

SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE MEIOS
IRMÃOS NO MILHO (*Zea mays* L.) COMPOSTO DENTADO BRANCO

ELIEZER ITAMAR GUIMARÃES WINKLER

ENGENHEIRO AGRÔNOMO

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA

Orientador: ERNESTO PATERNIANI

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

PIRACICABA

Estado de São Paulo - Brasil

Fevereiro, 1977

À minha esposa e nossas filhas
Aos meus pais.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Agradecemos às seguintes pessoas e Instituições:

- Prof. Dr. Ernesto Patemiani, pela orientação no decorrer do Curso de Pós-Graduação e na realização do presente trabalho.
- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Ministério da Agricultura, pelas facilidades proporcionadas.
- Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, pela concessão de Bolsa de Estudos.
- Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho, pelas sugestões no aspecto estatístico desta dissertação.
- Professores e funcionários do Departamento e Instituto de Genética.
- Colegas do Curso de Pós-Graduação.

ÍNDICE

	Página
1. RESUMO	1
2. INTRODUÇÃO	3
2.1. Antecedentes	3
2.2. Objetivos	5
3. REVISÃO DE LITERATURA	6
4. MATERIAL E MÉTODOS	16
4.1. Material	16
4.2. Métodos	17
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	25
5.1. Avaliação das progênes de meios irmãos	25
5.2. Estimativas de parâmetros genéticos	27
6. CONCLUSÕES	32
7. SUMMARY	33
8. LITERATURA CITADA	34
APÊNDICE	47

LISTA DE TABELAS

	Página
Tabela 1. Análise da variância da produção de grãos em kg/10 m ² do experimento 6, látice triplo 10 x 10 com três repetições, referente a 100 progênes de meios irmãos do milho Composto Dentado Branco. Piracicaba, 1974/75	41
Tabela 2. Análise da variância da produção de grãos em kg/10 m ² do experimento 7, látice triplo 10 x 10 com três repetições, referente a 100 progênes de meios irmãos do milho Composto Dentado Branco. Piracicaba, 1974/75	41
Tabela 3. Análise da variância da produção de grãos em kg/10 m ² do experimento 8, látice triplo 10 x 10 com três repetições, referente a 100 progênes de meios irmãos do milho Composto Dentado Branco. Piracicaba, 1974/75	42
Tabela 4. Análise da variância da produção de grãos em kg/10 m ² do experimento 9, látice triplo 10 x 10 com três repetições, referente a 100 progênes de meios irmãos do milho Composto Dentado Branco. Piracicaba, 1974/75	42
Tabela 5. Análise da variância da produção de grãos em kg/10 m ² do experimento 10, látice triplo 10 x 10 com três repetições, referente a 100 progênes de meios irmãos do milho Composto Dentado Branco. Piracicaba, 1974/75	43
Tabela 6. Produtividade média das 500 progênes de meios irmãos do milho Composto Dentado Branco e da respectiva amostra se- lecionada. Piracicaba, 1974/75	43

<p>Tabela 7. Estimativas, a nível de plantas, da variância entre famílias de meios irmãos ($\hat{\sigma}_{mi}^2$); variâncias genéticas aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), de progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), entre ($\hat{\sigma}_e^2$), dentro ($\hat{\sigma}_d^2$) e (σ_d^2); coeficiente de variação genética (C.V. gen.) e Herdabilidade (\hat{h}^2), com base na avaliação das 500 famílias de meios irmãos no milho Composto Dentado Branco. Piracicaba, 1974/75</p>	44
<p>Tabela 8. Progresso esperado da seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho Composto Dentado Branco. Piracicaba, 1974/75</p>	45

1. RESUMO

No presente trabalho é estudada uma população de ampla base genética, denominada Composto Dentado Branco, resultante de seleção feita para grãos dentados e brancos, no milho Dentado Composto, desenvolvido pelo Instituto de Genética, ESALQ-USP, a partir de populações predominantemente de raça "Tuxpeño", originárias do México e da América Central. Essa população sofreu inicialmente uma seleção massal branda, estando atualmente sendo melhorada por meio da seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos.

No ano agrícola de 1974/75 foram avaliadas 500 progênes de meios irmãos do milho Composto Dentado Branco, obtidas de 500 plantas selecionadas na população original. Foram conduzidos cinco ensaios látice 10 x 10 com três repetições e em dois locais. Dois híbridos comerciais, H 7974 e Ag 152, foram distribuídos sistematicamente no início, no meio e no final de cada repetição, apenas para fins comparativos. Cada parcela foi constituída por uma fileira de 10 m de comprimento, espaçadas entre si de 1 m, tendo um "stand" ideal de 50 plantas. Anotações usuais sobre altura de plantas e de inserção de espigas, acamamento e produtividade foram obtidas.

Os experimentos tiveram precisão satisfatória, com coeficientes de variação entre 14 e 17%. Foi estimado um coeficiente de variação genética da ordem de 5,6%, o que indica presença de suficiente variabilidade

de genética para a obtenção de progressos subsequentes.. Em função do comportamento observado foram selecionadas 93 progênies consideradas superiores. O progresso esperado para o ciclo I foi estimado em 6,16% e a herdabilidade para produção de grãos, no sentido restrito, em 6,47%.

2. INTRODUÇÃO

2.1. Antecedentes

O milho (Zea mays L.) é uma cultura que vem, há muito tempo, sendo melhorada pelo homem, embora por métodos empíricos. Sua domesticação e seleção foram de efeitos tão drásticos que atualmente sua sobrevivência depende inteiramente da intervenção do homem. Várias características da planta, como a separação entre as inflorescências masculina e feminina que permitem o fácil controle da polinização possibilitaram também a aplicação de diversos métodos de melhoramento, BERGER (1962). Estes métodos de seleção surgiram na seguinte ordem cronológica: seleção massal, hibridação intervarietal, seleção espiga-por-fileira, método do milho híbrido (por seleção de linhagens) e seleção recorrente, com posteriores modificações.

SHULL (1908) apresentou seus estudos sobre a depressão causada pela endogamia e a posterior recuperação de vigor proporcionada por cruzamentos. Esse autor (1909) discutia a obtenção de linhagens puras e seu aproveitamento em cruzamentos (híbridos simples), considerando o método bastante simples embora oneroso. EAST (1908 e 1909) também obteve resultados semelhantes. A partir destes trabalhos, muitos pesquisadores se dedicaram à obtenção e ao estudo de linhagens e, JONES (1918) relatou resultados dos

trabalhos conduzidos na Estação de Connecticut, onde ele mostrava a possibilidade do emprego comercial de híbridos duplos obtidos a partir do cruzamento entre híbridos simples. Iniciou-se, assim, nova fase no melhoramento do milho, cujos efeitos se tem feito sentir até a época atual.

KIESSELBACH (1933) e SPRAGUE e JENKINS (1943), publicaram resultados alcançados com híbridos múltiplos, obtidos através do cruzamento de mais de quatro linhagens. SPRAGUE (1955) salientou que tanto os híbridos múltiplos como os sintéticos, pelo fato de serem originários de cruzamentos envolvendo mais de quatro linhagens, podem ser enquadrados em grupos semelhantes.

Híbridos e sintéticos foram considerados durante certo tempo como entidades estáticas, isto é, mantinham o mesmo nível de produtividade geração após geração. Somente mais tarde é que se desenvolveu o conceito de variedades que poderiam ser melhoradas continuadamente através de seleção. Nessas populações consideradas como entidades dinâmicas, sucessivos ciclos de seleção promovem o aumento da frequência dos genes favoráveis e, conseqüentemente, seu progresso, como salientam LONNQUIST (1961) e PATERNIANI (1967), entre outros.

JENKINS (1940) e HULL (1945) estudaram a seleção recorrente, na qual as plantas eram selecionadas, autofecundadas e as respectivas progênies avaliadas. As melhores progênies eram combinadas dando-se início a novo ciclo de melhoramento. As mudanças na frequência gênica podem ser pequenas a cada ciclo, mas os efeitos da seleção tornam-se cumulativos e o melhoramento se prolonga através de muitas gerações, SPRAGUE (1955a). Muitas variantes do método de seleção recorrente tem sido estudadas mais recentemente, tendo-se destacado entre elas a seleção massal estratificada e a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. Este último pode ser considerado como um método de seleção recorrente combinada no qual são selecionadas as melhores progênies (seleção entre) e, dentro destas, são selecionadas as melhores plantas (seleção dentro). Ambas as seleções explo-

ram a variância genética aditiva do material, o qual é recombinado antes que se inicie novo ciclo de melhoramento. As populações melhoradas podem ser úteis tanto para o cultivo pelos agricultores, como podem ser cruzadas entre si, dando híbridos superiores, LONNQUIST (1961). Através do cruzamento entre populações, tem sido obtidas novas populações de ampla base genética, o que as torna especialmente promissoras para programas de seleção, GARDNER (1963).

O presente trabalho relata resultados da avaliação de famílias de meios irmãos, na população de milho denominada de Composto Dentado Branco, a qual apresenta grande variabilidade genética. Apresenta ainda, os progressos esperados em função da seleção praticada entre e dentro de progênies de meios irmãos.

2.2. Objetivos

São objetivos deste estudo:

- 1 - Avaliação de progênies de meios irmãos de uma população de milho dentado branco.
- 2 - Determinar o coeficiente de variação genética e a variância genética aditiva.
- 3 - Estimar o progresso esperado pela seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos nessa população.

3. REVISÃO DE LITERATURA

O milho tem sido melhorado pelo homem desde tempos que remontam à sua domesticação. O seu melhoramento foi conseguido através de métodos simples de seleção massal em combinação também com a seleção natural. O elevado grau de panmixia foi outro fator que contribuiu para promover ampla variabilidade genética. Com o passar do tempo, diferentes métodos e técnicas tem sido empregados no melhoramento do milho, os quais representam em grande parte o grau de conhecimentos técnicos da época. Comentamos a seguir, resumidamente, os métodos de melhoramento de milho que SPRAGUE (1955) apresenta na seguinte ordem cronológica: seleção massal, hibridação intervarietal, seleção espiga por fileira, método do milho híbrido e seleção recorrente.

A seleção massal deve ter sido praticada no milho desde os tempos mais remotos, pois a colheita individualizada de cada espiga conduz naturalmente o homem a notar as diferentes características da planta e da espiga, sendo a seleção apenas uma consequência. Os tipos de milho, quanto ao endosperma, que eram cultivados pelo homem pré-colombiano estavam geralmente associados à maneira como eram usados, indicando que uma seleção para tipos definidos já era praticada, (ALLARD 1971).

A hibridação intervarietal, objetivando o vigor de híbrido, foi proposta por BEAL por volta de 1880, sendo logo abandonada (PATEFNIANI

1967). Mesmo assim, esse método muito tem contribuído para a grande diversidade de germoplasmas que se conhece e, mais recentemente, tem possibilitado a formação de compostos úteis ao melhoramento.

C.G. HOPKINS idealizou em 1899 o método espiga por fileira, o qual consiste na seleção de espigas com boas características e na semeadura das sementes dessas espigas em fileiras individuais. Procedendo-se a avaliação da progênie de cada espiga, pode-se recombinar as melhores para constituir a geração seguinte (SPRAGUE 1955). Após se mostrar eficiente quanto à seleção para conteúdo em óleo e proteína em milho, caracteres de alta herdabilidade e pouco afetados pelas variações ambientais, esse método não apresentou bons resultados no aumento da produtividade, à semelhança da seleção massal, e ambos foram abandonados pelos melhoristas (WOODWORTH et alii, 1952). A ineficiência desses métodos se deveu: 1) ao insucesso na identificação de genótipos superiores, tanto pelo aspecto fenotípico de plantas individuais como de progênies; 2) demasiada pressão de seleção associada a erros de amostragem, levando à endogamia e perda de vigor; 3) polinização fora de controle e 4) perda da variabilidade genética aditiva (HULL 1945 e 1952).

A descoberta do vigor de híbrido por EAST (1908) e SHULL (1909) alcançou uma nova dimensão depois que JONES (1918) sugeriu o cruzamento entre dois híbridos simples, resultando num híbrido duplo, o que tornou possível a sua aplicação em escala comercial, conduzindo ainda a um grande desenvolvimento do melhoramento de plantas. A partir de então, a maioria dos melhoristas de milho passou a dedicar seus esforços no método do milho híbrido, até que cerca de vinte anos mais tarde deram mostras de inquietação, uma vez que os esforços então dispendidos não mais levavam a resultados compensadores. Procurando tornar a obtenção de híbridos superiores mais eficiente, foram sugeridos inúmeros métodos de obtenção de linhagens endogâmicas. Tais esquemas, no geral, não produziram os resultados esperados, o que provavelmente foi devido à baixa frequência de genes favoráveis nas populações originárias dessas linhagens. O melhoramento visando a

obtenção de populações com alta frequência de genes favoráveis resultou, em grande parte, das limitações do método do milho híbrido.

O método da seleção recorrente foi sugerido como uma maneira de possibilitar um contínuo e progressivo melhoramento de populações através da condução de ciclos sucessivos de seleção. Basicamente o método consiste na avaliação, seleção de genótipos e recombinação dos melhores para reproduzir a população do ciclo seguinte. Esse procedimento permite um melhoramento contínuo por sucessivos ciclos de recombinação entre os genótipos selecionados, sendo reconhecidos os seguintes tipos de seleção recorrente: 1) fenotípica, 2) para capacidade geral de combinação, 3) para capacidade específica de combinação e 4) recíproca.

A seleção recorrente fenotípica e a seleção recorrente para capacidade geral de combinação foram as mais estudadas, tendo a seleção fenotípica apresentado resultados satisfatórios (JENKINS et alii 1954, e SPRAGUE e BRINHALL 1950), o mesmo sucedendo com a seleção para capacidade geral de combinação (LONNQUIST 1951, 1961, 1964a, e Mc GILL e LONNQUIST 1955). Resultados menos expressivos foram conseguidos com a seleção recorrente para capacidade específica de combinação (HORNER et alii 1961, SPRAGUE et alii 1959). Também a seleção recorrente recíproca, como foi proposta por COMSTOCK et alii (1949), pouco contribuiu para o aumento da produtividade do milho (COLLIER 1959, e PENNY et alii 1963).

Reportando-nos ao método espiga por fileira, SMITH e BRUNSON (1925) apud SPRAGUE (1955) relatam resultados obtidos com a seleção praticada para aumento e diminuição da produtividade, a partir de 990 espigas selecionadas de uma variedade local de milho. As populações sofreram seleção por cinco anos, ao fim dos quais foram comparadas durante dez anos em ensaios com a população original, a qual fora mantida em lote isolado. Os resultados indicaram a eficiência do método apenas na diminuição da produtividade. Conseqüentemente, o método foi abandonado nos trabalhos que objetivavam o melhoramento da produtividade.

Experimentos avaliando quatro populações submetidas à seleção reversa para teor de óleo no milho e já selecionadas durante 48 gerações, indicaram a existência de variabilidade genética nessas populações, não sendo estimadas as variâncias correspondentes (LENG 1962a e 1962b). Após sessenta e cinco anos de seleção para alto e baixo teores de óleo e proteína essas populações apresentavam ainda variabilidade genética, exceto para baixo teor de óleo, sendo então estimados alguns parâmetros genéticos (DUDLEY e LAMBERT 1969 e DUDLEY e MOLL 1969).

Estudos mais recentes de genética quantitativa tem confirmado a presença de variância genética aditiva em variedades de polinização livre de milho, sendo esta maior do que a variância genética dominante, no que diz respeito à produtividade. Uma estimativa da variância genética aditiva pode ser feita por meio da variância entre progênies de meios irmãos em ausência de efeitos epistáticos e endocruzamento paternal (COMSTOCK e ROBINSON 1948, GARDNER 1963, LINDSEY et alii 1962 e ROBINSON et alii 1955). Acredita-se que a ineficiência dos métodos seleção massal e espiga por fileira se deveu à dificuldade na identificação de genótipos superiores, à alta pressão de seleção aliada ao pequeno tamanho das populações e à perda de variabilidade genética do material sob seleção. Uma reavaliação desses métodos levou à seleção massal estratificada, a qual tem proporcionado aumentos de produtividade sem que isso implique em diminuição da variância genética aditiva (GARDNER 1961, LONNQUIST et alii 1966).

Uma reformulação no método de seleção espiga por fileira foi proposta por LONNQUIST (1964) que o denominou "método de seleção espiga por fileira modificado". A seleção das melhores famílias é feita com base no seu comportamento médio de três locais, o que diminui os efeitos das interações genótipo x ambiente. A seleção de genótipos dentro das famílias selecionadas é praticada por seleção visual em um dos locais. Assim se consegue um ciclo por ano, ficando as interações com ano confundidas com os valores dos genótipos em cada ciclo de seleção, o que é minimizado com o decorrer dos ciclos. Os fenótipos selecionados refletem o efeito dos genóti-

pos e das interações genótipo x ano.

Uma avaliação dos efeitos de quatro ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos nos milhos Dente Paulista e Piramex, apresentada por CAMPOS (1966), não indicou diferenças significativas entre os ciclos de seleção. Tratando-se de um só ensaio conduzido em apenas um ano, acredita o autor que a interação genótipo x ambiente tenha mascarado os resultados obtidos. Além disso, o emprego de sementes com diferentes idades de armazenamento pode ter afetado o "stand" e o desenvolvimento das plantas, como salienta DELOUCHE (1964).

A variedade "Hays Golden", do meio-oeste dos Estados Unidos da América do Norte, foi submetida à seleção pelo método espiga por fileira modificado, proposto por LONNQUIST (1964). A partir do terceiro ciclo de seleção foi acrescentada uma quarta repetição, como um bloco isolado, com a finalidade de proporcionar condições para recombinação entre as progênies, bem como para a prática de seleção dentro de famílias. Essa técnica permitiu maior eficiência na seleção praticada dentro das melhores progênies, considerando-se a produção de grãos. Somente são colhidas as espigas das progênies selecionadas, o que reduz o trabalho de campo. O efeito da seleção praticada foi avaliado por meio de experimentos em blocos ao acaso, com seis repetições, sendo as testemunhas as mesmas anteriormente usadas na avaliação das progênies. Foi verificado um ganho real de produtividade de 9,44% sobre a população básica, o que se assemelhou à estimativa do progresso genético esperado de 8,39%. Do ganho total, 54% se deveu à seleção entre e 46% à seleção dentro de progênies, sendo que à medida que aumenta o número de ciclos, a seleção entre aumenta o ganho em proporção à seleção dentro, como uma decorrência da maior endogamia e menor variância genética aditiva (WEBEL e LONNQUIST 1967).

Uma população de milho amarelo dentado, denominada Dente Paulista, foi obtida no Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", em Piracicaba, pela mistura de igual número de sementes das 45 melhores amostras dentre as 300 que foram obtidas direta-

mente de agricultores do Estado de São Paulo. Em 1959 esse composto foi cul
tivado em isolamento, dele sendo obtidas 227 espigas de plantas com boas ca
racterísticas agronômicas, as quais se encontravam em acasalamento ao aca-
so (PATERNIANI 1967). Com as progênes dessas espigas foi iniciado um tra-
balho de seleção conforme o método proposto por LONNQUIST (1964), a que o
autor chamou de "seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos" (PA-
TERNIANI 1967). De acordo com sugestão de LONNQUIST, foi acrescentada uma
quarta repetição aos experimentos, sendo esta instalada um mês após as de-
mais, em bloco isolado, onde as famílias de meios irmãos foram plantadas
como fêmeas sendo, portanto, despendoadas. As linhas masculinas resultaram
da mistura de quantia igual de sementes das famílias em avaliação. Foi ado
tada a proporção de três linhas femininas para uma polinizadora, sendo a
última plantada em duas datas, com uma semana de diferença, para proporção
nar melhor polinização. As sementes usadas tanto para as linhas femininas
como para as masculinas foram selecionadas para cor do endosperma, esco-
lhendo-se os grãos de cor amarelo intenso. As parcelas sob isolamento ti-
nham 15 m de comprimento, enquanto que as parcelas dos demais blocos ti-
nham 10 m de comprimento. A metodologia descrita, além de permitir um ci-
clo por ano tornou o método menos laborioso. Três testemunhas foram inclui-
das nos ensaios, sendo essas despendoadas no bloco destinado à recombina-
ção.

As três repetições instaladas primeiramente forneceram, a-
pós a colheita, dados de produção e acamamento com os quais foram selecio-
nadas as melhores progênes. No bloco isolado procedeu-se à seleção massal
dentro dessas famílias, colhendo-se isoladamente as espigas das melhores
plantas competitivas. Foram colhidas cerca de dez plantas por progênie se-
lecionada. Dessas, posteriormente, no laboratório foram escolhidas as me-
lhores espigas, em número de quatro a seis, com a finalidade de se obter o
material para o próximo ciclo de avaliação e seleção. Foi adotada uma no-
tação genealógica, pelo lado maternal, que permite conhecer em cada ciclo

qual a espiga que deu origem a determinada progênie. Os coeficientes de variação genética estimados foram 15,3%, 9,3%, 9,1% e 7,1%, respectivamente da população original ao ciclo III. O acentuado decréscimo verificado entre a população original e o ciclo I, de 15,3% a 9,3%, deve-se, provavelmente, à eliminação de variações gênicas livres, que são mais facilmente identificadas e selecionadas. O progresso médio alcançado foi de 13,6% por ciclo, o que indica uma substancial presença de variância genética aditiva (PATERNIANI 1967). A mesma variedade, Dente Paulista, quando submetida à seleção recorrente para capacidade geral de combinação, apresentou ao final de um ciclo de 5 anos um ganho de produtividade de 30%, ou seja, 6% por ano (PATERNIANI 1965).

A população de milho de endosperma duro, Cateto Colombia Composto, foi obtida pelo Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" a partir de material genético dos programas de melhoramento no Brasil, Colombia e México. Foi submetida à seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, objetivando aumento de produtividade, seguindo-se a metodologia de LONNQUIST (1964). Após dois ciclos de seleção, o material foi avaliado em ensaios de competição (SILVA 1969). A avaliação foi feita em relação à média de dois híbridos comerciais, tendo as populações original e de ciclo I produzido respectivamente 91,78% e 90,63% relativamente aos híbridos mencionados. As médias das amostras selecionadas foram 103,36% e 108,14% respectivamente para a população original e de ciclo I. Como se vê, os valores não indicam progresso para produtividade no primeiro ciclo de seleção mas houve indicação de que certo melhoramento foi conseguido. A comparação das produções das duas populações, sem correção para o número de plantas mostrou um progresso de 1,9% na produção de grãos. Além disso, observou-se um progresso de 0,63% para número de espigas por planta. Especificamente, foram obtidos $1,23 \pm 0,02$ na população original e $1,04 \pm 0,01$ no ciclo I, ou seja, 103,71% e 104,32% em relação às testemunhas, enquanto que para as amostras selecionadas, em valores relati

vos foram de 108,65% e 107,95%. A prolificidade sendo característica desejável por proporcionar maior adaptabilidade das plantas às condições ambientais, foi superior à das testemunhas tanto na população original como na de ciclo I. Quanto ao acamamento, a população original mostrou-se semelhante às testemunhas e um pouco inferior às mesmas no ciclo I, provavelmente por não ter sido praticada seleção para esse caráter. As herdabilidades de 23,3% e 15,3% estimadas para número de espigas e de 26,9% e 29,1% para produção de grãos, respectivamente na população original e de ciclo I, estão de acordo com estimativas semelhantes encontradas na literatura. Estimativas dos progressos esperados, expressas em porcentagem da média variaram de 6,7% a 10,9%, sendo esperados progressos iguais na seleção entre e dentro de famílias.

Sugere SILVA (1969) a fim de aperfeiçoar o método e possibilitar estimativas mais precisas, que se determine a variância entre plantas dentro de progênies, a qual é necessária para o cálculo do progresso genético esperado na seleção dentro e da herdabilidade ao nível de plantas individuais. A não inclusão das testemunhas como tratamento normal e sim como controles intercalares nos blocos incompletos, proporciona uma simplificação no trabalho de cálculo na determinação das estimativas dos parâmetros genéticos. Havendo problemas de elevado número de falhas nas parcelas, o autor sugere a conveniência de uma intensidade de seleção entre progênies de 10% a 15%, reduzindo-se proporcionalmente a intensidade de seleção dentro, de maneira a se obter o mesmo número básico de progênies.

Uma intensidade de seleção demasiado baixa pode resultar em ganhos pouco expressivos, como os encontrados após seis ciclos de seleção massal estratificada, nas variedades "Iowa Ideal" e "Krug" (HALLAUER e SEARS 1969). Apenas 3% de ganho na variedade "Krug" e 1% na variedade "Iowa Ideal" foram observados, respectivamente após 6 e 3 ciclos de seleção. Os autores indicam o método espiga por fileira modificado como o mais adequado ao melhoramento daquelas populações.

O método de seleção espiga por fileira, empregado objetivan

do a diminuição do ciclo em milho doce, o qual é medido em dias e em unidades térmicas, resultou num aumento do ciclo com as gerações de endocruzamento do S₁ ao S₅, estimado pelo coeficiente de regressão médio de 14,3 unidades térmicas por geração. As famílias estudadas mostraram uma redução de 4,7% em relação às linhagens originais, sendo que quatro famílias foram 12% mais precoces (ANDREW 1969).

Pela seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos ZINSLY (1969), observou um ganho médio por ciclo, com três populações de milho, da ordem de 13,8%, sendo 5,9% devido à seleção entre e 7,9% à seleção dentro. QUEIROZ (1969) trabalhando com o Dentado Composto A estimou um progresso de 6%, persistindo boa variabilidade na população.

PATERNIANI (1975) avaliando as populações Flint Composto III e Dentado Composto III, submetidas à seleção recorrente recíproca com famílias de meios irmãos obtidas de plantas prolíficas, estimou coeficientes de variação genética respectivamente de 5,3% e 4,4%, os quais indicam presença de variabilidade genética suficiente para futuros progressos, apontando o método como promissor para o aumento da produtividade no híbrido inter-populacional.

Resultados obtidos de seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, na população de milho Centralmex, indicaram que o germoplasma em estudo, de ampla base genética, tem mantido sua variabilidade e proporcionado ganhos tanto em relação à produtividade de grãos como às demais características agrônômicas. O aumento na frequência de genes favoráveis, a variabilidade genética mantida no decorrer dos ciclos e os ganhos observados comprovam a eficiência desse método de seleção (SEGOVIA 1976).

Estudando o Composto Flint Branco, LEZCANO (1976) relata uma produtividade apenas 9,3% inferior à média das testemunhas, o que se torna ainda mais expressivo quando considera que a população praticamente ainda não foi melhorada. Um coeficiente de variação genética de 6,78% indica elevada variabilidade genética e boas possibilidades de progressos subsequentes.

tes. Com base na variância genética aditiva e na intensidade de seleção aplicada, estimou um ganho de 7,4% para o ciclo I.

Em vista dos trabalhos até aqui mencionados, podemos concluir que a variância genética aditiva é essencial no melhoramento de populações de milho, sendo utilizada a partir de populações que apresentem ampla variabilidade genética. Os métodos de melhoramento intrapopulacionais tem sido eficientes em produzir variedades melhores, muito embora nem todos com a mesma equivalência e a metodologia hoje adotada difere bastante daquela descrita por SHULL há cerca de 70 anos.

A ênfase e a intensidade dos trabalhos de melhoramento de populações, demonstrada pelos pesquisadores nos últimos anos, comprova claramente sua importância para dar um novo impulso ao melhoramento do milho.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Material

O material estudado no presente trabalho consiste numa população de ampla base genética, denominada Composto Dentado Branco, representado essencialmente por germoplasma da raça Tuxpeño. Originalmente foi obtida no Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" a população Composto Dentado, com predominância de grãos de cor amarela. Através da seleção de grãos brancos, que são recessivos, obteve-se a população usada no presente estudo. Para uma descrição mais detalhada da composição da população mencionada, pode-se consultar PATERNIANI (1968a).

Uma amostra de 500 espigas, cada qual dando origem a uma progênie de meios irmãos, foi obtida por seleção massal no milho Composto Dentado Branco. As sementes foram mantidas separadas, de modo a preservar a individualidade das progênies selecionadas. Para fins comparativos, como testemunhas foram utilizados dois híbridos comerciais, o amarelo dentado Ag-152 da Sementes Agroceres S.A. e o meio dentado H 7974, do Instituto Agronômico de Campinas, Secretaria da Agricultura do Estado de São Paulo.

4.2. Métodos

A metodologia utilizada é baseada no método sugerido por LONNQUIST (1964), a que chamou "método de seleção espiga-por-fileira modificado". O esquema consiste na seleção entre famílias, que é feita com base no seu comportamento médio de três locais, e na escolha de plantas, dentro das famílias, que é feita por meio da seleção fenotípica em um dos locais. Assim, os fenótipos selecionados pelas médias das famílias resultam do efeito dos genótipos e das interações genótipo x ano. Esse procedimento permite que se tenha uma geração por ano e a seleção baseada nos dados médios de três locais contribui para diminuir os efeitos das interações genótipo x local. As interações genótipo x ano são minimizadas com o decorrer dos anos, apesar de ficarem completamente confundidas com os valores dos genótipos em cada ciclo de seleção. O autor propôs o seguinte modelo matemático, para o método em questão:

$$P_{ijk} = \mu + (G_i + GY_{ik}) + (L_j + LY_{jk}) + (GL_{ij} + GLY_{ijk}) + e_{ijk}$$

onde:

P_{ijk} = produção de uma planta.

μ = média da produção.

G_i = valor genotípico do genótipo i.

L_j = efeito do local j.

Y_k = efeito do ano k.

GL_{ij} = interação do genótipo i com o local j.

GY_{ik} = interação do genótipo i com o ano k.

LY_{jk} = interação do local j com o ano k.

GLY_{ijk} = interação do genótipo i com o local j com o ano k.

e_{ijk} = efeito de variáveis aleatórias incontroláveis.

Em nosso trabalho um ciclo de seleção se completará em dois anos, porquanto no primeiro ano foi praticada apenas a avaliação e seleção entre progênes, sendo que a seleção dentro será levada a efeito no ano seguinte, por ocasião da recombinação entre as progênes selecionadas. A recombinação será feita em campo isolado de outra cultura de milho, no qual cada progênie constituirá uma linha receptora de pólen, a ser despendoada, e as linhas polinizadoras serão constituídas pela mistura de igual número de sementes de cada uma das progênes selecionadas. Serão semeadas duas linhas receptoras para cada linha polinizadora, devendo nas primeiras serem selecionadas cerca de 10% das plantas, o que resultará em 500 progênes de meios irmãos a serem avaliadas no próximo ano.

As 500 progênes de meios irmãos do milho Composto Dentado Branco foram avaliadas em cinco ensaios látice 10 x 10 com três repetições, identificados como ensaios de número seis a dez, 1974/75, tendo como testemunhas intercalares os híbridos duplos Ag-152 e H-7974. As testemunhas foram plantadas três vezes em cada repetição: no início, no meio e no final. Desse modo, as testemunhas foram colocadas sistematicamente a intervalos de 50 parcelas. Cada experimento teve duas repetições instaladas em Água Santa, município de Piracicaba, de 8 a 10/10/74 e uma em São Simão, a 11/10/74, ambos os locais no estado de São Paulo.

Na adubação nitrogenada foi usado sulfato de amônio, sendo aplicados 8 kg de N por hectare, na semeadura, e 16 kg de N por hectare em cobertura, 45 dias após a semeadura; como fonte de fósforo foi empregado superfosfato simples, o qual forneceu 66 kg de P_2O_5 por hectare; 30 kg de K_2O por hectare foram fornecidos na forma de cloreto de potássio. O controle de invasoras foi feito pela aplicação de 4 kg por hectare, em pré-emergência, do herbicida Gesaprim 80*, cujo princípio ativo é uma atrasi-
na.

Para cada parcela foram semeadas 75 sementes em linhas de

* Marca comercial.

10 metros de comprimento, distanciadas entre si por um metro. Cada parcela compreendeu uma área de 10 m². Dentro da linha, as covas ficaram afastadas entre si de 0,40 m., sendo semeadas três sementes por cova, para posterior desbaste para duas plantas por cova, correspondendo a uma densidade de 50.000 plantas por hectare. Para um melhor controle das variações do solo, as primeiras repetições dos cinco ensaios foram instalados agrupadas, o mesmo acontecendo com as segundas repetições.

Após o florescimento, foram anotadas nas primeira e segunda repetições dos ensaios nº 9 e nº 10, a altura de plantas e altura de inserção de espigas, de dez plantas por parcela, as quais foram identificadas por meio de tira de papel cartonado, grampeado de maneira a circundar o colmo das plantas. Os dados assim obtidos permitiram a obtenção de estimativas da variância dentro de progênies.

Por ocasião da colheita, foram atribuídas notas para acamamento e altura de inserção de espigas para todas as parcelas dos experimentos, anotando-se ainda o seu número de plantas e peso de espigas despalhadas. O peso de espigas das plantas identificadas, usadas para medições individuais de altura de planta e de espiga, foi obtido posteriormente no laboratório. Esses pesos foram somados aos pesos das espigas despalhadas obtidos no campo. Não foram feitos ajustes para umidade de grãos, porquanto na colheita a umidade de 16% foi constante para as parcelas. A correção dos dados de produção para um igual número de plantas por parcela ("stand") foi feita pela fórmula de ZUBER (1946):

$$PCC = PC \left(\frac{H - 0,3F}{H - F} \right)$$

onde:

PCC = peso corrigido para número de plantas ideal por parcela.

PC = peso de campo.

H = "stand" ideal (50 plantas em 10 m²).

F = plantas a menos do "stand" ideal.

Foram feitas análises de variância de cada látice 10 x 10, conforme o seguinte modelo:

C. V.	G. L.	S. Q.	Q. M.	F
Repetições	2			
Trat ^s não ajust.	99		M ₁	
Componente b	27			
Resíduo	171		M ₂	
Total	299			

onde:

M₁ = quadrado médio de famílias de meios irmãos

M₂ = quadrado médio do resíduo.

A variância entre famílias de meios irmãos foi estimada ao nível de parcelas e de plantas individuais, conforme indicações de VENCOVSKY.*

$$\hat{\sigma}^2_{mi} = \frac{M_1 - M_2}{r}$$

onde:

$\hat{\sigma}^2_{mi}$ = variância entre progênies de meios irmãos.

Pela determinação da variância entre progênies de meios irmãos pode-se calcular o coeficiente de variação genética, por meio da fórmula:

$$C.V._{gen.} = \frac{\hat{\sigma}^2_{mi} \times 100}{\bar{X}_{mi}}$$

onde:

\bar{X}_{mi} = é a média da população.

* Prof. Dr. Roland Vencovsky - informações pessoais.

As esperanças matemáticas ao nível de médias de parcelas e de plantas foram estimadas como segue:

C. V.	Q. M.	parcelas	plantas
Fam. de MI	M_1	$\hat{\sigma}_m^2 + r \hat{\sigma}_{mi}^2$	$\hat{\sigma}_{\frac{d}{n}}^2 + \hat{\sigma}_e^2 + r \hat{\sigma}_p^2$
Resíduo	M_2	$\hat{\sigma}_m^2$	$\hat{\sigma}_{\frac{d}{n}}^2 + \hat{\sigma}_e^2$

onde:

$\hat{\sigma}_m^2$ = variância entre médias de parcelas.

$\hat{\sigma}_{\frac{d}{n}}^2$ = variância entre plantas, dentro de parcelas.

$\hat{\sigma}_e^2$ = variância entre parcelas.

$\hat{\sigma}_p^2$ = variância entre progênies, ao nível de plantas.

n = número de plantas por parcela.

A variância genética aditiva pode ser estimada por meio da variância entre progênies de meios irmãos, desde que as plantas paternas não tenham sofrido endogamia e em ausência de efeitos epistáticos (COMSTOCK e ROBINSON 1948):

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4 \frac{\hat{\sigma}_{mi}^2}{2} = 4 \hat{\sigma}_p^2$$

onde:

$\hat{\sigma}_A^2$ = estimativa da variância genética aditiva.

$\hat{\sigma}_{mi}^2$ = estimativa da variância entre progênies de meios irmãos.

$\hat{\sigma}_p^2$ = estimativa da variância entre progênies, ao nível de plantas.

n = número de plantas por progênies.

A estimativa do progresso genético esperado em cada ciclo de seleção, com a duração de dois anos, foi feita pela fórmula, (VENCOVSKY, 1969):

$$\Delta g = \frac{k_1 \frac{1}{4} \hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{r} + \frac{\sigma_d^2}{m}}} + \frac{k_2 \frac{3}{8} \hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_d^2}}$$

onde:

Δg = progresso genético esperado.

k_1 = constante que depende da intensidade de seleção aplicada às famílias avaliadas.

k_2 = constante que depende da intensidade de seleção dentro das famílias avaliadas.

$\hat{\sigma}_A^2$ = variância genética aditiva.

$\hat{\sigma}_p^2$ = variância entre progênies, ao nível de plantas.

$\hat{\sigma}_e^2$ = variância entre parcelas.

r = número de repetições dos tratamentos nos ensaios.

n = número de plantas por parcela.

Na equação que expressa o progresso genético esperado pela seleção, o primeiro termo diz respeito à seleção praticada entre famílias, enquanto que o segundo termo corresponde à seleção de plantas dentro de famílias. As constantes k_1 e k_2 foram calculadas com o auxílio de tabelas indicadas por FISHER e YATES (1954) e por SNEDECOR (1959).

O cálculo do progresso esperado, empregando-se os valores k correspondentes à intensidade de seleção aplicada, é adequado quando a seleção é truncada, isto é, quando a porcentagem selecionada contém somente indivíduos superiores para o caráter considerado. Entretanto, tal não ocorre na prática, pois são levados em conta vários atributos como produção de

grãos, altura de espiga e de planta, acamamento, etc. Isso faz com que progênies mais produtivas não sejam selecionadas por deficiências em outros caracteres e vice-versa. Assim sendo, é mais apropriado o cálculo do progresso esperado em função do diferencial de seleção d_s , que substitui o valor k , como segue (LEZCAND 1976):

$$d_s = \frac{\bar{X}_s - \bar{X}_0}{n}$$

onde:

d_s = diferencial de seleção.

\bar{X}_s = produção média das progênies selecionadas.

\bar{X}_0 = produção média das progênies originais.

n = número de plantas.

A componente da seleção "dentro" foi reduzida na mesma proporção existente entre k_1 e o diferencial de seleção.

Dados de produção, obtidos a nível de plantas, permitiram a decomposição da variância em variância entre plantas dentro de parcelas ($\hat{\sigma}_d^2$) e variância entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$). Por sugestão de MIRANDA FILHO* empregamos a média harmônica no cálculo da variância dentro de progênies, uma vez que nem sempre foi possível dispormos dos dados de todas as dez plantas observadas por parcela.

Quando não se dispõem de dados de plantas individuais, GARDNER (1961) e WEBEL e LONNQUIST (1967) valeram-se da estimativa de

$$\hat{\sigma}_d^2 = 10 \times \hat{\sigma}_e^2$$

enquanto que QUEIROZ (1969) obteve estimativas de que a razão entre as duas variâncias se situa entre 4 e 5:

* Dr. José Branco de Miranda Filho - Professor do Departamento de Genética, ESALQ.

$$4 \leq \frac{\hat{\sigma}_d^2}{\hat{\sigma}_e^2} \leq 5$$

A herdabilidade foi estimada como sendo a relação entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica, conforme LUSH (1945), empregando-se a variância dentro de progênes como variância fenotípica:

$$\sigma h^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_d^2}$$

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Avaliação das progênes de meios irmãos.

Ao final do presente trabalho incluímos um Apêndice com indicações mais detalhadas sobre os cálculos efetuados para a obtenção dos diferentes parâmetros genéticos.

As Tabelas de 1 a 5 apresentam as análises de variância dos dados de produção de grãos em kg/10 m² obtidos por experimentos de número 6 a 10, delineamento látice 10 x 10 com três repetições, juntamente com o teste F, médias da população e das testemunhas, eficiência do látice e coeficiente de variação. A Tabela 6 apresenta a produtividade média da população, representada pelas 500 progênes avaliadas, das testemunhas e da amostra selecionada, representada pelas 93 progênes escolhidas.

Os valores de eficiência do látice relativa a blocos ao acaso variaram de 100,8 a 108,8%, indicando que as análises de variância poderiam ter sido feitas em blocos ao acaso e não necessariamente em látice. Entretanto, a facilidade de cálculo conferida pela utilização de computador, bem como o maior número de informações proporcionadas, nos levou a efetuar análise em látice triplo, com recuperação da informação inter-blocos. Os coeficientes de variação assumiram valores de 14,0 a 17,4%, indicando a precisão satisfatória dos experimentos. O teste de F, utilizado para tratamentos ajustados, indicou diferenças significativas ao nível de

5% de probabilidade somente no experimento número 8.

Nos cinco experimentos as produções médias de progênies variaram de 5.914 a 6.685 kg/ha, enquanto as produções médias da testemunha H 7974 variaram de 6.469 a 7.040 kg/ha e as da testemunha Ag 152, de 6.453 a 6.946 kg/ha. A média geral de produção das progênies foi 6.406 kg/ha e a das testemunhas 6.694 kg/ha. Observa-se que a produtividade das progênies encontra-se num nível bastante elevado se comparada à das testemunhas, apenas 4,3% menor, especialmente considerando-se que se trata de população original, em fase inicial de melhoramento pelo método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos.

Na avaliação das progênies, é conveniente o emprego de híbridos duplos como testemunhas, os quais são intercalados sistematicamente a cada 50 parcelas: no início, no meio e no final de cada repetição. Esses híbridos não constituem tratamentos, sendo incluídos nos ensaios apenas para fins comparativos e por possibilitarem uma estimativa do progresso observado. O uso de híbridos comerciais também possibilita comparar o material em melhoramento com híbridos usados pelos agricultores, além de outras comparações. Os mesmos híbridos devem ser incluídos em todos os ciclos em avaliação, podendo ser sintetizados anualmente e mantendo sempre a mesma constituição genética. A média dos híbridos permite diminuir o efeito das interações desses genótipos com o ambiente. Tal procedimento elimina a fonte de variação resultante do emprego da população original como testemunha, a qual geralmente tem suas sementes mantidas armazenadas e sofrendo contínuo envelhecimento. Por outro lado, nova fonte de variação surge quando se multiplica sementes da população original, uma vez que é impossível eliminar a ocorrência de seleção natural ou daquela praticada inconscientemente.

No presente trabalho o cálculo das somas de quadrados de tratamentos e do resíduo não inclui os dados referentes às testemunhas.

Com base na produtividade das progênies, no seu "stand" à época da colheita, sua resistência ao acamamento, altura de inserção de es

pigas e altura de plantas, foram selecionadas 93 progênies de meios irmãos, as quais deverão ser recombinadas no próximo período agrícola em área isolada de outros cultivos de milho, ocasião em que será praticada a seleção dentro de progênies.

Tem sido usual em programas semelhantes conduzidos no Departamento de Genética e em outras instituições o emprego de uma intensidade de seleção da ordem de 20%. No presente caso, as 93 progênies selecionadas representam uma intensidade de seleção de 18,6%. A seleção dentro deverá ser feita por ocasião da recombinação, sendo selecionadas cinco plantas por progênie, numa intensidade de seleção de 10%, o que permitirá reconstituir uma população de 500 famílias a serem avaliadas no próximo ciclo. Segundo COMSTOCK (1976), o tamanho efetivo populacional (N) para o sistema de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos é igual a $4M$, onde M é o número de famílias selecionadas. Diz ainda esse autor que hoje se acredita em que o tamanho efetivo populacional seja superior ao considerado na maioria dos trabalhos de seleção que adotam esse método, para que se aumente a probabilidade de fixação de genótipos desejados.

A fim de se comparar melhor as progênies avaliadas nos diferentes experimentos, as respectivas produções foram transformadas em porcentagem relativa às testemunhas. A Figura 1 apresenta o histograma das frequências das produções assim obtidas, permitindo uma análise visual de toda a população. Observa-se uma alta frequência de progênies de meios irmãos com produtividade superior à das testemunhas, indicando que através da seleção se pode esperar subsequentes ganhos em produtividade.

5.2. Estimativas de parâmetros genéticos

A Tabela 7 apresenta a estimativa da variância entre famílias de meios irmãos, o coeficiente de variação genética, as estimativas da variância genética aditiva e da herdabilidade.

O método de seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos tem se mostrado de execução relativamente simples e eficiente, proporcionando progresso continuado por muitos ciclos. Nos vários programas de melhoramento onde tem sido empregado, uma pronunciada redução na variância genética aditiva foi notada apenas no primeiro ciclo de seleção, sendo que nos demais ciclos essa redução foi pequena ou não se verificou. Isso possivelmente resulta da eliminação de variações gênicas livres existentes no material ao sofrer sua primeira seleção e (ou) fixação de gens maiores (WEBEL e LONNQUIST 1967 e PATERNIANI 1967).

Todo o ganho pretendido na seleção é obtido às custas de variabilidade genética. Desse modo, a estimativa do coeficiente de variação genética do material sob seleção, ou a ser selecionado, indica ao melhorista suas possibilidades de êxito no melhoramento.

Em nosso trabalho estimamos em 5,6% a variabilidade genética do milho Composto Dentado Branco, valor próximo dos 6,8% encontrados por LEZCANO (1976) para o Composto "Flint" Branco. A maioria dos trabalhos similares de seleção relatam resultados comparáveis a estes, indicando uma variabilidade genética suficiente para progressos subsequentes (LONNQUIST 1967).

A variância de progênies de meios irmãos foi estimada em $0,52 \times 10^{-4} \text{ kg}^2/\text{planta}$, a partir dos quadrados médios dos tratamentos e do resíduo, sendo a quarta parte da variância aditiva, essencial à seleção:

$$\hat{\sigma}^2_P = \frac{1}{4} \hat{\sigma}^2_A$$

Nos programas de melhoramento de populações pela seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos, a estimativa da variância genética aditiva ganha em importância à medida em que consideramos que a maioria dos caracteres agrônômicos são poligênicos, de natureza quantitativa e de ação gênica predominantemente aditiva. LEARNER (1958), indica esse tipo de seleção combinada como mais eficiente do que a seleção massal ou a de

meios irmãos, isoladamente. A estimativa da variância genética aditiva foi calculada a nível de plantas, chegando-se ao valor 0,000208 kg²/planta.

Estimativas da variância entre e dentro, a nível de plantas, proporcionaram, respectivamente, os valores 0,000322 kg²/planta e 0,003215 kg²/planta.

Nas duas primeiras repetições dos experimentos 9 e 10 foram anotadas a produção de grãos, altura de plantas e de inserção de espigas, sendo observadas 10 plantas por parcela. Esse procedimento permitiu determinar o erro dentro de progênies ($\hat{\sigma}_d^2$), igual a 0,003278 kg²/planta para a produção de grãos, a 0,037377 m²/planta para altura de plantas e igual a 0,032432 m²/planta para altura de inserção de espigas.

As variâncias dentro, determinadas para altura de plantas e altura de inserção de espigas, são aqui incluídas para permitirem comparações com estimativas semelhantes que sejam feitas em outros trabalhos, uma vez que no presente os cálculos foram feitos com base apenas nos dados de produção de grãos.

WEBEL e LONNQUIST (1967) encontraram a relação

$$\frac{\hat{\sigma}_d^2}{\hat{\sigma}_e^2} = 10$$

para a variedade Hays Golden, enquanto que QUEIROZ (1969), avaliando progênies de meios irmãos do milho Dentado Composto, estimou que a razão entre essas duas variâncias se situa entre 4 e 5:

$$4 \leq \frac{\hat{\sigma}_d^2}{\hat{\sigma}_e^2} \leq 5$$

Os valores por nós encontrados, tanto pela estimativa da variância dentro como pelos dados obtidos da observação de dez plantas por parcela, foram praticamente os mesmos (Tabela 7), confirmando a relação

$$\frac{\hat{\sigma}_d^2}{\hat{\sigma}_e^2} = 10$$

O progresso genético que se obtém por meio da seleção aplicada entre e dentro de famílias de meios irmãos é estimado respectivamente em 5,556 g/planta e 2,332 g/planta, ao final do presente ciclo, sendo o progresso total igual a 7,888 g/planta. Nas 500 progênes originais foi determinada a produção média de 128,12 g/planta, sendo esperado um valor de 136,008 g/planta na população melhorada. Em porcentagem, o progresso esperado é igual a 6,16%, sendo 4,34% devido à seleção entre e 1,82% devido à seleção dentro de famílias de meios irmãos (Tabela 8), o que corresponde respectivamente a 70% e 30% do ganho total esperado. Diversos autores tem relatado ganhos semelhantes, da população original ao primeiro ciclo, entre eles, WEBEL e LONNQUIST (1967), PATERNIANI (1967, 1968b), LEZCANO (1976) e SEGOVIA (1976).

A herdabilidade para produção de grãos, no sentido restrito foi estimada em 6,47%.

A seleção praticada por meio de progênes de polinização livre de plantas individuais tem se mostrado eficiente, principalmente devido à condução de testes de progênes, à intensidade de seleção aplicada, mantendo a endogamia dentro de limites aceitáveis, e à manutenção de adequado tamanho efetivo de população. Tudo isso deverá proporcionar uma herdabilidade e variabilidade genética tais que permitam uma efetiva seleção, ciclo após ciclo.

Em nosso estudo estimamos uma produtividade de 136,01 gramas por planta para a população de ciclo I. Isso nos indica que o ciclo I deverá ter produtividade superior à das testemunhas, que produziram em média 133,88 gramas por planta.

Vê-se, com base na comparação com as testemunhas, que o método deve permitir a obtenção de populações melhoradas, que em produtividade e atributos agrônômicos se equivalem ou mesmo superam os híbridos cultivados pelos agricultores. Essas populações podem, como tal, ser distribuídas aos agricultores, ou servir de base à aplicação de outros métodos de

melhoramento, proporcionando a obtenção de melhores linhagens e híbridos.

A seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos tem se mostrado um método eficiente, técnica e economicamente acessível à maioria das instituições que se dedicam ao melhoramento do milho.

6. CONCLUSÕES

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

- 1) As progênies de meios irmãos do milho Composto Dentado Branco, população de ampla base genética, apresentaram elevada produtividade em relação às testemunhas, apenas 4,3% menor, em que pese ainda não ter sido completado o primeiro ciclo de seleção.
- 2) O coeficiente de variação genética de 5,6% indica variabilidade suficiente para progressos subsequentes, pelo método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos.
- 3) Em função da intensidade de seleção aplicada de 18,6% entre progênies e de 10,0% dentro das progênies, o progresso esperado é de 6,16% ao final do I ciclo, sendo a variância genética aditiva estimada em $2,08 \times 10^{-4}$ kg²/planta.
- 4) A quantidade de variância genética aditiva utilizável no melhoramento é estimada pelo coeficiente de herdabilidade de 6,47%, o qual não sendo muito elevado indica que se deve dar maior atenção à seleção entre do que à seleção dentro de famílias de meios irmãos.

7. SUMMARY

A white dent maize population with a broad genetic basis, identified as Composto Dentado Branco (White Dent Composite) was employed. The population was obtained at the Institute of Genetics, ESALQ-USP., by combining essentially "Tuxpeño" germplasm mostly from Mexico and Central America.

Five hundred half-sib families were evaluated in five 10 x 10 triple lattices with three replications. Two replications were planted in Piracicaba, SP., and the third one in São Simão, both in the state of São Paulo. Two commercial hybrids, H 7974 and Ag 152, were included as checks. They were planted three times in each replication, distributed systematically every 50 plots. Each plot is represented by one row 10 m long, with a distance of 1 m between rows. A population density of 50,000 plants/ha was used. Data were recorded on grain yield, ear and plant height and lodging.

A genetic coefficient of variation of 5.6% was found, which indicates reasonable genetic variability for further improvement. According to the data, 93 superior half-sib families were selected to be recombined in the next generation to produce the first cycle. An expected genetic progress for the first cycle of about 6.16% was calculated, and the heritability for grain yield was estimated as 6.47%.

8. LITERATURA CITADA

- ALLARD, R.W., 1971. Princípios do Melhoramento Genético das Plantas. São Paulo, Editora Edgar Blücher Ltda. 381 p.
- ANDREW, R.H., 1969. Ear-to-row selection for early maturity in sweet corn. Crop Sci., 9: 51-55.
- BERGER, J., 1962. Maize production and the manuring of maize; Suisse, Centre d'Etude de l'Azote.
- CAMPOS, M.S., 1966. Efeitos da seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos em duas populações de milho. Piracicaba, ESALQ-USP, 42 p. (Dissertação de Mestrado).
- COLLIER, J.H., 1959. Three cycles of reciprocal recurrent selection. Proc. 14 th Annual Hybrid Corn Industry - Research Conf., Am. Seed Trade Assoc. Publ. 14: 12-23.
- COMSTOCK, R.E., 1976. Anais da XI Reunião Brasileira de Milho e Sorgo. Piracicaba. (em elaboração).
- COMSTOCK, R.E. e H.F. ROBINSON, 1948. The components of genetic variance in

populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics*, 4: 254-266.

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

DELOUCHE, J.C., 1964. Physiology of seed storage. Proc. of 23rd Ann. Corn and Sorghum Conf. p. 83-90.

DUDLEY, J.W. e R.J. LAMBERT, 1969. Genetic variability after 65 generations of selection in Illinois High Oil, Low Oil, High Protein and Low Protein strains of Zea mays L. *Crop Sci.*, 9: 179-181.

DUDLEY, J.W. e R.H. MOLL, 1969. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variance in plant breeding. *Crop Sci.*, 9: 257-262.

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

EAST, E.M., 1909. The distinction between development and heredity in inbreeding. *Am. Naturalist.* 43: 173-181.

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

GARDNER, C.O., 1961. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. *Crop Sci.*, 1: 241-245.

GARDNER, C.O., 1963. Estimates of genetic parameters in cross fertilizing plants and their implications in plant breeding. NAS - Nat. Res. Coun. Publ. 982: 225-252.

- HALLAUER, A.R. e J.H. SEARS, 1969. Mass selection for yield in two varieties of maize. *Crop Sci.*, 9: 47-50.
- HORNER, E.S.; H.W. LUNDY; M.C. LUTRIC e R.W. WALLACE, 1961. Relative effectiveness of recurrent selection for specific and general combining ability in corn. *Crop Sci.*, 3: 63-66.
- HULL, F.H., 1945. Recurrent selection and specific combining ability in corn. *J. Am. Soc. Agron.* 37: 143-145.
- HULL, F.H., 1952. Recurrent selection and overdominance. In: GOWEN, J.W., Heterosis. Ames, Iowa. State College Press, p. 451-473.
- JENKINS, M.T., 1940. The segregation of genes affecting yield of grain in maize. *J. Am. Soc. Agron.* 32: 55-63.
- JENKINS, M.T., A.I. ROBERT e W.R. FINDLEY JR., 1954. Recurrent selection as a method for concentrating genes for resistance to *Helminthosporium Turcicum* leaf blight in corn. *Agron. J.* 46: 89-94.
- JONES, D.F., 1918. The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. *Connecticut Agr. Expt. Sta. Bull.* 207: 5-100.
- KIESELBACH, T.A., 1933. The possibilities of modern corn breeding. *Proc. World Grain Exhib. and Conf., Canada* 2: 92-112.
- LENG, E.R., 1962. Selection reversal in strains of corn previously long term selected for chemical composition. *Crop Sci.*, 2: 167-170.
- LENG, E.R., 1962a. Results of long-term selection for chemical composition in maize and their significance in evaluating breeding systems. *E. Pflanzenzucht.* 47: 67-91.
- LERNER, M.I., 1958. The genetic basis of selection. New York, John Wiley &

Sons, Inc., 298 p.

LEZCANO, R.S., 1976. Seleção Entre e Dentro de Famílias de Meios Irmãos no Milho (Zea mays L.) Composto Flint Branco. Piracicaba, ESALQ/USP, 52 p. (Dissertação de Mestrado).

LINDSEY, M.F.; J.H. LONNQUIST E C.O. GARDNER, 1962. Estimates of genetic variance in open-pollinated varieties of combelt corn. *Crop Sci.*, 2: 105-108.

LONNQUIST, J.H., 1961. Recurrent selection as a means of modifying combining ability in corn. *Agron. J.* 43: 311-315.

LONNQUIST, J.H., 1961. Progress from recurrent selection procedures for the improvement of corn populations. *Nebraska Agr. Exp. Sta. Res. Bull.* 197. 33 p.

LONNQUIST, J.H., 1964. A modification of the ear-to-row procedure for the improvement of maize populations. *Crop Sci.*, 4: 227-228.

LONNQUIST, J.H., 1964a. Progress in performance in corn from recurrent selection for general combining ability. *Fitotecnia Latinoamericana*, 1: 51-58.

LONNQUIST, J.H., 1967. Genetic variability in maize and indicated procedures for its maximum utilization. *Ciência e Cultura* V. 19, nº 1 p. 135-144.

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

LUSH, J., 1945. Animal breeding plans. Iowa State College Press. Ames, 443p.

- Mc GILL, D.P. e J.H. LONNQUIST, 1955. Effects of two cycles of recurrent selection for combining ability in an open-pollinated variety of corn. *Agron. J.* 47: 315-323.
- PATERNIANI, E., 1965. O melhoramento de populações de milho. XVII Reunião Anual da SBPC, Belo Horizonte, MG. *Ciência e Cultura*, 17: 186-187.
- PATERNIANI, E., 1967. Selection among and within half sib families in a brazilian population of maize (*Zea mays* L.). *Crop Sci. Madison*, 7: 212-216.
- PATERNIANI, E., 1968a. Formação de Compostos de Milho. Relatório Científico do Instituto de Genética. ESALQ. Piracicaba-SP. 102-108.
- PATERNIANI, E., 1968b. Avaliação do Método de Seleção Entre e Dentro de Famílias de Meios Irmãos no Melhoramento do Milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 92 p. (Tese para cargo de Professor Catedrático).
- PATERNIANI, E., 1975. Seleção recorrente recíproca em milho com famílias de meios irmãos obtidos de plantas prolíficas. *Rel. Cient. Inst. Genética. ESALQ. Piracicaba*, p. 131-137.
- PENNY, L.H.; W.H. RUSSEL; G.F. SPRAGUE e A.R. HALLAUER, 1963. Recurrent selection. In: Statistical Genetics and Plant Breeding, Whashington D.C., NAS-NRC, publ. nº 982: 352-367.
- QUEIROZ, M.A., 1969. Correlações Genéticas e Fenotípicas em Progenies de Meios-Irmãos de Milho (*Zea mays* L.) e suas Implicações no Melhoramento. Piracicaba, ESALQ/USP, 71 p. (Dissertação de Mestrado).
- ROBINSON, H.F.; R.E. COMSTOCK e P.H. HARVEY, 1955. Genetic variances in open-pollinated varieties of corn. *Genetics*, 49: 45-60.

- SEGÓVIA, R.T., 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).
- SHULL, G.H., 1909. A pure line method of corn breeding. Am. Breed. Assoc. Rept. 5: 51-59.
- SILVA, J., 1969. Seleção Entre e Dentro de Famílias de Meios Irmãos no Milho Cateto Colombia Composto. Piracicaba, ESALQ/USP, 74 p. (Dissertação de Mestrado).
- SNEDECOR, G.W., 1959. Statistical methods. 5th ed. The Iowa State College Press, Ames, 534 p.
- SPRAGUE, G.F., 1955. Corn breeding. In: Corn and corn improvement. New York, Academic Press, 699 p.
- SPRAGUE, G.F., 1955a. Problems in the estimation and utilization of genetic variability. Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology 20: 87-92
- SPRAGUE, G.F. e M.T. JENKINS, 1943. A comparison of synthetic varieties, multiple crosses, and double crosses in corn. Journal of American Society of Agronomy 35 (2): 137-147.
- SPRAGUE, G.F.; P.A. Miller e B. BRIMHALL, 1952. Additional studies on the relative effectiveness of two systems of selection for oil content of the corn kernel. Agron. J. 44: 329-331.
- SPRAGUE, G.F.; W.A. RUSSEL e L.H. PENNY, 1959. Recurrent selection for specific combining ability and type of gene action involved in yield heterosis in corn. Agron. J. 51: 392-394.

- VENCOVSKY, R., 1969. Genética Quantitativa. In: KERR, W.E., Melhoramento e Genética. São Paulo, Edições Melhoramento. p. 17-138.
- WEBEL, O.D. e J.H. LONNQUIST, 1967. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (Zea mays L.). Crop Sci., 7: 651-655.
- WOODWORTH, C.M.; E.R. LENG e R.M. JUGENHEIMER, 1952. Fifty generations of selection for oil and protein content in corn. Agron. J. 44: 60-65.
- ZINSLY, J.R., 1969. Estudo Comparativo Entre a Seleção Massal e a Seleção Entre e Dentro de Famílias de Meios Irmãos em Milho (Zea mays L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 52 p. (Tese de Doutorado).
- ZUBER, M.S., 1942. Relative efficiency of incomplete block designs using corn uniformity trial data. J. Am. Soc. Agron. 34: 30-47.

TABELA 1. Análise da variância da produção de grãos em kg/10 m² do experimento 6, látice triplo 10 x 10 com três repetições, referente a 100 progênies de meios irmãos do milho Composto Dentado Branco, Piracicaba, 1974/75.

Causa de Variação	G.L.	S.Q.	Q.M.
Repetições	2	18,5274	
Tratamentos não ajustados	99	143,2430	
Blocos dentro de repet. ajust.	27	48,8130	1,8078
Erro intra blocos	171	151,4845	0,8858
Total	299	362,0680	
Teste F com tratamentos aj.		1,3177	
Média geral		5,914 kg/10 m ²	
Média de H 7974 e Ag 152		6,527 kg/10 m ²	
Eficiência do látice		106,8%	
C.V. (látice)		16,5%	

TABELA 2. Análise da variância da produção de grãos em kg/10 m² do experimento 7, látice triplo 10 x 10 com três repetições, referente a 100 progênies de meios irmãos do milho Composto Dentado Branco, Piracicaba, 1974/75.

Causa da Variação	G.L.	S.Q.	Q.M.
Repetições	2	4,3768	
Tratamentos não ajustados	99	135,4548	
Blocos dentro de repet. ajust.	27	67,5737	2,5027
Erro intra blocos	171	190,0488	1,1113
Total	299	397,4542	
Teste F com tratamentos aj.		1,0259	
Média geral		6,272 kg/10 m ²	
Média de H 7974 e Ag 152		6,586 kg/10 m ²	
Eficiência do látice		108,8%	
C.V. (látice)		17,4%	

TABELA 3. Análise da variância da produção de grãos em kg/10m² do experimento 8, látice triplo 10 x 10 com três repetições, referente a 100 progênies de meios irmãos do milho Composto Dentado Branco. Piracicaba, 1974/75.

Causa de Variação	G.L.	S.Q.	Q.M.
Repetições	2	23,3899	
Tratamentos não ajustados	99	147,7105	
Blocos dentro de repet. ajust.	27	49,0121	1,8152
Erro intra blocos	171	171,6687	1,0039
Total	299	391,7814	
Teste F com tratamentos aj.		1,3706*	
Média geral		6,652 kg/10 m ²	
Média de H 7974 e Ag 152		6,537 kg/10 m ²	
Eficiência do látice		104,6%	
C.V. (látice)		15,5%	

* Significativo ao nível de 5% de probabilidade.

TABELA 4. Análise da variância da produção de grãos em kg/10 m² do experimento 9, látice triplo 10 x 10 com três repetições, referente a 100 progênies de meios irmãos do milho Composto Dentado Branco. Piracicaba, 1974/75.

Causa de Variação	G.L.	S.Q.	Q.M.
Repetições	2	20,4120	
Tratamentos não ajustados	99	139,4626	
Blocos dentro de repet. ajust.	27	42,0731	1,5582
Erro intra blocos	171	165,3711	0,9670
Total	299	367,3190	
Teste F com tratamentos aj.		1,2314	
Média geral		6,506 kg/10 m ²	
Média de H 7974 e Ag 152		6,993 kg/10 m ²	
Eficiência do látice		103,0%	
C.V. (látice)		15,5%	

TABELA 5. Análise da variância da produção de grãos em kg/10 m² do experimento 10, látice triplo 10 x 10 com três repetições, referente a 100 progênies de meios irmãos do milho Composto Dentado Branco. Piracicaba, 1974/75.

Causa de Variação	G.L.	S.Q.	Q.M.
Repetições	2	9,1439	
Tratamentos não ajustados	99	104,3363	
Blocos dentro de repet. ajust.	27	29,5605	1,0948
Erro intra blocos	171	146,0140	0,8538
Total	299	289,0549	
Teste F com tratamentos aj.		1,1539	
Média geral		6,685 kg/10 m ²	
Média de H 7974 e Ag 152		6,826 kg/10 m ²	
Eficiência do látice		100,8%	
C.V. (látice)		14,0%	

TABELA 6. Produtividade média das 500 progênies de meios irmãos do milho Composto Dentado Branco e da respectiva amostra selecionada. Piracicaba, 1974/75.

Material	N	Produção kg/ha	Produtividade em relação às testemunhas(%)
Progênies	500	6.406	95,7
Testemunhas (H 7974 e Ag 152)	2	6.694	100,0
Progênies selecionadas	93	7.314	109,3

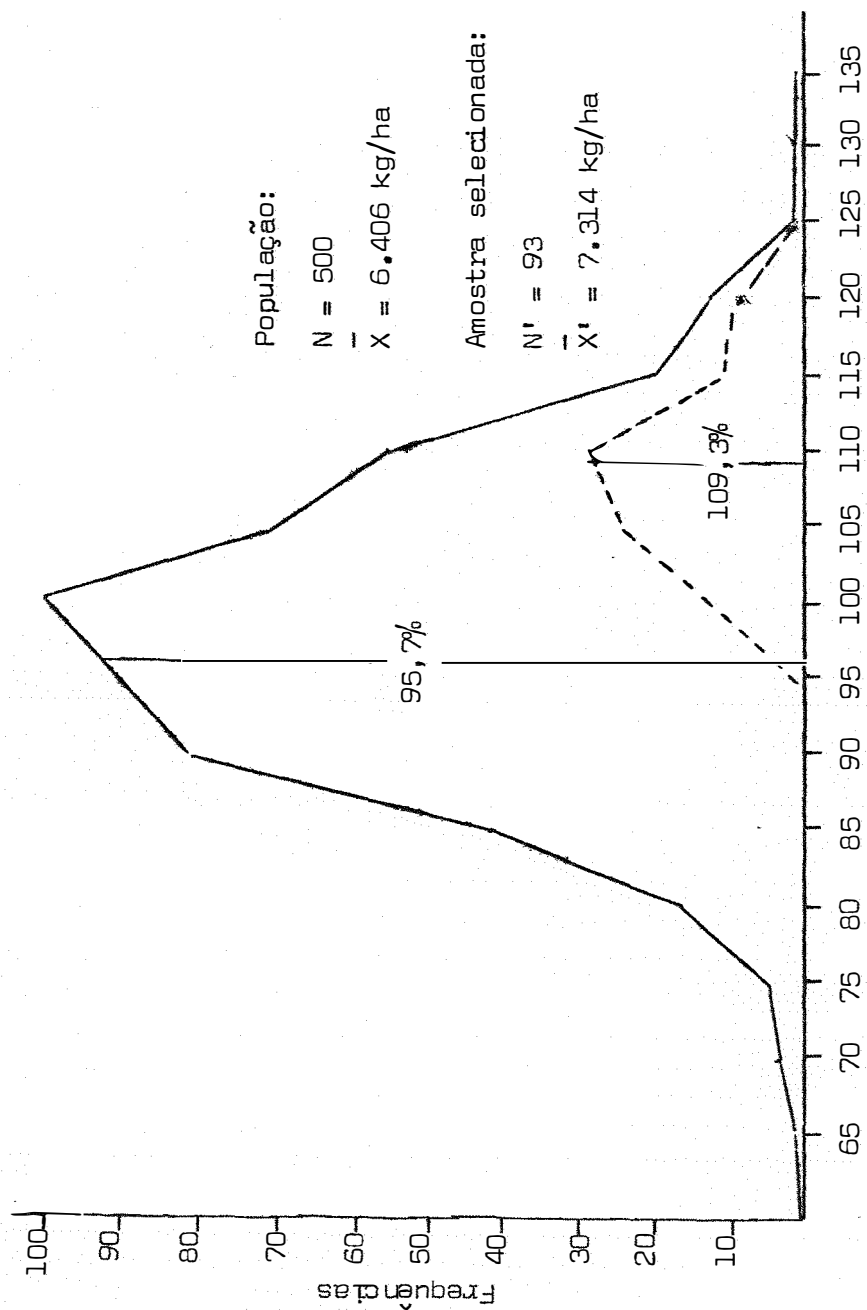
TABELA 7. Estimativas, a nível de plantas, da variância entre famílias de meios irmãos ($\hat{\sigma}_{mi}^2$); variâncias genéticas aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), de pro-gênes ($\hat{\sigma}_p^2$), entre ($\hat{\sigma}_e^2$), dentro ($\hat{\sigma}_d^2$) e $(\sigma_d^2)^{a/}$; coeficiente de variação genética (C.V. gen.) e herdabilidade (\hat{h}^2), com base na avaliação das 500 famílias de meios irmãos no milho Composto Den-tado Branco. Piracicaba, 1974/75.

Parâmetros	Produção de grãos
C.V. gen. %	5,6
$\hat{\sigma}_{mi}^2$ kg ² /planta x 10 ⁻⁴	0,5200
$\hat{\sigma}_A^2$ kg ² /planta x 10 ⁻⁴	2,0800
$\hat{\sigma}_p^2$ kg ² /planta x 10 ⁻⁴	0,5200
$\hat{\sigma}_e^2$ kg ² /planta x 10 ⁻⁴	3,2200
$\hat{\sigma}_d^2$ kg ² /planta x 10 ⁻⁴	0,003215
σ_d^2 kg ² /planta	0,003278
$h^2\%$	6,47
	Altura de planta
σ_d^2 m ² /planta	0,037377
	Altura de espiga
σ_d^2 m ² /planta	0,032432

^{a/} Obtidos da observação de 10 plantas por parcela, experimentos 9 e 10, primeira e segunda repetições.

TABELA 8. Progresso esperado da seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho Composto Dentado Branco. Piracicaba, 1974/75.

Material	g/planta	% Relativa população original	% Relativa testemunha
População original	128,12	100,0	95,7
Progresso esperado sel. entre	5,56	4,3	4,1
Progresso esperado sel. dentro	2,33	1,8	1,7
Progresso total combinado	7,89	6,2	5,9
População I	136,01	106,2	101,6
Testemunhas	133,88	104,5	100,0



Produções em porcentagem das testemunhas H 7974 e Ag 152

FIGURA 1. Distribuição das frequências das produções em porcentagem das testemunhas de 500 progênies de meios irmãos no milho Composito Dentado Branco.

A P Ê N D I C E

a) Produção média de progênies e testemunhas, por experimento:

	kg/parcela					\bar{x}
	6	7	8	9	10	
100 progênies	5,9137	6,2717	6,6524	6,5062	6,6852	6,4058
H 7974	6,6015	6,6391	6,4686	7,0398	6,7377	6,6973
Ag 152	6,4526	6,5331	6,6048	6,9461	6,9143	6,6902

Média das testemunhas nos cinco experimentos: 6,6938

b) Cálculo do coeficiente de variação genética (C.V._{gen.}).

Dados da soma de quadrados de tratamentos e soma de quadrados do resíduo, por experimento (não ajust.):

	G.L.	6	7	8	9	10
SQ Trat ^S .	99	143,2430	135,4548	147,7105	139,4626	104,3353
SQ resíduo	171	151,4845	190,0488	171,6687	165,3711	146,0140

O cálculo do coeficiente de variação genética utiliza os quadrados médios de progênies e do resíduo, obtidos da análise combinada dos

látices:

C.V.	QM	Esperanças de QM	
		ao nível de parcelas	ao nível de indivíduos
Progênes	m_1	$\hat{\sigma}^2 + r \hat{\sigma}_{mi}^2$	$n \hat{\sigma}_d^2 + n^2 \hat{\sigma}_e^2 + n^2 r \hat{\sigma}_p^2$
Resíduo	m_2	$\hat{\sigma}^2$	$n \hat{\sigma}_d^2 + n^2 \hat{\sigma}_e^2$

$$m_1 = \hat{\sigma}^2 + r \hat{\sigma}_{MI}^2 = 1,3540; \text{ quadrado médio de progênes.}$$

$$m_2 = \hat{\sigma}^2 = 0,9644; \text{ quadrado médio de resíduo.}$$

$$C.V. \text{ gen.} = \frac{\sqrt{(m_1 - m_2) \div r}}{\bar{x}} \times 100 =$$

$$C.V. \text{ gen.} = \frac{\sqrt{(1,3540 - 0,9644) \div 3}}{6,4058} \times 100 = 5,63\%$$

$$\bar{x} = 6,4058$$

$r =$ número de repetições, igual a 3.

c) Estimativa da variância entre progênes de meios irmãos.

$$\hat{\sigma}_{mi}^2 = \frac{m_1 - m_2}{r} = \frac{1,3540 - 0,9644}{3} = 0,129867$$

$$\hat{\sigma}_{mi}^2 = 0,129867 \text{ (ao nível de parcela: } n^2 = 2.500 \text{ plantas).}$$

$$\hat{\sigma}_{mi}^2 = \frac{0,129867}{2.500} = 0,000052 \text{ kg}^2/\text{planta.}$$

d) Estimativa da variância genética aditiva.

Como a variância entre progênes de meios irmãos corresponde a um quarto da variância genética aditiva,

$$\hat{\sigma}_{mi}^2 = \frac{1}{4} \hat{\sigma}_A^2$$

$$\hat{\sigma}_A^2 = 0,000052 \text{ kg}^2/\text{planta} \times 4$$

$$\hat{\sigma}_A^2 = 0,000208 \text{ kg}^2/\text{planta}.$$

e) Estimativa da variância dentro.

Partindo-se da relação

$$\frac{\hat{\sigma}_d^2}{\hat{\sigma}_e^2} = 10$$

temos que

$$\hat{\sigma}_d^2 = 10 \hat{\sigma}_e^2$$

$$\hat{\sigma}_d^2 = \frac{10 \hat{\sigma}_e^2}{10 + n^2}$$

$$\hat{\sigma}_d^2 = \frac{10 \times 0,9644}{500 + 2.500} = \frac{9,6440}{3.000} = 0,003215 \text{ kg}^2/\text{planta}, \text{ ou}$$

$$\hat{\sigma}_d^2 = 0,056701 \text{ kg/planta}$$

Com base nas observações individuais de 10 plantas por parcela, nas duas primeiras repetições dos experimentos 9 e 10, foi determinada a variância dentro, de acordo com a fórmula:

$$\hat{\sigma}_d^2 = \frac{\sum x^2 - \frac{(\sum x)^2}{N}}{N - 1}$$

onde:

$\sum x^2$ = somatório dos quadrados dos dados observados, ao nível de plantas.

$\sum (x)^2$ = somatório dos dados observados, elevado ao quadrado.

N = número de plantas por parcela, igual a 10.

$N-1$ = número de graus de liberdade, igual a 9.

Tendo-se:

$$\sum_{ij} SQ = 11,6712099693 \text{ (para produção de grãos).}$$

$$\sum_{ij} SQ = 133,09877601 \text{ (para altura de plantas).}$$

$$\sum_{ij} SQ = 115,49045396 \text{ (para altura de inserção de espigas).}$$

$$\sum_{ij} GL = 3.561$$

podemos calcular,

$$\sigma_d^2 = \frac{11,6712099693}{3.561} = 0,003278 \quad \therefore 0,0033 \text{ kg}^2/\text{planta, para produção.}$$

$$\sigma_d^2 = \frac{133,09877601}{3.561} = 0,03737679753 \quad \therefore 0,0374 \text{ m}^2/\text{planta, para altura de plantas.}$$

$$\sigma_d^2 = \frac{115,49045396}{3.561} = 0,03243202863 \quad \therefore 0,0324 \text{ m}^2/\text{planta, para altura de inserção de espiga.}$$

f) Estimativa da variância entre.

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{\hat{\sigma}_d^2}{10} = \frac{0,003215}{10} = 0,000322 \text{ kg}^2/\text{planta}$$

g) Estimativa da variância de progênies.

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{1}{4} \hat{\sigma}_A^2 = \frac{0,000208}{4} = 0,000052 \text{ kg}^2/\text{planta}$$

- h) Determinação das esperanças dos quadrados médios, aos níveis de totais de parcelas e de indivíduos.

Esperanças dos quadrados médios:

C.V.	QM	Ao nível de	
		totais de parcelas	indivíduos
Progênes	m_1	$\hat{\sigma}^2 + r \hat{\sigma}^2 m_i$	$n \hat{\sigma}^2 d + n^2 \hat{\sigma}^2 e + n^2 r \hat{\sigma}^2 p$
Resíduo	m_2	$\hat{\sigma}^2$	$n \hat{\sigma}^2 d + n^2 \hat{\sigma}^2 e$

- i) Para o cálculo do progresso genético esperado devemos previamente obter as constantes k_1 e k_2 , as quais dependem respectivamente das seleções entre e dentro de progênes. A estimativa de k_1 baseia-se na Tabela I de FISHER e YATES (1971), página 48:

$P = 0,186$ proporção de progênes selecionadas.

$$0,186 \times 2 = 0,372$$

Para 0,372 o valor tabelado de x é igual a 0,896.

Lendo-se na Tabela II, encontraremos um valor de $Z = 0,2685$, que corresponde ao de $x = 0,896$. Z é um valor tabulado em função do diferencial de seleção.

Então:

$$K_1 = \frac{Z}{P} = \frac{0,2685}{0,1860} = 1,4435 \approx 1,44$$

Na determinação de k_2 usamos a Tabela XX, para $n \leq 50$, à página 99. Para um total de 50 plantas por parcela e intensidade de seleção

dentro igual a 10%, estaremos tomando cinco plantas por parcela. Logo, faz-se a média dos cinco primeiros valores da tabela:

$$\frac{2,25 + 1,85 + 1,63 + 1,46 + 1,33}{5} = \frac{8,52}{5} = 1,70$$

Tendo-se $k_1 = 1,44$ e $k_2 = 1,70$, podemos estimar o progresso genético pela fórmula:

$$\Delta g = \frac{k_1 \frac{1}{4} \hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\frac{\hat{\sigma}_p^2}{r} + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{r} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{nr}}} + \frac{k_2 \frac{3}{8} \hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\frac{\hat{\sigma}_d^2}{nr}}} =$$

$$\Delta g = \frac{1,44 \times \frac{0,000208}{4}}{\sqrt{0,000052 + 0,000107 + 0,000021}} + \frac{1,70 \times \frac{0,000208 \times 3}{8}}{\sqrt{0,000215}} =$$

$$\Delta g = \frac{0,000075}{0,013416} + \frac{0,000133}{0,056701} =$$

$$\Delta g = 0,005590 + 0,002346 = 0,007936$$

$$\Delta g = 0,007936 \text{ kg/planta ou } 7,936 \text{ g/planta.}$$

Outra alternativa na determinação do progresso genético esperado é utilizar um diferencial de seleção em lugar de k_1 e k_2 :

$$d_s = \frac{\bar{X}_s - \bar{X}_o}{n}$$

onde:

d_s = diferencial de seleção.

$\bar{X}_s = 7,3138$ = produção média das progênes selecionadas.

$\bar{X}_o = 6,4058$ = produção média das progênes originais.

$n = 50$ = número de plantas.

$$d_s = \frac{7,3138 - 6,4058}{50} = 0,0182$$

$$\Delta g = \frac{d_s \cdot \frac{1}{4} \cdot \hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_F^2} + \frac{k_2 \cdot \frac{3}{8} \cdot \hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_d^2}} =$$

$$\Delta g = \frac{0,0182 \times \frac{0,000208}{4}}{0,000180} + \frac{1,70 \times \frac{3 \times 0,000208}{8}}{0,056701} =$$

$$\Delta g = \frac{0,000001}{0,000180} + \frac{0,000133}{0,056701} =$$

$$\Delta g = 0,005556 + 0,002346 = 0,007902$$

$$\Delta g = 0,007902 \text{ kg/planta} \cdot 100 = 7,902 \text{ g/planta.}$$

Relação de ganhos com k_1 e d_s , na seleção entre:

$$\Delta g(k_1) = 0,005590 \quad \frac{\quad}{\quad} \quad 100$$

$$\Delta g(d_s) = 0,005556 \quad \frac{\quad}{\quad} \quad x$$

$$x = \frac{0,005556 \times 100}{0,005590} = 99,391771$$

A redução do ganho entre progênies com d_s é igual a 0,608229.

Portanto, o ganho dentro de progênies seria 0,61% menor que 0,002346.

$$\Delta g(\text{dentro}) = \frac{0,002346 \times 99,391771}{100} = 0,002332$$

$$\Delta g(\text{dentro}) = 0,002332$$

Conclui-se que o progresso total esperado, calculado pelo diferencial de seleção, será de:

$$\Delta g = 0,005556 + 0,002332 = 0,007888 \quad \text{ou,}$$

$$\Delta g_{\text{total}} = 0,007888 \text{ kg/planta ou } 7,888 \text{ g/planta.}$$

j) Ganho genético por parcelas de 10 m^2 ; "stand" de 50 plantas:

$$\Delta g_{\text{total}} = 7,888 \text{ g/planta} \times 50 = 394,4 \text{ g}/10 \text{ m}^2$$

l) Produção média por planta:

$$\frac{6,4058}{50} = 0,128116 \text{ kg/planta ou } 128,116 \text{ g/planta.}$$

m) O progresso esperado em porcentagem desse valor, será:

$$\frac{0,128116}{0,007888} \times 100 \quad x = 6,16\%, \text{ sendo } 4,34\% \text{ devido à seleção entre e } 1,82\% \text{ devido à seleção dentro.}$$

n) Cálculo da herdabilidade, no sentido restrito:

$$\hat{h}^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_F^2} \times 100 \quad \hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_d^2$$

$$\hat{h}^2 = \frac{0,000208}{0,003215} \times 100 = 6,4697\% \dots 6,47\%$$