que a análise conjunta pode, muitas vezes, estar influenciada pelos tratamentos adicionais, co

mo no caso do presente estudo, daí então a necessidade de separá-los dos tratamentos de interesse à pesquisa.

Segundo VENCovsky (*) a avaliação correta para a detecção da magnitude do fenômeno deverá conter somente o material de interesse para o estudo a que se propõe inicialmente. No caso presente, isto constituiu-se em 104 híbridos crípticos, resultantes da segunda geração de intercruzamentos, razão pela qual o estudo é dirigido para este fim.

O quadrado médio do erro efetivo do local 1 (Piracicaba, SP), quando posto em confronto com o do local 2 (Petrolina, Pe.), parece indicar que houve uma maior variação entre blocos incompletos no primeiro ambiente que no segundo. Apesar disto, considerando-se o quadrado médio ("pooled") de tratamentos, constatou-se uma maior expressão dos genótipos dentro do primeiro ambiente.

A apreciação das variâncias genéticas dos tratamentos, de grande interesse para o presente estudo, mostra em Piracicaba, SP, valor 1,72 vezes maior que em Petrolina, Pe. Talvez isto possa ser explicado pelas melhores condições ambientais existentes em Piracicaba, SP, conforme indicam os dados de literatura, mencionados no início da discussão.

A variabilidade genética do material foi medida

(*) VENCovsky, R., 1977. Informação Pessoal. Departamento de Genética, ESALQ/USP.

através da determinação do coeficiente de variação genética. É importante ressaltar que, para a característica peso de sementes, em nossas condições, este coeficiente raramente excede 10%, estando sempre em torno de 7%; desta forma os genótipos testados possuem ainda grande variabilidade genética, tornando-se possível obter substancial progresso. Espera-se também, que esta variabilidade genética não venha a sofrer queda sensível, tendo em vista não só a fraca intensidade de seleção, como também a base genética ampla dos compostos iniciais, conforme salientaram VENCOVSKY et alii (1970).

Considerando como um dos objetivos essenciais o estudo da interação, o valor do quadrado médio obtido para a interação tratamentos x locais, quando comparado com o erro médio, evidenciou significância estatística ao nível de 5% de probabilidade, encontrando-se também para tratamentos, diferenças altamente significativas. O coeficiente de variação experimental com o valor de 8,98%, conforme foi estimado, pode ser considerado excelente.

A decomposição do quadrado médio da interação tratamentos por locais é fator imprescindível ao melhorista, dando-lhe subsídios para averiguar se existem possibilidades de praticar a seleção do material em um local e extrapolar para outras regiões. Assim, neste estudo, verificou-se que 3,125% da interação é do tipo simples, enquanto que 96,875% é do tipo complexa,

sendo esta última o grande entrave para distribuição do material. Esta informação é soberbamente valiosa para o melhorista; assim é que, anteriormente, sugeriu-se métodos de melhoramento específicos para cada região. Conforme ROBERTSON (1959), isto é atribuído à falta de correlação entre os tratamentos de um para outro local.

Uma confirmação para o resultado anterior é dada pelas correlações intraclasses. Estas coadunam-se perfeitamente com a interação tipo simples, enquanto que a correlação genética pode explicar a interação complexa.

Conforme FALCONER (1964), estas correlações intraclasses dão uma idéia da repetibilidade do material entre as repetições de cada ambiente. Quando esta correlação apresenta um valor baixo, como no caso do ambiente 2, sugere-se que o número de repetições em futuros trabalhos deverá ser aumentado, a fim de se proceder a uma escolha acertada, baseada na média de repetições.

Ora, levando-se em consideração que os ensaios foram conduzidos somente num ano e em dois locais, é de se esperar que a interação seja manifestada, pois, de acordo com SILVA et alii (1963), OTSUKA et alii (1972), STUBER et alii (1973) e STUBER e MOLL (1974) os materiais devem ser testados em diversas localidades e, dois anos, comentam SILVA et alii (1963), parecem fornecer uma melhor indicação para comparação de cultivares.

Usando materiais de base genética ampla e restrita, NASPOLINI (1975) e LEMOS (1976), com dados de um e dois anos de pesquisa respectivamente, encontraram resultados contraditórios de estabilidade para as características peso de espigas e de sementes. O primeiro autor verificou maior estabilidade para híbridos simples, enquanto que o segundo, encontrou esta maior estabilidade para os materiais de base genética ampla, o que vem também a apoiar a sugestão de SILVA et alii (1963).

Apesar da branda porcentagem de seleção praticada (40%), conforme preceituou HALLAUER (1967 a), os progressos esperados para cada local podem ser considerados como bons, caso o programa tenha continuidade.

A inexistência de dados na literatura, referentes especificamente ao método de obtenção de híbridos crípticos, torna impossível a realização de comparações para estes progressos estimados.

O método da seleção recorrente recíproca com famílias de irmãos germanos, proposto por HALLAUER e EBERHART (1970), é o que mais apresenta semelhança com o anterior. Assim é que, o próprio HALLAUER (1973), fazendo uso desse método, em um único ciclo de seleção, encontrou progressos para as populações "per se", mas, nenhum progresso foi confirmado para o híbrido interpulacional.

Uma indicação de que a média dos cruzamentos $S_0 \times S_0$ foram superiores em relação à média das testemunhas, foi fornecida pelos resultados do trabalho de MORO et alii (1974), onde foi usada a metodologia anteriormente citada. Com estes dados preliminares, acreditaram nos germoplasmas testados, para posteriores trabalhos de melhoramento.

Aproveitando a sugestão de VENCOVSKY (*), os 40% melhores genótipos identificados em Piracicaba-SP, foram reconhecidos em Petrolina-Pe. A partir destes, efetuou-se uma estimativa para o progresso. O resultado obtido mostrou um valor muito baixo. Isto serviu claramente para confirmar a interação complexa, conforme preconizou ROBERTSON (1959).

(*) VENCOVSKY, R., 1977. Informação Pessoal. Departamento de Genética, ESALQ/USP.

7. CONCLUSÕES

Nas condições do presente trabalho, os resultados obtidos para a característica peso de sementes, permitem relacionar as seguintes conclusões:

1 - por melhores que sejam os genótipos, faz-se necessário dar condições ambientais favoráveis, para manifestação do seu potencial genético.

2 - Os coeficientes de variação genéticos estimados, mostram variabilidade suficiente para futuros progressos, confirmando também a base genética ampla das populações iniciais.

3 - Os genótipos testados exibiram significância para a interação tratamentos por locais, sendo esta predominantemente do tipo complexa.

4 - Para cada local, o progresso esperado na próxima avaliação de híbridos crípticos, resultantes da terceira geração de in

tercruzamentos, demonstra existir possibilidades de seleção para a característica estudada.

5 - As correlações intraclasses indicaram que a repetibilidade dos 104 tratamentos em Piracicaba, SP, foi satisfatória, sendo fraca em Petrolina, Pe.

6 - O valor do progresso esperado em Petrolina, Pe., com base na seleção praticada em Piracicaba, SP, bem como a correlação genética entre os dois locais, confirmam a impossibilidade de selecionar num local e extrapolar para outras áreas, quando existe interação complexa.

7 - Acredita-se que, com base nos cinco melhores cruzamentos que tiveram repetibilidade nos ensaios para os dois locais, a formação de compostos a partir das respectivas linhagens remanescentes seria uma boa opção para a região Nordeste.

8 - De modo geral, um aproveitamento do material estudado para a região Nordeste, seria a obtenção de tipos que apresentem bases genéticas amplas, segundo foi sugerido.

10 - Tudo parece crer que o método dos híbridos crípticos para obtenção de linhagens, de conformidade com as ponderações e sugestões apresentadas, revele resultados para a região Sudeste.

8. SUMMARY

The present work has been carried out to study the interaction genotypes x localities in the second generation of intercrosses of cryptohybrids of maize in two Brazilian regions: Southeast and Northeast. The original populations corresponds to Composto A and Composto B, synthetic composites of the Instituto de Genética, ESALQ. Both composites were of high productivity, including also its crosses and had shown genetic variability.

Through two triple lattices duplicated, 9x9 and 6x6, there were evaluated 104 treatments in three repetitions for each region, Piracicaba, SP, and Petrolina, PE. These experiments were composed of six and seven additional treatments, respectively and was considered the seed weight character for analysis.

The estimated genetic variation coefficients have indicated sufficient genetic variability for continuity of this breeding program and agree with previous estimates about the broad genetic base of original populations.

Interaction studies of genotypes x localities presented statistic significance. Interaction partitioning have shown to be most due to a complex type (96,875%) and the simple type (3,125) being of little influence in the final value. A confirmation of these results is given by the estimated values of intra-classes correlation coefficients and by genetic correlation. It is suggested for the Northeast region to use the tested treatments to conduct a breeding program through simple methods to obtain populations of broad genetic base. Also it is considered to develop the cryptic hybrid method for the Southeast region, with could be an usefull method for superior strains production.

The values obtained by expected progress in each locality indicate a possible selection progress. Based on the 40% superior genotypes detected in Piracicaba, SP, it was identified the corresponding genotypes in Petrolina, Pe. These were used to estimate the expected progress which indicated a low progress, a confirmation of the complex nature for the detected interaction.

9. LITERATURA CITADA

ADAMS, M.W. e D.B. SHANK, 1959. The relationship of heterozygosity to homeostasis in maize hybrids. Genetics. Austin, 44: 777-786.

ALLARD, R.W. e A.D. BRADSHAW, 1964. Implications of Genotype-Environmental Interactions in Applied Plant Breeding. Crop Science. Madison, 4: 503-508.

BEAL, W.J., 1877. Report of the Professor of Botany and Horticulture. Rept. Mich. Bd. Agr.: 41-59. In: SPRAGUE, G.F., 1955. Corn and Corn improvement. New York, Acad. Press.Inc. Publ. p. 221-292.

CASTRO, G.M., C.O. GARDNER e J.H. LONNQUIST, 1968. Cumulative Gene Effects and the Nature of Heterosis in Maize Crosses Involving Genetically Diverse Races. Crop Science. Madison, 8: 97-101.

COCKERHAM, C.C., 1963. Estimation of Genetic Variances. In: HANSON, W.D. e H.F. ROBINSON, Ed. Statistical Genetics and

- Plant Breeding. Washington, National Academy of Sciences - National Research Council, nº 982. p. 53-94.
- COSTA, S.N., 1973. Competição de cultivares de milho no Nordeste. In: Anais do IV Seminário Brasileiro de Sementes. Fortaleza, Ce.
- COSTA, S.N., 1976. Interação cultivares de milho (Zea mays, L.) x anos x localidades nos Estados do Piauí e Maranhão - Brasil. Piracicaba, ESALQ/USP, 82 p. (Dissertação de Mestrado).
- EAST, E.M., 1908. Inbreeding in corn. Rept. Connecticut Agr. Expt. Sta. for 1907., pp. 419-428. In: SPRAGUE, G.F., 1955. Corn and corn improvement. New York, Acad. Press. Inc. Publ. p. 221-292.
- EAST, E.M., 1909. The distinction between development heredity in inbreeding. American Naturalist. Lancaster, 43: 173-181. In: SPRAGUE, G.F., 1955. Corn and corn improvement. New York, Acad. Press. Inc. Publ. p. 221-292.
- EBERHART, S.A. e W.A. RUSSEL, 1966. Stability parameters for comparing varieties. Crop Science. Madison, 6: 36-40.
- FALCONER, D.S., 1964. Introduction to quantitative genetics. 3a. imp. New York, The Ronald Press Company. 365 p.
- HALLAUER, A.R., 1967 a. Development of Single-Cross Hybrids from Two-Eared Populations. Crop Science. Madison, 7: 192-195.
- HALLAUER, A.R., 1967 b. Performance of single cross hybrids developed from two-ear varieties. Proc. Hybrid Corn Industry Research Conf. Chicago, 22: 74:81.

- HALLAUER, A.R. e S.A. EBERHART, 1970. Reciprocal full-sib selection. Crop Science. Madison, 10: 315-316.
- HALLAUER, A.R., 1973. Hybrid development and population improvement in maize by reciprocal full-sib selection. Egypt. J. Genet. Cytol. Cairo, 2: 84-101.
- HARLAND, S.C., 1946. A new method of maize improvement. Tropical Agriculture. Saint Augustine, 23: 114.
- JENKINS, H.T., 1940. The segregation of genes affecting yield of grain in maize. Journal of the American Society of Agronomy. Madison, 32: 55-63.
- JONES, D.F., 1958. Heterosis and homeostasis in evolution and applied genetics. The American Naturalist. Lancaster, 92: 321-328.
- LEMONS, M.A., 1976. Variabilidade fenotípica em híbridos simples, híbridos duplos, variedades e compostos de milho (Zea mays, L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 62 p. (Tese de Doutorado).
- LIMA, M.; E. PATERNIANI e R. VENCOVSKY, 1977. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho Dentado Composto. Suplemento de Ciência e Cultura. São Paulo, 29: 727.
- LONNQUIST, J.H., 1949. The development and performance of synthetic varieties of corn. Agronomy Journal. Madison, 41: 1531-1561.
- LONNQUIST, J.H., 1951. Recurrent selection as a means of modifying combining ability in corn. Agronomy Journal. Madison, 43: 311-315.

- LONNQUIST, J.H., 1961. Progress from recurrent selection procedures for the improvement of corn populations. Agr. Exp. Sta. Res. Bull. Nebraska, 33 p.
- LONNQUIST, J.H. e N.E. WILLIAMS, 1967. Development of maize hybrids through selection among full-sib families. Crop Science. Madison, 7: 368-370.
- LOPES, A.M., 1974. Avaliação de híbridos crípticos entre dois compostos de milho (Zea mays, L.) na primeira geração de intercruzamento. Piracicaba, ESALQ/USP, 55 p. (Dissertação de Mestrado).
- MAGNAVACA, R., 1973. Aplicação do método dos híbridos crípticos para obtenção de linhagens de milho (Zea mays, L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 52 p. (Dissertação de Mestrado).
- MIRANDA, P. e S.N. da COSTA, 1970. Competição de cultivares de milho no Nordeste 1967-1968. In: Anais do III Seminário Brasileiro de Sementes. Recife, Pe.
- MIRANDA, P. e S.N. da COSTA, 1972. Competição de Cultivares de milho no Nordeste 1969-1970-1971. In: IX Reunião Brasileira de Milho, Recife, Pe.
- MORO, J.R.; J.R. ZINSLY e E. PATERNIANI, 1974. Seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos germanos de milho (Zea mays, L.). In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 8, p. 139-147.
- MORROW, G.E. e F.D. GARDNER, 1893. Field experiments with corn. III Agr. Exp. Sta. Bull. 2. In: JUGENHEIMER, R.W., 1958. Hy-

brid maize breeding and seed production. Rome, FAO. 432 p.

NASPOLINI F^o, V., 1975. Variabilidade fenotípica e estabilidade em híbridos simples, híbridos duplos, variedades e compostos de milho (Zea mays, L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 68 p. (Dissertação de Mestrado).

NASPOLINI F^o, V.; M.A. QUEIROZ; M.X. SANTOS; S.T. BARROS e E. PATERNIANI, 1976 a. Avaliação de famílias de meios irmãos no milho Dentado Composto, no nordeste brasileiro. Suplemento de Ciência e Cultura. São Paulo, 28: 260.

NASPOLINI F^o, V.; M.A. QUEIROZ; M.X. SANTOS; G.A. BRASIL; E. PATERNIANI e S.N. COSTA, 1976 b. Avaliação de famílias de meios irmãos no milho flint composto, no nordeste brasileiro. Suplemento de Ciência e Cultura. São Paulo, 28: 260.

OTSUBA, Y., S.A. EBERHART e W.A. RUSSEL, 1972. Comparison of prediction formulas for mayze hybrids. Crop Science. Madison, 12: 325-331.

PATERNIANI, E., 1965. Seleção Recorrente para Capacidade Geral de Combinação em Milhos da América Central. Ciência e Cultura. São Paulo, 17: 555-559.

PATERNIANI, E., 1966. Genética e Melhoramento do Milho. In: Cultura e adubação do milho. São Paulo, Inst. Bras. Potassa, cap. 4, p. 109-151.

PATERNIANI, E., 1968. Formação de compostos de milho. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 2, p. 102-108.

- PATERNIANI, E., 1969. Melhoramento genético de populações de milho. In: KERR, W.E., ed., 1966. Melhoramento e Genética. São Paulo, USP, cap. 2, p. 39-59.
- PATERNIANI, E., 1970 a. Avaliação do milho Dentado Composto. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 4, p. 101-104.
- PATERNIANI, E., 1970 b. Avaliação do milho Flint Composto. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 4, p. 105-106.
- PATERNIANI, E., 1971. Melhoramento do milho Centralmex. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 5, p. 136-137.
- PATERNIANI, E., 1976. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos nas populações Dentado Composto e Flint Composto. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 10, p. 161-162.
- ROBERTSON, A., 1959. The Sampling Variance of the Genetic Correlations Coefficient. Biometrics. Raleigh, 15: 469-485.
- RUSCHEL, R., 1968. Interação genótipos x localidades na região Centro-Sul em milho (Zea mays, L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 60 p. (Dissertação de Mestrado).
- RUSCHEL, R., 1970 a. Análise da produtividade de cultivares sintéticos e híbridos de milho. Pesquisa Agropecuária Brasileira. Rio de Janeiro, 5: 345-350.

- RUSCHEL, R., 1970 b. Influência das condições ambientais na produção de cultivares de milho originados por diferentes métodos. Pesquisa Agropecuária Brasileira. Rio de Janeiro, 5: 243-250.
- RUSCHEL, R. e A. de F. PENTEADO, 1970. Análises dos componentes de variância de duas classes de cultivares de milho e estimativa do progresso genético médio em ensaios de produção. Pesquisa Agropecuária Brasileira. Rio de Janeiro, 5: 381-388.
- SHULL, G.H., 1908. The composition of a field of maize. Am. Breed. Assoc. Rept., 4: 296-301. In: SPRAGUE, G.F., 1955. Corn and corn improvement. New York, Acad. Press Inc. Publ. p. 221-292.
- SHULL, G.H., 1909. A pure line method of corn breeding. Am. Breed. Assoc. Rept., 5: 51-59. In: SPRAGUE, G.F., 1955. Corn and oorn improvement. New York. Acad. Press. Inc. Publ. p. 221-292.
- SILVA, W.J.; L.T. de MIRANDA e G.P. VIEGAS, 1963. Estimativa do progresso genético médio em ensaios de cultivares de milho. Bragantia. Campinas, 22: 247-258.
- SILVA, W.J., 1970. Híbridos crípticos em populações melhoradas de milho. In: IX Reunião Brasileira de Milho, Porto Alegre, p. 44-46.
- SPRAGUE, G.F., 1955 a. Repetitions vs. locations. Proceedings of Tenth Annual Hybrid Corn Industry Research Conference. American Seed Trade Association, p. 10-13.

- SPRAGUE, G.F., 1955 b. Corn Breeding. In: Corn and corn improvement. New York, Acad. Press Inc. Publ. p. 221-292.
- SPRAGUE, G.F. e W.T. FEDERER, 1951. A comparison of variance components in corn yield trials. I. Error year x variety, location x variety and variety components. Agronomy Journal. Madison, 43: 535-541.
- SPRAGUE, G.F. e M.T. JENKINS, 1943. A comparison of synthetic varieties, multiple crosses, and double crosses in corn. Journal of the American Society of Agronomy. Madison, 35: 137-147.
- STEEL, R.G.D. e J.H. TORRIE, 1960. Principles and Procedures of Statistics. New York, McGraw-Hill Book Company. 481 p.
- STUBER, C.W.; W.P. WILLIAMS e R.H. MOLL, 1973. Epistasis in maize (Zea mays, L.). III. Significance in predictions of hybrid performances. Crop Science. Madison, 13: 195-200.
- STUBER, C.W. e R.H. MOLL, 1974. Epistasis in maize (Zea mays, L.). IV. Crosses among lines selected for superior intervariety single cross performance. Crop Science. Madison, 14: 314-317.
- TORRES SEGOVIA, R., 1976. Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (Zea mays L.) Centralmex. Piracicaba, ESALQ/USP, 98 p. (Tese de Doutorado).
- VENCOVSKY, R.; J.R. ZINSLY; N.A. VELLO e C.R.M. GODOY, 1970. Predição da média de um composto de variedades e do cruzamento de compostos. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, ESALQ/USP, Piracicaba, nº 4, p. 137-144.

ZINSLY, J.R., 1976. O emprego de progênies de irmãos germanos obtidas de plantas prolíficas para a obtenção de híbridos de milho (Zea mays L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 63 p. (Tese de Livre-Docência).

ZUBER, M.S., 1942. Relative efficiency of incomplete block designs using conformity trial data. Journal of the American Society of Agronomy. Madison, 34: 30-47.

T A B E L A S

Tabela 1 - Médias dos tratamentos ajustados do látice 9x9, triplo duplicado, nos locais 1 e 2 — Piracicaba, SP e Petrolina, Pe. — corrigidas para unidade de 15,5% e "stand" de 50 plantas por parcela, para o caráter peso de sementes. Produções kg/10 m². Ciclo 1976/77.

Tratamentos	Local 1	Local 2	Tratamentos	Local 1	Local 2
1	5,22	2,80	24	7,17	2,86
2	5,37	2,93	25	6,91	3,13
3	6,66	1,89	26	6,72	3,70*
4	5,95	2,93	27	7,31	2,25
5	6,96	2,96	28	6,99	3,10
6	7,65*	3,07	29	7,83*	2,56
7	5,93	2,83	30	7,64*	3,73*
8	6,45	2,43	31	6,82	3,28
9	7,17	2,77	32	5,60	2,79
10	7,02	3,20	33	7,02	3,07
11	7,08	2,95	34	7,60*	2,82
12	7,21	2,53	35	7,01	2,79
13	6,30	1,92	36	5,59	2,72
14	6,31	2,17	37	6,76	3,61*
15	8,07*	3,33	38	6,19	1,98
16	6,31	2,38	39	7,50*	3,14
17	7,32	2,38	40	6,13	2,61
18	6,79	3,03	41	7,80*	3,97*
19	7,32	2,46	42	6,17	3,40
20	7,54*	2,86	43	8,11*	2,84
21	7,15	2,78	44	7,53*	2,81
22	7,61*	3,09	45	7,07	3,02
23	7,50*	3,22	46	8,25*	3,74*

(continuação)

Tratamentos	Local 1	Local 2	Tratamentos	Local 1	Local 2
47	6,53	2,37	65	6,24	2,58
48	6,58	2,65	66	7,14	3,77*
49	6,43	3,62*	67	6,77	3,02
50	6,72	2,42	68	6,99	2,36
51	6,14	2,30	69	5,98	4,13*
52	8,05*	2,99	70	6,81	3,27
53	7,04	3,21	71	7,34	3,76*
54	5,77	2,49	72	6,88	3,09
55	7,18	3,50	73	7,26	3,43
56	7,66*	2,54	74	6,72	2,71
57	6,58	3,09	75	7,03	3,53
58	6,50	3,17			
59	7,61*	3,56*	Cent.Pi. 76	7,04	3,08
60	5,97	3,20	Dent.C.Pi. 77	7,20	3,55
61	8,00*	3,41	Flint C.Pi.78	6,37	2,71
62	8,13*	3,98*	Cent. Ne. 79	7,01	2,68
63	7,66*	3,11	Dent. Ne. 80	7,34	3,43
64	6,61	3,39	Flint C.Ne.81	6,74	2,92

Médias de produção dos 75 híbridos crípticos: Local 1 = 6,915
Local 2 = 2,989

(*) Híbridos crípticos ($S_1 \times S_1$) superiores a melhor média dos tratamentos adicionais, dentro de cada local.

Tabela 2 - Médias dos tratamentos ajustados do látice 6x6, triplo duplicado, nos locais 1 e 2 — Piracicaba, SP e Petrolina, Pe. — corrigidas para unidade de 15,5% e "stand" de 50 plantas por parcela, para o caráter peso de sementes. Produção kg/10 m². Ciclo 1976/77.

Tratamentos	Local 1	Local 2	Tratamentos	Local 1	Local 2
1	6,22	3,54	20	6,42	3,72
2	6,42	3,33	21	6,18	3,38
3	5,83	3,45	22	6,19	3,21
4	5,68	2,95	23	6,55	3,83
5	5,84	3,61	24	6,49	3,31
6	6,97	4,25*	25	6,62	3,41
7	7,49	4,61*	26	5,15	2,78
8	5,99	3,70	27	7,41	3,23
9	5,73	3,93	28	6,81	3,34
10	6,35	2,89	29	6,25	2,41
11	6,89	4,48*			
12	7,53	4,67*	Cent.Pi. 30	6,46	3,51
13	6,95	3,60	Dent.C.Pi. 31	7,27	2,81
14	5,98	4,50*	Flint C.Pi. 32	6,16	3,02
15	6,85	2,99	Cent. Ne. 33	7,90	3,71
16	6,25	3,89	Dent.C.Ne. 34	8,05	4,20
17	6,10	4,84*	Flint C.Ne. 35	6,57	2,95
18	6,16	4,15	Azteca Ne. 36	5,26	3,42
19	5,63	2,75			

Médias de produção dos 29 híbridos crípticos: Local 1 = 6,376
Local 2 = 3,612

(*) Híbridos crípticos ($S_1 \times S_1$) superiores a melhor média dos tratamentos adicionais, dentro de cada local.

Tabela 3 - Seleção realizada nos 40% de melhores tratamentos ajustados nos locais 1 e 2, Piracicaba, SP e Petrolina, Pe., referente ao experimento 9x9, látice triplo duplicado, considerando apenas os 75 híbridos crípticos ($S_1 \times S_1$) e o caráter peso de sementes, corrigido para unidade de 15,5% e "stand" de 50 plantas por parcela. Produções kg/10 m². Ciclo 1976/1977.

PIRACICABA - SP			PETROLINA - Pe		
Nº de Ordem	Nº do tratamento	Média do tratamento ajustado	Nº de Ordem	Nº do tratamento	Média do tratamento ajustado
1	46	8,25	1	69	4,13
2	62	8,13	2	62	3,98
3	43	8,11	3	41	3,97
4	15	8,07	4	66	3,77
5	52	8,05	5	71	3,76
6	61	8,00	6	46	3,74
7	29	7,83	7	30	3,73
8	41	7,80	8	26	3,70
9	56	7,66	9	49	3,62
10	63	7,65	10	37	3,61
11	06	7,64	11	59	3,56
12	30	7,61	12	75	3,53
13	22	7,61	13	55	3,50
14	59	7,61	14	73	3,43
15	34	7,60	15	61	3,41
16	20	7,54	16	42	3,40
17	44	7,53	17	64	3,39
18	39	7,50	18	15	3,33
19	23	7,50	19	31	3,28
20	71	7,34	20	70	3,27
21	19	7,32	21	23	3,22
22	17	7,32	22	53	3,21
23	27	7,31	23	10	3,20
24	73	7,26	24	60	3,20
25	12	7,21	25	58	3,17
26	55	7,18	26	39	3,14
27	24	7,17	27	25	3,13
28	09	7,17	28	63	3,11
29	21	7,15	29	28	3,10
30	66	7,14	30	57	3,09
Média geral de produção 7,575			Média geral de produção 3,456		

Tabela 4 - Seleção realizada nos 40% de melhores tratamentos ajustados nos locais 1 e 2, Piracicaba, SP e Petrolina, Pe., referente ao experimento 6x6, látice triplo duplicado, considerando apenas os 29 híbridos crípticos ($S_1 \times S_1$) e o caráter peso de sementes, corrigido para unidade de 15,5% e "stand" de 50 plantas por parcela. Produções kg/10 m². Ciclo 1976/77.

PIRACICABA - SP			PETROLINA - Pe.		
Nº de Ordem	Nº do tratamento	Média do tratamento ajustado	Nº de Ordem	Nº do tratamento	Média do tratamento ajustado
1	12	7,53	1	17	4,84
2	07	7,49	2	12	4,67
3	27	7,41	3	07	4,61
4	06	6,97	4	14	4,50
5	13	6,95	5	11	4,48
6	11	6,89	6	06	4,25
7	15	6,85	7	18	4,15
8	28	6,81	8	09	3,93
9	25	6,62	9	16	3,89
10	23	6,55	10	23	3,83
11	24	6,49	11	20	3,72
12	20	6,42	12	08	3,70
Média geral de produção 6,915			Média geral de produção 4,214		

Tabela 5 - Repetibilidade dos tratamentos selecionados nos locais 1 e 2, Piracicaba, SP e Petrolina, Pe., para o látice 9x9, triplo duplicado, com a devida classificação e média de produção em $\text{kg}/10\text{m}^2$, para o caráter peso de sementes, corrigido para unidade de 15,5% e "stand" de 50 plantas por parcela. Ciclo 1976/77.

Tratamentos em comum	PIRACICABA - SP		PETROLINA - Pe	
	Classificação	Média de Produção	Classificação	Média de Produção
46	1º	8,25	6º	3,74
62	2º	8,13	2º	3,98
15	4º	8,07	18º	3,33
61	6º	8,00	15º	3,41
41	8º	7,80	3º	3,97
63	10º	7,65	28º	3,11
30	12º	7,61	7º	3,73
59	14º	7,61	11º	3,56
39	18º	7,50	26º	3,14
23	19º	7,50	21º	3,22
71	20º	7,34	5º	3,76
73	24º	7,26	14º	3,43
55	26º	7,18	13º	3,50
66	30º	7,14	4º	3,77

Tabela 6 - Repetibilidade dos tratamentos selecionados nos locais 1 e 2, Piracicaba, SP e Petrolina, Pe., para o látice 6x6, triplo duplicado, com a devida classificação e média de produção em kg/10 m², para o caráter peso de sementes, corrigido para unidade de 15,5% e "stand" de 50 plantas por parcela.

Tratamentos em comum	PIRACICABA - SP		PETROLINA - PE	
	Classi- ficação	Média de Produção	Classi- ficação	Média de Produção
12	1ª	7,53	2ª	4,67
07	2ª	7,49	3ª	4,61
06	4ª	6,97	6ª	4,25
11	6ª	6,89	5ª	4,48
23	10ª	6,55	10ª	3,83
20	12ª	6,42	11ª	3,72

Tabela 7 - Análises individuais de variância do látice 9x9, triplo duplicado com 75 híbridos crípticos e 6 tratamentos adicionais, nos locais 1 e 2, Piracicaba, SP, e Petrolina, Pe., para o caráter peso de sementes. Produções kg/10m². Ciclo 1976/1977.

Fontes de variação	Local 1		Local 2	
	G.L.	Q.M.	G.L.	Q.M.
Repetições	2		2	
Trat. não ajustados	80		80	
Blocos dentro rep. aj.	24	2,0415	24	1,9209
Erro intra-blocos	136	0,5444	136	0,4306
T o t a l	242		242	
Teste F (trat. ajust.)		2,2184 **		1,5012 *
Eficiência		127,2527		136,0774
Erro efetivo		0,6042		0,4807
Média dos trat.		6,9268		2,9904
C.V.		11,2224		23,1859

** = significativo ao nível de 1% de probabilidade.

* = significativo ao nível de 5% de probabilidade.

C.V. = coeficiente de variação experimental.

Tabela 8 -- Análises individuais de variância do látice 6x6, triplo duplicado, com 29 híbridos crípticos, e 7 tratamentos adicionais nos locais 1 e 2, Piracicaba, SP e Petrolina, Pe., para o caráter peso de sementes. Produções kg/10m². Ciclo 1976/1977.

Fontes de variação	Local 1		Local 2	
	G.L.	Q.M.	G.L.	Q.M.
Repetições	2		2	
Trat. não ajust.	35		35	
Blocos dentro rep.ajust.	15	1,6035	15	1,1097
Erro intra-blocos	55	0,8155	55	0,4926
T o t a l	107		107	
Teste F (trat.ajustados)	1,5513 ^{ns}		1,9541*	
Eficiência	109,6678		113,3377	
Erro efetivo	0,9029		0,5513	
Média geral	6,4667		3,5709	
C.V.	14,6939		20,7939	

* = significância ao nível de 5% de probabilidade.

C.V. = coeficiente de variação experimental.

Tabela 9 - Análises conjuntas das variâncias dos látices 9x9 e 6x6, triplos duplicados, com os totais dos tratamentos corrigidos, dos locais 1 e 2, Piracicaba, SP e Petrolina, Pe. Produções kg/10 m². Ciclo 1976/77.

Fontes de variação	Locais 1-2 (9x9)			Locais 1-2 (6x6)		
	G.L.	Q.M.	F	G.L.	Q.M.	F
Locais	1			1		
Tratamentos	80	0,4469	1,8529	35	0,5422	1,8969
T x L	80	0,2441	1,4837 *	35	0,2858	1,3110 ^{ns}
Erro médio	272	0,1625		110	0,2180	
Médias		4,9586			5,0180	
C.V.		9,9140%			10,6643%	

Tabela 10 - Análise conjunta para os dois grupos 9x9 e 6x6 ("pooled"), feita com os totais de tratamentos ajustados nos locais 1 e 2, Piracicaba, SP e Petrolina, Pe., para o caráter peso de sementes. Ciclo 1976/77.

Fontes de variação	G.L.	S.Q.	Q.M.	F
Locais /G	2	778,1756	389,0878	1527,0322
Tratamentos/G	115	54,7309	0,4759	1,8677 **
T x L /G	115	29,2993	0,2548	1,43 **
Erro médio	382	68,18	0,1785	

Média geral = 4,988 C.V. = 8,5%

** significativo ao nível de 1% de probabilidade.

* significativo ao nível de 5% de probabilidade.

C.V. = coeficiente de variação experimental.

Tabela 11 - Erro efetivo médio (ponderado) para cada local, baseado nas análises individuais dos látices triplos duplicados 9x9 e 6x6 dos locais 1 e 2, Piracicaba, SP e Petrolina, Pe. Produções kg/10 m². Ciclo 1976/77.

	Local 1		Local 2	
	G.L.	Q.M.E. ef.	G.L.	Q.M.E. ef.
9x9	136	0,6042	136	0,4807
6x6	55	0,9029	55	0,5513
	191	0,6902/3=0,2001		0,5010/3=0,1670

Tabela 12 - Erro efetivo geral ("pooled") dos látices 9x9 L₁, 6x6 L₁, 9x9 L₂ e 6x6 L₂, com a respectiva E(Q.M.).

	G.L.	Q.M.E. ef.	E(Q.M.)
"Pooled"	382	0,5956	$\hat{\sigma}^2$

Tabela 13.A - Resultados das variâncias individuais, com as médias de tratamentos ajustados, dos 75 e 29 híbridos crípticos, dos experimentos 9x9 e 6x6, nos locais 1 e 2, Piracicaba, SP e Petrolina, Pe.

13.B - Variância média ("pooled") ponderada para os 104 híbridos crípticos nos locais 1 e 2, com as respectivas esperanças dos quadrados médios $[E(Q.M.)]$.

Experimentos	Local 1			Local 2		
	G.L.	QM Trat	E(QM)	G.L.	QM Trat	E(QM)
(A)						
9x9	74	0,4785		74	0,2476	
6x6	28	0,3290		28	0,3932	
(B)						
"Pooled"	102	0,4375	$\sigma^2/3 + 3\sigma_{t_1}^2/3$	102	0,2876	$\sigma^2/3 + 3\sigma_{t_2}^2/3$
Erro efetivo médio por local		0,2301	$\sigma^2/3$		0,1670	$\sigma^2/3$

$$\sigma_{t_1}^2 = 0,2074$$

$$C.V. = 11,4\%$$

$$C.Vg = 6,7\%$$

$$\bar{X}_{o1} = 6,769$$

$$\sigma_{t_2}^2 = 0,1206$$

$$C.V. = 24,5\%$$

$$C.Vg = 11,0\%$$

$$\bar{X}_{o2} = 3,156$$

C.V. = coeficiente de variação experimental.

C.Vg = coeficiente de variação genético.

Tabela 14 - Análise conjunta para os dois grupos 9x9 e 6x6 ("pooled"), feita com a média de três repetições, dos locais 1 e 2, Piracicaba, SP e Petrolina, Pe., considerando apenas os 104 híbridos crípticos, para o caráter peso de sementes. Ciclo 1976/77.

Fontes de variação	G.L.	Q.M.	F	E(QM)
Locais/G	2	346,3895		
Tratamentos/G	102	0,4746	1,96**	$\hat{\sigma}^2/3 + \hat{\sigma}_{t\ell}^2 + 2\hat{\sigma}_t^2$
T x L /G	102	0,2496	1,26*	$\hat{\sigma}^2/3 + \hat{\sigma}_{t\ell}^2$
Erro médio	382	0,1985		$\hat{\sigma}^2/3$

Média geral = 4,971

C.V. = 8,98%

Magnitude dos componentes: $\hat{\sigma}_t^2 = 0,1125$; $\hat{\sigma}_{t\ell}^2 = 0,0511$; $\hat{\sigma}^2 = 0,5956$.

** = significativo ao nível de 1% de probabilidade.

* = significativo ao nível de 5% de probabilidade.

C.V. = coeficiente de variação experimental.

A P Ê N D I C E S

APÊNDICE 1 - Cálculo do progresso esperado no Local 1 - Piracicaba - SP.

Para se fazer uma estimativa do progresso esperado, tornou-se necessário encontrar um diferencial de seleção médio, o qual foi obtido pela ponderação dos 30 e dos 12 híbridos crípticos selecionados nos látices 9x9 e 6x6, conforme se verifica no esquema abaixo. A porcentagem de seleção praticada foi de 40%.

Experimentos	Nº de tratamentos	$\bar{X}_s - \bar{X}_o$	ds	Nº de híbridos crípticos selecionados
9x9	75	7,575 - 6,920	0,655	30
6x6	29	6,915 - 6,380	0,535	12

$$\bar{X}_{op} = 6,769 \text{ kg}/10\text{m}^2 \quad \bar{d}s = 0,6207$$

A fórmula do progresso esperado usada, foi:

$$\Delta_{G_1} = \bar{d}s \frac{\sigma_{t_1}^2}{QM T_1/3},$$

onde, substituindo,

$$\Delta_{G_1} = 0,6207 \frac{0,2074}{0,4375} = 0,28424 \text{ kg}/10\text{m}^2.$$

Para o cálculo do progresso esperado em porcentagem, a \bar{X}_o foi ponderada, encontrando-se a média de 6,769, que

aplicada na fórmula:

$$\Delta_{G\%} = \frac{\Delta_{G_1}}{\bar{X}_{op}} \times 100 = 4,3\% .$$

APÊNDICE 2 - Cálculo do progresso esperado no Local 2 - Petrolina - Pe.

O procedimento usado para o cálculo do progresso esperado, bem como o progresso em porcentagem, foi idêntico ao anterior. O esquema seguinte fornece uma melhor indicação.

Experimentos	Nº de tratamentos	$\bar{X}_s - \bar{X}_o$	ds	Nº de híbridos crípticos selecionados
9x9	75	3 456 - 2,980	0,476	30
6x6	29	4,214 - 3,610	0,604	12

$$\bar{X}_o = 3,155$$

$$\bar{ds}_2 = 0,5126$$

Pelo uso das fórmulas, obteve-se o Δ_{G_2} e o $\Delta_{G\%}$:

$$\Delta_{G_2} = \bar{ds}_2 \frac{\hat{\sigma}_t^2}{QM T_2/3} = 0,5126 \frac{0,1206}{0,2876} = 0,21495 \text{ kg/10m}^2$$

$$\Delta_{G\%} = \frac{\Delta_{G_2}}{\bar{X}_{op}} \times 100 = 6,8\% .$$

APÊNDICE 3 - Cálculo do progresso esperado no Local 2, com base na seleção realizada no Local 1.

O procedimento para se efetuar esta estimativa foi sugerido por VENCovsky (*). Para tal objetivo, os 42 tratamentos selecionados no Local 1 foram identificados no Local 2. A partir destes, procedeu-se à seleção dos 40% melhores, encontrando-se, então, uma média selecionada, sendo que a média original do Local 2 permaneceu a mesma. De idêntica maneira, procurou-se um diferencial de seleção médio (ponderado). O esquema seguinte esclarece melhor.

Experimentos	Nº de tratamentos	$\bar{X}_s - \bar{X}_o$	ds	Nº de híbridos crípticos selecionados
9x9	75	3,108 - 2,980	0,128	30
6x6	29	3,786 - 3,610	0,176	12
$\bar{X}_{op} = 3,155$			$\bar{ds} = 0,142$	

O progresso esperado e o $\Delta_{G\%}$ foram calculados através das fórmulas:

(*) VENCovsky, R., 1977. Informação pessoal. Departamento de Genética, ESALQ/USP.

$$\text{Sel.}_{L1} \text{ e } \Delta_{G_{L2}} = \bar{d}s_2 \frac{\hat{\sigma}_{t_2}^2}{QM T_2/3}$$

$$\text{Sel.}_{L1} \text{ e } \Delta_{G_{L2}} = 0,142 \frac{0,1206}{0,2876} = 0,05954 \text{ kg/10m}^2$$

$$\Delta_{G\%} = \frac{\Delta_{G_{L2}}}{\bar{X}_{op}} \times 100 = 1,88\%$$

\bar{X}_o = média dos híbridos crípticos originais;

\bar{X}_s = média dos híbridos crípticos selecionados com porcentagem de seleção de 40%;

ds = diferencial de seleção;

\bar{X}_{op} = média geral (ponderada) dos 104 híbridos crípticos;

$\bar{d}s$ = diferencial de seleção médio (ponderado);

$\hat{\sigma}_{t_1}^2$ = variância genética dos 104 híbridos crípticos do Local 1;

$\hat{\sigma}_{t_2}^2$ = variância genética dos 104 híbridos crípticos do Local 2;

$QMT_1/3$ = variância fenotípica (ponderada) dos 104 híbridos crípticos do Local 1;

$QMT_2/3$ = variância fenotípica (ponderada) dos 104 híbridos crípticos do Local 2.

APÊNDICE 4 - Correlação genética e correlações intraclasses.

O estudo destas correlações foi fundamentado nas fórmulas apresentadas por STEEL e TORRIE (1960), conforme desenvolvimento dado a seguir.

$$r_{L_1 L_1} = \frac{\hat{\sigma}_{t_1}^2}{\hat{\sigma}_{t_1}^2 + \hat{\sigma}^2/3} = \frac{0,2074}{0,2074 + 0,1985} = 0,510$$

$$r_{L_2 L_2} = \frac{\hat{\sigma}_{t_2}^2}{\hat{\sigma}_{t_2}^2 + \hat{\sigma}^2/3} = \frac{0,1206}{0,1206 + 0,1985} = 0,3779$$

A correlação genética foi calculada a partir da fórmula abaixo:

$$r_{L_1 L_2} = \frac{\hat{\sigma}_t^2}{\hat{\sigma}_t^2 + \hat{\sigma}^2} = \frac{0,1125}{0,1125 + 0,5956} = 0,1588 ,$$

onde, $\hat{\sigma}_t^2$ = estimativa da variância genética total de todos os experimentos (ver tabela 14);

$\hat{\sigma}_{t_1}^2$ = estimativa da variância genética no Local 1 (ver tabela 13.A);

$\hat{\sigma}_{t_2}^2$ = estimativa da variância genética no Local 2 (ver tabela 13.B);

$\hat{\sigma}^2/3$ = estimativa do erro médio para cada local;

$\hat{\sigma}^2$ = estimativa do erro geral para todos os experimentos (ver tabela 12);

$r_{L_1 L_1}$ = correlação intraclasse para o Local 1;

$r_{L_2 L_2}$ = correlação intraclasse para o Local 2;

$r_{L_1 L_2}$ = correlação genética.

APÊNDICE 5 - Decomposição da interação tratamentos x locais

A expressão utilizada para este desdobramento encontra-se detalhada no Capítulo de Materiais e Métodos. Os cálculos podem ser visualizados como se segue:

$$\begin{aligned}
 0,2496 &= \frac{(\sqrt{0,4375} - \sqrt{0,2876})^2}{2} + (\sqrt{0,4375} \times \sqrt{0,2876})(1 - 0,321) \\
 &= 0,0078 + 0,2418
 \end{aligned}$$

Desta forma, pode-se constatar que o desdobramento do Q.M. da interação T x L (0,2496) apresenta 0,0078 referente à interação do tipo simples, enquanto que para o tipo complexo o valor é de 0,2418. Isto equivale, em termos percentuais, a 3,125% e 96,875%, respectivamente.

APÊNDICE 6 - Correlação média entre os dois locais.

O cálculo da correlação média tornou-se necessário para aplicação do valor obtido no desdobramento da interação tratamentos por locais, conforme visto anteriormente. Na parte atinente a Materiais e Métodos, o processo usado para obtenção deste valor é melhor explicado.

Em linhas gerais, o cálculo da correlação média pode ser explanado da seguinte forma:

Experimentos (i)	n_i	r_i	z_i
9x9 (L_1L_2)	75	0,304	0,31393
6x6 (L_1L_2)	29	0,367	0,38496

onde, n_i = número de tratamentos para cada experimento nos dois locais;

r_i = correlações entre cada experimento nos dois locais;

z_i = correlações transformadas para uma variável contínua.

Como se observou na parte de Materiais e Métodos, a fórmula usada para o cálculo da correlação média (\bar{r}) foi:

$$\bar{r} = \frac{\sum(n_i - 3) z_i}{\sum(n_i - 3)} .$$

Por substituição tem-se:

$$\begin{aligned} \bar{r} &= \frac{(75 - 3) 0,31393 + (29 - 3) 0,38496}{(75 - 3) + (29 - 3)} \\ &= 0,332774 . \end{aligned}$$

Fazendo-se uso da tabela A.12 de STEEL e TORRIE (1960) e, após interpolação, o valor da correlação média encontrada foi 0,321.