

SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE FAMÍLIAS DE MEIOS
IRMÃOS NA POPULAÇÃO DE MILHO
(*Zea mays* L.) ESALQ-VD-2

MARLENE LIMA

Orientador: Prof. Ernesto Paterniani

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

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Novembro, 1977

Aos meus pais e irmãos

D E D I C O

BIOGRAFIA DO AUTOR

MARLENE LIMA, Engenheira-Agrônoma, formada pela Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", em julho de 1973. Estagiou no Instituto de Genética, na área de Genética e Melhoramento do Milho, no período de maio de 1970 a julho de 1973, sob a orientação do Prof. Dr. João Rubens Zinsly, e no International Maize and Wheat Improvement Center, México, na área de Melhoramento, visando a Qualidade Protéica do Milho, no período de janeiro a março de 1973, sob a orientação da Dr.^a Evangelina Villegas. Em março de 1976, iniciou suas atividades profissionais como pesquisadora do Instituto Agronômico do Estado, Campinas, na área de Genética e Melhoramento do Milho.

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

Expressamos os nossos agradecimentos a todos aqueles que contribuíram para a realização deste trabalho e, de maneira especial, às seguintes pessoas e instituições:

Prof. Dr. Ernesto Paterniani, Diretor do Instituto de Genética, da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo, pela valiosa orientação em todas as fases deste trabalho;

Prof. Dr. João Rubens Zinsly, pela nossa iniciação na pesquisa;

Prof. Dr. Roland Vencovsky, pelas sugestões apresentadas principalmente no que se refere à análise estatística;

Aos Professores Magno A. P. Ramalho e Lidia Favraud, pela revisão do manuscrito e sugestões apresentadas;

Aos Sr.^s Trajano de Oliveira e Antonio Miotto, pela ajuda nos trabalhos de campo;

Ao Departamento de Genética da E. S. A. "Luiz de Queiroz", nas pessoas de seus professores, pelos ensinamentos e facilidades concedidas;

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo — (FAPESP), pelo auxílio financeiro que possibilitou a execução deste trabalho;

Ao Instituto Agronômico do Estado, Campinas, pelas facilidades
concedidas na fase final do trabalho.

Í N D I C E

	Página
1 - RESUMO	1
2 - INTRODUÇÃO	3
3 - REVISÃO DE LITERATURA	7
4 - MATERIAL E MÉTODOS	16
4.1 - Síntese e Descrição do milho ESALQ-VD-2 ...	16
4.2 - Método de seleção entre e dentro de fa- mílias de meios irmãos	18
4.3 - Estimativas dos parâmetros genéticos	22
5 - RESULTADOS	31
5.1 - Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho ESALQ-VD-2	31
5.2 - Estimativas dos parâmetros genéticos	34
6 - DISCUSSÃO	37
6.1 - Avaliação de famílias de meios irmãos	37
6.2 - Estimativas dos parâmetros genéticos	41
7 - CONCLUSÕES	46
8 - SUMMARY	48

	Página
9 - LITERATURA CITADA	50
10 - TABELAS	56
11 - FIGURAS	68

LISTA DE TABELAS

TABELA		Página
1	Esperanças matemáticas dos quadrados médios da análise combinada em látice para a obtenção de estimativas dos parâmetros genéticos	57
2	Componentes das análises da variância dos sete experimentos látices triplos 10 x 10 , referentes à avaliação da produtividade, em kg/5 m ² , de 700 famílias de meios irmãos da população ESALQ-VD-2 MI. 1971/72	58
3	Componentes das análises da variância dos cinco experimentos látices triplos 10 x 10, referentes à avaliação da produtividade, em kg/10 m ² , de 500 famílias de meios irmãos da população ESALQ-VD-2 MI-HSI. 1973/74	59
4	Componentes das análises da variância dos cinco experimentos látices triplos 10 x 10 , referentes à avaliação da produtividade, em kg/10 m ² , de 500 famílias de meios irmãos da população ESALQ-VD-2 MI-HSII. 1975/76	60
5	Produções médias e "stands" médios das famílias de meios irmãos das populações ESALQ-VD-2 MI , ESALQ-VD-2 MI-HSI e ESALQ-VD-2 MI-HSII e das respectivas testemunhas em kg/ha , avaliadas em ensaios látices triplos 10 x 10 , nos anos agrícolas de 1971/72 , 1973/74 e 1975/76	61

TABELA	Página	
6	<p>Produções médias obtidas e estimadas dos híbridos duplos Hmd 6999-B e Ag-152 , e das famílias de meios irmãos referentes às populações ESALQ-VD-2 MI , ESALQ-VD-2 MI-HSI e ESALQ-VD-2 MI-HSII</p>	62
7	<p>Produtividade média dos diferentes ciclos de seleção no milho ESALQ-VD-2 , bem como das respectivas amostras selecionadas e testemunhas.</p>	63
8	<p>Produtividade média dos diferentes ciclos de seleção no milho ESALQ-VD-2 , das respectivas amostras selecionadas e das testemunhas Hmd 6999-B e Ag-152</p>	64
9	<p>Quadrados médios e os respectivos graus de liberdade das famílias e do resíduo, obtidos da análise conjunta dos experimentos látices, referentes às populações ESALQ-VD-2 MI , ESALQ-VD-2 MI-HSI e ESALQ-VD-2 MI-HSII</p>	65
10	<p>Estimativas ao nível de plantas dos componentes da variância genética entre famílias de meios irmãos (σ_{mi}^2) , obtidas das análises combinadas dos experimentos látices e os respectivos coeficientes de variação genética.... ..</p>	66
11	<p>Estimativas das variâncias genéticas aditivas (σ_A^2) das populações ESALQ-VD-2 , valores de herdabilidade e progressos genéticos esperados em g/planta e em porcentagem</p>	67

LISTA DE FIGURAS

FIGURA		Página
1	Distribuição das frequências das produções, em porcentagem das testemunhas Hmd 6999-B e Ag-152 das famílias de meios irmãos da população ESALQ-VD-2 MI. 1971/72	69
2	Distribuição das frequências das produções, em porcentagem das testemunhas Hmd 6999-B e Ag-152 , das famílias de meios irmãos da população ESALQ-VD-2 MI-HSI. 1973/74	70
3	Distribuição das frequências das produções, em porcentagem das testemunhas Hmd 6999-B e Ag-152 , das famílias de meios irmãos da população ESALQ-VD-2 MI-HSII. 1975/76	71

1 - RESUMO

Uma população de milho de ampla base genética, constituída essencialmente de germoplasma Tuxpeño, foi sintetizada pelo Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" e vem sendo utilizada como material básico em programas de melhoramento. Após um ciclo de seleção massal e três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, a população obtida, ESALQ-VD-2 MI-HSII, apresenta-se com elevada produtividade e bom comportamento agrônômico. Nas populações ESALQ-VD-2 MI, ESALQ-VD-2 MI-HSI e ESALQ-VD-2 MI-HSII, foram avaliadas 700, 500 e 500 famílias, respectivamente, em ensaios látices triplos 10 x 10. A seleção das me

lhores famílias foi feita em função da produtividade, altura da planta, altura da espiga e acamamento. A intensidade de seleção usada foi em média de 16,4% entre famílias e de 11,2% dentro de famílias de meios irmãos. As famílias selecionadas foram recombinadas utilizando-se sementes remanescentes em lote isolado de despendoamento. O progresso médio esperado e observado por ciclo de seleção foi de 8,15% e 10,8% , respectivamente. A variabilidade genética, expressa pela magnitude da variância genética aditiva, apresentou um valor médio de $3,8694 \times 10^{-4}$ g/planta, mantendo-se praticamente constante com o decorrer dos ciclos de seleção. A estimativa do progresso genético esperado pela seleção entre famílias foi em média 2,35 vezes superior àquela obtida com a seleção dentro de famílias.

2 - INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) , por ser um cereal de grande importância na alimentação de muitos povos, passou durante multos séculos por um processo de seleção empírico. Essa seleção fez com que o milho se tornasse uma planta completamente dependente do homem. Um substancial progresso no melhoramento genético das plantas, foi possível graças aos trabalhos de VILMORIN em meados do século passado, que concebeu o teste de progênie, o qual é reconhecido como uma maneira segura de avaliar o valor genético de um indivíduo. Posteriormente, as leis mendelianas da genética e os trabalhos de JOHANNSEN (1903 e 1926 , apud ALLARD, 1971) proporcionaram a base científica do método de seleção de plantas individuais.

Embora grandes esforços tenham sido empreendidos nos fins do século passado e no início desse, visando à melhoria dos níveis de produção de milho, através do emprego dos métodos de seleção massal e espiga-por-fileira, praticamente nenhum progresso foi observado (RICHEY, 1922 e PATERNIANI, 1969). O sucesso verificado com a descoberta do milho híbrido duplo por JONES (1918) e a facilidade de obtenção desse material do ponto de vista prático e econômico, fizeram com que a atenção dos pesquisadores se concentrasse na obtenção de híbridos mais produtivos. No entanto, por volta de 1940, os melhoristas de milho começaram a mostrar sinais de preocupação pois os resultados obtidos sugeriam que um teto havia sido atingido, uma vez que os progressos obtidos não correspondiam ao grande esforço dispendido (PATERNIANI, 1969). Paralelamente ao desenvolvimento dos programas de obtenção do milho híbrido, estabeleceu-se também a base teórica da genética quantitativa por FISHER, WRIGHT e HALDANE. Estes e outros trabalhos mais recentes, possibilitaram o melhor entendimento da variação fenotípica e dos componentes genéticos e ambientais. Em especial, foram conduzidos estudos sobre a variabilidade genética presente nas populações, o efeito da endogamia, as interações devido a genótipos por ambiente e a metodologia da seleção empregada e sua resposta.

Através da caracterização e quantificação da variância genética aditiva em populações de milho, verificou-se que tais populações eram portadoras de variabilidade genética su-

ficiente para proporcionar ganhos substanciais com métodos simples como seleção massal e seleção espiga-por-fileira. Desde então ficou esclarecido que a causa do malogro observado no início do século foi devida a utilização de técnica experimental inadequada. Uma reavaliação de tais métodos foi feita por LONNQUIST (1960 e 1964) , de modo a introduzir modificações capazes de reduzir o efeito ambiental, e assim tornar a seleção mais eficiente. As novas técnicas foram denominadas de seleção massal estratificada e seleção espiga-por-fileira modificada. PATERNIANI (1967) denominou o segundo método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos.

A partir de então, grande ênfase foi dada ao melhoramento de populações de milho, uma vez que os métodos de melhoramento intrapopulacional visam essencialmente ao aumento da frequência de genes favoráveis nas populações consideradas. Populações assim melhoradas e portadoras de alta capacidade de produção podem ser usadas como tal pelos agricultores, e ainda podem ser utilizadas como fontes de linhagens endogâmicas, possibilitando assim a obtenção de híbridos superiores. Em vista dos resultados promissores já alcançados com tais métodos , principalmente com o método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, esse esquema tem sido amplamente utilizado no Instituto de Genética da E. S. A. "Luiz de Queiroz", visando ao melhoramento de populações.

A população utilizada no presente trabalho foi a ESALQ-VD-2 , obtida da combinação de 12 populações de milho de

germoplasma Tuxpeño, obtidas do CIMMYT , o que resultou numa população de ampla base genética. O trabalho consistiu na condução de três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, cujos objetivos são relatados a seguir:

- 1 - Obtenção de uma variedade de milho dentado amarelo de alta produtividade e de boas características agronômicas , sobretudo no tocante ao porte da planta e resistência ao acamamento.
- 2 - Obter informações adicionais sobre a eficiência da seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos e sua relação com a variabilidade genética e intensidade de seleção.

3 - REVISÃO DE LITERATURA

O método de melhoramento de milho conhecido por seleção espiga-por-fileira (ear-to-row) foi conduzido em Illinois no fim do século passado, e relatado por HOPKINS em 1896. Este método envolve, basicamente, a seleção de um número de espigas fenotipicamente desejáveis e avaliação das sementes dessas espigas por meio de um teste de progênie (SPRAGUE, 1955). O método espiga-por-fileira foi aplicado inicialmente com a finalidade de aumentar e diminuir o teor de óleo e de proteína dos grãos de milho da variedade Burr White, sendo os resultados obtidos e publicados por HOPKINS, em 1899, muito favoráveis. Após 70 gerações de seleção divergente o teor de proteína passou de 10,9% para 26,6% e 4,4%, enquanto que o teor de óleo

passou de 4,69% para 16,64% e 0,40% , respectivamente. Durante todo este período de seleção verificou-se um progresso contínuo no decorrer dos ciclos. No entanto, há evidência de que a seleção para baixo teor de óleo aproximou-se do limite fisiológico (DUDLEY *et alii* , 1973). Entre as várias contribuições desse trabalho uma das mais importantes foi demonstrar que a variabilidade genética não se esgota com a seleção, como poderia ser esperado.

Após a primeira publicação, inúmeros melhoristas da época, entusiasmados com os resultados obtidos por HOPKINS, passaram a utilizar o método visando à melhoria de outros caracteres, inclusive produção. O método se mostrou muito eficiente em melhorar uma série de caracteres qualitativos no milho, contudo, o mesmo êxito não foi observado quando se tratava de caracteres complexos com rendimento dos grãos. Em busca de melhores respostas para o caráter produtividade, várias modificações foram introduzidas no método original com o intuito de torná-lo eficiente. RICHEY (1922) relata as modificações introduzidas por vários pesquisadores, bem como os resultados obtidos, os quais mostram que em alguns casos a seleção espigapor-fileira conduzia a um aumento, e em outros casos a uma diminuição da produtividade. A falta de consistência dos resultados obtidos e o pequeno progresso observado durante uma série de anos fizeram com que esse método parecesse pouco recomendável como método prático para melhoramento da produtividade.

SMITH e BRUNSON (1925) relataram os resultados mais precisos do método de seleção espiga-por-fileira até então obtidos. Os referidos autores utilizaram para o desenvolvimento desse trabalho 990 espigas selecionadas e representativas de uma população local de milho (Illinois, USA), a qual nunca tinha sido submetida a seleção sistemática. As quarenta progênies que apresentaram maior e as quarenta progênies que apresentaram menor produtividade, em relação a testemunha utilizada, foram selecionadas. Para servir de comparação, uma amostra representativa das espigas originais foi plantada em lote isolado. Após cinco ciclos de seleção, a população original, as populações selecionadas e a testemunha Reid Yellow Dent foram submetidas a ensaios de produção durante dez anos. A seleção visando a redução da produtividade mostrou-se efetiva. No entanto, foi completamente sem efeito para aumentar a produtividade, já que as produções observadas não diferiram da população não selecionada. Os autores não conseguiram explicar a razão do malogro quando se tratava do aumento da produtividade, uma vez que possível heterogeneidade do solo, interação com ano, tamanho das parcelas deveriam igualmente dificultar a seleção para baixa produtividade. O fator mais forte que talvez pudesse levar a esses resultados seria uma endogamia acentuada, embora cuidados tenham sido tomados, visando evitá-la. Baseado nos resultados estes autores concluíram que o método espiga-por-fileira não é recomendado quando se deseja obter melhoramento visando aumento da produtividade, em variedades de

milho bem adaptadas.

HULL (1945), tentando justificar a falta de êxito dos métodos de seleção massal e espiga-por-fileira no aumento da produtividade nas variedades adaptadas, sugeriu que os genes responsáveis pela variância aditiva haviam se fixado em decorrência de terem sido submetidos a seleção durante longos anos. Ele acreditava ser a sobredominância o tipo de ação gênica mais importante para a produção de milho. Assim sendo, era de se esperar um pequeno progresso através da utilização de métodos de seleção intrapopulacional. Por fim, o método espiga-por-fileira foi abandonado e, como apontou SPRAGUE (1955), a causa do seu insucesso não foi devida a limitações genéticas do método, mas devida à inadequada técnica experimental utilizada.

Procurando avaliar e caracterizar a variabilidade genética existente em populações de milho, ROBINSON *et alii* (1955) obtiveram estimativas da variância genética aditiva e dominante para vários caracteres quantitativos, inclusive produção, utilizando as variedades de polinização aberta de milho Jarvis, Weekley e Indian Chief na Estação Experimental de Carolina do Norte, USA. Com a aplicação de métodos genético-estatísticos foi avaliada e caracterizada a variabilidade genética, mostrando-se, para todos os caracteres estudados nas três populações, que a variabilidade genética aditiva era de maior magnitude que a dominante. LINDSEY *et alii* (1962) chegaram às mesmas conclusões estudando as variedades de polinização aberta Krug

Yellow Dent e Hays Golden. Estes e muitos outros trabalhos realizados posteriormente ~~tem mostrado~~ que existe considerável quantidade de variância genética aditiva para produção de grãos na maioria das populações.

Segundo LONNQUIST (1964), a presença de considerável quantidade de variância genética aditiva não deveria ter sido jamais questionada, uma vez que diferenças marcantes eram observadas para capacidade geral de combinação, quando se cruzava grupos de linhagens obtidas das variedades do "Corn Belt" com um testador de ampla base genética. Todas as evidências apontavam a possibilidade de se obter apreciável melhoramento para produção de grãos a partir de variedades de polinização aberta de milho, sugerindo uma reavaliação dos métodos de seleção intrapopulacional. Com este intuito, uma modificação foi introduzida por LONNQUIST (1960) no método de seleção massal, visando a reduzir o efeito da variância ambiental, efetuando a seleção entre plantas dentro de pequenas subdivisões do campo experimental ou extratos. O método passou a ser conhecido como seleção massal estratificada. Com esta modificação foi possível obter aumentos considerados satisfatórios na produção de grãos, em cada ciclo de seleção. GARDNER (1961) publicou os primeiros resultados obtidos com a utilização de tal método, tendo-se observado um progresso, após quatro gerações de seleção massal estratificada, de 3,93% por ciclo de seleção. Em continuidade a este trabalho, GARDNER (1973) relatou que, após 17 gerações de seleção massal estratificada na variedade

de milho Hays Golden, o progresso observado foi de 3% ao ano, não havendo evidência de declínio nos ganhos observados ao longo dos ciclos.

LONNQUIST (1964) também sugeriu uma modificação no antigo método de seleção espiga-por-fileira, com a finalidade de diminuir o efeito ambiental. Basicamente a modificação do método consiste na avaliação das progênes através de delineamentos experimentais adequados com repetições. O emprego de látices com três repetições plantados em locais diferentes tem sido generalizado. A seleção entre é feita após a obtenção dos dados e é baseada na desempenho de cada progênie testada nos três locais, enquanto que a seleção dentro de famílias é feita visualmente em uma das localidades. Esta escolha corresponde à seleção massal efetuada dentro das progênes selecionadas. Nessa repetição o material é plantado em lote isolado de despendoamento na proporção de quatro fileiras femininas para duas masculinas. As fileiras femininas constituem os tratamentos do ensaio, enquanto que as fileiras masculinas constituem uma amostra representativa das progênes incluídas no ensaio. Este procedimento garante uma boa recombinação genética entre as progênes. As 20% melhores progênes são selecionadas. De cada progênie escolhida, selecionam-se as 10% melhores espigas, que constituirão as progênes a serem avaliadas no ano seguinte.

O método espiga-por-fileira modificado, segundo LONNQUIST (1964), concorre para um aumento na frequência dos genes

favoráveis sem levar a altas taxas de consaguinidade, aumenta a precisão de seleção intrapopulacional, não requer polinizações manuais, é de execução relativamente simples e pouco dispendiosa, além de possibilitar a obtenção de um ciclo de seleção por ano. Devido às muitas vantagens do método ele foi rapidamente adotado por vários programas de melhoramento de milho.

WEBEL e LONNQUIST (1967) utilizaram o método espiga-por-fileira modificado para avaliar a efetividade do método de seleção para o caráter produção de grãos. Após quatro ciclos de seleção a variedade de polinização aberta Hays Golden apresentou um aumento na produção de 9,44% por ciclo de seleção, quando comparada com a população original. Dando continuidade a este trabalho, COMPTON e BAHADUR (1977) relatam os resultados obtidos após dez ciclos de seleção neste material. A resposta média para os dez ciclos de seleção correspondeu a um aumento na produção de 5,26% em relação à população original. Segundo os autores, este aumento na produção é consideravelmente menor, quando comparado com os resultados obtidos por WEBEL e LONNQUIST (1967), mas maior do que o ganho médio observado por GÄRDNER (1973), utilizando o método de seleção massal estratificada para a mesma população de milho.

No Brasil, PATERNIANI (1967) utilizou o método proposto por LONNQUIST (1964) para avaliar progênies da população de milho Dente Paulista, de ampla base genética. Após três ciclos de seleção um melhoramento de 40% na produção foi observado.

do. O progresso médio por ciclo foi de 13,6% . O autor denominou o método utilizado de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. Quatro ciclos de seleção no milho Piramex, e um ciclo no Centralmex produziram progressos por ciclo de 3,8% e 3,3% , respectivamente (PATERNIANI, 1968).

ZINSLY (1969) conduziu um estudo comparativo entre seleção massal e seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos nas populações de milho Dente Paulista , Cateto e Caingang obtendo um progresso médio de 6,4% para seleção massal e de 13,8% para seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. Para a seleção entre famílias de meios irmãos o ganho foi de 5,9% , enquanto que o progresso correspondente a seleção dentro foi de 7,9% .

Trabalhos recentes, desenvolvidos por SUÁREZ LEZCANO (1976) , CUNHA (1976) e WINKLER (1976) , utilizando as populações de milho Composto Flint Branco , ESALQ-HV-1 e Composto Dentado Branco respectivamente, indicaram ser o método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, com utilização de sementes remanescentes e obtendo-se um ciclo em duas gerações, bastante vantajoso. O nível de produção das populações empregadas, quando comparadas com os híbridos comerciais (H 7974 e Ag-152) utilizados como testemunhas, mostrou ser superior a 90%. Tal nível de produtividade é bastante satisfatório, principalmente por tratar-se de populações pouco melhoradas. Os ganhos esperados nessas populações, com o primeiro ciclo de seleção, foram de 7,37% , 5,32% e 6,16% , respectivamente.

De modo geral, os resultados encontrados na literatura sugerem que o método de seleção espiga-por-fileira modificado, ou seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, pode ser considerado como um dos mais efetivos métodos de melhoramento intrapopulacional.

4 - MATERIAL E MÉTODOS

4.1 - Síntese e Descrição do Milho ESALQ-VD-2

A população de milho ESALQ-VD-2 , utilizada no presente trabalho, foi sintetizada no Departamento de Genética da E. S. A. "Luiz de Queiroz", a partir de populações de milho da raça Tuxpeño obtidas do CIMMYT , além de populações desenvolvidas em programas locais. A relação desse material é dada a seguir:

WP₂ : Grãos amarelos, dentados. Formada a partir de amostras coletadas no norte de Vera Cruz, México: Ver Gpo 48 , Ver 168 e SLP 15 .

- WP₆ : Grãos brancos do tipo dentado e semi-dentado, formada a partir de uma mistura de sementes obtidas dos melhores cruzamentos intervarietais de Tuxpeño x Eto Blanco.
- WP₉ : Grãos brancos do tipo meio-dente, formada a partir de uma mistura de sementes de diversas variedades de Tuxpeño de alta produtividade, como Mix e Colina Gpo₁, cruzadas com Eto Blanco.
- WP₁₀ : Grãos dentados amarelos, conhecida como Composto III Centro Americano. Formada a partir de milhos duros amarelos do Grupo Cubano (Cuba 40 e Hawai 5) e de milhos dentados Tuxpeño Amarelos (SLP-164).
- WP₂₇ : Grãos dentados brancos da raça Tuxpeño, cultivadas em Vera Cruz, México.
- WP₂₉ : Carmem — Grãos dentados de coloração branca pertencente à raça Tuxpeño, originária de Vera Cruz, México.
- WP₃₂ : Mix 1 — Grãos dentados brancos da raça Tuxpeño, formada no programa de melhoramento da Costa Rica.
- WP₃₇ : Venezuela 3 — Milho dentado branco, obtido por seleção na Venezuela.
- Piramex: Milho Tuxpeño sintético amarelo, obtida pelo programa de melhoramento de milho do Instituto de Genética da E. S. A. "Luiz de Queiroz", Piracicaba, SP.
- América Central: Variedade de milho de grãos dentados amarelos de germoplasma predominantemente Tuxpeño, obtida pelo programa de melhoramento de milho do Instituto de Genética da E. S. A. "Luiz de Queiroz", Piracicaba, SP.
- Azteca: Representante da raça Tuxpeño amarelo, obtida pela Seção de Cereais do Instituto Agronômico do Estado, Campinas, SP.
- Maia: Variedade sintética com germoplasma de origem mexicana e criada pela Seção de Cereais do Instituto Agronômico do Estado, Campinas, SP.

O programa de obtenção da população de milho ESALQ-VD-2 iniciou-se em 1965 , com o cruzamento entre plantas de amostras representativas das doze populações já citadas. O material resultante desses cruzamentos foi submetido a quatro gerações de recombinação em lote isolado de despendoamento, nos anos de 1966 , 1967 , 1968 e 1969. A população proveniente do campo de recombinação do ano de 1968 caracterisava-se por ser altamente heterogênea, bem adaptada, de alta produtividade, a altura das plantas e a posição das espigas mostravam-se relativamente altas (2,81 m e 1,71 m , respectivamente) e as espigas apresentavam 14 fileiras de grãos dentados brancos e amarelos (QUEIROZ, 1969).

No ano de 1970 foi plantado um lote isolado da população ESALQ-VD-2 Original, no qual foi aplicada seleção massal. As 700 espigas obtidas de plantas agronomicamente superiores foram selecionadas, debulhadas e as sementes mantidas separadamente, constituindo-se famílias de meios irmãos. Esta população foi chamada ESALQ-VD-2 MI e foi a partir dela que iniciou-se a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos.

4.2 - Método de Seleção Entre e Dentro de Famílias de Meios Irmãos

O método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos proposto por LONNQUIST (1964) e com algumas mo-

dificações, principalmente no que se refere ao emprego de sementes remanescentes, foi conduzido como segue:

As 700 famílias de meios irmãos selecionadas no ano agrícola de 1970/71 e correspondentes à população ESALQ-VD-2 MI foram testadas em sete grupos de 100 famílias, empregando-se o delineamento látice 10 x 10 triplicado para cada grupo. Duas repetições foram plantadas em Piracicaba e a terceira na Estação Experimental de São Simão. Cada parcela foi constituída de uma fileira de 5,0 m de comprimento no espaçamento de 1,0 m entre fileiras e 0,40 m entre covas. Cada cova recebeu três sementes, deixando após o desbaste duas plantas. Afim de fornecer uma melhor estimativa do progresso genético observado no decorrer dos ciclos de seleção, utilizou-se como testemunhas, a variedade Centralmex e o híbrido Hmd 6999-B que foram intercaladas sistematicamente, repetindo-se no início, no meio e no final de cada repetição.

Após o completo desenvolvimento das plantas, foram feitas observações de interesse agrônômico, em duas das três repetições utilizadas, tais como: altura média das plantas, altura média da inserção da primeira espiga na planta e acamamento. A seguir foi feita a contagem do número de plantas por parcela (Stand). Na colheita foram anotados o peso das espigas despalhadas e o teor de umidade dos grãos correspondentes a cada parcela experimental. As produções observadas no campo, correspondentes a cada parcela, foram corrigidas utilizando-se a fórmula:

$$P_{15,5\%} = \frac{PC (1 - U)}{0,845}$$

onde:

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

PC = peso de campo observado

U = umidade observada em cada parcela.

A seguir foi feita correção para "stand", empregando-se a fórmula de ZUBER (1942):

$$PCC = PC \frac{T - 0,3 F}{T - F}$$

onde:

PCC = peso de campo corrigido

PC = peso de campo

T = número de plantas da parcela completa

F = número de plantas perdidas por parcela

Este ajuste adiciona 0,7 da população média para cada planta perdida e considera que 0,3 é recuperado pelas plantas vizinhas à falha. As correções para teor de umidade e "stand", bem como as análises dos experimentos látices, foram feitas em computador eletrônico, utilizando-se programa elaborado para esse fim.

Após a obtenção dos dados finais, baseando-se no comportamento médio das famílias nas três repetições quanto aos caracteres produtividade, altura das plantas e espigas, acamamento e "stand", foram selecionadas as 104 melhores famílias

de meios irmãos, correspondendo a uma intensidade de seleção de 14,86% .

Sementes remanescentes dessas famílias selecionadas foram utilizadas no plantio em lote isolado de despendoamento no ano de 1972/73 com o objetivo de proceder à recombinação das mesmas. Cada uma dessas famílias constituiu uma fileira feminina, sendo as fileiras masculinas plantadas com uma mistura de sementes representativas de todas as famílias em recombinação. Usou-se a proporção de três fileiras femininas para uma masculina. Como é de interesse obter populações de milho cujas sementes tenham coloração amarela intensa, foram separadas de cada família de meios irmãos os grãos amarelos mais escuros que foram semeados nas fileiras masculinas e femininas.

Para facilitar a seleção de plantas dentro das linhas foram usadas parcelas de 15,0 m de comprimento. O espaçamento utilizado foi de 1,0 m entre fileiras e 0,30 m entre covas. Após o desbaste, uma parcela completa é composta de 50 plantas. As fileiras masculinas foram semeadas em duas etapas, ou seja, metade da fileira foi semeada no mesmo dia da semeadura das fileiras femininas, e a outra metade foi semeada uma semana mais tarde. Dessa maneira o período de dispersão do pólen é ampliado, favorecendo a polinização das fileiras femininas.

De cada uma das 104 fileiras foram escolhidas de 4 a 5 plantas obtendo-se 500 famílias de meios irmãos, o que correspondeu a uma intensidade de seleção dentro das famílias de 9,61%. Esta nova população foi chamada de ESALQ-VD-2 MI HSI. Essas

500 famílias de meios irmãos foram avaliadas no ano agrícola de 1973/74 em cinco ensaios látice triplicados. Cada parcela foi constituída de uma fileira de 10,0 m de comprimento. As teste munhas utilizadas nesses ensaios foram os híbridos comerciais Hmd 6999-B e Ag-152 . Após a condução dos ensaios e obtenção dos dados, como descrito anteriormente, foram selecionadas 99 famílias que recombinadas no ano seguinte, permitiram a obtenção de 500 famílias correspondentes ao ESALQ-VD-2 MI HSII. A intensi dade de seleção praticada entre e dentro de famílias de meios irmãos foi de 19,80 e 10,42% , respectivamente.

No ano agrícola 1975/76 as 500 famílias de meios irmãos foram avaliadas em cinco ensaios látice 10 x 10 triplicado da maneira usual. As testemunhas utilizadas foram os híbridos comerciais Hmd 7974 e Ag-152. A intensidade de seleção praticada entre as famílias de meios irmãos foi de 14,60% enquanto que dentro de famílias de meios irmãos a intensidade de seleção foi de 13,69% . Assim, foram selecionadas as 73 melhores famí

4.3 - Estimativas dos Parâmetros Genéticos

Para a obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos, os experimentos de cada ciclo foram agrupados e analisados

conjuntamente. A análise combinada dos experimentos foi feita a partir das análises individuais da variância dos látices. O cálculo dos quadrados médios ponderados para famílias de meios irmãos (Q_2) e para resíduo combinado (Q_1), foi feito dividindo-se o somatório das somas de quadrados dos tratamentos ajustados e dos resíduos intrablocos pelos respectivos somatórios dos graus de liberdade. Na Tabela 1 encontra-se o modelo dessa análise combinada, bem como as esperanças dos quadrados médios ao nível de totais de parcelas e ao nível de indivíduos, como apresentado por PATERNIANI (1968) e VENCOSKY (1969).

As estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas a partir dessas análises, como segue:

A estimativa da variância genética entre famílias de meios irmãos (σ_{mi}^2) foi obtida dividindo-se a diferença entre os quadrados médios para tratamentos ajustados (Q_2) e resíduo intrabloco (Q_1), pelo número de repetições:

$$\sigma_{mi}^2 = \frac{Q_2 - Q_1}{r}$$

O coeficiente de variação genética (CVG%) foi obtido pela expressão:

$$CVG \% = \frac{\sigma_{mi} \cdot 100}{\bar{x}}$$

onde:

\bar{x} = produção média da população.

A variância genética aditiva foi obtida a partir da variância entre famílias de meios irmãos (σ_{mi}^2), conforme proposto por COMSTOCK e ROBINSON (1948) e adaptada por PATERNIANI (1968):

$$\sigma_A^2 = 4 \sigma_p^2 = 4 \frac{\sigma_{mi}^2}{n^2}$$

onde:

σ_p^2 = variância genética entre famílias de meios irmãos ao nível de plantas;

n = número de plantas por parcela.

Além da variância genética aditiva, outros parâmetros são necessários para se determinar o progresso genético esperado com a seleção, tal como variância do erro ambiental entre parcelas (σ_e^2) e variância fenotípica entre plantas dentro de parcelas (σ_d^2). Estes dois componentes (σ_d^2 e σ_e^2) estão englobados no resíduo intrabloco e uma vez que os dados são obtidos dos totais de parcelas não se pode obtê-los separadamente. Entretanto, dados disponíveis na literatura (ROBINSON *et alii*, 1949; WEBEL e LONNQUIST, 1967; CUNHA, 1976 e SUÁREZ LEZCANO, 1976), indicam no geral, que $\hat{\sigma}_d^2 = 10 \hat{\sigma}_e^2$. No presente trabalho, foi usada essa relação, adotando-se o mesmo critério utilizado por GARDNER (1961) e PATERNIANI (1968).

O erro da estimativa da variância foi obtida com a fórmula apresentada por VELLO e VENCOSKY (1974):

$$\hat{s}(\hat{\sigma}_{mi}^2) = \sqrt{\frac{2}{n^2 \cdot r^2} \left(\frac{Q_1^2}{g_1 + 2} + \frac{Q_2^2}{g_2 + 2} \right)}$$

onde:

g_1 = número de G.L. para resíduo combinado na análise da variância;

g_2 = número de G.L. para famílias de meios irmãos;

n = número de plantas por parcela;

r = número de repetições.

O progresso genético esperado ($\hat{\Delta}_g$) no caso de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos utilizando-se sementes remanescentes, duas gerações por ciclo, é dado pela seguinte expressão.

$$\hat{\Delta}_g = \frac{K_1 \cdot 1/4 \cdot \sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_p^2 + \sigma_e^2/r + \sigma_d^2/(nr)}} + \frac{K_2 \cdot 3/8 \cdot \sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_d^2}}$$

onde:

$\hat{\Delta}_g$ = progresso genético esperado com a seleção;

σ_A^2 = variância genética aditiva;

σ_p^2 = variância genética entre famílias ao nível de indivíduos;

σ_e^2 = variância do efeito ambiental entre parcelas ao nível de plantas;

σ_d^2 = variância fenotípica dentro das parcelas ao nível de plantas;

K_1 = diferencial de seleção estandardizado entre famílias.

A tabela apresentada por FISHER e YATES (1971) fornece as estimativas de K_1 para diferentes intensidades de seleção aplicadas, sendo que $K_1 = Z/P$, onde Z é a altura da ordenada na curva normal e P a proporção de famílias selecionadas;

K_2 = diferencial de seleção estandardizado dentro das famílias;

n = número de plantas por parcela;

r = número de repetições.

Os denominadores referentes aos dois termos da expressão acima são facilmente estimáveis a partir das esperanças dos quadrados médios [$E(QM)$], da seguinte forma:

$$\sigma_F^2 = \sqrt{\sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2 / (nr)} = \sqrt{Q_2 / n^2 r}$$

onde:

σ_F^2 = variância fenotípica entre média de famílias de meios irmãos.

$$\sigma_d^2 = \sqrt{10 Q_1 / (10 n + n^2)}$$

Assim, avalia-se o progresso esperado com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos.

A expressão acima é correta quando a seleção é do tipo truncado. No entanto, neste estudo a seleção entre famílias de meios irmãos não abrangeu sempre as famílias mais produtivas

em termos absolutos, pois caracteres como altura das plantas, das espigas e acamamento foram também considerados. Isso fez com que certas famílias, embora de produções elevadas não tenham sido selecionadas por suas deficiências em outros caracteres. Assim sendo, para que os ganhos esperados não fossem superestimados, para o primeiro termo da expressão o valor de k_1 foi substituído por um diferencial de seleção, conforme sugestão de VENCOVSKY (1975):

$$ds = \frac{\bar{x}_s - \bar{x}_0}{n}$$

onde:

- ds = diferencial de seleção;
 \bar{x}_s = produção média das famílias selecionadas;
 \bar{x}_0 = produção média das famílias avaliadas;
 n = número de plantas por parcela.

Dessa maneira, o progresso genético esperado passou a ser expresso por:

$$\hat{\Delta}_g = \frac{ds \cdot 1/4 \sigma_A^2}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2 / r + \sigma_d^2 / (nr)} + \frac{k_2 \cdot 3/8 \sigma_A^2}{\sigma_d}$$

Por outro lado, no caso da seleção dentro, para que o progresso esperado não seja superestimado pelas mesmas razões apontadas para a seleção entre, usou-se uma modificação da fórmula indicada por VENCOVSKY (1975). Como não se dispõe das produções das plantas individuais, não é possível obter o dife-

rencial de seleção realmente empregado. Admitindo-se que na seleção dentro o mesmo critério de seleção é usado, de tal sorte que pode-se estimar o quanto a seleção em função de K_2 seria superestimada, facilmente se corrige a expressão utilizando o seguinte procedimento:

$$c = \frac{\Delta_{g_e} (k_1)}{\Delta_{g_e} (d_s)}$$

onde:

c = proporção entre progresso genético esperado utilizando-se K_1 e diferencial de seleção;

$\Delta_{g_e} (k_1)$ = progresso genético esperado devido a seleção entre famílias de meios irmãos obtido a partir de k_1 ;

$\Delta_{g_e} (d_s)$ = progresso genético esperado devido a seleção entre famílias de meios irmãos obtido a partir de d_s .

Multiplicando-se o valor de c pelo progresso genético esperado, devido à seleção dentro das parcelas, e obtido através de K_2 , estaremos evitando uma estimativa do progresso genético esperado superestimada. O progresso genético esperado foi obtido em kg/planta, sendo a seguir transformado em g/planta. Esse progresso foi expresso também em relação à produção média por planta da população de cada ciclo correspondente. Foram comparados ainda o progresso genético esperado de-

vido à seleção entre famílias de meios irmãos e devido à seleção dentro de famílias de meios irmãos, pela soma dos progressos parciais.

Para facilitar a comparação dos ganhos obtidos, uma vez que não foi possível utilizar as mesmas testemunhas em todos os três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, utilizou-se de um artifício para a padronização das testemunhas. O híbrido Ag-152 não participou dos ensaios referentes ao primeiro ciclo de seleção e o híbrido Hmd 6999-B não participou do terceiro ciclo, sendo estas duas testemunhas comuns apenas no segundo ciclo de seleção.

Assim, utilizou-se da produção média dos referidos híbridos empregados no segundo ciclo para estimar a produção média do híbrido Ag-152 referente a população ESALQ-VD-2 MI e do híbrido Hmd 6999-B referente a população ESALQ-VD-2 MI HSII. Esta estimativa foi obtida da seguinte maneira:

$$R_1 = \frac{\Sigma \text{ da produção média do híbrido Hmd 6999-B em todos os ensaios de produção referente ao 2º ciclo de seleção}}{\Sigma \text{ da produção média do híbrido Ag-152 em todos os ensaios de produção referente ao 2º ciclo de seleção}}$$

Baseando-se nessa relação calcularam-se as estimativas dos valores médios de produção correspondente a cada ciclo. Essas estimativas se encontram na Tabela 7.

A estimativa da herdabilidade no sentido restrito foi expressa pela relação entre a variância genética aditiva (σ_A^2)

e a variância entre plantas dentro de parcelas (σ_d^2), em vista de ter sido feito uma seleção massal dentro de cada família selecionada (PATERNIANI, 1968).

Então:

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

5 - RESULTADOS

5.1 - Seleção Entre e Dentro de Famílias de Meios Irmãos no Milho ESALQ-VD-2

As análises de variância dos dados de produção de grãos dos 17 experimentos referentes às populações ESALQ-VD-2-MI , ESALQ-VD-2 MI-HSI e ESALQ-VD-2 MI-HSII , juntamente com o teste F , eficiência do látice e coeficiente de variação experimental são apresentados nas Tabelas 2 , 3 e 4 .

A eficiência dos experimentos látices relativa a blocos ao acaso variou de 101,6% , para o experimento 4/1971 , a

131,2% , para o experimento 1/1975. Dentre os 17 experimentos analisados, somente cinco apresentaram eficiência superior a 120,0% , indicando que a maioria das análises de variância poderiam ter sido feitas em blocos ao acaso. No entanto, a facilidade de cálculo conferida pela utilização do computador, e o maior número de informações proporcionadas, além de contribuir para a melhoria da análise, fizeram com que se optasse pela análise em látice triplo, com recuperação da informação interbloco.

Os resultados obtidos com o teste F para os tratamentos ajustados dos experimentos látices avaliados nos anos de 1971/72 , 1973/74 e 1975/76 , referentes às populações ESALQ - VD-2 MI , ESALQ-VD-2 MI-HSI e ESALQ-VD-2 MI-HSII , apresentaram diferenças significativas entre os tratamentos ao nível de 1% de probabilidade, com exceção do experimento 2/1971 que revelou significância somente ao nível de 5% de probabilidade e do experimento 6/1971 onde o F não apresentou significância estatística. Os coeficientes de variação experimental variaram de 16,2% , para o experimento 2/1971 , a 9,8% , para o experimento 5/1975 , indicando precisões satisfatórias.

Na Tabela 5 encontram-se as produções médias correspondentes a cada experimento látice 10 x 10 das três populações avaliadas, bem como a produção média das testemunhas relativas a cada ciclo de seleção, além dos "stands" médios relativos às famílias de meios irmãos e às testemunhas relativas a cada experimento. O fato de não se utilizar testemunhas comuns em todos os ciclos de seleção impossibilita a comparação direta en-

tre eles. Contudo, para que fosse possível fazer tais comparações entre as populações avaliadas utilizou-se de um recurso que consistiu em estimar a produção da testemunha Ag-152 , correspondente à população ESALQ-VD-2 MI , e da testemunha Hmd 6999-B , para a população ESALQ-VD-2 MI-HSII , em função da produção de tais híbridos observada no ano de 1973/74 . Os valores médios de produção das famílias de meios irmãos e das testemunhas para cada experimento são encontrados na Tabela 6.

O comportamento médio das famílias de meios irmãos avaliadas e das selecionadas, em kg/ha e em porcentagem da média das testemunhas, é apresentado nas Tabelas 7 e 8 . Observa-se que as produções das famílias avaliadas em relação aos híbridos duplos Hmd 6999-B e Ag-152 foram de 89,5% , 96,0% e 110,8% , respectivamente. Constata-se também que em todos os casos a produção das famílias selecionadas foram superiores a produção das testemunhas, sendo que para o último ciclo estudado a superioridade atingiu 23,8% .

Com o objetivo de melhor comparar as famílias avaliadas nos diferentes experimentos e nos diferentes ciclos de seleção, as respectivas produções foram transformadas em porcentagem relativas às testemunhas Hmd 6999-B e Ag-152. Nas Figuras 1 , 2 e 3 são apresentados os histogramas de frequências das produções assim obtidas, permitindo uma análise visual do comportamento das respectivas populações. Nessas figuras as famílias avaliadas são representadas por uma linha cheia e as

famílias selecionadas por uma linha interrompida. Nota-se uma alta frequência de famílias de meios irmãos com produtividade superior à das testemunhas, indicando que resultados promissores são esperados com os subseqüentes ciclos de seleção.

Embora não conste nesse trabalho os dados relativos a seleção para acamamento e altura de planta e espiga, os mesmos foram considerados durante a seleção. Deve-se salientar ainda, que atenção também foi dada para coloração amarela mais intensa dos grãos.

5.2 - Estimativas dos Parâmetros Genéticos

A análise combinada da variância englobando todos os experimentos de cada ciclo, considerando-se apenas os quadrados médios e os respectivos graus de liberdade entre famílias de meios irmãos e do resíduo, são apresentadas na Tabela 9. As estimativas da variância genética entre famílias de meios irmãos (σ_{mi}^2), o erro associado a essa estimativa e os respectivos coeficientes de variação genética estão expressos na Tabela 10. Os erros das estimativas da variância entre famílias de meios irmãos foram de 13,4%, 16,0% e 12,5%, para os experimentos de 1971/72, 1973/74 e 1975/76, respectivamente. O coeficiente de variação genética, expresso em porcentagem, é um parâmetro de especial interesse, pois indica o grau de variabilidade correspondente às populações ESALQ-VD-2 MI, ESALQ-VD-2 MI-HSI e ESALQ-VD-2 MI-HSII. Os coeficientes de variação genética

observados para estas populações foram de 7,35% , 7,21% e 6,26% , respectivamente (Tabela 10).

Na Tabela 11 estão apresentadas as estimativas da variância genética aditiva ao nível de plantas, da herdabilidade e do progresso genético esperado com a seleção. As estimativas da variância genética aditiva são obtidas em função da variância entre famílias de meios irmãos, uma vez que

$$\sigma_A^2 = 4 \sigma_{mi}^2 / n^2 .$$

Como era de se esperar, as variações encontradas para esse parâmetro genético correspondem àquelas obtidas para σ_{mi}^2 . A variância genética aditiva correspondente à população ESALQ-VD-2 MI apresenta uma magnitude de $4,3883 \times 10^{-4}$ kg/planta, fluando para os demais ciclos dentro do erro da estimativa (Tabela 10).

Os valores da herdabilidade obtidos foram de 8,10%, 12,23% e 18,64% . Como é constatado pelos resultados acima houve um acréscimo na magnitude desse parâmetro ; no entanto , uma vez que a variância genética aditiva permaneceu praticamente constante com o decorrer dos ciclos de seleção, esse aumento provavelmente é devido à maior precisão experimental observada com o decorrer dos ciclos.

As estimativas dos progressos genéticos esperados com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos para as populações ESALQ-VD-2 MI , ESALQ-VD-2 MI-HSI e ESALQ-VD-2 MI-HSII foram de 12,26 g/planta , 9,27 g/planta e de 13,46 g/planta ,

respectivamente. Os valores correspondentes expressos em porcentagem são: 8,50% , 6,88% e 9,08% . O progresso genético médio esperado, duas gerações por ciclo, foi de 8,15% , enquanto que o progresso médio observado, em relação aos híbridos Hmd 6999-B e Ag-152 , foi de 10,8% .

A contribuição devida à seleção entre famílias de meios irmãos foi bem superior (74,4% , 67,3% e 68,7%) em relação à obtida com a seleção massal (25,6% , 32,7% e 31,3%). Verifica-se assim que a seleção entre famílias de meios irmãos mostrou-se 2,35 vezes mais efetiva que a seleção dentro (massal).

6 - DISCUSSÃO

6.1 - Avaliação de Famílias de Meios Irmãos

Para que o melhoramento de populações de milho seja eficiente é requisito fundamental que a população básica tenha ampla variabilidade genética e um potencial de produção satisfatório. Assim sendo, a população ESALQ-VD-2 pode ser considerada muito promissora, uma vez que reúne tais atributos. Tal afirmativa é baseada no comportamento das famílias de meios irmãos representativas das populações ESALQ-VD-2 MI , ESALQ-VD-2 MI-HSI e ESALQ-VD-2 MI-HSII , as quais, em ensaios de avalia -

ção efetuados durante os anos de 1971 , 1973 e 1975 , mostraram-se altamente produtivas quando comparadas com as testemunhas, que são materiais selecionados e de alto nível de produtividade.

Experimentos conduzidos visando a avaliar o comportamento das famílias de meios irmãos relativas a essas populações, indicaram que os coeficientes de variação experimental obtidos nos 17 ensaios apresentaram precisão satisfatória, conforme o critério adotado por GOMES (1976). O coeficiente de variação experimental é um parâmetro muito importante porque até certo ponto ele funciona como um indicador do êxito da seleção. Várias são as causas que contribuem para a elevação do coeficiente de variação experimental e, como salienta PATERNIANI (1968), podem ser devidas a falhas na condução dos ensaios ou a fatores inerentes ao material e método utilizado. Dentre esses fatores podem ser citados o mau preparo do solo, a utilização de sementes em vias de deterioração, a não aplicação de tratamentos culturais apropriados, a existência de variabilidade genética dentro das famílias de meios irmãos e a interação genótipo por ambiente.

Para o presente caso, de modo geral os coeficientes de variação experimental decresceram com o decorrer dos ciclos mostrando uma amplitude de variação para a população ESALQ-VD-2 MI de 16,2% a 14,1% , para a população ESALQ-VD-2 MI-HSI de 15,3% a 13,3% e para a população ESALQ-VD-2 MI-HSII de 11,1% a 9,8% . Os valores médios correspondentes foram de 15,2% ,

14,1% e 10,4% , respectivamente. Esses resultados concordam com PATERNIANI (1968) que argumenta serem os maiores coeficientes de variação experimental frequentemente observados em populações que não sofreram ainda pressão de seleção, e pelo que tudo indica as causas devem ser devidas à variabilidade existente dentro das famílias e a interação genótipo por ambiente. No entanto, nos ciclos sucessivos estas causas parecem não ter muita influência, uma vez que a seleção conduz a uma maior uniformidade das famílias e eliminação de genótipos que apresentam maior interação com o ambiente. Vários pesquisadores avaliando também famílias de meios irmãos obtiveram valores de coeficiente de variação experimental de magnitude semelhante ou pouco mais elevados que os encontrados nesse trabalho (PATERNIANI, 1967 e 1968 ; ZINSLY, 1969 ; QUEIROZ, 1969 ; SILVA, 1969 ; CARMO, 1969 ; SUÁREZ LEZCANO, 1976 ; TORRES SEGOVIA, 1976 ; CUNHA, 1976 e WINKLER, 1977).

Os níveis de produtividade obtidos para os três ciclos de seleção demonstram a alta capacidade de produção desse material, chegando a alcançar no terceiro ciclo de seleção um valor superior ao das testemunhas que representam materiais altamente selecionados (Tabelas 7 e 8). Resultados igualmente promissores foram também obtidos com a aplicação da mesma metodologia nas populações de milho Composto Flint Branco (SUÁREZ LEZCANO, 1976) ; ESALQ-HV-1 (CUNHA, 1976) e no Composto Dento Branco (WINKLER, 1977). Esses trabalhos tem demonstrado que o método de seleção entre e dentro de famílias de meios ir

mãos, com utilização de sementes remanescentes, tem se mostrado bastante promissor além de ser acessível a maioria das instituições de pesquisa que trabalham com milho.

Embora os dados não sejam apresentados nesse trabalho, observou-se também que a seleção foi eficiente em intensificar a coloração amarela das sementes e em conferir as plantas maior resistência ao acamamento. Convém salientar, no entanto, que a seleção efetuada não foi eficiente no sentido de reduzir a altura das plantas e das espigas. Contudo, o resultado obtido pode ser considerado favorável uma vez que não foi observado também nenhum aumento para esses caracteres, principalmente considerando-se que é normal observar uma tendência das plantas mais produtivas apresentarem porte mais elevado. QUEIROZ (1969), estudando a mesma população utilizada no presente trabalho, observou baixa correlação negativa entre produtividade e altura da planta e espiga. Esses resultados concordam com os obtidos nesse trabalho.

O método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos mostrou-se, assim, eficiente para aumentar a produtividade, além de melhorar outros caracteres de interesse agrônômico, na população ESALQ-VD-2 .

6.2 - Estimativas dos Parâmetros Genéticos

O conhecimento da contribuição relativa dos diferentes tipos de ação gênica presentes para caracteres quantitativos em populações sob seleção é básico em todo o programa de melhoramento (HALLAUER e WRIGHT, 1967). Trabalhos visando quantificar o tipo de variância genética predominante no controle dos caracteres já foram amplamente conduzidos, sendo que revisões a esse respeito são apresentadas por GARDNER (1963) e por MOLL e ROBINSON (1967), entre outros. Esses trabalhos nos traram que a variância aditiva é o principal componente da variância genética total para a maioria dos caracteres estudados. O êxito do melhoramento intrapopulacional é dependente da variância genética aditiva, uma vez que é de sua magnitude que vai depender o sucesso da seleção (VENCOVSKY, 1969 ; VENCOVSKY e MIRANDA Fº, 1972). Dada a sua importância para o progresso a ser obtido, inúmeros melhoristas tem se preocupado em promover a sua quantificação.

No presente trabalho estimou-se a variância genética entre famílias de meios irmãos (σ_{mi}^2), e através dela o coeficiente de variação genética (CVG %) e variância genética aditiva (σ_A^2) ao nível de plantas, para os diferentes ciclos de seleção. Analisando o comportamento desses três parâmetros, observa-se que as estimativas da variância entre famílias de meios irmãos e da variância aditiva praticamente não se modificaram com a seleção, estando a diferença entre eles dentro do erro da estimativa (Tabelas 10 e 11). Esses resultados con -

cordam com aqueles obtidas por DARRAH *et alii* (1972) que, após aplicar quatro ciclos de seleção entre famílias de meios irmãos em populações de milho sul-americanas no Kênia, não observaram qualquer alteração na magnitude da variância genética. No entanto, trabalhos relatados na literatura tem mostrado que a maior queda na variabilidade genética ocorre da população original para o primeiro ciclo, a partir daí permanecendo constante (PATERNIANI, 1967 e 1968 ; WEBEL e LONNQUIST, 1967 e CUNHA, 1976). A explicação dada para esse decréscimo da variabilidade genética verificada no sentido da população original para a de 1º ciclo foi dada por WEBEL e LONNQUIST (1967) e VENCOVSKY (1968), como sendo devida à fixação de grande parte de genes maiores como resultado da seleção inicial.

Como salienta ZINSLY (1969), a variabilidade genética medida através do coeficiente de variação genética tem suas limitações, podendo-se considerar a principal causa de erro em sua estimativa o aumento da média da produção com os sucessivos ciclos de seleção. Os valores da herdabilidade como calculados no presente trabalho, segundo PATERNIANI (1968), servem para dar uma idéia das possibilidades da seleção efetuada dentro das famílias de meios irmãos. Os valores obtidos para as populações ESALQ-VD-2 MI , ESALQ-VD-2 MI-HSI e ESALQ-VD-2 MI-HSII mostraram-se crescentes. Isso ocorreu provavelmente devido a maior uniformização observada dentro das famílias de meios irmãos, obtida com o decorrer dos ciclos de seleção, e ao fato dos valores da variância aditiva permanecerem praticamente

te constantes. É provável que a estabilização da variabilidade observada dentro das famílias é devida à recombinação adequada a que são submetidas as famílias selecionadas, além da provável liberação da variabilidade latente existente dentro de blocos poligênicos heterozigotos.

Analisando o progresso genético esperado com a seleção, referente às populações ESALQ-VD-2 MI, ESALQ-VD-2 MI-HSI e ESALQ-VD-2 MI-HSII (8,50%, 6,88% e 9,08%), observa-se que o ganho referente ao IIº ciclo de seleção foi inferior. Esse fato provavelmente é devido à menor porcentagem de seleção aplicada entre famílias de meios irmãos. Inúmeros trabalhos publicados relatam progressos genéticos esperados e observados com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, e na maioria deles, os resultados são relativamente concordantes. PATERNIANI (1967) obteve para a população Dente Paulista um progresso médio por ciclo, em relação à população original, de 13,6%. ZINSLY (1969) trabalhando com as populações Dente Paulista, Caingang e Cateto obteve um ganho médio por ciclo, de 13,8%. Resultados altamente promissores foram também obtidos por WEBEL e LONNQUIST (1967) que, após quatro ciclos de seleção na população Hays Golden, obtiveram um ganho observado de 9,4% e um ganho esperado de 8,1%. COMPTON e BAHADOUR (1977), dando continuidade aos trabalhos de WEBEL e LONNQUIST (1967), relataram progressos de 5,26% ao ano após dez ciclos de seleção. Ganho médio observado de 3,79% e esperado de 5,81% foi obtido por PATERNIANI (1968), com a população Piramex, após três ciclos

de seleção. TORRES SEGOVIA (1976), trabalhando com a população de milho Centralmex, obteve após três ciclos de seleção ganho médio observado de 3,25% e esperado de 3,30% ao ano.

O progresso genético esperado e observado com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos obtidos neste trabalho foram de 8,15% e 10,8% , respectivamente. Na estimação do progresso genético esperado utilizou-se, por sugestão de VENCOVSKY (1975), o diferencial de seleção ao invés de valores de K dados pela tabela de FISHER e YATES (1971), visto que durante a seleção outros caracteres de importância agrônômica foram também levados em consideração não sendo selecionadas necessariamente as famílias mais produtivas (Figuras 1 , 2 e 3).

Tal estimativa do progresso obtida dessa forma se aproxima bastante do real, não havendo problemas de superestimação dos resultados. Além disso, a aplicação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos utilizando-se sementes remanescentes é, segundo VENCOVSKY (1975) e COMPTON e COMSTOCK (1976), cerca de 25% menos eficiente quando comparados com aqueles obtidos com uma geração por ciclo. Contudo , seu uso é plenamente justificado uma vez que facilita o manejo do material, é menos trabalhoso e dispendioso. SUÁREZ LEZCANO (1976) , CUNHA (1976) e WINKLER (1977), utilizando a mesma metodologia usada no presente trabalho, obtiveram ganhos com a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, após um ciclo de seleção, da ordem de 7,4% , 5,3% e 6,2% , respetiva

mente. Estes dados nos levam a concluir que a população ESALQ-VD-2 é das mais promissoras.

Baseando-se nos dados da literatura e do presente trabalho, observa-se que o ganho devido a seleção entre famílias de meios irmãos é muito aumentado quando se utiliza sementes renaescentes. Algumas comparações de ganhos esperados devido a seleção entre famílias e dentro de famílias (massal), quando um ciclo é completado em um ano, foram obtidas por PATERNIANI (1968), ZINSLY (1969), SILVA (1969), CARMO (1969) e TORRES SEGOVIA (1976), e para todos estes casos a contribuição devida a seleção entre famílias e a seleção dentro de famílias foi semelhante.

No entanto, a contribuição média devida a seleção entre famílias de meios irmãos é muito superior a obtida com a seleção massal dentro de famílias, quando um ciclo é obtido em dois anos. Neste trabalho a contribuição média foi de 70,1% e 29,9%, respectivamente.

Resultados concordantes foram relatados por SUÁREZ LEZCANO (1976) que obteve valores de 65,0% e 35,0% para a população de milho Flint Composto Branco, por CUNHA (1976) que relata resultados de 89,3% e 75,8% para a seleção entre famílias de meios irmãos e de 10,7% e 24,2% para a seleção massal, em dois ciclos de seleção no milho ESALQ-HV-1. WINKLER (1977) observou que a contribuição foi de 70,4%, para a seleção entre, e 29,6%, para a seleção dentro, na população Composto Dentado Branco. Assim sendo, maiores progressos podem ser obtidos com a aplicação de maior intensidade de seleção entre famílias de meios irmãos.

7 - CONCLUSÕES

Dos resultados obtidos, as seguintes conclusões gerais podem ser mencionadas:

- 1 - A seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos foi eficiente para melhorar a produtividade do milho ESALQ-VD-2 . O progresso genético médio esperado por ciclo de seleção foi de 8,15% e o progresso genético médio observado foi de 10,8% .
- 2 - A produtividade observada na população ESALQ-VD-2 MI-HSII mostrou-se superior à produção média dos híbridos comer -

ciais Hmd 7974 e Ag-152. Observou-se, ainda, que a seleção foi eficiente para aumentar a resistência ao acamamento, e para aumentar a frequência da coloração amarela intensa dos grãos. O comportamento do material indica a possibilidade da sua utilização imediata pelos agricultores.

- 3 - O progresso esperado com a seleção entre famílias de meios irmãos foi em média 2,35 vezes superior àquele obtido com a seleção dentro das famílias.
- 4 - A variabilidade genética, expressa pela magnitude da variância genética aditiva, mostrou-se praticamente constante com o decorrer dos três ciclos de seleção, sendo que as diferenças observadas se encontram dentro do erro da estimativa.
- 5 - Os valores crescentes da herdabilidade, obtidos com o decorrer dos ciclos, mostram uma tendência de uniformização dentro das famílias, indicando que, nos ciclos mais avançados de seleção, deve-se dar maior ênfase à seleção entre famílias do que na seleção dentro de famílias.

8 - SUMMARY

A population of maize of broad genetic basis, representing essentially Tuxpeño germoplasm, was developed at the Instituto de Genética of the Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", to be utilized as basic material in breeding programs. One cycle of mass selection and three cycles of selection among and within half sib families have been completed. The resulting populations show high productivity and good agronomic characters. In the ESALQ-VD-2 MI, ESALQ-VD-2 MI-HSI e ESALQ-VD-2 MI-HSII populations 700 , 500 and 500 families were evaluated, respectively, in triple the

10 x 10 lattice designs. According to the results of the yield trials the best families were selected mainly in relation to grain yield, lower ear height and lodging resistance. On the average selection intensity among families was about 16.4%, and within families the selection intensity was of the order of 11.2%. The selected families were recombined in isolated plots using remnant seeds. The expected advance per cycle was calculated as 8.15% on the average and the mean realized progress was of the order of 10.8%. Genetic variability expressed by the additive genetic variance was found to be 3.8698×10^{-4} g/plant on the average. This value showed little variation during the three cycles of selection. It was estimated that the selection among families was 2.35 times superior in relation to the selection within families.

9 - LITERATURA CITADA

ALLARD, R. W., 1971. Princípios do melhoramento genético das plantas. São Paulo, Editora Edgar Blucher Ltda. 381 p.

CARMO, C. M., 1969. Avaliação de progênies de meios irmãos em populações heterogêneas de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 48 p. (Dissertação de Mestrado).

COMPTON, W. A. e K. BAHADUR, 1977. Ten cycles of progress from modified ear-to-row selection in corn. Crop Sci. Madison, 17: 378-380.

- COMSTOCK, R. E. e H. F. ROBINSON, 1948. The components of ge
netic variance in populations of biparental progenies and
their use in estimating the average degree of dominance.
Biometrics. Raleigh, 4: 254-266.
- CUNHA, M. A. P. da, 1976. Seleção entre e dentro de famílias
de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) ESALQ-HV-1. Pirau
cicaba, ESALQ/USP, 84 p. (Tese de Doutorado).
- DARRAH, L. L. ; S. A. EBERHART e L. H. PENY, 1972. A maize
breeding methods study in Kenia. Crop Sci. Madison, 12:
605-608.
- ODDLEY, J. W., 1973. Seventy generations of selection for
oil and protein in the corn kernel. Proc. 28th Annual
Corn and Sorghum Res. Conf. Washington, D.C. 28: 123-
136.
- FISHER, R. A. e F. YATES, 1971. Tabelas Estatísticas. São
Paulo. Ed. Polígono, 150 p.
- GARDNER, C. O., 1961. An evaluation of effects of mass se-
lection and seed irradiation with thermal neutrons on yield
of corn. Crop Sci. Madison 1: 241-245.
- GARDNER, C. O., 1963. Estimatives of genetic parameters in
cross fertilizing plants and their implications in plant
breeding. In: HANSON, W. D. e H. F. ROBINSON, ed. Sta-
tistical Genetics and Plant Breeding. National Academy of
Science. Washington, p. 225-252.
- GARDNER, C. O., 1973. Evaluation of mass selection and of
seed irradiation with mass selection for population improv
ement in maize. Genetics. Austin, 74: s88-s89.

- GOMES, F. P., 1976. Curso de Estatística Experimental. 6.^a ed., São Paulo, Editora Nobel, 430 p.
- HALLAUER, A. R. e J. A. WRIGHT, 1967. Genetics variances in the open-pollinated variety of maize, Iowa Ideal. Der Zuchter. New York, 37: 178-185.
- HOPKINS, C. G., 1899. Improvement in the chemical composition of the corn kernel. Illinois Agr. Expt. Sta. Bull. Illinois, 55: 205-240. Apud: SPRAGUE, G. F., 1955. Corn Breeding. In: Corn and Corn Improvement. New York, Academic Press, 221-292.
- HULL, F. H., 1945. Recurrent selection for specific combining ability in corn. J. Am. Soc. Agron. Madison, 37: 134-145.
- JONES, D. F., 1918. The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. Connecticut Agr. Expt. Sta. Bull. 207: 1-100.
- LINDSEY, M. F. ; J. H. LONNQUIST e C. O. GARDNER, 1962. Estimates of genetic variance in open-pollinated varieties of cornbell corn. Crop Sci. Madison, 2: 105-108.
- LONNQUIST, J. H., 1960. El mejoramiento de las poblaciones de mays. P.C.C.M.M. Managua, 6: 14-22.
- LONNQUIST, J. H., 1964. A modification of the ear-to-row procedure for the improvement of maize populations. Crop Sci. Madison, 4: 227-228.

- MIRANDA F^o, J. B. e R. VENCOVSKY, 1972. Estimativas da variância genética aditiva de diversas populações locais de milho. Rel. Cient. Inst. Genética. ESALQ. Piracicaba, 6: 61-66.
- MOLL, R. H. e H. F. ROBINSON, 1967. Quantitative genetic investigations of yield of maize. Der Zuchter. New York, 37: 192-199.
- 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., 1968. Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no melhoramento de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba. ESALQ/USP. 92 p. (Tese de Professor Catedrático).
- PATERNIANI, E., 1969. Melhoramento de populações de milho. Ciência e Cultura. São Paulo, 21: 1-10.
- QUEIROZ, M. A., 1969. Correlações genéticas e fenotípicas em progênies de meios irmãos de milho (*Zea mays* L.) e suas implicações com o melhoramento. Piracicaba. ESALQ/USP, 71 p. (Dissertação de Mestrado).
- RICHEY, F. O., 1922. The experimental basis for the present status of corn breeding. J. Am. Soc. Agron. Madison, 14: 1-17.
- ROBINSON, H. F. ; R. E. COMSTOCK e P. H. HARVEY, 1949. Estimates of heritability and the degree of dominance in corn. Agron. J. Madison, 41: 353-359.

- ROBINSON, R. F. ; R. E. COMSTOCK e P. H. HARVEY, 1955. Genetic variances in open-pollinated varieties of corn. Genetics. Austin, 40: 45-60.
- 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).
- SMITH, L. H. e A. M. BRUNSON, 1925. An experiment in selecting corn for yield by the method of the ear-row breeding plot. Agr. Expt. Sta. Bull. Illinois, 271: 567-583.
- SPRAGUE, G. F., 1955. Corn Breeding. In: Corn and Corn Improvement. New York, Academic Press, p. 221-292.
- SUÁREZ LEZCANO, R., 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).
- 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., 1968. Estimativas de parâmetros genéticos em três ciclos de seleção em milho. Rel. Cient. Inst. Genética. ESALQ/USP. Piracicaba, 2: 88-90.
- VENCOVSKY, R., 1969. Genética Quantitativa. In: KERR, W. E., Melhoramento e Genética. São Paulo, Ed. Melhoramentos de São Paulo, p. 17-38.

- VENCOVSKY, R., 1975. Progresso esperado na seleção recorrente recíproca baseada em famílias de meios irmãos e plantas prolíficas. Rel. Cient. Inst. Genética. ESALQ/USP. Piracicaba, 9: 192-196.
- VELLO, N. A. e E. VENCOVSKY, 1974. Variâncias associadas às estimativas de variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade. Rel. Cient. Inst. Genética. ESALQ/USP. Piracicaba, 8: 238-248.
- WEBEL, O. O. e J. H. LONNQUIST, 1967. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L.). Crop Sci. Madison, 7: 651-655.
- WINKLER, E. I. G., 1977. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) Composto Dentado Branco. Piracicaba, ESALQ/USP. 54 p. (Dissertação de Mestrado).
- ZINSLY, J. R., 1969. Estudo comparativo entre a seleção massal e a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP. 89 p. (Tese de Doutorado).
- ZUBER, M. S., 1942. Relative efficiency of incomplete block designs using corn uniformity trial data. Agron. J. Madison, 34: 30-47.

10 - T A B E L A S

TABELA 1 - Esperanças matemáticas dos quadrados médios da análise combinada em látice para a obtenção de estimativas dos parâmetros genéticos

Fonte de Variação	Q. M.	Esperanças dos Quadrados Médios	
		Ao nível de totais de parcelas	Ao nível de indivíduos
Famílias meios irmãos	Q_2	$\sigma_1^2 + r \sigma_{mi}^2$	$n \sigma_d^2 + n^2 \sigma_e^2 + n^2 r \sigma_p^2$
Resíduo combinado	Q_1	σ_1^2	$n \sigma_d^2 + n^2 \sigma_e^2$

Q_1 = quadrado médio do resíduo combinado

Q_2 = quadrado médio de famílias de meios irmãos

σ_1^2 = variância entre médias de parcelas

σ_{mi}^2 = variância entre famílias de meios irmãos

r = número de repetições

n = número de plantas por parcelas

σ_d^2 = variâncias entre plantas dentro de parcelas

σ_e^2 = variância do efeito ambiental entre parcelas ao nível de plantas

σ_p^2 = variância genética entre famílias de meios irmãos ao nível de plantas

TABELA 2 - Componentes das análises da variância dos sete experimentos látices triplos 10 x 10, referentes à avaliação da produtividade, em kg/5 m², de 700 famílias de meios irmãos da população ESALQ-VD-2 MI. 1971/72

Fonte de Variação	G. L.	Quadrados Médios						
		Experimen to 1 to 2	Experimen to 3	Experimen to 4	Experimen to 5	Experimen to 6	Experimen to 7	
Tratamentos (ajustados)	99	0,5081 **	0,4446 *	0,5244 **	0,6203 **	0,4549 **	0,3134 ns	0,4550 **
Blocos dentro de repetições (ajustados)	27	0,9000	0,7563	0,6699	0,6733	0,6278	0,9014	0,6029
Erro intrabloco	171	0,2527	0,3179	0,3113	0,2313	0,2423	0,2808	0,2441
C. V. do látice (%)		14,4	16,2	16,0	14,1	14,4	15,9	15,2
Eficiência do látice (%)		122,9	110,2	107,8	125,3	121,2	118,9	111,0

TABELA 3 - Componentes das análises da variância dos cinco experimentos látices triplos 10 x 10, referentes à avaliação da produtividade, kg/10 m², de 500 famílias de meios irmãos da população ESALQ-VD-2 MI-HSI. 1973/74

Fonte de variação	G. L.	Quadrados Médios				
		Experimen to 1	Experimen to 2	Experimen to 3	Experimen to 4	Experimen to 5
Tratamentos (ajustados)	99	1,6076 **	1,6447 **	1,4424 **	2,3563 **	1,1226 **
Blocos dentro de repeti- ções (ajustados)	27	1,9262	1,5078	3,0854	1,5213	1,2430
Erro intrabloco	171	0,9876	1,0267	0,8362	1,0753	0,7083

C. V. do látice (%)		15,3	15,4	14,1	15,3	13,3
Eficiência do látice (%)		105,9	101,9	124,3	101,6	104,2

TABELA 4 - Componentes das análises da variância dos cinco experimentos látices triplos 10 x 10, referentes à avaliação da produtividade, kg/10 m², de 500 famílias de meios irmãos da população ESALQ-VD-2 MI-HSII. 1975/76

Fonte de Variação	G. L.	Quadrados Médios				
		Experimen to 1	Experimen to 2	Experimen to 3	Experimen to 4	Experimen to 5
Tratamentos (ajustados)	99	1,0620 **	1,4760 **	1,1987 **	1,0837 **	1,1779 **
Blocos dentro de repe- tições (ajustados)	27	2,3908	1,4095	0,9791	1,4224	1,2266
Erro intrabloco	171	0,5562	0,5032	0,6525	0,5380	0,5204

C. V. do látice (%)		11,1	10,2	11,1	9,9	9,8
Eficiência do látice (%)		131,2	114,5	102,2	112,8	109,8

TABELA 5 - Produções médias e "stands" médios das famílias de meios irmãos das populações ESALQ-VD-2 MI , ESALQ-VD-2 MI HSI e ESALQ-VD-2 MI HSII e das respectivas testemunhas em kg/ha , avaliadas em ensaios látices triplos 10 x 10 , nos anos agrícolas de 1971/72 , 1973/74 e 1975/76

Populações	Produtividade kg/ha		"Stand" Médio (%)	
	Famílias	Testemunhas	Famílias	Testemunhas
ESALQ-VD-2 MI				
1/1971	7.323	7.402 (a)	79,6	72,9
2/1971	7.237	7.477	71,3	81,8
3/1971	7.240	7.304	72,9	80,9
4/1971	7.175	7.640	76,1	72,4
5/1971	7.135	7.154	78,0	72,4
6/1971	6.965	7.241	80,9	79,1
7/1971	6.762	7.150	77,9	75,4
ESALQ-VD-2 MI-HSI				
1/1973	6.726	6.946 (b)	80,5	85,1
2/1973	6.698	6.922	77,5	82,8
3/1973	6.784	7.217	80,6	84,4
4/1973	6.969	6.790	82,0	82,0
5/1973	6.532	7.241	81,0	83,4
ESALQ-VD-2 MI-HSII				
1/1975	7.054	7.123 (c)	92,6	91,5
2/1975	7.257	7.382	91,3	90,2
3/1975	7.447	7.409	89,9	89,4
4/1975	7.675	7.627	88,0	88,0
5/1975	7.636	7.360	89,0	88,8

Testemunhas: (a) Hmd 6999-B e Centralmex - ano 1971/72

(b) Hmd 6999-B e Ag-152 - ano 1973/74

(c) Hmd 7974 e Ag-152 - ano 1975/76

TABELA 6 - Produções médias obtidas e estimadas dos híbridos duplos Hmd 6999-B e Ag-152 , e das famílias de meios irmãos referentes às populações ESALQ-VD-2 MI , ESALQ-VD-2 MI HSI e ESALQ-VD-2 MI HSII

População	Produtividade (kg/ha)			
	Testemunhas			Famílias de meios irmãos
	Hmd 6999-B	Ag-152	Média	
ESALQ-VD-2 MI				
1/1971	7.800	(8.441)	8.120	7.323
2/1971	7.340	(7.943)	7.641	7.237
3/1971	7.520	(8.138)	7.829	7.240
4/1971	8.240	(8.917)	8.578	7.175
5/1971	7.460	(8.073)	7.765	7.135
6/1971	7.680	(8.311)	7.995	6.965
7/1971	7.540	(8.160)	7.850	6.762
ESALQ-VD-2 MI-HSI				
1/1973	6.622	7.270	6.946	6.726
2/1973	6.581	7.264	6.922	6.698
3/1973	6.955	7.479	7.217	6.784
4/1973	6.469	7.113	6.790	6.969
5/1973	7.114	7.369	7.241	6.532
ESALQ-VD-2 MI-HSII				
1/1975	(6.258)	6.765	6.511	7.054
2/1975	(6.198)	6.700	6.449	7.257
3/1975	(6.447)	6.969	6.709	7.447
4/1975	(6.462)	6.986	6.725	7.675
5/1975	(6.751)	7.298	7.024	7.636

() Produções estimadas em função dos resultados obtidos no ano agrícola 1973/74

TABELA 7 - Produtividade média dos diferentes ciclos de seleção no milho ESALQ-VD-2 , bem como das respectivas amostras selecionadas e testemunhas

Material	População			Amostra selecionada		
	N	kg/ha	% relativa testemunhas	N	kg/ha	% relativa testemunhas
ESALQ-VD-2 MI	700	7.120	97,0	104	8.170	111,3
Testemunhas (a)	-	7.338	100,0	-	---	---
ESALQ-VD-2 MI-HSI	500	6.742	95,9	99	7.460	106,2
Testemunhas (b)	-	7.023	100,0	-	---	---
ESALQ-VD-2 MI-HSII	500	7.414	100,4	73	8.276	111,6
Testemunhas (c)	-	7.380	100,0	-	---	---

Testemunhas: (a) Hmd 6999-B e Centralmex - ano 1971/72

(b) Hmd 6999-B e Ag-152 - ano 1973/74

(c) Hmd 7974 e Ag-152 - ano 1975/76

TABELA 8 - Produtividade média dos diferentes ciclos de seleção no milho ESALQ-VD-2 , das respectivas amostras selecionadas e das testemunhas Hmd 6999-B e Ag-152

Material	População			Amostra selecionada		
	N	kg/ha	% relativa testemunhas	N	kg/ha	% relativa testemunhas
ESALQ-VD-2 MI	700	7.120	89,3	104	8.170	102,5
Testemunhas	-	7.968*	100,0	-	---	---
ESALQ-VD-2 MI-HSI	500	6.742	95,9	99	7.460	106,2
Testemunhas	-	7.023	100,0	-	---	---
ESALQ-VD-2 MI-HSII	500	7.414	110,9	73	8.276	123,8
Testemunhas	-	6.684*	100,0	-	---	---

(*) Valor estimado

TABELA 9 - Quadrados médios e os respectivos graus de liberdade das famílias de meios irmãos e do resíduo, obtidos da análise conjunta dos experimentos látices, referentes às populações ESALQ-VD-2 MI , ESALQ-VD-2 MI-HSI e ESALQ-VD-2 MI-HSII

População	Entre famílias	Meios irmãos	Resíduo	Combinado
	G. L.	Q_2	G. L.	Q_1
ESALQ-VD-2 MI	693	0,4744	1.197	0,2687
ESALQ-VD-2 MI-HSI	495	1,6351	855	0,9267
ESALQ-VD-2 MI-HSII	495	1,1997	855	0,5541

TABELA 10 - Estimativas ao nível de plantas dos componentes da variância genética entre famílias de meios irmãos (σ_{mi}^2), obtidas das análises combinadas dos experimentos e os respectivos coeficientes de variação genética

População	N	$\hat{\sigma}_{mi}^2 \times 10^{-4}$	Erro das Es	Coefficiente de
		(kg/planta)	timativas	variação genética (%)
			$\hat{\sigma}_{mi}^2$ (%)	Média geral
ESALQ-VD-2 MI	700	1,0970 \pm 0,1476	13,4	7,35
ESALQ-VD-2 MI-HSI	500	0,9444 \pm 0,1507	16,0	7,21
ESALQ-VD-2 MI-HSII	500	0,8608 \pm 0,1077	12,5	6,26

TABELA 11 - Estimativas das variâncias genéticas aditivas (σ_A^2) das populações ESALQ-VD-2, valores de herdabilidade e progressos genéticos esperados em g/planta e em porcentagem

População	Ensaio	$\sigma_A^2 \times 10^{-4}$ (kg/planta)	\hat{h}^2	Progresso genético esperado			% do Progresso total		
				g/planta	Total %	Entre %	Dentro %	Seleção entre	Seleção dentro
ESALQ-VD-2 MI	1971/72	4,3883 ± 0,5904	8,10	12,26	8,50	6,33	2,17	74,4	25,6
ESALQ-VD-2 MI-HSI	1973/74	3,7781 ± 0,6028	12,23	9,27	6,88	4,63	2,25	67,3	32,7
ESALQ-VD-2 MI-HSII	1975/76	3,4432 ± 0,4308	18,64	13,46	9,08	6,24	2,84	68,7	31,3

11 - F I G U R A S

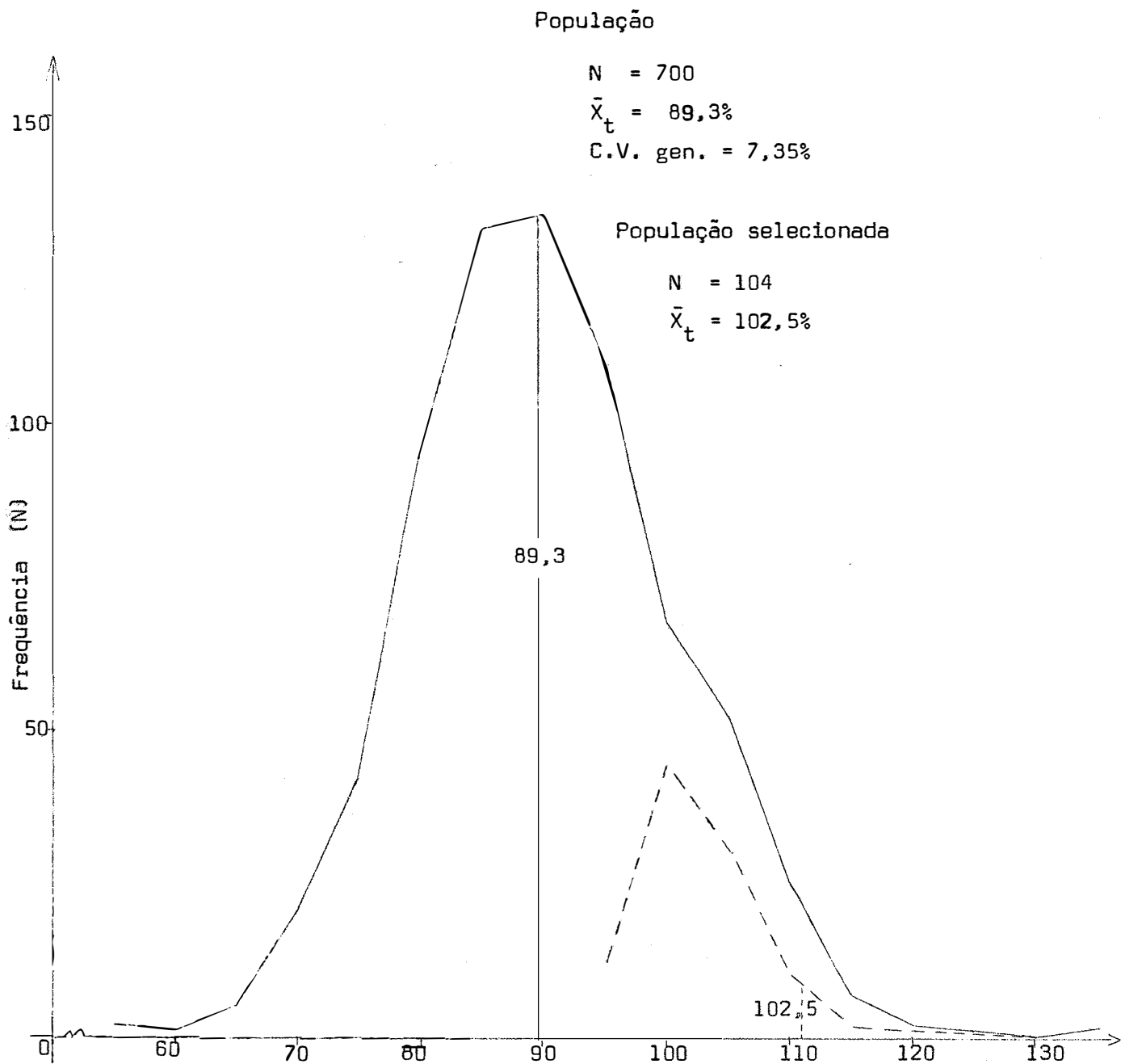


Fig. 1 - Distribuição das frequências das produções, em porcentagem das testemunhas Hmd 6999-B e Ag-152, das famílias de meios irmãos da população ESALQ-VD-2 MI. 1971/72.

População

 $N = 500$ $\bar{X}_t = 95,9\%$

C.V. gen. = 7,21%

População selecionada

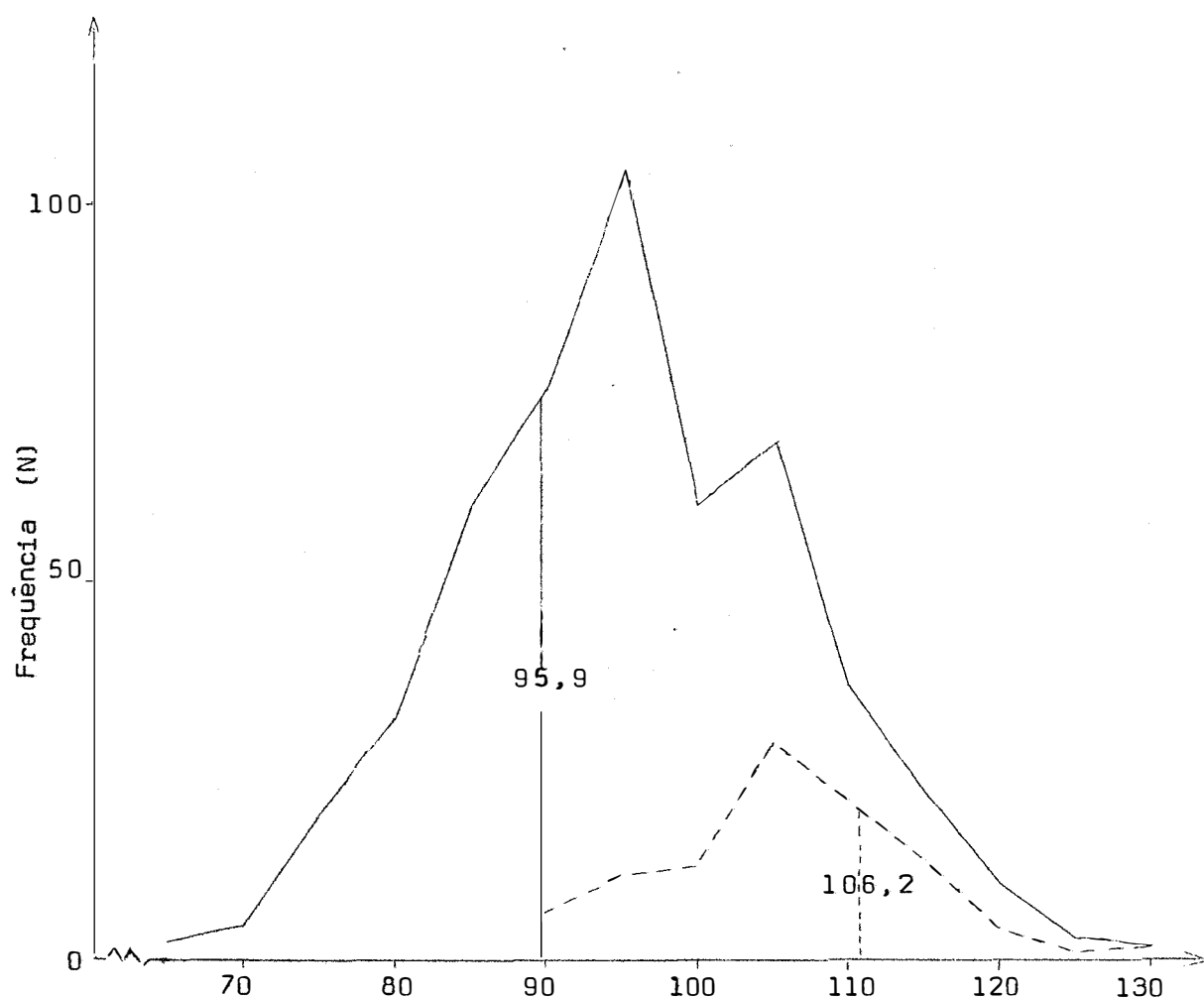
 $N = 99$ $\bar{X}_t = 106,2\%$ 

Fig. 2 - Distribuição das frequências das produções, em porcentagem das testemunhas Hmd 6999-B e Ag-152, das famílias de meios irmãos da população ESALQ-VD-2 MI-HSI. 1973/74

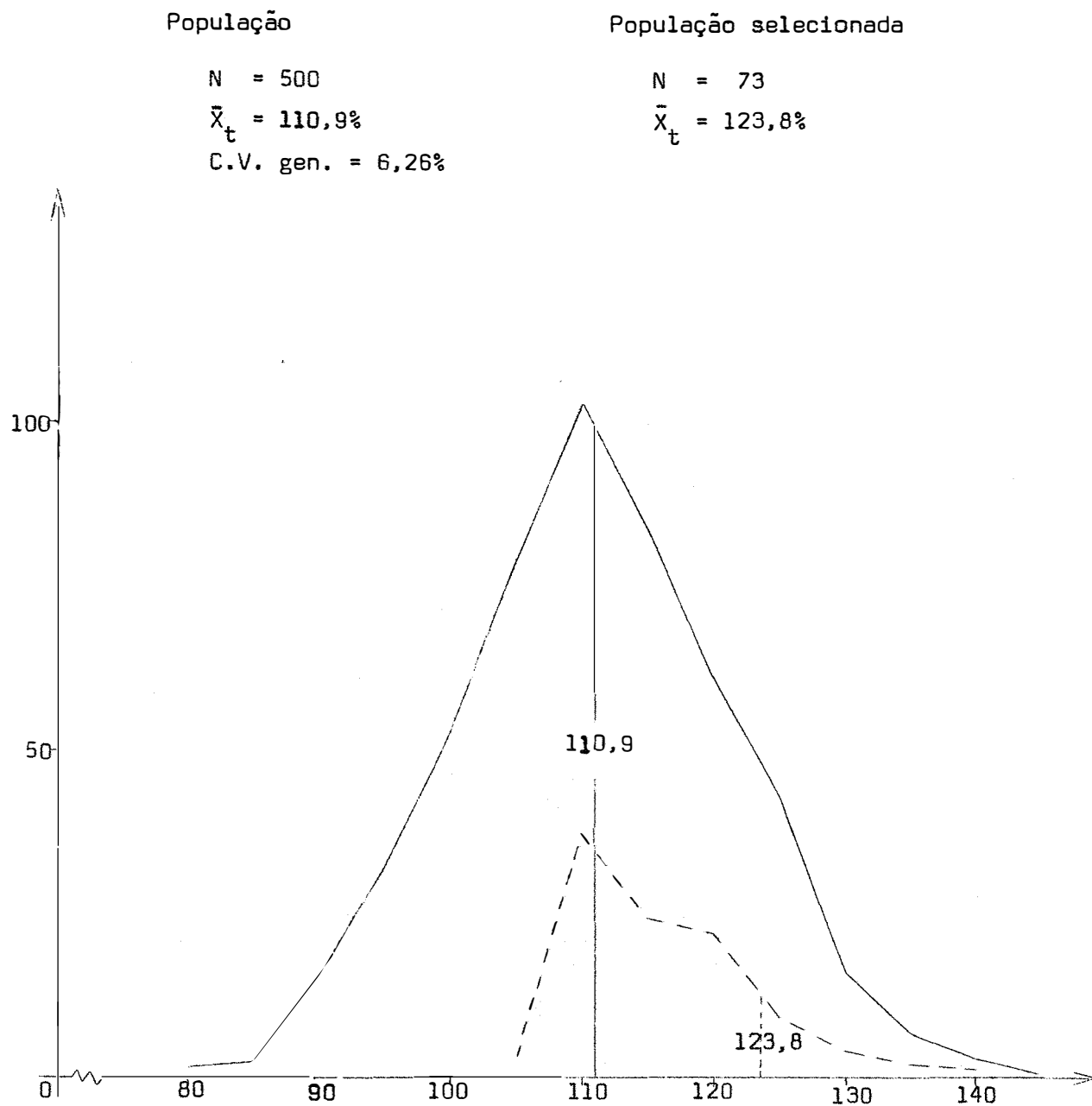


Fig. 3 - Distribuição das frequências das produções, em porcentagem das testemunhas Hmd 6999-B e Ag-152, das famílias de meios irmãos da população ESALQ-VD-2 MI-HSII. 1975/76