

AVALIAÇÃO DE DOIS COMPOSTOS DE MILHO  
OPACO-2 MODIFICADO (*Zea mays* L.) PARA O  
MELHORAMENTO INTERPOPULACIONAL

CRISTIAN ESTANISLAO DOMANSKI  
Engenheiro Agrônomo

Orientador: PROF. DR. GERALDO ANTONIO TOSELLO

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

P I R A C I C A B A  
Estado de São Paulo - Brasil  
Dezembro - 1991

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Livros da  
Divisão de Biblioteca e Documentação - PCAP/USP

D666a Domanski, Cristian Estanislao  
Avaliação de dois compostos de milho opaco-2  
modificado (Zea mays L.) para o melhoramento  
interpopulacional. Piracicaba, 1991.  
133p.

Tese - ESALQ  
Bibliografia

1. Milho opaco-2 - Melhoramento 2. Milho opaco-2-  
Potencial genético 3. Milho opaco-2 - Seleção I. Es-  
cola Superior de Agricultura Luiz de Queiróz. Piraci-  
caba

CDD 633.15

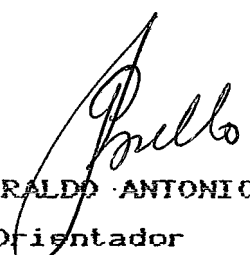
AVALIAÇÃO DE DOIS COMPOSTOS DE MILHO  
OPACO-2 MODIFICADO (*Zea mays* L.) PARA O  
MELHORAMENTO INTERPOPULACIONAL

CRISTIAN ESTANISLAO DOMANSKI

Aprovada em: 20/12/91

Comissão julgadora:

Prof. Dr. Geraldo Antonio Tosello	ESALQ/USP
Prof. Dr. João Rubens Zinsly	ESALQ/USP
Prof. Dr. Claudio Lopes de Souza Junior	ESALQ/USP
Dr. Renato Ruschel	EMGOPA
Dr. Luiz Alberto Rocha Batista	EMBRAPA/SÃO CARLOS

  
PROF. DR. GERALDO ANTONIO TOSELLO  
Orientador

*A meus filhos*

*LARISSA e CHRISTIAN*

*DEDICO*



### AGRADECIMENTOS

- Ao Prof. Dr. Geraldo Tosello, pela orientação e amizade.
- Ao Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Junior pela colaboração prestada na condução deste estudo.
- Aos professores Dr. Natal Antonio Vello e Dr. Isaias Olívio Geraldi pelos ensinamentos sobre vários aspectos do trabalho.
- Ao Instituto Nacional de Tecnologia Agropecuária - INTA, nas pessoas do Agrônomo José Luis Scantamburlo e Dr. Horácio Pacagnini e a Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - ESA/LQ/USP, na pessoa do Prof. Dr. Ronald Vencovsky, que possibilitaram a minha participação no curso de Pós-Graduação.
- À Financiadora de Estudos e Projetos - FINEP, que auxiliou no financiamento da pesquisa.
- À bibliotecária da Divisão de Biblioteca e Documentação Kátia M. Andrade Ferraz pela colaboração e amizade.
- Aos funcionários Juscelino Desiderio, José Antonio Carmezini de Paulo, Marcos Antonio Gorga, José Modualdo Cucolo e Trajano de Oliveira Filho por sua colaboração na execução dos trabalhos de campo e laboratório.

## SÚMARIO

	Página
RESUMO .....	vii
SUMMARY .....	x
1. INTRODUÇÃO .....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA .....	4
2.1. Importância Biológica do Gene Opaco-2 ( $\alpha_2$ ) ...	4
2.2. A Utilização do Gene $\alpha_2$ no Melhoramento .....	8
2.3. Modificadores Genéticos do Opaco-2 .....	12
2.4. Seleção Para Teor de Proteína no Grão .....	14
2.5. Correlações Entre Caracteres Agronômicos e Qualidade Nutricional .....	15
2.6. Métodos Usados no Melhoramento da Qualidade em Milho .....	20
3. MATERIAL E MÉTODOS .....	26
3.1. Material .....	26
3.2. Métodos .....	27
3.2.1. Análise de Laboratório .....	30
3.2.2. Estimativas de parâmetros estatísticos e genéticos .....	31
3.2.3. Análise de covariância .....	36
3.2.4. Estimativas de correlações .....	39
3.2.5. Obtenção das estimativas dos ganhos ge- néticos e respostas correlacionadas com a seleção .....	41

	Página
3.2.6. Distribuição de frequências das médias dos caracteres .....	44
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	45
4.1. Médias Gerais dos Experimentos .....	45
4.2. Quadrados Médios e Variâncias dos Experimentos .....	50
4.3. Estimativas dos Parâmetros Genéticos e Fenotípicos .....	53
4.3.1. Estimativas para Caracteres Agronômicas .....	55
4.3.2. Estimativas para caracteres de qualidade nutricional .....	59
4.3.3. Estimativas de progressos esperados com seleção recorrente recíproca .....	63
4.3.3.1. Estimativas de progressos esperados com seleção recorrente recíproca para caracteres agronômicas .....	64
4.3.3.2. Estimativas de progressos esperados com seleção recorrente recíproca para caracteres de qualidade nutricional .....	65

	Página
4.4. Estimativas de Correlações Genéticas e Fenotípicas .....	66
4.4.1. Estimativas de correlações para caracteres agronômicos com seleção recorrente recíproca .....	67
4.4.2. Estimativas de correlações entre porcentagem de proteína e características agronômicas .....	69
4.4.3. Respostas correlacionadas com a seleção .....	71
5. CONCLUSÕES .....	74
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	77
APÊNDICE .....	94

AVALIAÇÃO DE DOIS COMPOSTOS DE MILHO  
OPACO-2 MODIFICADO (*Zea mays* L.) PARA O  
MELHORAMENTO INTERPOPULACIONAL

Autor: CRISTIAN ESTANISLAO DOMANSKI

Orientador: PROF. DR. GERALDO ANTONIO TOSELLO

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial genético para seleção recorrente recíproca dos compostos de milho opaco-2 L-14-CIM65 Flint amarelo e L-15-CIM66 Dent amarelo, visando o melhoramento de características agronômicas e da qualidade nutricional. Foram avaliadas 200 progênies  $S_2$  de cada população e seus respectivos híbridos interpopulacionais em lâteses 10 x 10 com três repetições durante o ano agrícola 88/89, em Piracicaba - São Paulo. Foram tomados dados de rendimento de grãos (R) altura da planta (AP), altura da espiga (AE), número de ramificações do pendão (NRP), peso de 100 grãos (P100), comprimento dos grãos (CG), largura dos grãos (LG), % proteína (P), % triptofano (T) e % triptofano na proteína (T/P). As testemunhas utilizadas foram os híbridos comerciais Cargill 115 e Agrocerec 303. A população  $S_2$  L-15-CIM66 Dent amarelo não foi avaliada devido a anormalidades ocorridas durante o ano

agrícola que afetaram de maneira significativa o estande de plantas.

Foram estimadas as médias, variâncias fenotípicas e genéticas, coeficientes de herdabilidade, coeficientes de variação experimental ( $CV_e$ ) e genético ( $CV_g$ ), índice de variação  $b$  ( $b = CV_g / CV_e$ ), coeficientes de correlação fenotípicos e genéticos entre caracteres, progressos e respostas correlacionadas com a seleção. As populações  $S_2$  milho opaco-2 modificado Flint e Dent são materiais promissores para a obtenção de híbridos, haja visto os rendimentos dos híbridos recíprocos interpopulacionais, cuja produtividade foi apenas 12,02% menor que a média dos híbridos comerciais Cargill 115 e Agrocerees 303.

A seleção recorrente recíproca será eficiente no melhoramento de praticamente todos os caracteres avaliados. A ampla variabilidade genética no híbrido interpopulacional  $H_{12}$  contribuiu significativamente para os ganhos com seleção recorrente recíproca. O rendimento da população endogâmica  $S_2$  L-14-CIM65 foi pouco menor que a média dos híbridos interpopulacionais, o que possibilitaria a obtenção de linhagens produtivas para a elaboração de híbridos.

A população e os híbridos interpopulacionais, apresentaram elevados valores de variâncias genética para os caracteres avaliados. O híbrido interpopulacional  $H_{21}$  apresentou magnitudes menores de variância para todos os caracteres. Estimativas médias e altas do coeficiente de herdabilidade foram obtidas para todos os caracteres avaliados,

exceto no híbrido interpopulacional  $H_{21}$  para os caracteres R, P, T e T/P.

As estimativas de correlações genéticas no híbrido interpopulacional entre os caracteres agronômicos R, AP, AE e P100 são considerados de médias a altas. A correlação entre os caracteres R e NRP foi -0,034 devido as correlações de sinal contrário encontradas nos respectivos híbridos interpopulacionais. As estimativas encontradas entre o caráter P e os caracteres R, AP, AE, NRP e P100 foram todos de magnitude pequena, próximos a zero, evidenciando pouca associação entre estes caracteres.

As respostas correlacionadas foram todas inferiores aos ganhos com seleção direta no caráter. Respostas correlacionadas positivas nos caracteres AP, AE, P100 e NRP com seleção para R foram encontradas com seleção recorrente recíproca. A resposta positiva entre os caracteres R e NRP pode afetar o direcionamento da seleção devido a influência negativa do caráter NRP sobre a produção. Respostas correlacionadas positivas nos caracteres R, AP, AE com seleção em P foram obtidas no híbrido interpopulacional evidenciando o potencial das populações para o melhoramento da produção e qualidade nutricional.

EVALUATION OF TWO MODIFIED OPAQUE-2  
MAIZE (*Zea mays* L.) COMPOSITES FOR  
INTERPOPULATIONAL BREEDING

Author: CRISTIAN ESTANISLAO DOMANSKI

Adviser: PROF. DR. GERALDO ANTONIO TOSELLO

SUMMARY

The potential of two modified opaque-2 maize composites for reciprocal recurrent selection breeding program was evaluated for both, agronomical and nutritional quality traits. Two hundred  $S_2$  progenies from each population and their reciprocal testcrosses were planted in Piracicaba - SP in 1988/89 using a 10 x 10 lattice design with three replications. Data were collected for yield (R), plant height (AP), ear height (AE), tassel branch number (NRP), 100 kernel weight (P100), kernel length (CG), kernel width, % protein (P), % tryptophan (T) and % tryptophan in the protein. Cargill 115 and Agroceres 303 hybrids were used as testers.

The  $S_2$  L-15-CIM66 yellow Dent population was not evaluated because of poor plant stand.

Means, phenotypic and genetic variances, coefficients of heritability, coefficient of experimental



variations ( $CV_e$ ) and genetic variation ( $CV_g$ ), variation index ( $b = CV_g/CV_e$ ), coefficient of phenotypic and genetic correlation, expected genetic gain and expected genetic correlated response with selection estimates were obtained.

The yield mean of the hybrid population were considered high, representing 87.98% of tests yield. Thus, the breeding potential of both modified opaque-2 Flint and Dent parental populations was considered high.

Reciprocal recurrent selection should be effective in improving practically all the traits considered. Genetic variability was observed in the L-14-CIM65 yellow Flint x L-15-CIM66 interpopulational hybrid ( $H_{12}$ ) thus, contributing significantly to expected genetic gain with reciprocal recurrent selection. Low genetical variability was observed in the  $S_2$  L-15-CIM66 x  $S_2$  L-14-CIM65 interpopulational hybrid ( $H_{21}$ ) for all traits considered.

The high yield and genetic variance of the  $S_2$  L-14-CIM65 population gives the opportunity to select productive lines for developing high-yielding hybrids with high nutritional quality.

Excepting for the R, P, T e TP traits of  $H_{21}$  interpopulational hybrid, all the coefficients of heritability obtained showed values from medium to high.

Genetic correlation coefficients obtained with reciprocal recurrent selection among agronomic traits R, AP,

AE and P100 were all considered from medium to high. Genetic correlation coefficient between R and NRP traits was -0,034 because of values of opposite signal in their respective interpopulational hybrids.

Low genetic correlation coefficients were obtained between P and R, AP, AE, NRP, P100 traits, showing low association for these traits.

Correlated genetic responses for all the traits were lower than gain with direct selection. Correlated genetic responses for R, AP, AE against P were positive, showing potential for breeding both agronomical and nutritional traits.

## 1. INTRODUÇÃO

O milho é uma importante fonte de alimento e de matéria prima para processos industriais. Em muitos países subdesenvolvidos, os cereais e legumes suplementam aproximadamente dois terços da dieta. Em geral, as proteínas das sementes dos cereais são nutricionalmente deficientes devido à alta proporção de prolamina, a qual tem um baixo conteúdo de lisina e triptófano, o que resulta em uma nutrição proteica de baixa qualidade.

A falta de uma dieta adequada faz com que esforços contínuos sejam feitos para melhorar a qualidade das proteínas dos cereais.

A descoberta do gene *opaco-2* em milho em 1964, dos genes *hiproly* e *riso 1508* em cevada em 1970, e do gene *h1* em sorgo em 1973, são paralelos que compreendem mudanças nas proporções das frações de proteínas e geraram considerável interesse no melhoramento nutricional desses cereais.

A necessidade de melhorar a qualidade nutricional do milho, acima ressaltada, resultou em estudos que revelaram as propriedades do gene *opaco-2*, sendo até hoje o gene de maior importância neste campo de pesquisa.

O gene opaco-2 é um gene recessivo, mutante para endosperma que na condição homozigótica modifica a composição protéica do endosperma de maneira drástica, com mudanças no teor geral dos aminoácidos, dobrando os teores de lisina e triptófano em relação ao milho normal, o que lhe confere alto valor nutricional.

Além do valor nutricional, o gene opaco-2 confere outras características ao grão, como tamanho do germe em relação ao grão, que é maior que o normal, menor peso do endosperma e menor peso de grãos.

Apesar da alta qualidade proteica, as variedades e híbridos opaco-2, em geral, apresentam de 10 a 15% menos peso de 100 grãos que o normal, fazendo com que os melhoristas direcionem cada vez mais esforços no sentido de melhorar o aspecto, peso e rendimento de grãos de tais materiais. Os estudos já realizados indicam que há variabilidade genética suficiente para que tais objetivos sejam alcançados. O alto valor nutritivo do milho opaco pode representar um avanço importante na qualidade nutricional dos alimentos que utilizando milho como o principal componente.

Os objetivos do presente trabalho foram avaliar a capacidade combinatória intervarietal de progênies  $S_2$  obtidas de dois compostos de milho opaco modificado mediante:

- 1) Estimacão de parâmetros genéticos intra e interpopulacionais e relacioná-los com a seleção recorrente recíproca;

- 2) Estudo dos efeitos da seleção recorrente recíproca sobre caracteres agronômicos e qualidade nutricional.
- 3) Estimação do coeficiente de correlação genética e respostas correlacionadas.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. Importância Biológica do Gene Opaco-2 ( $o_2$ )

O gene opaco-2 é um gene mutante recessivo para endosperma situado no cromossomo-7 posição 16, o qual é capaz de modificar as proteínas do endosperma do milho (MERTZ *et alii*, 1964) aumentando o teor de lisina e triptófano, principalmente.

MERTZ *et alii* (1965) verificaram que a introdução do gene  $o_2$  em uma linhagem de milho levou a um aumento de aproximadamente 69% em lisina.

Estudos eletroforéticos mostraram que o aumento em lisina no milho contendo o gene  $o_2$  deve-se, primariamente, à redução da fração protéica solúvel em álcool, a zeína, que pertence ao grupo das prolaminas, e conseqüente aumento nas frações albumina, globulina e glutelina (JIMENES, 1966 e MOSSÉ *et alii*, 1966).

Segundo TSAI (1979a) as diferenças no conteúdo de aminoácidos entre o milho normal e alta lisina encontram-se nas proteínas do endosperma.

Os alelos mutantes opaco-2 e farinhoso-2 (fl-2) produzem um aumento importante nos teores de lisina e

triptofano, assim como alteram as proporções de outros aminoácidos. Só a metionina parece variar de forma independente no farinhoso-2.

As mudanças na composição de aminoácidos são produzidas pela redução na proporção da zeína, o que causa um aparente aumento na proporção das frações albumina e globulina (NELSON, 1969, 1980), assim como o aumento dos aminoácidos livres (MISRA *et alii*, 1975) são conseqüências da atividade dos alelos mutantes. Nos milhos opaco-2 o acúmulo da zeína termina mais cedo do que no milho normal, registrando-se aumentos insignificantes ou nulos, após 30-40 dias de iniciado o desenvolvimento do endosperma, em comparação com os aproximadamente 50 dias de duração no milho normal (TSAI, 1979b).

A redução na síntese da zeína estaria relacionada segundo JONES *et alii* (1977) à ausência de uma região do retículo endoplasmático a que estariam ligados especificamente os ribossomos com função de reconhecer as mensagens para produção de zeína. É importante destacar que a zeína tem um baixo teor de lisina (MOSSÉ *et alii*, 1966) e que a redução do conteúdo de zeína no endosperma opaco resulta em uma aumento de lisina na porcentagem, mas não nas porcentagens das respectivas frações protéicas. As outras frações protéicas do endosperma que possuem um maior teor de lisina são alteradas em suas proporções mas não nos teores de aminoácidos nelas contido. NELSON (1980) e MISRA *et alii* (1976b) separaram cinco frações da proteína do endosperma da

cultivar Oh43 e sua contrapartida o mutante opaco-2 obtendo para cada uma das frações os seguintes valores em porcentagem respectivamente: fração I: (albumina e globulina) normal 5,8 e opaco-2 13,6; fração II: (zeína) 59,0 e 26,9; fração III: (similar à zeína): 5,8 e 8,4; fração IV: (similar à glutelina) 12,7 e 14,0; fração V: (glutelina) 13,8 e 29,2. O gene opaco-2 diminuiu em 54% a fração II (zeína) e aumentou em 134% as frações I (albumina e globulina) e 112% a V (glutelina). Como a zeína possui aproximadamente 0,1% de lisina e a albumina-globulina 6,2% e a glutelina 6,7%, estas mudanças nas proporções acarretam importantes efeitos na porcentagem de lisina.

Em estudos de eletroforese tem-se separado a zeína em vários polipeptídeos, sendo que dois deles (Z1 e Z2) formam mais de 90% do total da zeína (LEE *et alii*, 1976; MISRA *et alii*, 1976a; SOAVE *et alii*, 1976).

Segundo PARK *et alii* (1980) e BURR *et alii* (1982) os genes para síntese da zeína ocorrem em pequenas famílias multigênicas e que vários membros dessas famílias são expressados, estimando a existência de pelo menos três a cinco subfamílias de RNA mensageiro para zeína. Estes estudos sugerem a base genética da heterogeneidade para a zeína. De acordo com NELSON (1980) e SOAVE *et alii* (1981) como a zeína não possui atividade catalítica, deve existir uma menor pressão de seleção contra esta proteína e, em consequência, vários genes para zeína têm evoluído de um simples ancestral. VIOTTI *et alii* (1979) estimou entre 50 a 120 o



número de genes para zeína; sendo a localização destes genes nos cromossomas 7, 9 e 10 (SOAVE *et alii*, 1978a, 1978b; VALENTINI *et alii*, 1979).

Ao contrário do que acontece com a zeína, pouco se conhece acerca do controle das glutelinas. Até o presente não se tem informações de mutantes que modificam substancialmente a síntese de glutelinas. PAULIS *et alii* (1969) informaram que o gene opaco-2 não modificou o padrão eletroforético das glutelinas e WALL & PAULIS (1978) informaram a heterogeneidade no peso molecular entre as subunidades de glutelina sugerindo que elas poderiam estar codificadas por diferentes genes estruturais. Porém, NELSON (1980) observou que mutações que reduzem ou eliminam a produção de quaisquer subunidades, não necessariamente levam a alterações fenotípicas e, portanto, podem passar despercebidas.

Como consequência destas alterações, o milho opaco é muito mais eficiente que o milho normal em providenciar os requerimentos protéicos, tanto em humanos como animais monogástricos na fase de crescimento, onde a lisina e triptófano são fatores limitantes para o perfeito desenvolvimento.

Em crianças, as necessidades de proteína são altas em relação aos requerimentos de energia, podendo uma dieta baseada em milho normal causar pelagra, afetando o desenvolvimento das funções mentais. BRESSANI (1966), PRADILLA *et alii* (1975) em crianças e CLARK, (1966); CLARK *et alii*, (1977) e PRADILLA *et alii* (1975) em adultos mos-

traram que as doenças causadas por uma dieta inadequada em proteínas podia ser remediada usando milho opaco-2 como única fonte de proteína. CLARK (1966) com uma dieta de 350 gramas de milho opaco, manteve um balanço de nitrogênio a um grupo de estudantes de graduação, em contraste com TRUSWELL & BROCK (1962) que precisaram de mais de 600 gramas de milho normal para manter o equilíbrio de nitrogênio.

A eficiência do milho opaco-2 na alimentação ve-se também no trabalho de MERTZ *et alii* (1965) num ensaio de alimentação de ratos brancos onde os ganhos com milho opaco-2 foi aproximadamente três vezes superior ao obtido com milho normal. CROMWELL *et alii* (1967) e MANER (1975), em trabalhos desenvolvidos em suínos relataram a superioridade no ganho de peso promovido por dietas constituídas de milho opaco bem como a vantagem de serem balanceadas em termos de conteúdo de aminoácidos, especialmente lisina e triptófano.

## 2.2. A Utilização do Gene $o_2$ no Melhoramento

As várias mutações relatadas como modificadoras das proteínas, após a descoberta do gene  $o_2$ , mostraram-se irrelevantes ao melhoramento por afetarem negativamente as características agronômicas em maior grau do que o gene  $o_2$ . Por exemplo, opaco-6 ( $o_6$ ) e farinhoso-3 ( $fl_3$ ) estão associados a letalidade em plântula (MA & NELSON, 1975); opaco-7 ( $o_7$ ); endosperma defetivo B30 (DeB30) e mucronado (Mc) apresentam acentuados efeitos negativos sobre o desen-

volvimento dos grãos e o acúmulo total da proteína (MISRA *et alii*, 1972; SALAMINI *et alii*, 1983; DI FONZO *et alii*, 1979) ademais o farinhoso-2 ( $fl_2$ ) determina acentuada redução do peso dos grãos, menor produção, conteúdo de lisina intermediário entre  $o_2$  e milho normal (LORENZONI *et alii*, 1980; PAEZ & ZUBER, 1973a, 1973b; MARTINIELLO *et alii*, 1978) e valor nutricional menor ao esperado (KLEIN *et alii*, 1971).

A maioria dos programas de melhoramento de milho para alto conteúdo de lisina (milho com qualidade proteica ou QPM) tem feito uso da mutação  $o_2$  e também de modificadores do gene  $o_2$  para outorgar-lhe textura vítrea aos grãos opacos. Mediante retrocruzamentos de linhagens  $o_2$  com linhagens elite, e posterior formação de híbridos, obtiveram-se combinações híbridas de melhor valor agrônômico, embora a produção tenha sido menor como consequência do menor peso e densidade dos grãos, juntamente com a textura farinácea do endosperma (HARPSTED, 1969; LAMBERT *et alii*, 1969; BAUMAN & AYCOCK, 1970; FEIST & LAMBERT, 1970; SALAMINI *et alii*, 1970; SREERAMULU & BAUMAN, 1970; MARTINIELLO *et alii*, 1978).

Segundo LAMBERT *et alii* (1969) o rendimento de 18 híbridos entre linhagens com um retrocruzamento para o gene  $o_2$  (RC1) produziram em média 8% a menos e resultaram em um peso de 100 grãos 5% menor que os híbridos normais. SREERAMULU & BAUMAN (1970) avaliando 28 híbridos entre linhagens com 2 ou 3 retrocruzamentos para o gene  $o_2$  (RC2 e RC3) observaram a redução no peso de 100 grãos e rendimento,

11% menor que os híbridos feitos com os parentais normais. Porém, alguns híbridos  $o_2$  não produziram significativamente menos que a sua contrapartida normal e dois deles produziram significativamente mais que as contrapartidas normais (LAMBERT *et alii*, 1969). No entanto numa revisão feita por GLOVER (1976) encontrou que os híbridos  $o_2$  desenvolvidos primeiramente produziram de 80 a 90% com respeito aos híbridos normais; 8,6 a 10,7% de proteína; 39,4 a 47,4g de lisina por kg de proteína e 0,38 a 0,50% de lisina; e ainda nos mais recentes híbridos  $o_2$ , produções entre 86 a 100% ou mais em alguns cultivares com respeito às contrapartidas normais foram detectadas. Porém, em média, os híbridos  $o_2$  produziram de 8 a 10% menos.

No Brasil tem sido desenvolvidos alguns programas para o melhoramento de cultivares opaco, como no caso de Piracicaba, Instituto Agronômico de Campinas e Viçosa. A empresa de sementes Agroceres obteve no início dos anos 70 várias linhagens e híbridos opacos. SECUNDINO (1975) relatou que a produtividade de alguns híbridos comerciais opacos era semelhante aos híbridos normais. Usando a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, POMMER (1976) obteve em duas populações opaco-2 aumentos de produtividade de aproximadamente 7% e um progresso médio de 1,84% para o teor de lisina em uma das populações. As populações melhoradas evidenciaram um nível de produtividade e características agronômicas que poderiam ser usadas diretamente pelos agricultores, assim como a obtenção de híbridos intervarietais

competitivos com milhos de endosperma normal. TOSELLO & GERALDI (1980a) observaram que famílias de meios irmãos obtidas de uma variedade dentada opaco-2 tinham alta variabilidade para produção de grãos e a média de produção da população foi similar a dos híbridos de endosperma normal Cargill-111 e Hmd 7974, utilizadas como testemunhas dos ensaios.

DUDLEY & ALEXANDER (1971) observaram ao avaliar famílias de meios irmãos, de quatro populações sintéticas opaco-2, que seria possível aumentar simultaneamente o rendimento de grãos e a percentagem de lisina concluindo, além disso, que a seleção para:

- 1) aumentar a lisina poderia levar a um aumento da percentagem da lisina na proteína e possivelmente com aumento da percentagem de proteína;
- 2) produção e percentagem de lisina simultâneas poderiam resultar num aumento da porcentagem da lisina na proteína com um conteúdo estável da proteína e causar a associação negativa entre produção e porcentagem de proteína;
- 3) aumento da porcentagem de lisina e produção não levará a um aumento da densidade dos grãos devido à associação negativa entre lisina e densidade dos grãos e a falta de associação da produção e densidade dos grãos.

Após dois ciclos de seleção DUDLEY *et alii* (1975) em duas das populações sintéticas opaco-2 encontraram aumento na produção de lisina e de grãos sem alterar a percentagem de lisina, proteína e lisina na proteína. Os mesmos pesquisadores informaram que após três ciclos de seleção em duas populações sintéticas opaco-2 e duas farinhoso-2, a seleção para produção reduziria levemente as porcentagens de lisina e proteína; a seleção só para percentagem de proteína aumentaria a percentagem de lisina e diminuiria a produção em aproximadamente 3% para cada ciclo de seleção; a seleção só para percentagem de lisina diminuiria a produção em aproximadamente 1,5% para cada ciclo de seleção e aumentaria a percentagem de proteína.

### 2.3. Modificadores Genéticos do Opaco-2

A semente de milho opaco possui uma textura farinácea isto é, o endosperma é do tipo macio e não apresenta-se translúcido como o grão normal. Esta característica afeta o valor agronômico, conferindo aos grãos um aspecto menos desejável e maior susceptibilidade a pragas e doenças. Portanto, tem sido feito o melhoramento do milho opaco selecionando-se para endosperma vítreo com boa produtividade, aparência e valor agronômico, isto é, grãos homozigotos para o alelo opaco-2 com o endosperma vítreo modificados denominados por QPM (Quality Protein Maize) (CIMMYT, 1982).

PAEZ *et alii* (1969) descreveram em milho opaco-2, fenótipos nos quais os grãos eram metade vítreo e cujo conteúdo de lisina não diferia dos grãos opacos na mesma espiga. Outros pesquisadores (BAUMAN & AYCOCK, 1970; BAUMAN, 1975; ZORRILLA & CRANE, 1982) também encontraram considerável variação na expressão do alelo  $o_2$  em retrocruzamentos feitos com diversos cultivares, abrindo assim a possibilidade de aumentar o peso dos grãos concomitantemente com o valor agronômico. É dizer, sem a associação das características deletéreas do gene  $o_2$ .

Vários autores encontraram que a textura do endosperma modificado é herdado quantitativamente (VASAL, 1975; MOTTO, 1979; WESSEL-BEAVER & LAMBERT, 1982) e que a variação genética aditiva parece ser importante na modificação do endosperma (MOTTO *et alii*, 1978; MOTTO, 1979). DUDLEY *et alii*, 1975) encontraram que poucos genes estavam envolvidos na modificação do endosperma em alguns materiais. No entanto BAUMAN (1975) e VASAL (1975) entre outros, encontraram diferenças significativas em cruzamentos recíprocos entre materiais com endosperma opaco modificado e também em cruzamentos de materiais modificados e não modificados, e concluíram que as diferenças observadas foram devidas a efeito de dosagem no endosperma triplóide. Os mesmos autores também encontraram uma relação negativa entre vitriosidade e qualidade da proteína, porém a seleção baseada em análises químicas podem manter bons níveis de qualidade protéica. Segundo DUDLEY *et alii* (1975) a seleção de modificadores

favoráveis para os alelos  $o_2$  é muito recente e, portanto, com poucas oportunidades de obter altas frequências dos mesmos já que por muitas gerações foram selecionadas modificadores favoráveis para os alelos normais e que a obtenção de melhores genótipos QPM compreenderia na recombinação e seleção de mutantes  $o_2$  em uma apropriada base genética para permitir uma expressão agronômica mais vantajosa.

#### 2.4. Seleção Para Teor de Proteína no Grão

No ano de 1876 foi iniciado na Estação Experimental de Illinois, USA, uma seleção sobre a cultivar Burr White para a obtenção de linhagens com alta (IHP) e baixa proteína (ILP). DUDLEY & ROCHE (1977) revisaram o progresso feito com a seleção massal após 76 gerações e concluíram no que se refere a conteúdo de proteína, que a variância genética ainda não tinha se esgotado mesmo que a média da última geração (26,6%) superava em 139% a média da população original (10,9%) ou seja 20 desvios padrões; a frequência dos alelos favoráveis na população original foi menor que 0,37 sugerindo que pelo menos 122 loci gênicos estão envolvidos na diferenciação para alta e baixa proteína; que a herdabilidade encontrada entre as gerações 53 a 76 foi de 0,15 valor comparável a 0,20 para as primeiras nove gerações.

Correlações negativas têm sido encontradas entre rendimento e proteína (-0,70), segundo DUDLEY & ROCHE



(1977) em híbridos de linhagens selecionadas para óleo e linhagens selecionadas para proteína. Porém, esta alta correlação negativa não foi encontrada quando foram usadas linhagens com valores aproximadamente normais (8-11%) de proteína resultando em correlações genéticas que não diferiram de zero (KAUFFMAN & DUDLEY, 1979).

Outros estudos encontraram que a variância genética aditiva tem um papel importante na herança da proteína (GENTER *et alii*, 1957; DUDLEY & ALEXANDER, 1971 e DUDLEY *et alii*, 1975; CHOE *et alii*, 1976; MOTTO, 1979). DUDLEY & ROCHE (1977) encontraram dominância parcial para baixa proteína e SREERAMULU & BAUMAN (1970) encontraram que os componentes das variâncias aditiva e não aditiva eram de igual importância.

No caso onde a produção de proteína é o objetivo principal, DUDLEY & ROCHE (1977) sugerem que a seleção para teores intermediários de proteína ou óleo junto com maiores rendimentos de grãos seria a estratégia adequada. Para a máxima produção de energia ( $\text{Jha}^{-1}$ ), a seleção baseada primeiramente na produção de grãos com algum incremento na proteína (1 a 3%) seria o mais conveniente.

## 2.5. Correlações Entre Caracteres Agronômicos e Qualidade Nutricional

O conhecimento de correlações entre caracteres é muito importante, uma vez que a seleção está freqüentemen-

te relacionada com o melhoramento simultâneo de duas ou mais características, logo, é de grande utilidade o estudo das correlações, pois representa um dos caminhos para poupar tempo e esforço na obtenção de ideotipos. Segundo ROBINSON *et alii*, (1951) a correlação genotípica pode ser utilizada na orientação de programas de seleção pois esta envolve uma associação de caracteres herdáveis. O ambiente também é uma causa de correlação quando dois ou mais caracteres são influenciados pelas mesmas condições do ambiente. A correlação ambiental compreende também a correlação com os desvios genéticos não aditivos. Segundo FALCONER (1980), as ligações gênicas são as causas transitórias das correlações que ocorrem especialmente em populações derivadas de cruzamentos entre linhagens divergentes. O pleiotropismo é outra causa importante das correlações e ocorre quando duas características são influenciadas pelos mesmos genes, isto é, o efeito total de todos os genes em segregação, que afetam ambas as características.

O conhecimento da correlação é muito útil em programas de melhoramento, principalmente quando a seleção de um caráter de baixa herdabilidade e/ou com problemas de medição e identificação, pois possibilita a seleção indireta de caracteres gerando progressos genéticos mais rápidos (GOLDENBERG, 1968). Neste aspecto o estudo de correlações entre caracteres agronômicos e qualidade torna-se interessante para o desenvolvimento de genótipos superiores principalmente quando os caracteres almejados são difíceis de

serem selecionados.

Vários pesquisadores encontraram que o milho  $o_2$  produzia menos que o normal e atribuíram esta característica ao reduzido peso dos grãos e ao endosperma macio (HARPSTED, 1969; LAMBERT *et alii*, 1969; BAUMAN & AYCOCK, 1970; SALAMINI *et alii*, 1970; SREERAMULU & BAUMAN, 1970; MARTINIELLO *et alii*, 1978). Todavia, que o milho com endosperma opaco modificado, (textura vítrea) produziria mais que os milhos opacos padrão devido à sua maior densidade. Segundo DUDLEY *et alii* (1975) os híbridos  $o_2$  tiveram produções quase semelhantes aos híbridos normais e com aumento no peso dos grãos e SPERLING (1975) preconizou o uso de seleção recorrente observando o peso de grãos. Embora CAVIEDES *et alii* (1983) não encontrassem correlações entre produção e grau de modificação do endosperma, os estudos de correlação entre densidade e rendimento freqüentemente indicam independência entre estes caracteres (DUDLEY & ALEXANDER, 1971; VASAL, 1975; MOTTO *et alii*, 1978).

Também correlações negativas foram encontradas entre densidade e conteúdo de lisina e triptofano, conteúdo de proteína e produção de lisina e triptofano; embora estas correlações tenham sido baixas (MOTTO, 1979; TOSELLO & GERALDI, 1980b; ST. MARTIN *et alii*, 1982; CAVIEDES *et alii*, 1983). No entanto, VERDEIRO *et alii* (1988) acharam na população  $DO_2$  que a seleção para modificação do endosperma foi efetiva e não registraram-se mudanças substanciais nas outras características de qualidade dos grãos, coincidindo

com WESSEL-BEAVER *et alii* (1982) que informaram existir suficiente variância genética para a maioria das características avaliadas. WOODWORTH *et alii* (1952) informaram o progresso feito com seleção para óleo e proteína após 50 gerações sobre a cultivar Burr White. No que respeita a características de espigas e grãos a seleção afetou as mesmas de forma diferente para cada tipo de seleção, mas em todas a produção de grãos diminuiu. Na seleção para alta proteína as espigas resultaram pequenas, com maior proporção de sabugo e grãos vítreos e translúcidos e um pouco dentados; no entanto, na seleção para baixo teor protéico, as espigas foram maiores, com um elevado número de fileiras e os grãos compridos, farináceos e pouco ou nada dentados.

SALAMINI *et alii* (1970) e SREERAMULU & BAUMAN (1970) encontraram menor número de grãos por espiga em cruzamentos de opaco, embora as diferenças com o genótipo normal não foram significativas. O peso da espiga também está associado negativamente ao genótipo  $o_2$ . Porém, TOSELLO (1978) encontrou efeitos positivos, mostrando diversidade no comportamento dos materiais. Similarmente, MAKONEN & BAUMAN (1976) e TOSELLO (1978) encontraram uma diminuição do peso do sabugo no genótipo opaco. No entanto ASNANI & GUPTA (1970) informaram que só em algumas populações  $o_2$  o comprimento do sabugo diminuiu e que em geral o diâmetro registrou aumentos. Todavia, no trabalho de SALAMINI *et alii* (1970) não foi encontrado efeito nenhum para comprimento e diâmetro do sabugo. Este comportamento diferencial dos distintos

materiais mostram a possibilidade de se aumentar o diâmetro da espiga por seleção, visando a obtenção de sementes maiores e também o aumento do número de fileiras que são características importantes na produção (TOSELLO, 1978). A existência de altas herdabilidades para comprimento de grãos e diâmetro da espiga numa população  $o_2$  modificada foi também informado por MOTTO (1979).

Correlações negativas para peso dos grãos e teor de proteína em milho  $o_2$  foram encontradas por vários pesquisadores (LAMBERT *et alii*, 1969 e TOSELLO & GERALDI, 1980b) e também para densidade e teor de proteína existem correlações negativas (GUPTA *et alii*, 1975; ZIMBACK, 1985). Porém outros autores encontraram correlações nulas e/ou positivas (SREERAMULU & BAUMAN, 1970; BARREIRO NETO *et alii*, 1982).

Estas diferenças poderiam ser explicadas de acordo com o trabalho de CAVIEDES *et alii* (1983), onde encontraram-se correlações positivas para produção de grãos, teor de proteína e teor de zeína e negativa entre estes caracteres com o conteúdo de triptofano; é dizer que a vitriosidade dos grãos (grau de modificação do endosperma) está associado ao aumento de zeína que é uma proteína de baixa qualidade. Os autores preconizam uma seleção baseada no rendimento primeiro, no conteúdo de triptófanos logo a seguir e finalmente no conteúdo de proteína o que permite obter milhos  $o_2$  com grãos de textura vítrea, boa produção e qualidade de proteína similar à sua contrapartida opaca.

TOSELLO & GERALDI (1980a e b) estimaram alguns parâmetros genéticos e fenotípicos em progênies de meios irmãos da população ESALQ-opaco para fins de melhoramento. Os autores informaram de boas produções de grãos, sendo estes de textura modificada sem os efeitos detrimenais do gen  $o_2$  e todos os caracteres avaliados apresentam-se com boa variabilidade genética. As correlações genéticas mais importantes foram encontradas entre produções X % proteína (+ 0,303), produção X % triptofano/proteína (- 0,568), produção X % óleo (- 0,500); % proteína X % triptófono/proteína (- 0,591).

ZIMBACK (1985) relatou que caracteres como peso de espiga, % proteína, % triptófono e % triptofano na proteína, entre outros, apresentam altos valores de herdabilidade que possibilitam alcançar progressos genéticos com a seleção em duas subpopulações derivadas da variedade Piranão opaco contrastantes para prolificidade. As correlações genéticas com caracteres de qualidade avaliadas indicam que as duas populações se comportam de maneira semelhante, embora certas correlações negativas apresentem-se com valores mais baixos, favorecendo a seleção para certos caracteres.

## 2.6. Métodos Usados no Melhoramento da Qualidade em Milho

A origem do método de seleção espiga por fileira ("ear to row selection") foi iniciado em Illinois em 1896 para alto e baixo conteúdo de óleo e proteína na varie-

dade de milho Burr White. Este método foi idealizado por Hopkins e as diferentes etapas deste estudo foram apresentadas por WOODWORTH *et alii* (1974), DUDLEY & LAMBERT (1974) e DUDLEY *et alii* (1974).

Nas primeiras 9 gerações a seleção foi tanto intra como interfamiliar, mas não recombinação estas; após as 15 gerações seguintes a seleção foi interfamiliar com base no rendimento e intrafamiliar para o teor de óleo ou proteína; logo após seguiram 3 gerações de seleção intrafamiliar e posteriormente um sistema de cruzamentos recíprocos entre subestirpes dentro de cada estirpe. Apesar de ter-se utilizado sistemas diferentes de seleção, a tendência da resposta para óleo e proteína foi consistente ao longo do período sendo o ganho médio por ciclo de 3,64% e 1,74% para óleo e proteína, respectivamente.

Embora o método de seleção espigas por fileira tenha sido apropriado para aumentar o teor de óleo e proteína, não aconteceu o mesmo com o rendimento de grãos. SPRAGUE (1955), na sua revisão sobre o método de seleção familiar de meios irmãos apontou que o método de seleção espiga por fileira para capacidade de rendimento desacreditou-se não pelas suas limitações senão pelas técnicas experimentais inadequadas.

LONNQUIST (1964) propôs um método modificado de seleção espiga por fileira ("modified ear to row selection") visando melhorar a eficiência do método de seleção espiga por fileira para produtividade. A modificação

baseia-se na escolha de famílias de acordo com seu comportamento médio em três locais e seleção visual dos indivíduos dentro das famílias em um dos locais, minimizando assim as interações dos genótipos por local e também as interações genótipos por ano, já que se faz um ciclo por ano. PATERNIANI (1967) e logo WEBEL & LONNQUIST (1967) apresentaram os primeiros resultados obtidos com o método preconizado.

PATERNIANI (1967) utilizando a população Dente Paulista obteve uma melhora de 42% no rendimento após 3 ciclos de seleção, o que equivale a um progresso médio de 13,6% por ciclo; no entanto WEBEL & LONNQUIST (1967) obtiveram um progresso médio de 9,4% durante 4 ciclos de seleção.

Na revisão feita por SINGH & ASNANI (1975) onde apresentam resultados obtidos com a introdução do gene  $o_2$  em populações adaptadas, consideram que o resultado de seleção mais eficiente deveria ser o de espiga por fileira modificado. No entanto, DUDLEY *et alii* (1975) usando este método para o melhoramento de duas populações opaco-2 e duas farinhaço-2 concluíram que dois ciclos de seleção para quantidade de lisina por hectare, nas quatro populações resultaram em ganhos nesta característica e também na produção de grãos. POMMER (1976), desenvolvendo 4 ciclos de seleção para produtividade em duas variedades de milho opaco concluiu que a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos foi eficiente, levando a um progresso médio de 7,06% por ciclo e que a produção de lisina por área foi melhorada em 4,33% por ciclo em uma das variedades e 8,40% por ciclo na outra.



TOSELLO & GERALDI (1980a) avaliando a população de milho ESALQ-VD-opaco encontrou que 20% das melhores famílias renderam 16% a mais que os híbridos comerciais usados como testemunhas.

VASAL (1986) descreveu uma metodologia para o desenvolvimento de híbridos QPM usando famílias de irmãos germanos e salientou as vantagens sobre os híbridos de linhagens endogâmicas, mencionando entre outras: o maior vigor das famílias que as linhagens para a manutenção e elaboração de híbridos junto com o melhoramento das populações, o uso das melhores famílias para o desenvolvimento de linhagens, a facilidade de selecionar juntos rendimento e qualidade de proteína e um desenvolvimento mais rápido de híbridos.

CORDOVA (1986) desenvolveu em um curto período híbridos QPM por meio de cruzamentos entre famílias de irmãos germanos obtendo altos rendimentos e heterose até 50% em relação ao melhor parental.

MAGNAVACA *et alii* (1989) avaliando híbridos de famílias de irmãos germanos derivadas de populações CIMMYT QPM opaco-2 encontrou uma heterose média no rendimento de 33,7% e 28,2% para cruzamentos precoces e intermediários respectivamente e 60,5% para o melhor cruzamento heterótico.

A seleção recorrente recíproca foi originalmente proposta por COMSTOCK *et alii* (1949) a fim de aproveitar de forma mais eficiente a capacidade geral e específica de combinações visando o melhoramento de populações para uma maior resposta heterótica nos cruzamentos intervarietais.

Basicamente genótipos de duas populações são avaliados em cruzamentos com a população recíproca, e os genótipos de cada população que apresentam a maior capacidade de combinação com a população recíproca são selecionados e recombinados entre si. O método não foi muito utilizado, basicamente por causa do trabalho desenvolvido; falta de representatividade e amostragem inadequada do testador; falta de uma adequada recombinação entre as linhagens  $S_1$  selecionadas, intervalo entre ciclos relativamente grande e interação genótipos X ano que pode reduzir o progresso esperado (PATERNIANI & VENCovsky, 1977).

Como consequência vários pesquisadores apresentaram modificações ao método original a fim de torná-lo mais eficiente. HALLAUER & EBERHART (1970) utilizaram progênies de irmãos germanos interpopulacionais e  $S_1$ 's; PATERNIANI & VENCovsky (1977) utilizaram "top crosses" de progênies de meios irmãos e progênies de meios irmãos intra e interpopulacionais. SOUZA JÚNIOR (1987) propôs a utilização de progênies de meios irmãos interpopulacionais obtidas em plantas não endogâmicas ( $S_0$ ) e progênies  $S_1$ 's em uma primeira fase e de progênies de meios irmãos interpopulacionais obtidos em plantas endogâmicas ( $S_1$ 's) e progênies de meios irmãos intrapopulacionais em uma segunda fase.

O uso de progênies endogâmicas, de acordo com estudos de genética quantitativa indicam que a variância genética aditiva, junto com a dominância parcial e completa foram de maior importância que os efeitos não aditivos nas

populações de milho. Os coeficientes da variância genética entre progênies são 1,0, 1,5 e 2 para progênies  $S_1$ ,  $S_2$  e  $S_n$  respectivamente, o que significa que a variância genética esperada assumindo só efeitos genéticos aditivos entre progênies  $S_1$ , são quatro vezes maiores que entre os esperados para progênies de meios irmãos (0,25). Para progênies  $S_2$  resultariam seis vezes maiores que os esperados, para progênies de meios irmãos e três vezes maiores que os esperados para progênies de irmãos germanos (0,50) (HALLAUER *et alii*, 1988 e SOUZA JÚNIOR, 1989).

Outro aspecto da seleção de progênies endogâmicas é que esta é efetiva para reduzir a carga genética expondo os genes deletérios e também para seleção visando aumentar a resistência a pragas e doenças junto com o maior vigor e produtividade das linhagens. Estas características são de grande importância na elaboração de híbridos simples e podem ser integradas nos programas de seleção recorrente recíproca.

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1. Material

As progênies e híbridos interpopulacionais utilizados neste estudo foram obtidos das populações L-14-CIM 65 Flint amarelo (População 11) e L-15-CIM 66 Dent amarelo (População 22), milhos com qualidade de proteína (QPM) e endosperma modificado, desenvolvidas através de uma combinação de retrocruzamentos e seleção recorrente. Neste processo foi introduzido o gene opaco-2 junto com modificadores genéticos para textura do endosperma obtendo-se materiais QPM com aceitável textura de grãos e rendimento similar ao milho normal (CIMMYT, 1982).

As populações caracterizam-se por serem contrastantes para características de grão (flint e dent), e a origem destas populações está apresentada na Tabela 1 (CIMMYT, 1982).

As testemunhas representadas pelos cultivares Cargill 115 e Agroceres 303, que são híbridos duplos comerciais não opacos, foram semeadas sistematicamente no início, meio, e no final de cada repetição.

Tabela 1 - Milhos com qualidade de proteína envolvidos na formação das populações L-14-CIM 65 Flint amarelo ( $P_{11}$ ) e L-15-CIM 66 Dent amarelo ( $P_{22}$ ).

NOME	ORIGEM	COMPONENTES QPM ENVOLVIDOS NA FORMAÇÃO
L-14-CIM 65 Flint amarelo	PR 82 B-808	Famílias QPM de yellow Flint QPM Pool, yellow QPM
L-15-CIM 66 Dent amarelo	PR 82-B-811	Famílias QPM de yellow Dent QPM Pool, amarillo Dentado QPM

### 3.2. Métodos

No ano agrícola 88/89 foram avaliadas 200 progênies  $S_2$  de cada população e seus respectivos híbridos interpopulacionais. Para o desenvolvimento deste trabalho, foram semeados na área experimental da Caterpillar, Piracicaba, São Paulo, oito ensaios segundo um delineamento experimental em lâttice 10 x 10, com três repetições, cada parcela foi constituída de um fileira de 4,80 m de comprimento, no espaçamento de 1,0 m entre fileiras e 0,20 m entre covas. Cada cova recebeu duas sementes, deixando-se após o desbaste, uma planta por cova, totalizando 25 plantas por parcela. Os tratos culturais obedeceram aos padrões de cultivos comerciais.

Dentro de cada progênie foram escolhidas cinco plantas ao acaso para se obter informações relacionadas com os seguintes caracteres:

- 1) Altura da planta: distância em metros, entre a superfície do solo, contígua ao colo da planta, e a inserção da folha superior (folha bandeira), determinada através de régua dividida em unidades de 5 centímetros;
- 2) Altura da espiga: distância em metros, entre a superfície do solo, contígua ao colo da planta, e a inserção da primeira espiga, obtida pelo emprego da régua anteriormente descrita;
- 3) Número de ramificações do pendão: mediante a contagem do número de ramificações do pendão em cada planta;
- 4) Peso de 100 grãos: foi determinado a partir de uma amostra de 100 grãos tomadas aleatoriamente de cada espiga e obtido seu peso, em gramas;
- 5) Comprimento de grãos: distância em cm, determinado através da diferença entre diâmetro da espiga e do sabugo para cada amostra e dividido por dois;
- 6) Largura de grãos: distância em cm, determinada através do diâmetro da espiga e o número de fileiras para cada amostra.

Também foi pesado o total das espigas de cada parcela utilizando-se uma balança da marca Toledo com capacidade máxima para 5 quilogramas e sensibilidade  $\pm 1,0$  grama, determinando-se assim a produção por parcela (rendimento).

A produção de cada unidade experimental foi corrigida para umidade padrão de 15,5%, conforme a seguinte fórmula:

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

onde:

- $PC_{15,5\%}$  = Peso de campo corrigido para 15,5% de umidade;  
 PC = Peso de campo;  
 U = Umidade observada em cada unidade experimental;  
 0,845 = Fator relacionado à correção do teor de umidade para padrão de 15,5% ( $0,845 = 1,000 - 0,155$ );

Após, foi feita a correção para estande, utilizando-se a fórmula de ZUBER (1942), já corrigido para umidade:

$$PCC = PC_{15,5\%} \cdot \left[ \frac{T - 0,3F}{T - F} \right]$$

onde:

- PCC = Peso de campo corrigido para estande ideal e umidade;  
 $PC_{15,5\%}$  = Peso de campo corrigido para 15,5% de umidade;  
 T = Número ideal de plantas por parcela (25);  
 F = Número de plantas perdidas por parcela.

Este ajuste adiciona 0,7 da produção média para cada planta perdida e considera que 0,3 é recuperado pelas plantas vizinhas à falha.

### 3.2.1. Análise de Laboratório

As medições da porcentagem de proteína e triptofano foram feitas numa amostra aleatória de 5 espigas por parcela. De cada espiga foram retirados 20 grãos formando assim uma amostra para cada parcela, com moagem imediata dos grãos, sendo o farelo resultante desengordurado, utilizando o solvente hexano, segundo o método desenvolvido por TOSELLO (1978).

Após a extração de óleo, o farelo foi utilizado para retirar uma amostra de 40 mg para a determinação do teor de proteína pelo método micro-Kjeldahl (A.O.A.C., 1965). O teor de proteína é obtido multiplicando o nitrogênio total que resulta da análise pelo fator 6.25. Outra amostra de 100 mg foi empregada para a determinação do teor de triptofano no grão pelo método utilizado no CIMMYT (VILLEGAS *et alii*, 1982). Este método baseia-se na reação Hopkins-Cole, na qual o ácido glioxílico e triptofano formam um complexo colorido com o máximo de absorção em 560 nm. O teor de triptofano na proteína foi obtido dividindo-se o teor de triptofano pelo teor de proteína no grão de milho.



### 3.2.2. Estimativas de parâmetros estatísticos e genéticos

Para estudar os possíveis efeitos da seleção recorrente recíproca na qualidade nutricional do milho foram consideradas dez características em cada uma das populações submetidas a este estudo.

Os experimentos foram analisados no delineamento em látice, uma vez que a maioria deles apresentou uma eficiência em relação a blocos casualizados superior a 110%.

O seguinte modelo matemático foi utilizado para a análise dos caracteres rendimento, altura de planta, altura de espiga, número de ramificações do pendão, peso de 100 grãos, comprimento de grãos, largura de grãos, % proteína, % triptofano e % triptofano/proteína:

$$x_{ijk} = \mu + p_i + b_{jk} + r_k + e_{ijk}$$

onde:

$x_{ijk}$  = observações da progênie  $i$ , no bloco  $j$ ;

$\mu$  = média geral fixa,  $\therefore E(\mu) = \mu$  e  $E(\mu^2) = \mu^2$ ;

$p_i$  = efeito da progênie  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, I$ ), aleatória  $\therefore E(p_i) = 0$  e  $E(p_i^2) = \sigma_p^2$ ;

$b_{jk}$  = efeito do bloco  $j$  ( $j = 1, 2, \dots, 10$ ), aleatório dentro da repetição  $k$ ,  $\therefore E(b_{jk}) = 0$  e  $E(b_{jk}^2) = \sigma_b^2$ ;

$r_k$  = efeito das repetições  $k$  ( $k = 1, 2, 3$ ), aleatório  $\therefore E(r_k) = 0$  e  $E(r_k^2) = \sigma_r^2$ ;

$e_{ijk}$  = efeito do erro experimental associado à progênie  $i$ ; na repetição  $k$ ,  $e_{ij:k} \in N(0, \sigma_e^2)$ , isto é:

$$E(e_{ijk}) = 0 \text{ e } E(e_{ijk}^2) = \sigma_e^2;$$

onde:

$\sigma_p^2$  = variância genética entre progênies;

$\sigma_e^2$  = variância do erro ao nível de parcelas.

As esperanças matemáticas grupadas dos quadrados médios das análises de variância ao nível de médias de parcelas foram obtidas seguindo-se a metodologia relatada por GERALDI (1977) e encontram-se na Tabela 2.

Tabela 2 - Esperança matemática dos quadrados médios ECQMD, obtidos nas análises de variância segundo o delineamento em lâtigo, para os diversos caracteres estudados, ao nível de médias de parcelas.

F. V.	G. L.	Q. M.	ECQMD	F
Blocos	--	--	---	
Progênies ajustadas	$g_1$	$Q_1$	$\sigma_e^2 + r\sigma_p^2$	$Q_1/Q_2$
Erro intrabloco	$g_2$	$Q_2$	$\sigma_e^2$	

$g_1, g_2$  = graus de liberdade associados às fontes de variação;

$Q_1, Q_2$  = quadrados médios ao nível de médias de plantas para progênies e erro entre parcelas respectivamente;

$\sigma_e^2$  = variância do erro ambiental entre parcelas ao nível de médias de parcelas;

$\sigma_p^2$  = variância genética entre progênies ao nível de médias de parcelas;

r = número de repetições.

As análises de variância foram realizadas com médias de parcela, em gramas por planta (g/planta) para rendimento, em centímetros por planta (cm/planta) para altura de planta e espiga, em contagem para número de ramificações do pendão (nr/planta), em gramas para o peso de 100 grãos, em cm para o comprimento e largura de grãos, em porcentagem para proteína, triptofano e triptofano na proteína.

O tamanho das amostras coletadas dentro de parcelas para cada caráter mostrou-se variável ( $k \leq 5$ ) sendo determinado pela média harmônica dos números de plantas relacionados às diferentes amostragens.

Foi seguida a metodologia apresentada por VENCOVSKY (1969, 1987), para estimação dos componentes da variância e parâmetros afins. Assim, a estimativa da variância genética entre as progênies ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) e da variância do erro ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), foram determinadas a partir dos quadrados médios, através das seguintes operações algébricas:

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{Q_1 - Q_2}{r}$$

$$\hat{\sigma}_e^2 = Q_2$$

A partir das estimativas anteriores, foram calculadas para os híbridos interpopulacionais estimativas

das variâncias genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), fenotípica entre médias de progênes ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) e coeficiente de herdabilidade, ao nível de médias de progênes ( $\hat{h}_m^2$ ) conforme a metodologia relatada por VENCovsky (1987), sendo a variância genética de progênes de meios irmãos (Cockerham, citado por VENCovsky, 1969):

$$\hat{\sigma}_{pmi}^2 = \left[ \frac{1 + F}{4} \right] \hat{\sigma}_A^2$$

O valor do coeficiente de endogamia (F) nesta expressão, refere-se a planta que originou a progênie. Neste caso, tem-se top-cross de progênes  $S_2$ , e, portanto,  $F = 1/2$  (SOUZA JR, 1988).

Portanto, para progênes de meios irmãos obtidas em progênes  $S_2$  tem-se:

$$\hat{\sigma}_{pmi}^2 = (3/8) \hat{\sigma}_A^2$$

$$\hat{\sigma}_A^2 = (8/3) \hat{\sigma}_{pmi}^2$$

$$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_e^2 / \Gamma + \hat{\sigma}_{pmi}^2$$

$$\hat{h}_m^2 = \hat{\sigma}_p^2 / \hat{\sigma}_F^2$$

Para as progênes  $S_2$  obtiveram-se as seguintes estimativas:

$$\hat{\sigma}_{pS_2}^2 = \frac{Q_1 - Q_2}{\Gamma}$$

$$\hat{\sigma}_e^2 = Q_2$$

$$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_e^2 / \Gamma + \hat{\sigma}_{pS_2}^2$$

$$\hat{h}_m = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_e^2} / \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_F^2}$$

O cálculo dos coeficientes de variação experimental ( $CV_e\%$ ) e genético ( $CV_g\%$ ) e o índice de variação (b), foram obtidos da seguinte maneira:

$$CV_e\% = (\hat{\sigma}_e^2 / \bar{x}) \cdot 100$$

$$CV_g\% = (\hat{\sigma}_p^2 / \bar{x}) \cdot 100$$

$$b = CV_g\% / CV_e\%$$

onde:

$\bar{x}$  = a média de um determinado caráter.

A precisão das estimativas dos componentes da variância  $\hat{\sigma}_p^2$ ,  $\hat{\sigma}_e^2$  e  $\hat{\sigma}_A^2$ , foram calculadas conforme a metodologia relatada por VELLO & VENCovsky (1974):

$$\hat{S}(\hat{\sigma}_p^2) = \left[ \frac{2}{k^2 r^2} \left( \frac{Q_1^2}{(g_1 + 2)} + \frac{Q_2^2}{(g_2 + 2)} \right) \right]^{1/2}$$

$$\hat{S}(\hat{\sigma}_e^2) = \left[ \frac{2Q_2^2}{(g_2 + 2)} \right]^{1/2}$$

$$\hat{S}(\hat{\sigma}_A^2) = 4\hat{S}(\hat{\sigma}_p^2)$$

onde:

$\hat{S}(\hat{\sigma}_p^2)$  = corresponde à estimativa do desvio padrão da estimativa da variância do erro

### 3.2.3. Análise de covariância

A metodologia proposta por KEMPTHORNE (1966) foi utilizada para a obtenção dos produtos médios entre características de qualidade e os demais caracteres avaliados nas progênes  $S_z$  e os respectivos híbridos interpopulacionais. Através deste procedimento pode-se obter a análise da covariância apenas com a utilização da análise da variância. Assim para a obtenção da covariância entre dois caracteres  $x$  e  $y$ , deve-se obter a análise da variância de  $x$ ,  $y$  e  $z$ , sendo  $z = x + y$ .

Desta forma:

$$E(z^2) = \sigma^2_z$$

$$E(x^2) = \sigma^2_x$$

$$E(y^2) = \sigma^2_y$$

$$E(x.y) = \text{COV}(x.y);$$

tem-se:

$$\sigma^2_z = \sigma^2_x + 2 \text{COV}(x.y) + \sigma^2_y$$

$$\text{COV}(x,y) = (1/2) (\sigma^2_z - \sigma^2_x - \sigma^2_y);$$

portanto:

$$\text{PMC}(x,y) = (1/2) (\text{QM}_z - \text{QM}_x - \text{QM}_y) ,$$

onde:

$x$  e  $y$  = caracteres em estudo.

Considerando que as análises de rendimento foram efetuadas com totais de parcela onde  $k = 25$  plantas por parcela e as restantes análises foram obtidas com médias de parcela onde  $k = 5$  plantas por parcela, portanto tornou-se necessária a utilização de uma esperança dos produtos médios devidamente adequada a esta situação, para que tornasse possível a estimação das diferentes covariâncias contidas nos produtos médios assim obtidos conforme relatado por GERALDI *et alii* (1978).

As esperanças matemáticas grupadas dos produtos médios das análises de covariância, ao nível de médias de parcelas estão contidas na Tabela 3.

Tabela 3 - Esperança matemática dos produtos médios obtidos nas análises de covariância segundo o delineamento em látice para os diversos caracteres estudados, ao nível de médias de parcelas.

F. V.	G. L.	P. M.	EC(PM)
Blocos	---	--	---
Progênes ajustadas	$g_1$	$P_1$	$COV_e + rCOV_p$
Erro intrabloco	$g_2$	$P_2$	$COV_e$

$g_1, g_2$  = graus de liberdade associados às fontes de variação;

$P_1, P_2$  = produto médio entre progênes e produto médio do erro entre parcelas ao nível de médias de parcelas;

$COV_p$  = covariância genética entre progênes ao nível de médias de parcelas;

$COV_e$  = covariância do erro ambiental entre parcelas, ao nível de médias de parcelas;

$r$  = número de repetições.

A partir desta tabela, foram obtidas estimativas de covariâncias genéticas e fenotípicas entre caracteres.

Portanto, para progênies de meios-irmãos obtidas em progênies  $S_2$ , tem-se:

$$C\ddot{O}V_e = P_2;$$

$$C\ddot{O}V_p = (P_1 - P_2)/r;$$

$$C\ddot{O}V_A = (8/3) C\ddot{O}V_p;$$

$$C\ddot{O}V_F = C\ddot{O}V_e/r + C\ddot{O}V_p;$$

onde:

$C\ddot{O}V_p(x,y)$  = covariância genética total entre caracteres  $x$  e  $y$ ;

$C\ddot{O}V_A(x,y)$  = covariância genética aditiva entre caracteres  $x$  e  $y$ ;

$C\ddot{O}V_F(x,y)$  = covariância fenotípica entre médias de progênies para os caracteres  $x$  e  $y$ .

Para as progênies  $S_2$  obtiveram-se as seguintes estimativas:

$$C\ddot{O}V_e = P_2;$$

$$C\ddot{O}V_p = (P_1 - P_2)/r;$$

$$C\ddot{O}V_F = C\ddot{O}V_e/r + C\ddot{O}V_p.$$



## 3.2.4. Estimativas de correlações

As estimativas de correlações genéticas e fenotípicas entre as características agrônômicas e de qualidade considerados neste estudo para as populações  $S_2$  e os híbridos interpopulacionais, foram calculadas de acordo com o procedimento relatado por FALCONER (1980) e KEMPTHORNE (1966). As estimativas estão apresentadas nas Tabelas 4 e 5.

Tabela 4 - Estimativas de coeficientes de correlação genética total e fenotípica, ao nível de média de progênie, para as populações  $S_2$  L-14-CIM 65 Flint amarelo ( $P_{11}$ ) e  $S_2$  L-15-CIM 66 Dent amarelo ( $P_{22}$ ).

ESTIMATIVAS GENÉTICAS	ORIGEM
$\hat{r}_g(x, y)_{11}^* = \frac{C\hat{O}V_P(x, y)_{11}}{\hat{\sigma}_{P_{11}}x \cdot \hat{\sigma}_{P_{11}}y}$	- coeficientes de correlação genética entre os caracteres x e y das populações 1 e 2 respectivamente;
$\hat{r}_g(x, y)_{22}^* = \frac{C\hat{O}V_P(x, y)_{22}}{\hat{\sigma}_{P_{22}}x \cdot \hat{\sigma}_{P_{22}}y}$	
$\hat{r}_F(x, y)_{11} = \frac{C\hat{O}V_F(x, y)_{11}}{\hat{\sigma}_{F_{11}}x \cdot \hat{\sigma}_{F_{11}}y}$	- coeficientes de correlação fenotípica entre os caracteres x e y das populações 1 e 2 respectivamente;
$\hat{r}_F(x, y)_{22} = \frac{C\hat{O}V_F(x, y)_{22}}{\hat{\sigma}_{F_{22}}x \cdot \hat{\sigma}_{F_{22}}y}$	

\* Os sub-índices 11 e 22 referem-se as populações  $S_2$  L-14-CIM 65 Flint amarelo e  $S_2$  L-15-CIM 66 Dent amarelo respectivamente.

Tabela 5 - Estimativas de coeficientes de correlação genética aditiva e fenotípica, ao nível de média de progênie, para os híbridos interpopulacionais  $S_2$  L-14-CIM 65 Flint amarelo x  $S_2$  L-15-CIM 66 Dent amarelo ( $H_{12}$ ) e  $S_2$  L-15-CIM 66 Dent amarelo x  $S_2$  L-14-CIM 65 Flint amarelo ( $H_{21}$ ).

ESTIMATIVAS GENÉTICAS	ORIGEM
$\hat{r}_A(x,y)_{12}^* = \frac{C\hat{O}V_A(x,y)_{12}}{\hat{\sigma}_A x_{12} \cdot \hat{\sigma}_A y_{12}}$	- coeficientes de correlação genética aditiva entre os caracteres x e y dos híbridos interpopulacionais 12 e 21 respectivamente.
$\hat{r}_A(x,y)_{21}^* = \frac{C\hat{O}V_A(x,y)_{21}}{\hat{\sigma}_A x_{21} \cdot \hat{\sigma}_A y_{21}}$	
$\hat{r}_F(x,y)_{12} = \frac{C\hat{O}V_F(x,y)_{12}}{\hat{\sigma}_F x_{12} \cdot \hat{\sigma}_F y_{12}}$	- coeficientes de correlação fenotípica entre os caracteres x e y dos híbridos interpopulacionais 12 e 21 respectivamente;
$\hat{r}_F(x,y)_{21} = \frac{C\hat{O}V_F(x,y)_{21}}{\hat{\sigma}_F x_{21} \cdot \hat{\sigma}_F y_{21}}$	

\* Os sub-índices 12 e 21 referem-se a cruzamentos entre as populações  $S_2$  L-14-CIM 65 Flint amarelo ( $P_{11}$ ) e  $S_2$  L-15-CIM 66 Dent amarelo ( $P_{22}$ ). O primeiro indica a população utilizada como fêmea, o segundo a população utilizada como macho.

### 3.2.5. Obtenção das estimativas dos ganhos genéticos e respostas correlacionadas com a seleção

As estimativas dos progressos genéticos esperados foram determinados conforme os procedimentos relatados por VENCovsky (1987) e SOUZA JR. (1983), para os diferentes processos de seleção, empregando-se as fórmulas apresentadas nas Tabelas 6 e 7.

O progresso esperado e as correlações genotípica, fenotípica e respostas correlacionadas com seleção recorrente recíproca foram estimadas pelas seguintes expressões:

$$GS = \frac{k_1}{\hat{\sigma}_{F_{12}}^-} \cdot (3/8)\sigma^2 A_{12} + \frac{k_2}{\hat{\sigma}_{F_{21}}^-} (3/8)\sigma^2 A_{21}$$

$$\hat{r}_{A(x,y)} = (1/2) (\hat{r}_{A_{12}} + \hat{r}_{A_{21}})$$

$$\hat{r}_{F(x,y)}^- = (1/2) (\hat{\sigma}_{F_{12}}^- + \hat{\sigma}_{F_{21}}^-)$$

$$RC_{(x,y)} = \frac{k_1}{\hat{\sigma}_{F_{12}}^-} \cdot (3/8)Cov_{A_{12}}(x,y) + \frac{k_2}{\hat{\sigma}_{F_{21}}^-} \cdot (3/8)Cov_{A_{21}}(x,y)$$

\*  $k_1$  e  $k_2$  são diferenciais de seleção estandarizadas ( $k_1 = k_2 = 1,76$ )

Tabela 6 - Estimativas dos progressos esperados com seleção nas populações endogâmicas  $S_2$  L-14-CIM 65 Flint amarelo ( $P_{11}$ ) e  $S_2$  L-15-CIM 66 Dent amarelo ( $P_{22}$ ) e respostas correlacionadas nos híbridos recíprocos interpopulacionais  $S_2$  L-14-CIM 65 Flint amarelo x  $S_2$  L-15-CIM 66 Dent amarelo ( $H_{12}$ ) e  $S_2$  L-15-CIM 66 Dent amarelo x  $S_2$  L-14-CIM 65 Flint amarelo ( $H_{21}$ ) respectivamente.

PROGRESSOS COM SELEÇÃO	MÉTODO
$GS_{11} = \frac{k_1}{\hat{\sigma}_F^2} \hat{\sigma}_P^2$	- Progresso esperado com seleção de linhagens endogâmicas ( $S_2$ ) nas populações $P_{11}$ e $P_{22}$ , respectivamente.
$GS_{22} = \frac{k_2}{\hat{\sigma}_F^2} \hat{\sigma}_P^2$	
$RC_{11}(y/x) = \frac{k_1}{\hat{\sigma}_F^2} \cdot \text{CÔV}_{\sigma} (x, y)$	- Resposta correlacionada esperada no caracter y, nos híbridos interpopulacionais 12 e 21 quando a seleção é feita no caracter nas respectivas linhagens $S_2$ .
$RC_{22}(y/x) = \frac{k_2}{\hat{\sigma}_F^2} \cdot \text{CÔV}_{\sigma} (x, y)$	
$RC_{(yH_{12} / x_{L_{11}})} = \frac{k_1}{\hat{\sigma}_F^2} \cdot \text{CÔV}_{\sigma} (L_{11} \times H_{12})$	- resposta correlacionada esperada no caracter y, quando a seleção é praticada em x, entre médias de linhagens endogâmicas ( $S_2$ ) nas populações 1 <sup>a</sup> e 2 <sup>a</sup> respectivamente.
$RC_{(yH_{21} / x_{L_{22}})} = \frac{k_2}{\hat{\sigma}_F^2} \cdot \text{CÔV}_{\sigma} (L_{22} \times H_{21})$	

Tabela 7 - Estimativas dos progressos esperados com seleção nos híbridos recíprocos interpopulacionais  $S_2$  L-14-CIM 65 Flint amarelo x  $S_2$  L-15-CIM 66 Dent amarelo ( $H_{12}$ ) e  $S_2$  L-15-CIM 66 Dent amarelo x  $S_2$  L-14-CIM 65 Flint amarelo ( $H_{21}$ ) e respostas correlacionadas nos respectivos híbridos e populações ( $P_{11}$  e  $P_{22}$ ).

PROGRESSOS COM SELEÇÃO	MÉTODO
$GSH_{12} = \frac{k_1}{\hat{\sigma}_F^2} \cdot (3/8) \hat{\sigma}_A^2$	- Progresso esperado com seleção nos híbridos interpopulacionais 12 e 21 respectivamente.
$GSH_{21} = \frac{k_2}{\hat{\sigma}_F^2} \cdot (3/8) \hat{\sigma}_A^2$	
$RC_{12}(y/x) = \frac{k_1}{\hat{\sigma}_F^2} \cdot C\hat{O}V_{A_{12}}(x,y)$	- Resposta correlacionada esperada no carácter y, quando a seleção é praticada no carácter x, nos híbridos interpopulacionais 12 e 21, respectivamente.
$RC_{21}(y/x) = \frac{k_2}{\hat{\sigma}_F^2} \cdot C\hat{O}V_{A_{21}}(x,y)$	
$RC_{(xL_{11}/y_{H_{12}})} = \frac{k_1}{\hat{\sigma}_F^2} \cdot C\hat{O}V_{\sigma}(L_{11}x, H_{12}y)$	- Resposta correlacionada no carácter x, nas populações 11 e 22, quando a seleção é feita no carácter y nos híbridos interpopulacionais 12 e 21.
$RC_{(xL_{22}/y_{H_{21}})} = \frac{k_2}{\hat{\sigma}_F^2} \cdot C\hat{O}V_{\sigma}(L_{22}x, H_{21}y)$	

### 3.2.6. Distribuição de frequências das médias dos caracteres

Para todas as características estudadas, determinou-se a normalidade das curvas (SHAPIRO & WILK, 1965), a amplitude de variação (menor e maior valor avaliado) e média geral. Em seguida determinou-se o desvio padrão segundo STEEL & TORRIE (1960) da seguinte forma:

$$S_{\bar{x}} = \sqrt{\frac{\hat{\sigma}_e^2}{r}}$$

onde:

$S_{\bar{x}}$  = erro padrão da média;

$\hat{\sigma}_e^2$  = estimativa do erro experimental (análise de variância);

$r$  = número de repetições.

Finalmente traçou-se a curva de frequência das médias de cada caráter.

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1. Médias Gerais dos Experimentos

Na Tabela 8 encontram-se as estimativas de médias com os respectivos desvios padrões e porcentagem da média populacional dos dez caracteres avaliados na população  $S_2$  L-14-CIM 65 Flint amarelo ( $P_{11}$ ) e nos híbridos recíprocos interpopulacionais  $S_2$  L-14-CIM 65 Flint amarelo x  $S_2$  L-15-CIM66 Dent amarelo ( $H_{12}$ ) e  $S_2$  L-15-CIM66 Dent amarelo x L-14-CIM 65 Flint amarelo ( $H_{21}$ ).

A população  $S_2$  L-15-CIM66 Dent amarelo ( $P_{22}$ ) não foi avaliada devido a anormalidades ocorridas durante o ano agrícola que afetaram de maneira significativa o estande de plantas na maioria das progênies. Portanto quando for necessário fazer inferências sobre as populações endogâmicas neste estudo, assumiu-se que as populações  $P_{11}$  e  $P_{22}$  têm um comportamento similar.

As abreviações e seqüência dadas anteriormente para as populações e híbridos interpopulacionais junto com os das testemunhas Cargill 115 (TA) e Agroceres 303 (TB) serão usadas para a discussão dos resultados a fim de simplificar a escrita das mesmas. Similarmente serão usadas

abreviações para os seguintes caracteres: rendimento (R), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), número de ramificações do pendão (NRP), peso de 100 grãos (P100), comprimento de grão (CG), largura de grãos (LG), porcentagem de proteína (P), porcentagem de triptofano (T) e porcentagem de triptofano na proteína (T/P). Nas Figuras de 1 a 10 encontram-se as distribuições de médias, amplitude de variação e desvio padrão para estes caracteres.

Os valores médios para o caráter R foram 107,03; 108,43 e 117,53 gramas por planta, que correspondem a 5,35; 5,42 e 5,87 toneladas por hectare, para a população  $P_{11}$  e os híbridos  $H_{12}$  e  $H_{21}$ , respectivamente. Estes valores correspondem a 83,35%; 84,44% e 91,52% do produzido em média pelas testemunhas TA e TB. Nota-se que a população endogâmica ( $S_2$ ) não difere muito dos híbridos recíprocos interpopulacionais  $H_{12}$  e  $H_{21}$ . Considerando a intensa seleção praticada na obtenção das populações originais (CIMMYT, 1982) e também que as mesmas foram submetidas à seleção com progênies  $S_2$  neste estudo, espera-se que a depressão por endogamia não seja muito elevada, como constataram VIANA *et alii* (1982) para a população BR-105. Dessa maneira, populações que apresentam elevadas produtividades, junto com uma baixa depressão por endogamia, possibilitam obter linhagens produtivas visando a obtenção de híbridos simples ou outros tipos de híbrido. A obtenção de linhagens vigorosas é um fator de suma importância na produção comercial de sementes híbridas.



Quanto aos híbridos recíprocos interpopulacionais, estes renderam 12,02% a menos do que a média das testemunhas.

De acordo com o relatado por SOUZA JR. (1981) o comportamento de um híbrido interpopulacional representa o comportamento médio de todos os possíveis híbridos simples provenientes do cruzamento entre linhagens das duas populações parentais. Portanto, se os híbridos interpopulacionais são produtivos, existe a possibilidade de obter híbridos simples ou de outro tipo que produzam bem acima do híbrido interpopulacional.

Assim, como os híbridos recíprocos interpopulacionais renderam em média 12,02% a menos que a média dos híbridos comerciais, TA e TB, pode-se concluir que as duas populações de milho  $o_2$  modificado Flint e Dente respectivamente são materiais promissores para a obtenção de híbridos, uma vez que existem possibilidades de selecionar híbridos de linhagens que superem os híbridos comerciais. É importante destacar que o híbrido  $H_{21}$ , onde as plantas utilizadas como fêmeas são as que constituem a população Dente, renderam apenas 8,48% a menos que a média dos híbridos comerciais Cargill 115 (TA) e Agrocerec 303 (TB).

As médias para os caracteres AP e AE foram 140 cm e 60 cm; 146 cm e 63 cm; 162 cm e 75 cm para a população e os híbridos recíprocos  $H_{12}$  e  $H_{21}$ , respectivamente. Estes valores são bastante reduzidos e inferiores aos obtidos pelas testemunhas e também apresentam a mesma orden-

te que o rendimento, o que era de se esperar dada a associação destes caracteres com a produtividade da planta. É importante ressaltar que as magnitudes destes valores deixam uma ampla margem para a seleção sem afetar desfavoravelmente as características agronômicas.

Similarmente, o valor do caráter P100 foi maior quando maior foi o rendimento e em média foi apenas 13,96% menor do que a média registrada nas testemunhas TA e TB. Dessa maneira pode-se inferir que as duas populações são materiais promissores, já que existem possibilidades de selecionar linhagens ou híbridos com peso de 100 grãos iguais aos obtidos com híbridos comerciais. Os valores observados para o caráter P100 foram 27,50 g; 27,93 e 29,38 g para a população  $P_{11}$  e os híbridos  $H_{12}$  e  $H_{21}$  respectivamente, sendo aproximadamente iguais ou superiores aos obtidos por BARREIRO NETO *et alii* (1982) para cinco variedades de milho opaco-2 confirmando assim o potencial destas populações.

O valor médio do caráter NRP para as testemunhas TA e TB foi 17,75, sendo portanto maior que os valores 15,32; 12,91 e 16,82 obtidos na população  $P_{11}$  e híbridos  $H_{12}$  e  $H_{21}$  respectivamente. Valores de 18,1; 22,4 e 18,7 relatados por GERALDI (1977) para três populações resultaram também superiores aos obtidos neste trabalho.

Para o caráter CG valores de 0,72; 0,79 e 0,80 cm obtidos na população e os híbridos respectivamente, foram mais baixos quando comparados aos valores de 1,03; 0,93; 0,75 e 0,81 cm relatados por ARAMENDIZ TATIS (1990); no que

concerne ao caráter LG valores de 1,02; 1,00 e 1,01 cm obtidos na população e os híbridos respectivamente, se enquadram na faixa de 1,01; 0,96; 0,89 e 0,91 cm relatados pelo mesmo autor.

O conteúdo de proteína apresentou valores normais sendo estes de 9,62%; 9,47% e 10,29 para a população  $P_{11}$  e os híbridos  $H_{12}$  e  $H_{21}$  respectivamente sendo a média das testemunhas de 10,73%. No entanto, o conteúdo de triptofano apresentou valores superiores aos das testemunhas, evidenciando-se a ação do gene  $o_2$ . Os teores de triptofano atingiram valores de 0,0867%; 0,0913% e 0,0890% para a população e os híbridos respectivamente. Estes valores são em média 50% superiores aos obtidos na testemunha IA e 43,54% superiores a média das testemunhas.

ZIMBACK (1985) obteve valores de 0,105% em uma variedade de milho braquítico opaco. O menor valor observado para os milhos QPM poderia explicar-se pela ação dos genes modificadores da textura do endosperma, que segundo ao relatado por CAVIEDES *et alii* (1983), a porcentagem de triptofano decresceu a medida que aumentava a modificação do endosperma.

Com base na informação apresentada na Tabela 8, pode-se concluir que o híbrido interpopulacional  $H_{21}$  (plantas fêmeas Dent amarelo) resultou em geral com melhores características agronômicas que o híbrido interpopulacional  $H_{12}$  (plantas fêmeas Flint amarelo), sendo este último por sua vez apenas superior à população  $P_{11}$  (Flint amarelo). O

conteúdo de proteína, triptofano e triptofano na proteína foi aproximadamente similar na população e nos híbridos, exceto o maior conteúdo de proteína no híbrido  $H_{21}$ .

#### 4.2. Quadrados Médios e Variâncias dos Experimentos

Nas Tabelas 9 a 11 são apresentados os valores e significância dos quadrados médios e nas Tabelas 12 a 14 as variâncias genéticas ambientais e fenotípicas de dez caracteres para a população  $P_{11}$  e os híbridos interpopulacionais  $H_{12}$  e  $H_{21}$  respectivamente. As significâncias dos quadrados médios nos fornece uma idéia do possível sucesso que poderá ser obtido para estes caracteres mediante o melhoramento genético.

A maioria dos caracteres apresentou diferenças altamente significativos (1% probabilidade) nos quadrados médios, com exceção do caráter R no híbrido  $H_{21}$ , do caráter T em todos os experimentos, e do caráter TP na população  $P_{11}$  e no híbrido  $H_{21}$ , os quais tiveram significância ao nível de 5% de probabilidade.

Em geral a população  $P_{11}$  apresentou valores maiores de QM de progênies para características agronômicas da planta (R, AP, AE, NRP) e espiga (P100, CG e LG) que os híbridos, sendo estes seguidos em ordem de magnitude aos obtidos no híbrido  $H_{12}$  (plantas fêmeas da mesma população  $P_{11}$ ). No entanto, o híbrido  $H_{21}$  registrou os menores valores.

As características de qualidade nutricional (P, T e T/P) resultaram em QM de progênes maiores no híbrido  $H_{12}$  seguidos em magnitude aos obtidos na população  $P_{11}$  e o híbrido  $H_{21}$ . Destaca-se o valor do QM de progênes para proteína no híbrido interpopulacional  $H_{12}$  de 1,929, superior aos obtidos por TOSELLO & GERALDI (1980a) e ZIMBACK (1985) os quais foram de 0,713 e 0,490 respectivamente, indicando ampla variabilidade entre progênes e portanto possível sucesso no melhoramento deste caráter.

Os quadrados médios para o caráter triptofano resultaram em valores de  $7,09 \times 10^{-5}$ ;  $7,21 \times 10^{-5}$  e  $6,08 \times 10^{-5}$ , os quais estão situados dentro da faixa dos obtidos por TOSELLO & GERALDI (1980a) e ZIMBACK (1985) os quais foram de  $7,9 \times 10^{-5}$  para os primeiros autores e  $6,48 \times 10^{-5}$  e  $5,67 \times 10^{-5}$  para o segundo.

Os coeficientes de variação experimental resultaram em valores relativamente similares para cada caráter na população e nos híbridos interpopulacionais, encontrando-se estes valores dentro da faixa de registros da literatura consultada e de magnitudes razoáveis na experimentação agrônômica. Os coeficientes do caráter R foram 18,91; 17,09 e 16,16% para população  $P_{11}$  e os híbridos interpopulacionais  $H_{12}$  e  $H_{21}$  respectivamente, sendo que VENCOVSKY *et alii* (1988), reportaram valores de 7,8 a 23,30% com uma média de 16,30% para coeficientes de variação de 58 ensaios de famílias de meios irmãos conduzidos no Brasil. TOSELLO & GERALDI (1980b) obtiveram valores de 14,40% e

ZIMBACK (1985) de 13,24 e 12,66, os quais foram menores que os obtidos neste estudo.

Os caracteres AP e AE apresentaram valores de coeficientes de variação 8,98 e 15,46; 6,29 e 11,73; 6,36 e 10,26 para a população  $P_{11}$  e os híbridos interpopulacionais  $H_{12}$  e  $H_{21}$  respectivamente. TOSELLO & GERALDI (1980b) relataram valores de 6,15 e 9,33% para a variedade ESALQ-VD-opaco e ZIMBACK (1985) 7,34 e 11,68%; 6,97 e 10,46% nas subpopulações A e B na variedade Dentado braquítico opaco. Similarmente ao acontecido com o caráter R, estes valores são semelhantes aos encontrados na literatura, verificando-se a existência de valores superiores para altura da espiga em relação à altura da planta, tanto nos resultados deste estudo como na informação da literatura.

O caráter NRP registrou coeficientes de variação experimental de 18,65; 19,68 e 18,47% respectivamente para a população  $P_{11}$  e os híbridos  $H_{12}$  e  $H_{21}$ . Estes valores foram superiores aos obtidos por GERALDI (1977) que foram de 7,4; 7,0 e 8,7%.

Os coeficientes de variação experimental obtidos para o caráter P100 foram 6,86; 6,80 e 5,51%, valores inferiores aos obtidos por TOSELLO & GERALDI (1980b) de 6,96% e ZIMBACK (1985) de 7,61 e 7,73%, sendo considerados portanto de boa precisão.

Os coeficientes de variação obtidos para os caracteres CG e LG foram 13,14 e 4,89; 10,06 e 5,95; 10,57 e 5,04, os quais mostraram-se ligeiramente superiores para CG

e ligeiramente inferiores para LG aos obtidos por ARAMENDIZ TATIS (1990) sendo estes de 7,83 e 5,71; 6,99 e 5,69; 9,90 e 6,23 e 9,90 e 5,56%. Os coeficientes obtidos para os caracteres P (3,59; 9,44 e 2,69%), T (8,64; 7,09 e 8,62%) e T/P (9,39; 12,72 e 9,01%) resultaram na faixa de valores que obtiveram outros autores. Para o caráter P, ZIMBACK (1985) obteve 4,49% e 4,46%, BARBOSA (1981) 8,89% e TOSELLO & GERALDI (1980a) 7,38%. Para o caráter T, os valores de ZIMBACK (1985) foram menores, sendo estes de 5,22% e 5,16%.

#### 4.3. Estimativas dos Parâmetros Genéticos e Fenotípicos

É necessário ressaltar neste item que a variância genética para uma população na presença de endogamia, de acordo com a fórmula apresentada por SOUZA JR. (1988) é:

$$\sigma_G^2 = (1 + F) \sigma_A^2 + (1 - F) \sigma_D^2 + 4FD_1 + FD_2 + F(1 - F) H^v, \quad ,$$

onde:

F = coeficiente de endogamia dos indivíduos que geram as progênie endogâmicas.

$\sigma_A^2$  = variância genética aditiva.

$\sigma_D^2$  = variância genética dominante.

$D_1$  = covariância entre efeitos aditivos e de dominância dos homozigotos.

$D_2$  = variância dos efeitos de dominância dos homozigotos.

$H^v$  = quadrado da depressão por endogamia.

Portanto, a variância genética de progênes  $S_2$  é (SOUZA JR., 1988):

$$\sigma_{PS_2}^2 = (3/2) \sigma_A^2 + (1/8) \sigma_D^2 + (5/2) D_1 + (9/16) D_2 + (1/16) H^v$$

Assim, com o delineamento utilizado (látice) não permite o isolamento da  $\sigma_A^2$  das demais componentes, a utilização da variância genética total na população  $P_{11}$  ( $\sigma_{PS_2}^2$ ) resulta em uma superestimação das estimativas calculadas em base a esta variância.

As estimativas das variâncias genéticas, ambientais e fenotípicas encontram-se nas Tabelas 12, 13 e 14, e as estimativas para os coeficientes de herdabilidade, variação genética e coeficiente b nas Tabelas 15, 16 e 17 para a população  $P_{11}$  e os híbridos interpopulacionais  $H_{12}$  e  $H_{21}$  respectivamente.

As estimativas de variâncias, com exceção das variâncias fenotípicas, tem indicado o valor do desvio padrão, junto com o percentual da estimativa que ele representa, caracterizando a precisão dos dados.

Observando-se as estimativas de variâncias genéticas ( $\hat{\sigma}_P^2$ ) nas Tabelas 12, 13 e 14, verifica-se que o híbrido interpopulacional  $H_{21}$  (plantas fêmeas Dent amarelo) resultou com menores magnitudes para todos os caracteres. Com exceção dos caracteres AP, AE, P, T e T/P, todas as estimativas de variâncias genéticas da população  $P_{11}$  resultaram superiores aquelas dos híbridos interpopulacionais  $H_{12}$  e  $H_{21}$ .



A reduzida magnitude das estimativas de variâncias genéticas observadas no híbrido interpopulacional  $H_{21}$  poderia ser consequência da fixação de grande parte dos alelos favoráveis (VENCOVSKY, 1987) como resultado da seleção praticada na formação das populações QPM, ou superestimação pela interação genótipo x ambiente (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1982).

Os altos valores das estimativas observadas na população  $P_{11}$  poderia ser devido à endogamia ( $S_2$ ), pois a variabilidade genética da população sob autofecundações sucessivas aumenta com o decorrer das gerações de endogamia (SOUZA JÚNIOR, 1989).

#### 4.3.1. Estimativas para Caracteres Agronômicos

Os valores da estimativa da variância genética para o caráter R (gramas/planta)<sup>2</sup> na população  $P_{11}$  e variância genética aditiva para os híbridos interpopulacionais  $H_{12}$  e  $H_{21}$  foram 329,3826; 399,6988 e 72,8254 respectivamente. Comparando estes valores com aqueles obtidos por VENCOVSKY *et alii* (1988) os quais resultaram numa variância aditiva média de 309 (gramas/planta)<sup>2</sup> para 58 estimativas, evidencia-se a baixa variabilidade genética do híbrido interpopulacional  $H_{21}$ .

As estimativas das variâncias genéticas para os caracteres AP e AE apresentaram valores de 74,1823 e 34,6630; 100,12290 e 47,14939; 43,6214 e 23,7932 (cm/planta)<sup>2</sup>

para a população  $P_{11}$  e os híbridos  $H_{12}$  e  $H_{21}$  respectivamente. Observa-se que o híbrido  $H_{12}$  e a população  $P_{11}$  apresentam maiores valores que o híbrido  $H_{21}$ . Também observa-se que as estimativas para a altura da planta foram de maior magnitude que para altura da espiga. Estes resultados foram semelhantes aos obtidos por TOSELLO & GERALDI (1980b), SOUZA JUNIOR (1983), ZIMBACK (1985) e ARAMENDIZ TATIS (1990).

Os valores da estimativa da variância genética para o caráter NRP na população  $P_{11}$  e variância genética aditiva para os híbridos interpopulacionais  $H_{12}$  e  $H_{21}$  foram 6,443116; 12,598271 e 5,205921 respectivamente. Estes valores se enquadram na faixa de variação que obteve GERALDI (1977) sendo estes 6,5012; 10,5556 e 15,2320 para três populações avaliadas.

Os valores da estimativa da variância genética para o caráter P100 (gramas)<sup>2</sup> na população  $P_{11}$  e variância genética aditiva para os híbridos  $H_{12}$  e  $H_{21}$  foram 3,984612; 6,171487 e 3,765287. Pode verificar-se a menor variabilidade existente no híbrido  $H_{21}$ , e também, que estes valores são menores aos relatados para milho opaco por TOSELLO & GERALDI (1980a) e ZIMBACK (1985), os quais foram de 10,887 para os primeiros autores e 14,41 e 7,14 para o segundo. Os reduzidos valores encontrados no híbrido  $H_{21}$  pode ser devido à fixação de genes favoráveis.

As estimativas das variâncias genéticas para a população  $P_{11}$  e genética aditiva para os híbridos  $H_{12}$  e  $H_{21}$  para os caracteres CG e LG (cm)<sup>2</sup> apresentaram os seguintes

valores: 0,0131 e 0,00265; 0,0254 e 0,00370; 0,0212 e 0,00336 respectivamente.

Os valores das estimativas das variâncias genéticas aditivas para o caráter CG resultaram superiores à média de sete estimativas no levantamento feito por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1982), sendo este de 0,0187. Enquanto para o caráter LG os valores das variâncias genéticas aditiva foram semelhantes aos obtidos por ARAMENDIZ TATIS (1990).

A herdabilidade de um caráter expressa a proporção de variância total atribuída ao efeito médio dos genes, determinando assim o grau de semelhança entre parentes. Alto ganho pode ser esperado através da seleção, uma vez que este depende da herdabilidade do caráter, da intensidade de seleção e do desvio padrão fenotípico do caráter.

As estimativas de coeficientes de herdabilidade, coeficientes de variação genética e coeficiente b para a população  $P_{11}$  e os híbridos  $H_{12}$  e  $H_{21}$  acham-se nas Tabelas 15, 16 e 17 respectivamente.

Os coeficientes de herdabilidade para caracteres agronômicos da população  $P_{11}$  e o híbrido  $H_{12}$  tiveram valores que oscilaram entre 42,55% e 78,7%, sendo portanto considerados de médios a altos. O híbrido  $H_{21}$  também teve coeficientes de herdabilidade de médios a altos exceto para os caracteres R (18,49%) e NRP (37,82).

As estimativas do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito ao nível de médias para o caráter R

foram de 70,67; 56,69 e 18,49% para a população  $P_{11}$  e os híbridos  $H_{12}$  e  $H_{21}$  respectivamente. As estimativas obtidas, exceto a do híbrido  $H_{21}$  são superiores ao valor médio de 30% apresentado por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1982) e também superiores aos apresentados por TOSELLO & GERALDI (1980b) e ZIMBACK (1985).

Os coeficientes de herdabilidade para os caracteres AP e AE foram 64,10 e 54,69; 78,07 e 72,12; 55,17% e 54,59% para a população  $P_{11}$  e os híbridos  $H_{12}$  e  $H_{21}$  respectivamente. Verifica-se maior herdabilidade para o caráter AP; ao contrário do relatado por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1982), onde a herdabilidade para altura da espiga foi maior que para altura da planta, se bem que as estimativas estão dentro da faixa de variação por eles apresentada (50 a 70%), exceto para o híbrido  $H_{12}$  que resultou com valores acima de 70%.

As estimativas para os coeficientes de herdabilidade do caráter NRP foram de 70,46; 63,61 e 37,82%; valores semelhantes aos obtidos por GERALDI (1977) sendo estes de 30,7; 43,4 e 63,1%.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade para o caráter P100 foram de 61,85; 42,55 e 61,77%. Estes valores são relativamente altos e semelhantes aos obtidos por TOSELLO & GERALDI (1980a) e ZIMBACK (1985).

Os coeficientes de herdabilidade para os caracteres CG e LG resultaram em valores elevados, sendo estes de 50,88 e 76,13; 53,44 e 54,00; 45,77% e 59,30%.

Superiores aos valores obtidos para o comprimento de grãos e fornecidos por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1982) de 29,20%.

As estimativas dos coeficientes de variação genética dos caracteres agrônômicos para a população  $P_{11}$  e os híbridos  $H_{12}$  e  $H_{21}$  oscilaram entre os seguintes valores: 5,05 e 18,15; 3,72 e 16,83; 3,51 e 8,30% respectivamente. Enquanto ao índice b, estes oscilaram entre os valores 0,60 e 1,06; 0,62 e 1,09; 0,27 e 0,73 respectivamente.

Os coeficientes de variação genética e o índice b fornecem uma idéia da potencialidade da variação genética, especialmente quando o índice b têm estimativas perto do valor 1 (VENCOVSKY, 1987). Neste aspecto, o valor 0,27 correspondente ao caráter R do híbrido  $H_{21}$ , põe em evidencia sua baixa variabilidade genética.

#### 4.3.2. Estimativas para caracteres de qualidade nutricional

As estimativas da variância genética para o caráter P na população  $P_{11}$  e variância genética aditiva para os híbridos interpopulacionais  $H_{12}$  e  $H_{21}$  foram, 0,039; 0,918 e 0,022 respectivamente. Evidencia-se na população  $P_{11}$  e no  $H_{21}$  valores menores aos obtidos no híbrido  $H_{12}$ . Também estes valores resultaram menores aos relatados para milho opaco por TOSELLO & GERALDI (1980a) e ZIMBACK (1985) que foram 0,308; 0,570 e 0,552 respectivamente. A reduzida amplitude da variação (Figura 7) para este caráter junto com altos

erros experimentais (Tabelas 12 e 14) podem ter contribuído para estes pequenos valores. O alto valor da estimativa para o caráter teor de proteína no híbrido  $H_{12}$  mostra o potencial superior desta população para seu melhoramento genético.

De maneira semelhante, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade foram 49,50; 53,63 e 24,84%, enquanto as estimativas dos coeficientes de variação genética foram 2,05; 6,20 e 0,89, e os índices de variação b de 0,57; 0,62 e 0,33.

Pode observar-se em conformidade com estes dados que o híbrido  $H_{12}$  e a população  $P_{11}$  apresentam valores mais promissores para a seleção que o híbrido  $H_{21}$ .

Comparando com os coeficientes de herdabilidade de 21,60% obtido por TOSELLO & GERALDI (1980a), 59,01 e 55,76 obtidos para ZIMBACK (1985), que exceto para o híbrido  $H_{21}$  as herdabilidades foram altas. Também comparando os índices de variação b obtidos pelos mesmos autores (0,37; 0,85 e 0,79 respectivamente), observa-se que os valores estimados para a população  $P_{11}$  e o híbrido  $H_{12}$  estão dentro da faixa de valores por eles estimados, e que o híbrido  $H_{21}$  apresenta um valor inferior. O fato de se ter valores inferiores aos apresentados na literatura não indica que o caráter não possa ser melhorado. Sendo a proteína um caráter quantitativo e que experimentos a longo prazo não esgotaram a variabilidade genética (LENG, 1974) demonstraram que progressos menores podem ser obtidos.

A estimativa da variância genética para o caráter T na população  $P_{11}$  e variância genética aditiva para os híbridos  $H_{12}$  e  $H_{21}$  foram  $4,94 \times 10^{-6}$ ;  $26,8 \times 10^{-6}$  e  $1,72 \times 10^{-6}$ .

A população  $P_{11}$  e o híbrido  $H_{21}$  tiveram valores maiores que o híbrido  $H_{12}$ . Em geral estes dados são inferiores aos apresentados na literatura,

TOSELLO & GERALDI (1980a) obtiveram um valor de  $8,80 \times 10^{-5}$  e ZIMBACK (1985) valores de  $6,96 \times 10^{-5}$  e  $5,40 \times 10^{-5}$  para milho opaco respectivamente. As reduzidas estimativas obtidas devem-se a uma amplitude de variação menor e erros experimentais maiores que os apresentados por aqueles autores.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade para o caráter T foram 20,88; 41,90 e 3,17%, enquanto as estimativas dos coeficientes de variação genética foram 2,56; 3,47 e 0,89 e os índices de variação b 0,27; 0,49 e 0,10 respectivamente.

Coefficientes de herdabilidade de 43,14% obtidos por TOSELLO & GERALDI (1980a) e de 57,71% e 47,60% obtidos por ZIMBACK (1985), junto com coeficientes de variação genética de 4,51% e 3,98% e 3,48% evidenciam que o híbrido  $H_{12}$  possui valores médios para este caráter.

As reduzidas estimativas do híbrido  $H_{21}$  indicam que métodos de melhoramento mais elaborados devem ser usados para se obter avanços genéticos, para este caráter.

A estimativa da variância genética para o caráter T/P na população  $P_{11}$  e variância genética aditiva para os híbridos  $H_{12}$  e  $H_{21}$  foram  $657 \times 10^{-6}$ ;  $93,3 \times 10^{-6}$  e  $497 \times 10^{-6}$  respectivamente. Comparando com a estimativa de 0,62 obtidas por TOSELLO & GERALDI (1980a) e  $1,35 \times 10^{-2}$  e  $1,29 \times 10^{-2}$  obtidas por ZIMBACK (1985) observa-se o reduzido valor das estimativas do caráter T/P nas três populações avaliadas.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade para o caráter T/P foram 24,29; 46,08 e 7,57, enquanto as estimativas dos coeficientes de variação genética foram 3,06; 6,79 e 1,49 e os coeficientes de variação b 0,32; 0,53 e 0,18.

Pode observar-se que, de maneira análoga ao acontecido com o caráter T, que os valores das estimativas para o caráter T/P para a população  $P_{11}$  e o híbrido  $H_{21}$  são pequenos se for comparados com as herdabilidades de 60,75% e 54,06% obtidos por ZIMBACK (1985) e os coeficientes de variação genética de 5,41% e 5,29% e índices b de 0,87 e 0,77 obtidos pelo mesmo autor.

A estimativa da herdabilidade do híbrido  $H_{12}$  foi superior ao valor de 21,49% obtido por TOSELLO (1989a) e também superior a 26,80% obtido por MOTTO (1979).



#### 4.3.3. Estimativas de progressos esperados com seleção recorrente recíproca

A seleção recorrente recíproca foi proposta por COMSTOCK *et alii* (1949) à fim de promover o melhoramento genético de gerações  $F_1$ 's nos cruzamentos intervarietais, através da utilização da capacidade de combinação geral e específica, promovendo o melhoramento das populações per se e da resposta heterótica no cruzamento interpopulacional.

Um dos objetivos deste trabalho é o estudo dos possíveis efeitos da seleção recorrente recíproca sobre caracteres agronômicos e de qualidade nutricional. No levantamento bibliográfico realizado, encontrou-se escassas informações referentes a caracteres outros que o rendimento de grãos, o que impede fazer comparações com outros pesquisadores.

Nas Tabelas 18, 19 e 20 encontram-se as estimativas dos ganhos esperados por ciclo de seleção interpopulacional na população  $P_{11}$  e nos híbridos recíprocos interpopulacionais  $H_{12}$  e  $H_{21}$ , respectivamente. Na Tabela 21 encontram-se as estimativas dos ganhos esperados por ano e por ciclo de seleção recorrente recíproca.

De acordo como foi detalhado em materiais e métodos, os ganhos com seleção recorrente recíproca foram estimados pela soma dos ganhos obtidos nos híbridos  $H_{12}$  e  $H_{21}$ .

#### 4.3.3.1. Estimativas de progressos esperados com seleção recorrente recíproca para caracteres agronômicos

A estimativa do progresso esperado com seleção para o caráter R apresentou o valor de 17,95% por ciclo de seleção (Tabela 21). Comparando com o valor 7,2% obtido por PENNY & EBERHART (1971) e o valor 7,5% obtido por PATERNIANI & VENCovsky (1977), nota-se que a estimativa do caráter R neste estudo é maior que as estimativas da literatura. Se considerarmos que o ciclo mínimo dos sistemas de seleção apresentados por estes autores pode ser realizado em dois anos e que no caso do ciclo mínimo apresentado neste trabalho pode ser obtido em três anos, a diferença nos ganhos ainda persiste. O maior valor desta estimativa poderia dever-se ao emprego de linhagens  $S_2$  na obtenção dos híbridos interpopulacionais, em contraposição com linhagens  $S_1$  e progênies de meios irmãos utilizados nos trabalhos citados.

As estimativas dos progressos esperados com seleção para os caracteres AP, AE, NRP, P100, CG e LG foram de 15,97; 24,74; 32,60; 11,79 e 14,79%, por ciclo de seleção respectivamente (Tabela 21). Tratando-se de seleção recorrente recíproca estes ganhos são considerados promissores.

Comparando os progressos esperados com a seleção recorrente recíproca da Tabela 21 com os progressos esperados com seleção interpopulacional nos híbridos recíprocos nas Tabelas 19 e 20, pode observar-se que a maior con-

tribuição para os progressos com seleção recorrente recíproca é devido aos altos valores obtidos com o híbrido  $H_{12}$ . Os progressos com seleção intrapopulacional utilizando progênes  $S_2$  na população  $P_{11}$  também são altos, porém estes valores estão superestimados de acordo com o discutido no começo do item 4.3.

#### 4.3.3.2. Estimativas de progressos esperados com seleção recorrente recíproca para caracteres de qualidade nutricional

As estimativas dos progressos esperados por ciclo de seleção recorrente recíproca para os caracteres P, T e T/P, foram 8,77; 4,23 e 8,46% respectivamente (Tabela 21). Estes ganhos são considerados promissores, porém, como normalmente acontece com a maioria dos caracteres para qualidade, o melhoramento destes pode levar a uma diminuição do rendimento, como foi observado após 70 anos de seleção divergente na variedade Burr White (DUDLEY *et alii*, 1974). O ponto importante aqui é o melhoramento integral do milho, é dizer, rendimento e qualidade em base ao acúmulo gradual de genes para qualidade, mediante a seleção e recombinação genética de linhagens superiores, utilizando a seleção recorrente recíproca. Se para rendimento e qualidade nutricional as correlações fossem baixas ou inexistentes, estas favorecem a seleção para um caráter sem afetar o outro. Este

aspecto da seleção será discutido nos itens correspondentes a correlação e respostas correlacionadas.

Comparando os progressos esperados com a seleção recorrente recíproca da Tabela 21 com os progressos esperados com seleção intrapopulacional nos híbridos recíprocos nas Tabelas 19 e 20 pode observar-se, que semelhante ao acontecido para os caracteres agronômicos, a maior contribuição para os progressos com seleção recorrente recíproca é devido aos altos valores obtidos com o híbrido  $H_{12}$ .

#### 4.4. Estimativas de Correlações Genéticas e Fenotípicas

Na Tabela 22 estão apresentadas para a população  $P_{11}$  as estimativas da covariância entre progênes ( $C\hat{O}V_P$ ), covariância do erro ambiental entre parcelas ( $C\hat{O}V_e$ ) e covariância fenotípica entre médias de progênes ( $C\hat{O}V_F$ ). As estimativas dos coeficientes de correlação genética ( $\hat{r}_G$ ) e os coeficientes de correlação fenotípica ao nível de médias de parcelas ( $\hat{r}_F$ ), encontram-se na Tabela 26.

As estimativas da covariância entre progênes ( $C\hat{O}V_P$ ), covariância do erro ambiental entre parcelas ( $C\hat{O}V_e$ ), covariância genética aditiva ( $C\hat{O}V_A$ ) e covariância fenotípica entre médias de progênie ( $C\hat{O}V_F$ ) para os híbridos interpopulacionais  $H_{12}$  e  $H_{21}$  encontram-se nas Tabelas 23 e 24 respectivamente. As estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva ( $\hat{r}_A$ ), e os coeficientes de correlação fenotípica ao nível de parcelas ( $\hat{r}_F$ ) encontram-se nas Tabelas

27, 28 e 29 para os híbridos interpopulacionais e seleção recorrente recíproca respectivamente. Na Tabela 25 estão apresentadas as estimativas da covariância entre progênies ( $C\hat{O}V_p$ ), covariância do erro ambiental ( $C\hat{O}V_e$ ) e covariância fenotípica entre média de progênies ( $C\hat{O}V_F$ ) entre a população  $P_{11}$  e o híbrido  $H_{21}$ . As estimativas de coeficientes de correlação genética ( $\hat{r}_G$ ) e coeficientes de correlação fenotípica ao nível de médias de parcelas ( $\hat{r}_F$ ) encontram-se na Tabela 30.

#### 4.4.1. Estimativas de correlações para caracteres agronômicos com seleção recorrente recíproca

As correlações obtidas para caracteres agronômicos com seleção recorrente recíproca foram em geral semelhantes as obtidas na população  $P_{11}$  e os híbridos  $H_{12}$  e  $H_{21}$ , exceto o caráter NRP na população  $P_{11}$  e o híbrido  $H_{12}$  que diferiu em sinal com aquele obtido no híbrido  $H_{21}$  (Tabelas 26, 27 e 28).

Os coeficientes de correlação genética aditiva ( $\hat{r}_A$ ) e fenotípica ( $\hat{r}_F$ ) obtidos com seleção recorrente recíproca entre o caráter R e AP, AE, NRP e P100 foram 0,519 e 0,415; 0,437 e 0,349; -0,034 e 0,251; 0,594 e 0,401 respectivamente. Estes valores são considerados de médios a altos, exceto a correlação com o caráter NRP (Tabela 29).

A correlação entre o rendimento e o número de ramificações do pendão é importante porque pode tornar o

processo seletivo mais simples. GERALDI (1977) obteve correlação genética aditiva alta com produção de grãos ( $\hat{r}_A = -0,650$ ), valor próximo ao obtido com o híbrido  $H_{21}$  ( $\hat{r}_A = -0,555$ ). Em vista desse resultado o autor concluiu que para as condições do seu experimento a seleção para diminuição do NRP pode ser mais eficiente para melhorar a produção de grãos que a seleção direta neste caráter.

A baixa correlação obtida com a seleção recorrente recíproca ( $\hat{r}_A = -0,034$ ) é consequência da correlação positiva no híbrido  $H_{12}$  ( $\hat{r}_A = 0,441$ ), já que  $\hat{r}_{(x,y)} = 1/2 (\hat{r}_{A_{12}} + \hat{r}_{A_{21}})$ . Este valor é de sinal contrário com o achado por GERALDI (1977). Uma provável causa para esta diferença pode residir no uso de populações não prolíficas em contraposição as populações prolíficas usadas por GERALDI (1977). A alta correlação entre rendimento e prolificidade foi informado por ROBINSON *et alii* (1951) e SUBANDI & COMPTON (1974).

No entanto SOUZA JUNIOR *et alii* (1985) relata que o efeito do tamanho do pendão sobre a produtividade ocorre através da expressão da prolificidade. De acordo com ANDERSON (1967) os híbridos prolíficos contém a metade da quantidade de ácido indol acético (IAA) no pendão, quando comparados com os híbridos não prolíficos; concluindo portanto que a prolificidade é devido a redução da dominância apical exercida pelo pendão. Portanto, como o híbrido  $H_{12}$  não é prolífico, uma correlação positiva entre os caracteres R e NRP não seria detrimental, para o caráter R, já que este

não depende da prolificidade nesta população. Porém, existe ampla evidência na literatura sugerindo que pendões pequenos ou com reduzido número de ramificações incrementariam o rendimento e a tolerância a altas densidades de plantio (DUNCAN *et alii*, 1967; MOCK & SCHUETZ, 1974). Portanto, é conveniente para o melhoramento do híbrido interpopulacional  $H_{12}$  selecionar linhagens produtivas com reduzido tamanho ou número de ramificações do pendão.

#### 4.4.2. Estimativas de correlações entre porcentagem de proteína e características agrônômicas

As correlações genéticas aditivas e fenotípicas obtidas com seleção recorrente recíproca entre o caráter P e R, AP, AE, NRP e P100 foram 0,066 e 0,062; -0,025 e 0,028; -0,055 e -0,029; -0,051 e -0,026; 0,045 e 0,014 respectivamente (Tabela 29). Valores semelhantes foram obtidos na população  $P_{11}$  e os híbridos  $H_{12}$  e  $H_{21}$ .

As correlações obtidas são muito baixas, devendo portanto, existir pouca associação entre estes caracteres. Esta situação mostra-se favorável para a seleção já que a seleção para um caráter pode ser realizada sem interferência nos outros. O valor 0,062 da estimativa de coeficiente de correlação genética aditiva obtido entre os caracteres P e R é intermediário entre valores negativos de -0,70 obtidos por DUDLEY & de la ROCHE (1977) e -0,14, obtido por ZIMBACK (1985) e valores positivos de 0,35 obtidos por

CAVIEDES *et alii* (1983) e 0,30 obtido por TOSELLO & GERALDI (1980b). KAUFFMAN & DUDLEY (1979) relataram que correlações negativas não foram encontradas quando foram usados linhagens com valores aproximadamente normais (8-11%) de proteína, o que pode explicar a correlação positiva, porém baixa, encontrada neste estudo. A opinião geral é que existe uma correlação negativa entre rendimento e proteína. De acordo ao concluído por PENNING DE VRIES *et alii* (1974), 1 grama do fotossintetato glucose pode ser usado para produzir 0,83 g de carboidratos ou 0,40 g de proteína, sendo necessário portanto maiores quantidades de glucose para sintetizar 1 g da proteína, o que resulta em uma menor produção de matéria seca na planta.

Segundo POEY (1978) a correlação negativa da proteína com rendimento deve-se ao fato de que a seleção feita para rendimento levou a um maior tamanho do endosperma, e como consequência uma maior produção de amido, reduzindo assim a proporção de proteína.

Inversamente, a seleção para porcentagem de proteína, levou indiretamente a seleção para menores conteúdos de carboidratos, e toda vez que estes correspondem a uma maior produção de matéria seca no grão, a sua diminuição influi num menor peso de grão, refletindo num maior teor de proteína. Assim quando são usadas populações melhoradas para um dos caracteres as magnitudes relativas da expressão dos mesmos é ressaltada, produzindo-se a correlação negativa.



Quanto as correlações entre P e AP, AE, NRP e P100 não foi possível comparar estes resultados com os obtidos por outros pesquisadores, por não encontrar literatura associada a estas características. Porém, as magnitudes obtidas estão próximas a zero, indicando que para estes caracteres, a seleção para aumentar proteína não interfere na seleção destes.

#### 4.4.3. Respostas correlacionadas com a seleção

Nas Tabelas 31, 32 e 33 estão apresentadas as respostas correlacionadas esperadas com seleção na população  $P_{11}$  e os híbridos  $H_{12}$  e  $H_{21}$  respectivamente. As respostas correlacionadas esperadas com seleção recorrente recíproca encontram-se na Tabela 34. Nas Tabelas 35 e 36 encontram-se as respostas correlacionadas com seleção na população  $P_{11}$  e respostas no híbrido  $H_{12}$  e seleção no híbrido  $H_{12}$  e resposta na população  $P_{11}$ , respectivamente.

Comparando com as Tabelas 18, 19, 20 e 21 para seleção direta no caráter, pode observar-se que as respectivas Tabelas 31, 32, 33 e 34 para seleção indireta nos mesmos apresentam valores menores. Segundo FALCONER (1980) a seleção indireta no caráter é efetiva quando o caráter secundário objeto de seleção possui herdabilidade superior ao principal e a correlação genética entre ambos caracteres é elevada; de modo que:  $r_{A(x,y)} \cdot h_y > h_x$ ; onde

$r_{A(x,y)}$  refere-se à correlação genética aditiva entre  $x$  e  $y$  e  $h_x$  e  $h_y$  correspondem a raiz quadrada dos coeficientes de herdabilidade de  $x$  e  $y$  respectivamente.

Assim, foram verificadas respostas correlacionadas positivas com seleção recorrente recíproca para o caráter R com AP, AE, P100, caracteres todos relacionados com a produção de grãos. A resposta correlacionada positiva entre os caracteres R e NRP pode afetar o direcionamento da seleção devido a influência negativa do NRP sobre a produção, devendo-se selecionar portanto linhagens produtivas com reduzido número de ramificações do pendão.

Respostas correlacionadas positivas foram obtidas entre os caracteres R e P. Esta situação mostra-se muito favorável a seleção para ambos os caracteres, já que a seleção em um deles acarreta também progressos no outro; evidenciando assim o potencial desta população para o melhoramento genético integral da produção e qualidade.

O caráter P também teve respostas positivas com os caracteres AP, AE, devido a alta associação destes caracteres com o rendimento. Respostas correlacionadas negativas de pequena magnitude foram obtidas para o caráter P com os caracteres NRP e P100. A correlação negativa entre a proteína e peso de 100 grãos pode ser devida ao maior tamanho do endosperma, o que pode levar a um maior acúmulo de amido.

As respostas correlacionadas esperadas com seleção no híbrido  $H_{12}$  e resposta na população  $P_{11}$  (Tabela 36), e seleção na população  $P_{11}$  e resposta no híbrido  $H_{12}$  foram em geral de baixa magnitude e inferiores a seleção no próprio caráter e inferiores também a resposta correlacionada com seleção recorrente recíproca.

## 5. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos nas condições do presente trabalho permitiram a formulação das seguintes conclusões:

- a) As populações  $S_2$  de milho opaco-2 modificado Flint e Dent respectivamente são materiais promissores para a obtenção de híbridos, haja vista os rendimentos dos híbridos recíprocos interpopulacionais, cuja produtividade foi apenas 12,02%, menor que a média dos híbridos duplos comerciais Cargill 115 e Agrocerees 303.
- b) A média do peso de 100 grãos foi 13,96% menor que a média registrada nas testemunhas, o que permite inferir que os híbridos recíprocos interpopulacionais, são materiais promissores para se obter linhagens com peso de 100 grãos iguais aos obtidos com os híbridos comerciais.
- c) O conteúdo de proteína foi semelhante nas populações opaco-2 e testemunhas comerciais, no entanto o conteúdo de triptofano das populações foi 43,54% superior à média das testemunhas comerciais, mostrando a efetividade do gen  $o_2$  elevando o conteúdo de triptofano.

- d) A população  $S_2$  e os híbridos interpopulacionais apresentaram altos valores de variância genética para os caracteres avaliados. O híbrido interpopulacional  $H_{21}$  resultou com magnitudes menores, para todos os caracteres. Foram obtidas estimativas médias e altas do coeficiente de herdabilidade para todos os caracteres avaliados, permitindo se obter ganhos genéticos elevados. No entanto, baixas estimativas do coeficiente de herdabilidade foram encontradas no híbrido interpopulacional  $H_{21}$  para os caracteres R, P, T e T/P.
- e) A seleção recorrente recíproca será eficiente no melhoramento de praticamente todos os caracteres avaliados. A ampla variabilidade genética no híbrido interpopulacional  $H_{12}$  contribuirá significativamente para os ganhos com seleção recorrente recíproca.
- f) As estimativas de correlações genéticas aditivas para seleção recorrente recíproca encontrada entre os caracteres agronômicos R, AP, AE e P100 são consideradas de médias a altas. A correlação entre os caracteres R e NRP resultou com um valor de -0,034 devido as correlações positivas, encontradas no híbrido  $H_{12}$ . As estimativas encontradas entre o caráter P e os caracteres R, AP, AE, NRP e P100 foram todas de magnitude pequena, próximas a zero, evidenciando a pouca associação entre estes caracteres.

- g) As respostas correlacionadas encontradas com seleção intra e interpopulacional serão inferiores aos ganhos com seleção direta no caráter.
- h) Respostas correlacionadas positivas nos caracteres AP, AE, P100 e NRP com seleção para R foram obtidas no híbrido interpopulacional. A resposta correlacionada positiva entre os caracteres R e NRP pode afetar o direcionamento da seleção devido a influência negativa do caráter NRP sobre a produção.
- i) Respostas correlacionadas positivas nos caracteres R, AP, AE, com seleção em P foram encontradas no híbrido interpopulacional, evidenciando assim o potencial das populações L-14-CIM65 Flint amarelo ( $P_{11}$ ) e L-15-CIM66 Dent Amarelo ( $P_{22}$ ) para o melhoramento da produção e qualidade nutricional.
- j) Respostas correlacionadas negativas e de pequena magnitude nos caracteres NRP e P100 com seleção em P foram obtidas no híbrido interpopulacional.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ANDERSON, I.C. Plant characteristics that affect yield. Proceedings of Annual Hybrid Corn Industrial Research Conference, Chicago, 22: 71-3, 1967.
- ARAMENDIS TATIS, H. Seleção para alto teor de óleo na semente de milho (*Zea mays* L.) e seus efeitos sobre caracteres agronômicos. Piracicaba, 1990. 126p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- ASNANI, V.L. & GUPTA, S.C. Effect of incorporation of opaque-2 gene on yield and yield components in four composites of maize. Indian Journal of Genetics, New Delhi, 30: 377-82, 1970.
- ASSOCIATION OF OFFICIAL AGRICULTURAL CHEMISTS. Microchemical methods. In: \_\_\_\_\_. Official methods of analysis. 10 ed. St. Paul, 1965. p.740-51.
- BARREIRO NETO, M.; SILVA, J.C.; BARBOSA, J.G.; SANT'ANNA, R. Seleção para densidade das sementes em milho (*Zea mays* L.) opaco-2 e seu efeito sobre caracteres agronômicos e teores de proteína e lisina. Revista Ceres, Viçosa, 29(165): 489-502, 1982.
- BAUMAN, L.F. Germ and endosperm variability, mineral elements, oil contents, and modifier genes in opaque-2 maize. In: CIMMYT-PURDUE INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON PROTEIN QUALITY IN MAIZE, El Batán, 1972. High-quality protein maize; proceedings. Stroudsburg, Dowden, Hutchinson and

- Ross, 1975. p.217-27.
- BAUMAN, L.F. & AYCOCK, H. Selection for modifier genes to improve performance of opaque-2 genotypes. In: ANNUAL CORN AND SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 25., Chicago, 1970. Proceedings. Washington, American Seed Trade Association, 1970. p.139-43.
- BRESSANI, R. Protein quality of opaque-2 maize in children. In: HIGH LYSINE CORN CONFERENCE, West Lafayette, 1966. Proceedings. Washington, Corn Industries Research Foundation, 1966. p.34-9.
- BURR, B.; JOHN, St. T.P.; THOMAS, M.; DAVIS, R.W. Zein storage protein gene family of maize. *Journal of Molecular Biology*, London, 154: 33-49, 1982.
- CAVIEDES, C.M.; CARBALLO QUIROS, H.; YAMAKAKE, T.A.; VILLEGAS, E. Correlaciones fenotípicas entre rendimiento de proteína, triptofano y zeína, en familias de medios hermanos de maiz (*Zea mays* L.) opaco-2 modificado. *Agrociencia*, Chapingo, 54: 101-10, 1983.
- CENTRO INTERNACIONAL DE MEJORAMIENTO DE MAIZ Y TRIGO. Second report, phase IVm UNDO global research project on nutritional quality maize. El Batan, 1982.
- CHOE, B.H.; ZUBER, M.S.; KRAUSE, G.F.; HILDEBRAND, E.S. Inheritance of high lysine in maize. *Crop Science*, Madison, 16: 34-8, 1976.
- CLARK, H.E. Opaque-2 corn as a source of protein for adult human subjects. p.40-44. In: HIGH LYSINE CORN CONFERENCE, West Lafayette, 1966. Proceedings. Washington, Corn Industries Research Foundation, 1966. p.40-4.



- CLARK, H.E.; GLOVER, D.V.; BERTZ, J.L.; BAILEY, L.B. Nitrogen retention of young men who consumed isonitrogenous diets containing normal, opaque-2, or sugary-2 opaque-2 corn. *Journal of Nutrition*, Bethesda, **107**: 404-14, 1977.
- COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F.; HARVEY, P.H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. *Agronomy Journal*, Madison, **41**: 360-7, 1949.
- CORDOVA, H.S. Formacion de híbridos de maiz en base a familias de hermanos completos y sus implicaciones en la producción de semilla comercial. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15., Brasília, 1986. *Anais*. Brasília, EMBRAPA/DOP, 1986. p.337-404.
- CROMWEEL, G.L.; PICKETT, R.H.; BEESON, W.M. Nutritional value of opaque-2 corn for swine. *Journal of Animal Science*, Champaign, **26**: 1325-1331. 1967.
- DI FONZO, N.; GENTINETTA, E.; SALAMINI, F.; SOAVE, C. Action of the opaque-2 mutation on the accumulation of storage products in maize endosperm. *Plant Science Letter*, Limerick, **14**: 345-54, 1979.
- DUDLEY, J.W. & ALEXANDER, D.E. Variability and relationships among characters in *Zea mays* L. synthetics with improved protein quality. *Crop Science*, Madison, **11**: 512-4, 1971.
- DUDLEY, J.M. & LAMBERT, R.J. Genetic variability after 65 generations of selection in Illinois oil and protein strains of *Zea mays* L. In: DUDLEY, J.W., ed. *Seventy generations of selection for oil and protein in maize*. Madison, Crop Science Society of America, 1974. p.175-80.

- DUDLEY, J.W. & ROCHE, I.A. de la. Genetic analysis of crosses among corn strains divergently selected for percent oil and protein. *Crop Science*, Madison, **17**: 111-7, 1977.
- DUDLEY, J.M.; ALEXANDER, D.E.; LAMBERT, R.J. Genetic improvement of modified protein maize. In: CIMMYT-PURDUE INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON PROTEIN QUALITY IN MAIZE, El Batán, 1972. *High-quality protein maize, proceedings*. Stroudsburg, Dowden, Hutchinson and Ross, 1975. p.120-35.
- DUDLEY, J.M.; LAMBERT, R.J.; ALEXANDER, D.E. Seventy generations of oil and protein concentration in the maize kernel. In: DUDLEY, J.W., ed. *Seventy generations of selection for oil and protein in maize*. Madison, Crop Science Society of America, 1974. p.181-211.
- DUNCAN, W.G.; WILLIAMS, W.A.; LOOMIS, R.S. Tassel and the productivity of maize (*Zea mays* L.). *Crop Science*, Madison, **7**: 37-9, 1967.
- FALCONER, D.S. *Introducción a la genética cuantitativa*. 10 ed. México, Continental, 1980. 430p.
- FEIST, W.A. & LAMBERT, R.J. Changes in six different opaque-2 genotypes of *Zea mays* L. during successive generations of backcrossing. *Crop Science*, Madison, **10**: 663-5, 1970.
- GENTER, C.F.; EHEART, J.F. LINKOUS, W.N. Oil and protein relationships between inbred lines and their single cross progeny. *Agronomy Journal*, Madison, **49**: 283-5, 1957.
- GERALDI, I.O. Estimación de parâmetros genéticos de caracteres do pendão em milho (*Zea mays* L.) e perspectivas de

melhoramento. Piracicaba, 1977. 103p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

GERALDI, I.O.; VENCOVSKY, R.; MIRANDA F<sup>o</sup>, J.B. Processo para estimação dos componentes de covariâncias entre caracteres avaliados com números diferentes de indivíduos por parcela. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, 12: 84-91, 1978.

GOLDENBERG, J.B. El empleo de la correlación en el mejoramiento genético de las plantas. Fitotecnia Latinoamericana, Bogotá, 5(2): 1-8, 1968.

GLOVER, D.V. Improvement of protein quality in maize. In: WILCKE, H.L., ed. Improving the nutritional quality of cereals II. Washington, Life and Agency for International Development, 1976. p.68-97.

GUPTA, D.; KÓVACS, I.; GASPAR, L. Protein quality traits and their relationships with yield and yield components of opaque-2 and analogous normal maize hybrids and inbred lines. Theoretical and Applied Genetics, Berlin, 45: 341-8, 1975.

HALLAUER, A.R. & EBERHART, S.A. Reciprocal full-sib selection. Crop Science, Madison, 10: 315-6, 1970.

HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative genetics in maize breeding. Ames, Iowa State University Press, 1982. 468p.

HALLAUER, A.R.; RUSSEL, W.A.; LAMKEY, K.R. Corn breeding. In: SPRAGUE, G.F. & DUDLEY, J.W., ed. Corn and corn improvement. 3.ed. Madison, ASA/CSSA/SSSA, 1988. p.463-564. (Agronomy A Ser. of Monographs, 18).

- HARPSTED, D.D. High lysine maize in its proper perspective.  
In: ANNUAL CORN AND SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 24.,  
Washington, 1969. Proceedings. Washington, American Seed  
Trade Association, 1969. p.74.
- JIMENES, J.R. Protein fraction studies of high lysine corn  
In: HIGH LYSINE CORN CONFERENCE, Washington, 1966.  
Proceedings, Washington. Corn Industries Research  
Foundation, 1966. p.74-9.
- JONES, R.A.; LARKINS, B.H.; TSAY, C.Y. Storage protein  
synthesis in maize. II. Reduced synthesis of a major zein  
component by the opaque-2 mutant of maize. *Plant  
Physiology*, New York, 59: 525-9. 1977.
- KAUFFMANN, K.D. & DUDLEY, J.W. Selection indices for corn  
grain yield, percent protein and kernel weight. *Crop  
Science*, Madison, 19: 583-8. 1979.
- KEMPTHORNE, O. *An introduction to genetic statistics*. 3.ed.  
New York, John Wiley & Sons, 1966. 545p.
- KLEIN, R.G.; BEESON, W.M.; CLINE, T.R.; MERTZ, E.T.  
Opaque-2 and floury-2 corn studies with growing swine.  
*Journal of Animal Sciences*, Champaign, 32: 256-61, 1971.
- LAMBERT, R.J.; ALEXANDER, D.E.; DUDLEY, J.W. Relative per-  
formance of normal and modified protein (opaque-2) maize  
hybrids. *Crop Science*, Madison, 9: 242-3, 1969.
- LEE, K.H.; JONES, R.A.; DALBY, A.; TSAI, C.Y.; Genetic regu-  
lation of storage protein synthesis in maize endosperm.  
*Biochemical Genetics*, Urbana, 14: 641-50, 1976.
- LENG, E.R. Results of long term selection for chemical  
composition in maize and their significance in evaluating

- breeding systems. In: DUDLEY, S.W., ed. *Seventy generations of selection for oil and protein in maize*. Madison, Crop Science Society of America, 1974. p.149-73.
- LONNQUIST, J.H. A modification of ear-to-row procedure for the improvement of maize populations. (*Zea mays* L.). *Crop Science*, Madison, 4: 227-8, 1964.
- LORENZONI, C.; FOGHER, C.; BERTOLINI, M.; DI FONZO, N.; GENTINETTA, E.; MAGGIORE, T.; SALAMINI, F.. On the relative merit of opaque-2, floury-2 and opaque-2 floury-2 in breeding maize for quality. *Maydica*, Bergamo, 25: 33-9, 1980.
- MA, Y. & NELSON, O.E. Amino acid composition and storage proteins in two new high-lysine mutants in maize. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 52: 412-8, 1975.
- MAGNAVACA, R.; OLIVEIRA, A.C.; MORAIS, A.R.; GAMA, E.E.G.; SANTOS, M.X. dos. Family hybrid selection for quality protein maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, Bergamo, 34: 63-71, 1989.
- MAKONNEN, D. & BAUMAN, L.F. Maturity interaction and black layer occurrence in opaque-2 and normal hybrids in maize (*Zea mays* L.). *Euphytica*, Wageningen, 25: 499-503, 1976.
- MANER, J.H. Quality protein maize in swine nutrition. In: CIMMYT-PURDUE INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON PROTEIN QUALITY IN MAIZE, El Batán, 1972. *High-quality protein maize, proceedings*. Stroudsburg, Dowden, Hutchinson and Ross, 1975. p.58-82.
- MARTINIELLO, P.; LORENZONI, C.; STANCA, A.M.; MAGGIORE, T.; GENTINETTA, E.; SALAMINI, F. Seed quality differences between normal, floury-2, and opaque-2 maize inbreds.

- Euphytica*, Wageningen, 27: 411-6, 1978.
- MERTZ, E.T.; BATES, L.S.; NELSON, O.E. Mutant gene that changes protein composition and increase lysine content of maize endosperm. *Science*, New York, 145: 279-80, 1964.
- MERTZ, E.T.; VERON, O.A.; BATES, L.S.; NELSON, O.E. Growth of rats fed on opaque-2 maize. *Science*, New York, 148: 1541-1742, 1965.
- MISRA, P.S.; JAMBANATHAN, R.; MERTZ, D.V.; GLOVER, H.M.; BARBOSA, H.M.; McWHIRTER. Endosperm synthesis in maize mutants with increases lysine content. *Science*, New York, 176: 1425-7, 1972.
- MISRA, P.S.; JAMBANATHAN, R.; MERTZ, E.T.; GLOVER, D.V.; BARBOSA, H.M.; McWHIRTER, K.S. Studies on corn proteins. VIII. Free amino acid content of opaque-2 and double mutants. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 52: 844-8, 1975.
- MISRA, P.S.; JAMBANATHAN, R.; MERTZ, E.T.; GLOVER, D.V.; BARBOSA, H.M.; McWHIRTER, K.S. Studies on corn proteins. IX. Comparison of the amino acid composition of Landry-Moreaux and Paulis-Wall endosperm fractions. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 53: 699-704, 1976a.
- MISRA, P.S.; JAMBANATHAN, R.; MERTZ, E.T.; GLOVER, D.V.; BARBOSA, H.M.; McWHIRTER, K.S. Studies on corn proteins. X. Polypeptides molecular-weight distribution in Landry-Moreaux fractions of normal and mutant endosperms. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 53: 705-11, 1976b.
- MOCK, J.J. & SCHUETZ, S.H. Inheritance of tassel branch number in maize. *Crop Science*, Madison, 14: 885-8, 1974.

- MOSSÉ, J.; BANDET, J.; LANDRY, J.; MOREAUX, T. Etude sur les proteines au maïs. II. Comparaison entre les compositions en acide amines et les proportions mutuelles des fractions proteiques de grain normaux e mutants. *Am. Physiologie Vegetale*, 8: 331-4. 1966.
- MOTTO, M. Heritability and interrelations of seed quality and agronomic traits in a modified opaque-2 synthetic variety of maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, Bergamo, 24: 193-202, 1979.
- MOTTO, M.; LORENZONI, C.; GENTINETTA, E.; MAGGIORE, T.; SALAMINI, F. Expected genetic gain for protein related traits and allocation of resources in a modified opaque-2 synthetic. *Maydica*, Bergamo, 23: 35-43, 1978.
- NELSON, D.E. Genetic modification of protein quality in plants. *Advances Agronomy*, , 21: 171-193. 1969.
- NELSON, D.E. Genetic control of polysaccharide and storage protein synthesis in the endosperms of barley, maize, and sorghum. *Advances in Cereal Science and Technology*, St. Paul, 3: 41-71, 1980.
- PAEZ, A.V. & ZUBER, M.S. Protein quality study with the endosperm corn mutant genes opaque-2 and floury-2. *Canadian Journal of Plant Sciences*, Ottawa, 53: 715-20, 1973a.
- PAEZ, A.V. & ZUBER, M.S. Inheritance of test weight components in normal, opaque-2 and floury-2 corn (*Zea mays* L.). *Crop Science*, Madison, 13: 417-9, 1973b.
- PAEZ, A.V.; HELM, J.L.; ZUBER, M.S. Lysine content of opaque-2 maize kernels having different phenotypes. *Crop Science*, Madison, 9: 251-2, 1969.

- PARK, W.D.; LEWIS, E.D.; RUBENSTEIN, I. Heterogeneity of zein mRNA and protein in maize. *Plant Physiology*, Lancaster, 66: 98-106, 1980.
- PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a brazilian population of maize (*Zea mays* L.). *Crop Science*, Madison, 7: 212-6, 1967.
- PATERNIANI, E. & VENCovsky, R. Reciprocal recurrent selection based in half-sib progenies and prolific plant in maize. *Maydica*, Bergamo, 23: 209-19, 1977.
- PAULIS, J.W.; JAMES, C.; WALL, J.S. Comparison of glutelin proteins in normal and high-lysine corn endosperms. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, Washington, 17: 1301-5, 1969.
- PENNING de VRIES, F.W.T.; BRUSTING, A.H.; VAN LAAR, H.H. Products requirements and efficiency of biosynthesis; a quantitative approach. *Journal of Theoretical Biology*, London, 45: 334-77, 1974.
- PENNY, L.H. & EBERHART, S.A. Twenty years of reciprocal recurrent selection with synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.). *Crop Science*, Madison, 11: 900-3, 1971.
- POEY, D.F. El mejoramiento integral del maiz valor nutritivo, rendimiento, hipótesis y métodos. Chapingo, Colegio de Post graduados, 1978. 206p.
- POMMER, C.V. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos para produção e qualidade protéica em duas populações de milho (*Zea mays* L.) opaco-2. Campinas, 1976. 111p. (Doutorado - "Faculdade"/UNICAMP).
- PRADILLA, A.G.; HARPSTED, D.D.; SARRIO, D.; LINARES, F.A. Quality protein maize in swine nutrition. In:



- CIMMYT-PURDUE INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON PROTEIN QUALITY IN MAIZE, El Batán, 1972. High-quality protein maize, proceedings. Stroudsburg, Dowden, Hutchinson and Ross, 1975. pp.27-37.
- ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Genotypic and Phenotypic correlations in corn and their implication in selection. *Agronomy Journal*, Madison, 43: 282-7, 1951.
- SALAMINI, F.; BORGHI, B.; LORENZONI, C. The effect of the opaque-2 gene on yield in maize. *Euphytica*, Wageningen, 19: 531-8, 1970.
- SALAMINI, F.; DI FONZO, N.; FORNASARI, E.; GENTINETTA, E.; REGGIANI, R.; SOAVE, C. Mucronate Mc, a dominant gene of maize wich interacts with opaque-2 to suppress zein synthesis. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, 65: 123-8. 1983.
- SECUNDINO, A.S.J. Production and acceptance of opaque-2 in Brazil. In: CIMMYT-PURDUE INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON PROTEIN QUALITY IN MAIZE, El Batán, 1972. High-quality protein maize; proceedings. Stroudsburg, Dowden, Hutchinson and Ross, 1975. p.268-73.
- SHAPIRO, S.S. & WILK, M.B. An analysis of variance teste for normality. *Biometrics*, Washington, D.C., 52: 591-611, 1965.
- SINGH, J. & ASNANI, V.L. Present status and future prospects of breeding for better protein quality in maize through opaque-2. In: CIMMYT-PURDUE INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON PROTEIN QUALITY IN MAIZE, El Batán, 1972. High-quality protein maize, proceedings. Stroudsburg, Dowden, Hutchinson and Ross, 1975. p.86-101.

SOAVE, C.; REGGIANI, R.; DI FONZO, N.; SALAMINI, F. Clustering of genes for 20 kd zein subunits in the short arm of maize chromosome 7. *Genetics*, Austin, 97: 363-77, 1981.

SOAVE, C.; SUMAN, N.; VIOTTI, A.; SALAMINI, F. Linkage relationships between regulatory and structural gene loci involved in zein synthesis in maize. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, 52: 263-7, 1978b.

SOAVE, C.; DOSSENA, S.; LORENZONI, C.; DI FONZO, N.; SALAMINI, F. Expressivity of the floury-2 allele at the level of zein molecular components. *Maydica*, Bergamo, 23: 145-52, 1978a.

SOAVE, C.; REGGIANI, R.; LORENZONI, C.; GENTINETTA, E.; SALAMINI, F. Expressivity of the opaque-2 gene at the level of zein molecular components. *Maydica*, Bergamo, 21: 61-75, 1976.

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

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

SOUZA Jr., C.L.; GERALDI, I.O.; ZINSLY, J.R. Influence of tassel size on the expression of prolificacy in maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, Bergamo, 30: 321-8, 1985.

SOUZA Jr., C.L. Reciprocal recurrent selection with half-sib progenies obtained alternately from non-inbroad ( $S_0$ ) and ( $S_1$ ) plants in maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, Bergamo, 32:

19-31, 1987.

SOUZA Jr., C.L. Variâncias genéticas interpopulacionais e suas relações com a obtenção e seleção de híbridos. Piracicaba, 1988. 140p. (Livre-Docência - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

SOUZA Jr., C.L. Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal. Piracicaba, FEALQ, 1989. 134p.

SPERLING, D. Agronomic aspects of producing quality protein maize. In: CIMMYT-PURDUE INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON PROTEIN QUALITY IN MAIZE, El Batán, 1972. High-quality protein maize; proceedings. Stroudsburg, Dowden, Hutchinson and Ross, 1975. p.154-65.

SPRAGUE, G.F. Corn breeding. In: \_\_\_\_\_, ed. Corn and corn improvement. New York, Academic Press, 1955. p.48-53.

SREERAMULU, C. & BAUMAN, L.F. Yield components and protein quality of opaque-2 and normal diallels of maize. Crop Science, Madison, 10: 262-5, 1970.

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

ST. MARTIN, S.K.; LOESCH, JR.; P.J.; DEMOPOLUS-RODRIGUES, J.T.; WISER, W.J. Selection indices for the improvement of opaque-2 maize. Crop Science, Madison, 22: 478-85, 1982.

SUBANDI, W.A. & COMPTON, R.E. Genetics studies in and exotic population of corn. (*Zea mays* L.) grown under two plant densities. I. Estimates of genetics parameters.

Theoretical Applied Genetics, Berlin, 44: 153-9, 1974.

TOSELLO, G.A. Comparações entre populações de milho (*Zea mays* L.) opaco e normal. Piracicaba, 1978. 80p. (Livre-Docência - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

TOSELLO, G.A. & GERALDI, I.O. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para caracteres de planta e da qualidade do grão na população de milho ESALQ - opaco. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, 14: 183-9, 1980a.

TOSELLO, G.A. & GERALDI, I.O. Correlações genéticas e fenotípicas envolvendo caracteres da planta e de qualidade do grão na população ESALQ-VD opaco de milho. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, 14: 190-3, 1980b.

TRUSWELL, A.S. & BROCK, J.F. The nutritive value of maize. *American Journal of Clinical Nutrition*, Baltimore, 10: 142-52, 1962.

TSAI, C.Y. Tissue-specific zein synthesis in maize kernel. *Biochemical Genetics*, New York, 17: 1109-19, 1979a.

TSAI, C.Y. Early termination of zein accumulation in opaque-2 maize mutant. *Maydica*, Bergamo, 24: 129-40, 1979b.

VALENTINI, G.; SOAVE, C.; OTTAVIANO, E. Chromosomal location of zein genes in *Zea mays* L. *Heredity*, Essex, 42: 33-40, 1979.

VASAL, S.K. Use of genetic modifiers to obtain normal-type kernels with the opaque-2 gene. In: CIMMYT-PURDUE INTERNATIONAL SYMPOSIUM ON PROTEIN QUALITY IN MAIZE, EI

Batán, 1972. High-quality protein maize; proceedings. Stroudsburg, Dowden, Hutchinson and Ross, 1975. p.197-215.

VASAL, S.K. Approaches and methodology in the development of QPM hybrids. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15., Brasília, 1986. Anais. Brasília, EMBRAPA/DOI, 1986. p.419-30.

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

VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR, W.E., org. Melhoramento e genética. São Paulo, Melhoramentos, 1969. p.17-38.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., ed. Melhoramento e produção do milho. Campinas, Fundação Cargill, 1987. p.137-208.

VENCOVSKY, R.; MIRANDA F<sup>o</sup>, J.B.; SOUZA Jr., C.L. Quantitative genetics and corn breeding in Brasil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., Raleigh, 1987. Proceedings. Sunderland, 1988. p.465-77.

VERDEIRO, H.; BERTOLINI, M.; GENTINETA, E.; LORENZONI, C.; MAGGIORE, T.; MOTTO, M. Recurrent selection for seed quality and agronomic traits in the D0 or maize variety. *Maydica*, Bergamo, 33(3): 201-11, 1988.

VIANA, R.T.; GOMES, E.E. & GAMA, V.; NASPOLINI F<sup>o</sup>, J.R.M. & VENCOVSKY, R. Inbreeding depression of several introduced populations of maize (*Zea mays* L.), *Maydica*, Bergamo, 27: 151-8, 1982.

- VILLEGAS, E. ; ORTEGA, E. ; BAUER, R. Métodos químicos usados en el CIMMYT para determinar la calidad de proteína de los cereales. Mexico, CIMMYT, 1982. 39p.
- VIOTTI, A. ; POGNA, N.E. ; MAROTTA, R. ; ALBERI, P. ; BALDUCCI, C. ; SOAVE, C. Genes and mRNA's coding for zein polypeptides in *Zea mays*. European Journal of Biochemistry, Heidelberg, 102: 211-22, 1979.
- WALL, J.S. & PAULIS, J.W. Corn and sorghum grain proteins. Advanced Cereal Science Technology, St. Paul, 2: 135-219, 1978.
- WEBEL, D.D. & LONNQUIST, J.H. An evaluation of the modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 7: 651-5, 1967.
- WESSEL-BEAVER, L. & LAMBERT, R.J. Genetic control of modified endosperm texture in opaque-2 maize. Crop Science, Madison, 22: 1095-8, 1982.
- WOODWORTH, C.M. ; LENG, E.R. ; JUGENHEIMER, R.W. Fifty generation of selection for protein and oil in corn. Agronomy Journal, Madison, 44: 60-5, 1952.
- WOODWORTH, C.M. ; LENG, E.R. ; JUGENHEIMER, R.W. Fifty generation of selection for protein and oil in corn. In: DUDLEY, J.W., ed. Seventy generations of selection for oil and protein in maize. Madison, Crop Science Society of America, 1974. p.121-31.
- ZIMBACK, L. Estimación de parâmetros genéticos e fenotípicos em uma variedade de milho dentado braquítico opaco (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1985. 169p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

ZORRILLA, H.L. & CRANE, P.L. Evaluation of three cycles of fullsib family selection for yield in the Colus o<sub>2</sub> variety of maize. *Crop Science*, Madison, 22: 10-2, 1982.

ZUBER, M.S. Relative efficiency of incomplete block designs corn uniformity trial data. *Agronomy Journal*, Madison, 34(1): 30-47, 1942.

A P E N D I C E



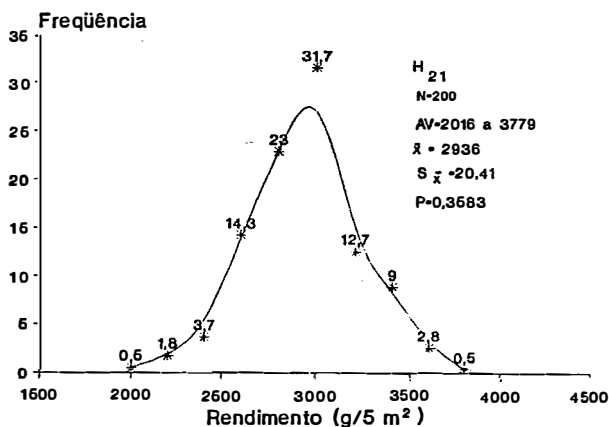
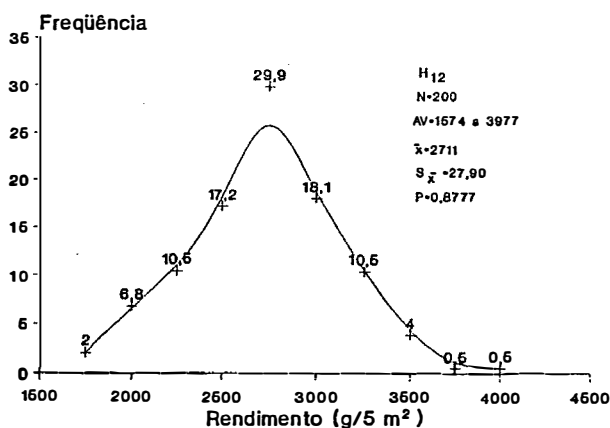
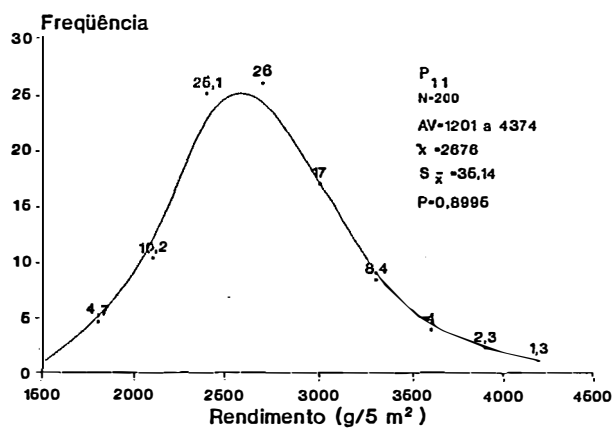


Figura 1 - Distribuição das médias para rendimento de grãos (g/5 m<sup>2</sup>), referente a população S<sub>1</sub> L-14-CIMB5 (P<sub>11</sub>), e os híbridos interpopulacionais S<sub>1</sub> L-14-CIMB5<sup>1</sup> x S<sub>2</sub> L-15-CIMB6 (H<sub>12</sub>) e S<sub>1</sub> L-15-CIMB6<sup>2</sup> x S<sub>2</sub> L-14-CIMB5 (H<sub>21</sub>), destacando-se o número de médias (N), amplitude da variação (AV), média geral (x̄) com o respectivo desvio padrão (Sx̄), e a normalidade das curvas (P). Piracicaba-SP. (Caterpillar). 1988/89.

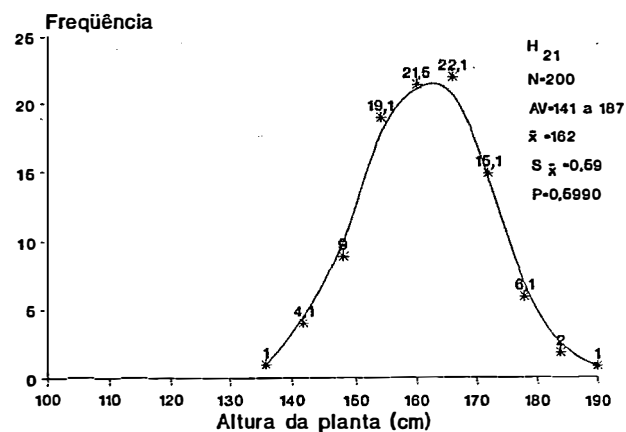
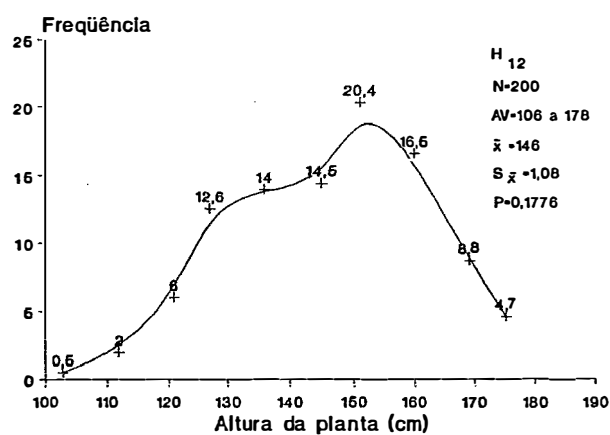
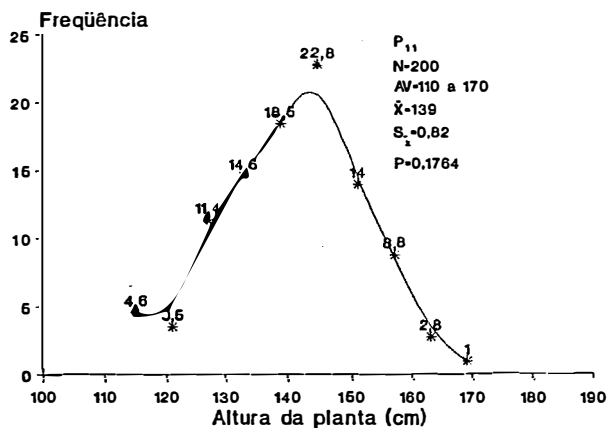


Figura 2 - Distribuição das médias de altura de planta (cm), referente a população  $S^1$  L-14-CIM65 ( $P_{11}$ ), e os híbridos interpopulacionais  $S^2$  L-14-CIM65  $\times$   $S^1$  L-15-CIM66 ( $H_{12}$ ) e  $S^1$  L-15-CIM66  $\times$   $S^2$  L-14-CIM65 ( $H_{21}$ ), destacando-se o número de médias ( $N^2$ ), amplitude da variação (AV), média geral ( $\bar{x}$ ) com respectivo desvio padrão ( $S_x$ ), e a normalidade das curvas (P). Piracicaba-SP. (Caterpillar). 1988/89.

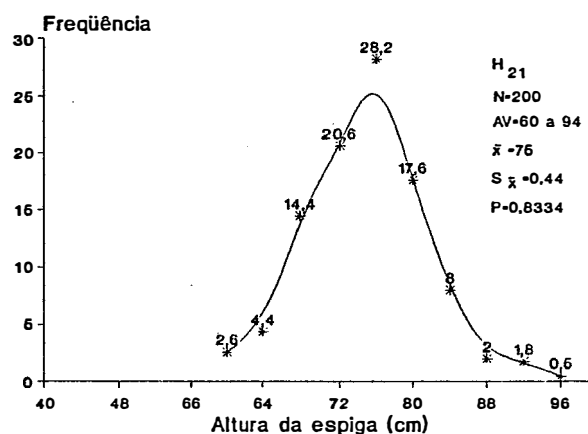
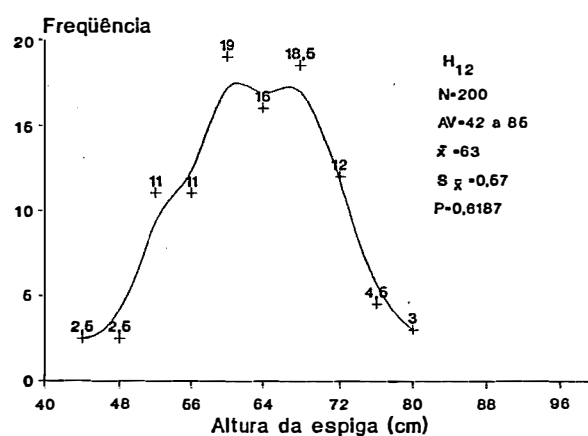
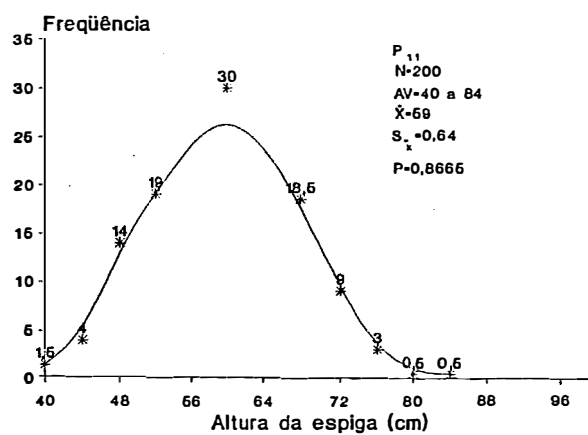


Figura 3 - Distribuição das médias de altura de espiga (cm), referente a população  $S^2$  L-14-CIM65 ( $P_{11}$ ), e os híbridos interpopulacionais  $S^2$  L-14-CIM65 x  $S^1$  L-15-CIM66 ( $H_{12}$ ) e  $S^1$  L-15-CIM66 x  $S^2$  L-14-CIM65 ( $H_{21}$ ), destacando-se<sup>12</sup> o número de médias ( $N^2$ ), amplitude da<sup>21</sup> variação (AV), média geral ( $\bar{X}$ ) com respectivo desvio padrão ( $S_x$ ), e a normalidade das curvas (P). Piracicaba-SP. (Caterpillar). 1988/89.

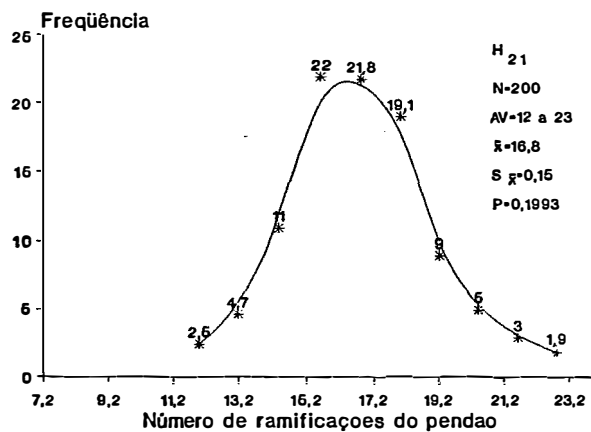
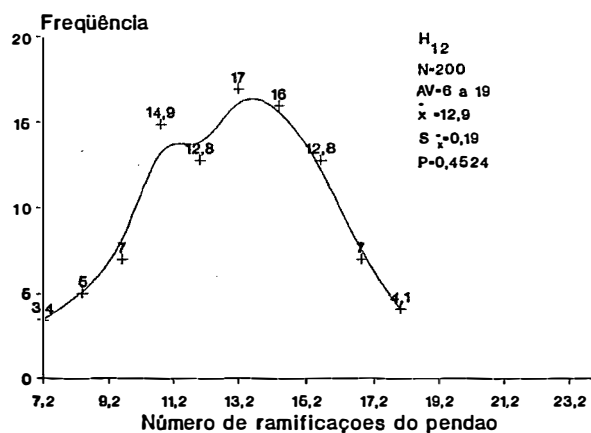
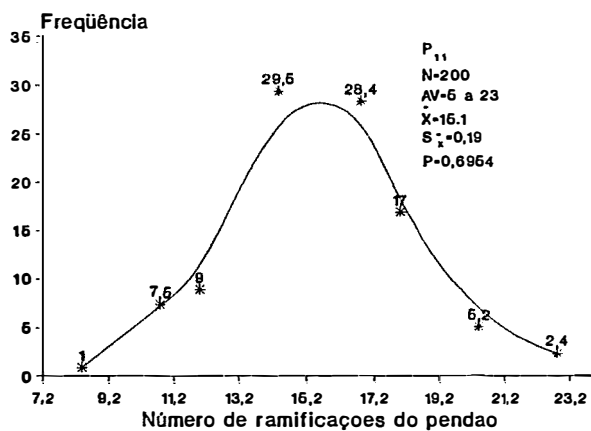


Figura 4 - Distribuição das médias para número de ramificações do pendão (nrp), referente a população S<sup>1</sup> L-14-CIM65 (P<sub>11</sub>), e os híbridos interpopulacionais S<sup>2</sup> L-14-CIM65 x S<sup>1</sup> L-15-CIM66 (H<sub>12</sub>) e S<sup>2</sup> L-15-CIM66 x S<sup>2</sup> L-14-CIM65 (H<sub>21</sub>), destacando-se o número de médias (N), amplitude da variação (AV), média geral ( $\bar{X}$ ) com respectivo desvio padrão (S), e a normalidade das curvas (P). Piracicaba-SP. (Caterpillar). 1988/89.

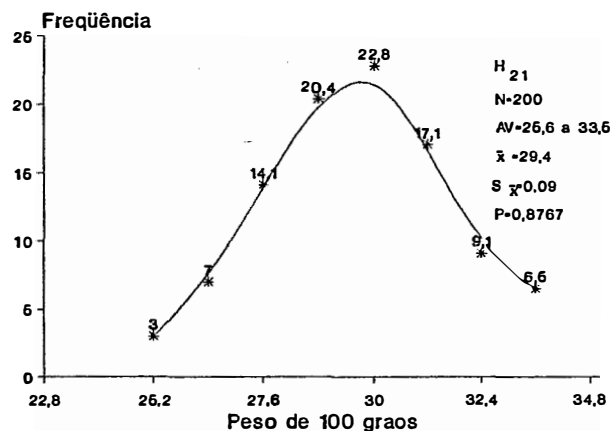
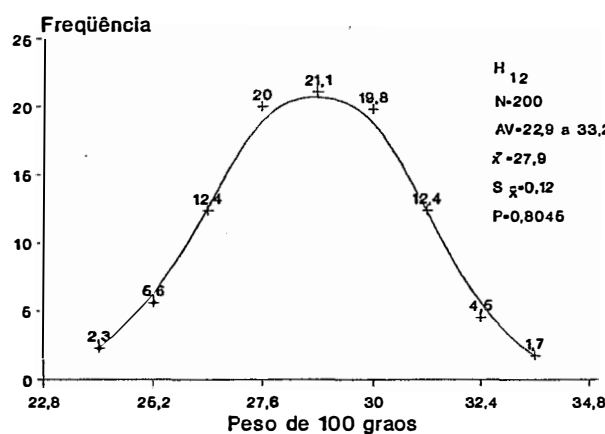
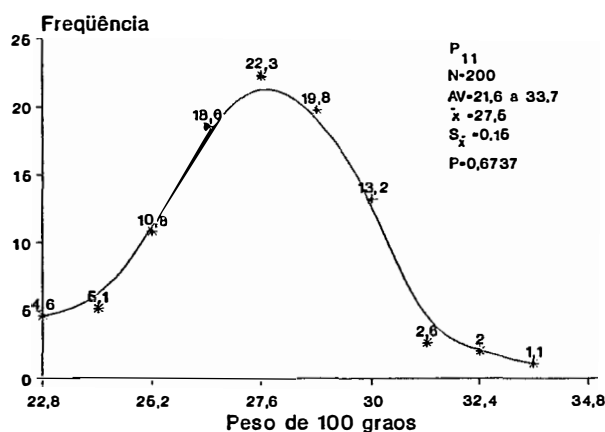


Figura 5 - Distribuição das médias para peso de 100 grãos (g), referente a população S<sup>1</sup>L-14-CIM65 (P<sub>11</sub>), e os híbridos interpopulacionais S<sup>2</sup>L-14-CIM65 x S<sup>1</sup>L-15-CIM66 (H<sub>12</sub>) e S<sup>1</sup>L-15-CIM66 x S<sup>2</sup>L-14-CIM65 (H<sub>21</sub>), destacando-se<sup>12</sup>o número de médias (N<sup>2</sup>), amplitude da<sup>21</sup>variação (AV), média geral ( $\bar{x}$ ) com respectivo desvio padrão ( $S_{\bar{x}}$ ), e a normalidade das curvas (P). Piracicaba-SP. (Caterpillar). 1988/89.

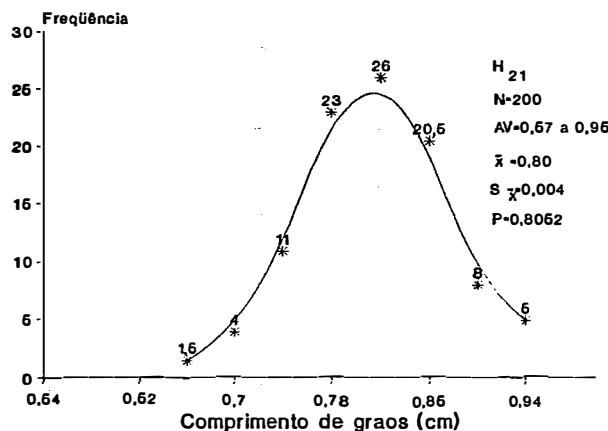
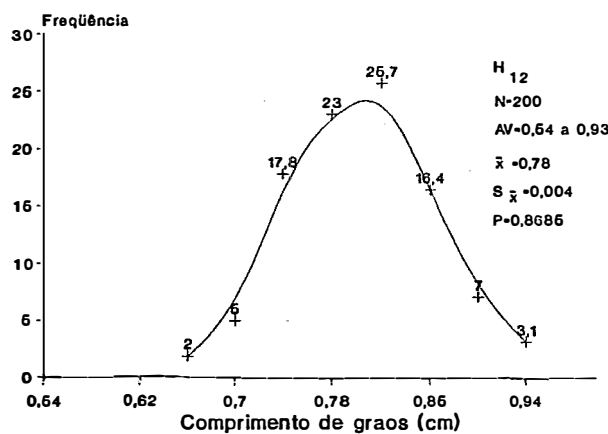
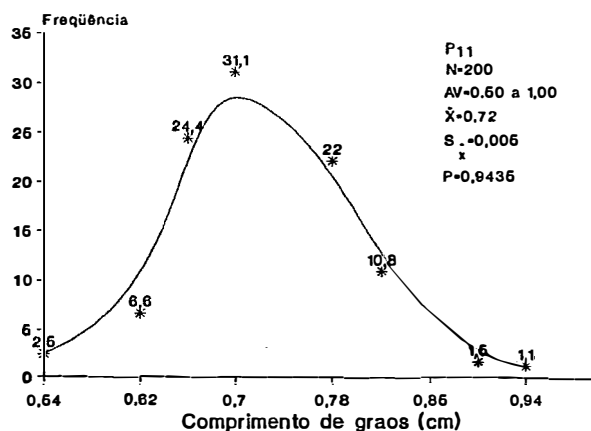


Figura 6 - Distribuição das médias para comprimento de grãos (cm), referente a população S<sup>2</sup> L-14-CIM65 (P<sub>11</sub>), e os híbridos interpopulacionais S<sup>2</sup> L-14-CIM65 x<sup>11</sup>S<sup>2</sup> L-15-CIM66 (H<sub>12</sub>) e S<sup>2</sup> L-15-CIM66 x<sup>2</sup>S<sup>2</sup> L-14-CIM65 (H<sub>21</sub>), destacando-se o número de médias (N), amplitude da variação (AV), média geral ( $\bar{x}$ ) com respectivo desvio padrão ( $S_{\bar{x}}$ ), e a normalidade das curvas (P). Piracicaba-SP. (Caterpillar). 1988/89.

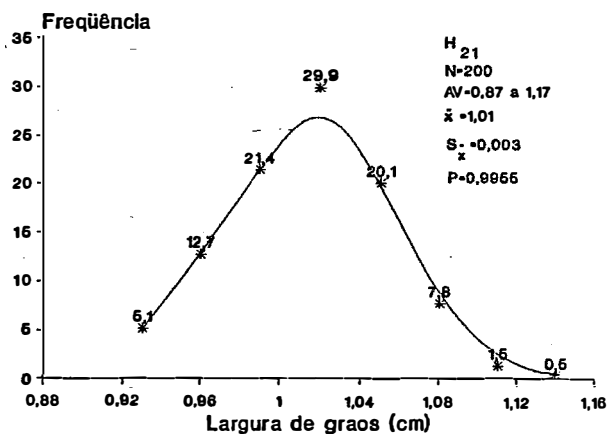
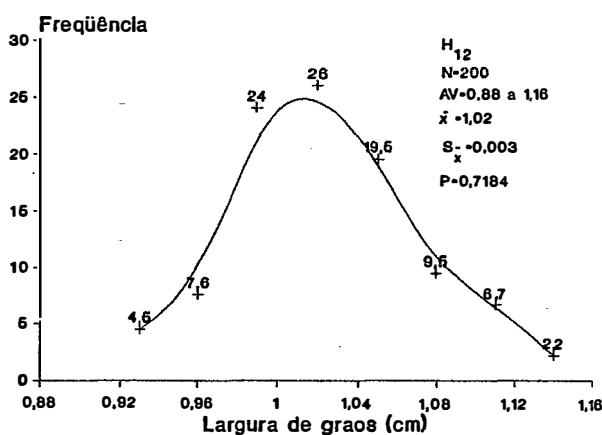
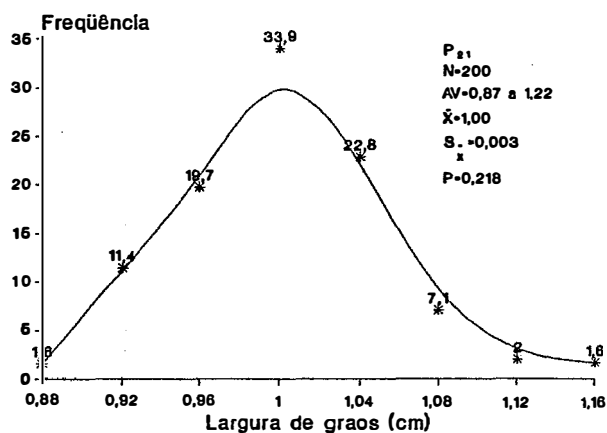


Figura 7 - Distribuição das médias para largura de grãos (cm), referente a população  $S^z$  L-14-CIM65 ( $P_{21}$ ), e os híbridos interpopulacionais  $S^z$  L-14-CIM65<sup>1</sup> x  $S^z$  L-15-CIM66 ( $H_{12}$ ) e  $S^z$  L-15-CIM66 x  $S^z$  L-14-CIM65 ( $H_{21}$ ), destacando-se o número de médias ( $N$ ), amplitude da variação ( $AV$ ), média geral ( $\bar{X}$ ) com respectivo desvio padrão ( $S_x$ ), e a normalidade das curvas ( $P$ ). Piracicaba-SP. (Câterpillar). 1988/89.

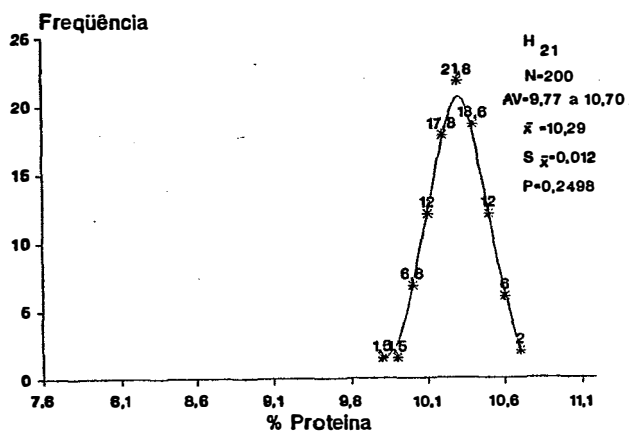
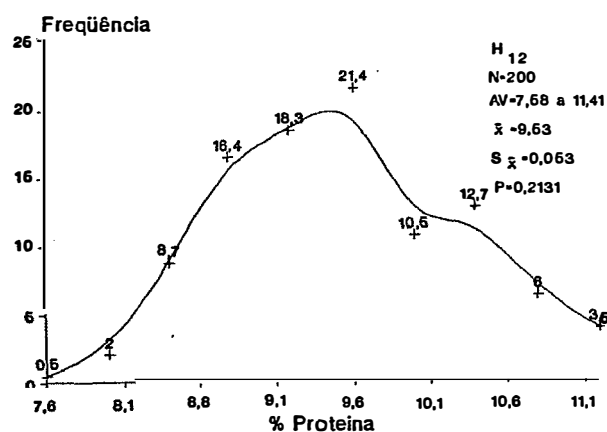
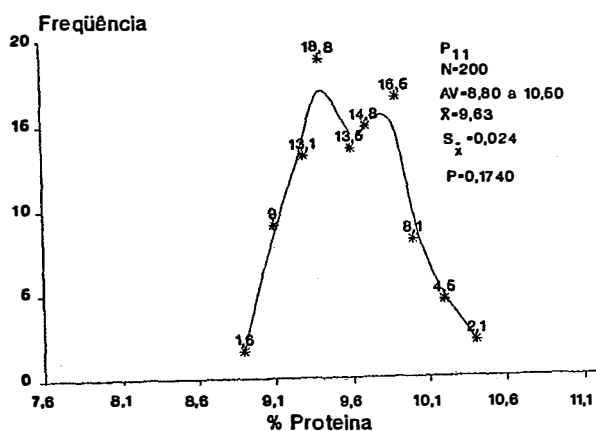


Figura 8 - Distribuição das médias para proteína (%), referente a população S<sub>1</sub> L-14-CIM65 (P<sub>11</sub>), e os híbridos interpopulacionais S<sub>2</sub> L-14-CIM65 x <sup>11</sup>S L-15-CIM66 (H<sub>12</sub>) e S<sub>2</sub> L-15-CIM66 x S<sub>1</sub> L-14-CIM65 (H<sub>21</sub>), destacando-se o número de médias ( $\bar{N}$ ), amplitude da variação (AV), média geral ( $\bar{X}$ ) com respectivo desvio padrão (S<sub>x</sub>), e a normalidade das curvas (P). Piracicaba-SP. (Caterpillar). 1988/89.



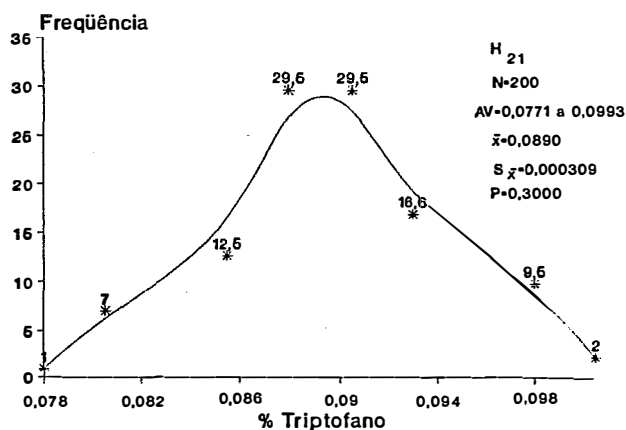
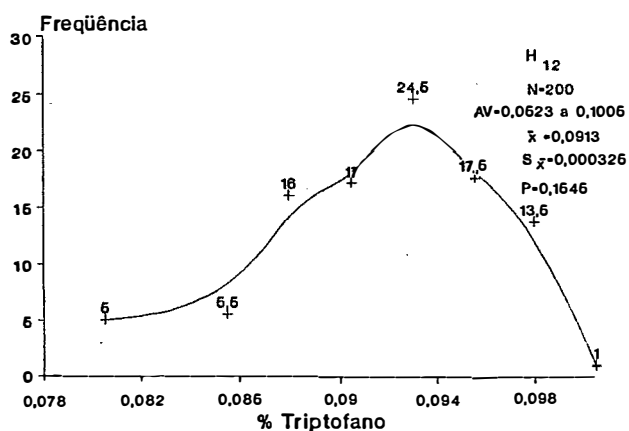
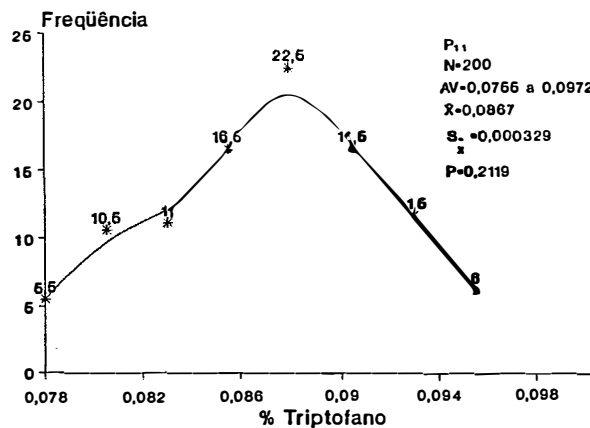


Figura 9 - Distribuição das médias para triptofano (%), referente a população  $S_1$  L-14-CIMB5 ( $P_{11}$ ), e os híbridos interpopulacionais  $S_2^2$  L-14-CIMB5 x  $S_1^1$  L-15-CIMB5 ( $H_{12}$ ) e  $S_2^2$  L-15-CIMB5 x  $S_1^1$  L-14-CIMB5 ( $H_{21}$ ), destacando-se o número de médias ( $\bar{x}$ ), amplitude da variação (AV), média geral ( $\bar{x}$ ) com respectivo desvio padrão ( $S_x$ ), e a normalidade das curvas (P). Piracicaba-SP. (Caterpillar). 1988/89.

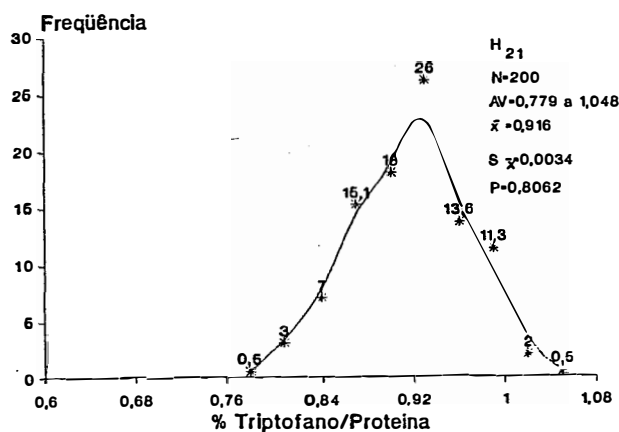
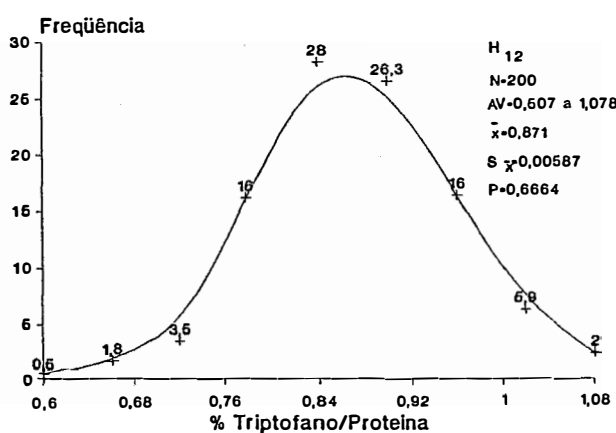
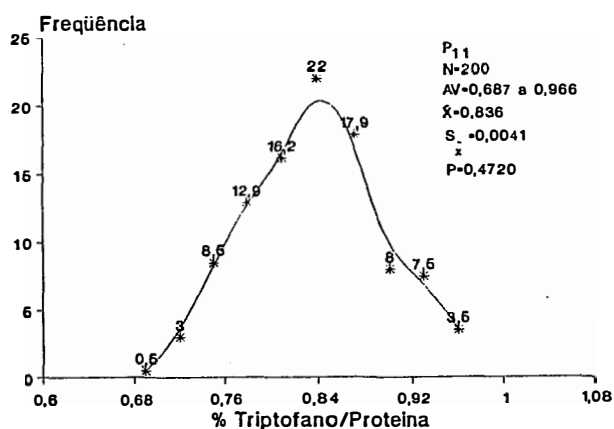


Figura 10 - Distribuição das médias para triptofano/proteína (%), referente a população S<sub>1</sub> L-14-CIM65 (P<sub>1</sub>), e os híbridos interpopulacionais S<sub>2</sub> L-14-CIM65 x S<sub>1</sub> L-15-CIM66 (H<sub>12</sub>) e S<sub>2</sub> L-15-CIM66 x S<sub>2</sub> L-14-CIM65 (H<sub>21</sub>), destacando-se o número de médias (N), amplitude<sup>21</sup> da variação (AV), média geral ( $\bar{x}$ ) com respectivo desvio padrão (S<sub>x</sub>), e a normalidade das curvas (P). Piracicaba-SP. (Caterpillar). 1988/89.

Tabela 8 - Estimativas de médias com os respectivos desvios padrões e porcentagem da média populacional dos caracteres avaliados na população S<sub>2</sub>L-14-CIM65 Flint amarelo (P<sub>11</sub>) e os híbridos interpopulacionais S<sub>2</sub>L-15-CIM66 Dent amarelo x S<sub>2</sub>L-15-CIM66 Dent amarelo (H<sub>12</sub>), e S<sub>2</sub>L-15-CIM66 Dent amarelo x S<sub>2</sub>L-14-CIM65 Flint amarelo (H<sub>21</sub>), e testemunhas, Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

CARACTERES	UNIDADES	P <sub>11</sub>			H <sub>12</sub>			H <sub>21</sub>			TA <sup>(c)</sup>		TB <sup>(c)</sup>	
		X	S	%	X	S	%	X	S	%	X	X	X	X
1. Rendimento <sup>(a)</sup>	g/planta	107,03	11,20	10,47	108,43	10,20	9,41	117,53	10,58	9,01	130,31	128,52		
2. Altura da planta <sup>(b)</sup>	cm/planta	140,00	6,94	4,96	146,00	5,04	3,45	152,00	5,49	3,39	171,00	176,00		
3. Altura da espiga	cm/planta	80,00	4,94	6,23	83,00	4,06	6,44	75,00	4,25	5,68	91,00	88,00		
4. N.º de ramificações/pendão	nr/pendão	15,32	1,57	10,25	12,91	1,40	10,84	16,82	1,73	10,31	19,50	16,00		
5. Peso 100 grãos	gramas	27,50	1,04	3,79	27,93	1,10	3,92	29,36	0,89	3,03	33,69	32,03		
6. Comprimento de grãos	cm/grão	0,72	0,024	3,33	0,79	0,020	2,53	0,80	0,021	2,62				
7. Largura de grãos	cm/grão	1,02	0,013	1,26	1,00	0,015	1,53	1,01	0,013	1,30				
8. % de proteína	%	9,62	0,19	1,98	9,47	0,52	5,50	10,29	0,16	1,53	11,89	9,58		
9. % de triptofano	%	0,0867	0,0041	4,78	0,0913	0,0036	3,93	0,0890	0,0043	4,88	0,0592	0,065		
10. % de trip/proteína	%	0,836	0,0043	5,21	0,871	0,051	7,03	0,916	0,470	5,10	0,704	0,823		

(a) Estimativa obtida com base em toda a parcela (25 plantas).

(b) Estimativas obtidas a partir de amostras de tamanho k=5 plantas dentro das parcelas.

(c) Testemunhas: Cargill 115 (TA) e Agroceres 303 (TB) respectivamente.

Tabela 9 - Valores e significâncias dos quadrados médios<sup>(a)</sup> da análise conjunta ao nível de média de parcelas, população S<sub>2</sub> L-14-CIM65 Flint amarelo (P<sub>11</sub>), Piracicaba, SP, 1988/89.

CARACTERES	QM PROGÊNIES <sup>(d)</sup>	QM RESÍDUO	% EFICIÊNCIA LÁTICE	% C. V. <sup>(b)</sup>
1. Rendimento <sup>(c)</sup>	1.398,0941**	409,98824	147,13	18,91
2. Altura da planta	440,74754**	158,20022	121,54	8,98
3. Altura da espiga	190,13403**	86,14487	112,62	15,46
4. N <sup>o</sup> de ramificações/pendão	27,498419**	8,169069	137,06	18,65
5. Peso 100 grãos	15,517105**	3,563269	137,25	6,86
6. Comprimento de grãos	7,52589x10 <sup>-2</sup> **	3,581136x10 <sup>-2</sup>	120,14	13,14
7. Largura de grãos	1,045941x10 <sup>-2</sup> **	2,497452x10 <sup>-3</sup>	150,03	4,89
8. % de proteína	0,237080**	0,11979665	125,10	3,59
9. % de triptofano	7,0968x10 <sup>-5</sup> *	5,61144x10 <sup>-5</sup>	103,50	8,64
10. % de trip/proteína	8,1340x10 <sup>-3</sup> *	6,16280x10 <sup>-3</sup>	115,33	9,39

(a) Análise considerando o delineamento em látice.

(b) Coeficiente de variação experimental.

(c) Transformado em (g/planta)<sup>2</sup>.

(d) Graus de Liberdade (GL) em do QM dentro; para todos os caracteres temos: GL de progênies = 99, y GL de erro = 198.

\* e \*\* Significativos aos níveis de 5% e 1% de probabilidade respectivamente.

Tabela 10 - Valores e significâncias dos quadrados médios<sup>(a)</sup> da análises conjunta ao nível de média de parcelas, no híbrido interpopulacional S<sub>2</sub> L-14-CIM65 Flint amarelo x S<sub>2</sub> L-15-CIM66 Dentamarelo (H<sub>12</sub>), Piracicaba, SP, 1988/89.

CARACTERES	QM PROGENIES <sup>(d)</sup>	QM RESÍDUO	% EFICIÊNCIA LÁTICE	% C. V. <sup>(b)</sup>
1. Rendimento <sup>(c)</sup>	793,1513**	343,4901	125,82	17,09
2. Altura da planta	384,7257**	84,35672	198,49	6,29
3. Altura da espiga	196,0997**	54,65483	144,84	11,73
4. N <sup>o</sup> de ramificações/pendão	20,634538**	6,461482	150,65	19,68
5. Peso 100 grãos	10,555045**	3,612121	130,06	6,80
6. Comprimento de grãos	5,3663x10 <sup>-2</sup> **	2,4981x10 <sup>-2</sup>	126,36	10,06
7. Largura de grãos	7,7077x10 <sup>-2</sup> **	3,5452x10 <sup>-3</sup>	115,76	5,95
8. % de proteína	1,2137x10 <sup>-5</sup> *	0,894657	134,25	9,98
9. % de triptofano	7,2137x10 <sup>-5</sup> *	4,1911x10 <sup>-5</sup>	114,40	7,09
10. % de trip/proteína	2,2779x10 <sup>-2</sup> **	1,22819x10 <sup>-2</sup>	120,95	12,72

(a) Análise considerando o delineamento em látice.

(b) Coeficiente de variação experimental.

(c) Transformado em (g/planta)<sup>2</sup>.

(d) Graus de Liberdade (GL) em do QM dentro; para todos os caracteres temos: GL de progênes = 99, y GL de erro = 198.

\* e \*\* Significativos aos níveis de 5% e 1% de probabilidade respectivamente.

Tabela 11 - Valores e significâncias dos quadrados médios<sup>(a)</sup> da análise conjunta ao nível de média de parcelas, no híbrido interpopulacional S<sub>2</sub> L-15-CIM66 Dent amarelo x S<sub>2</sub> L-14-CIM65 Flint amarelo (H<sub>21</sub>), Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

CARACTERES	QM PROGÊNIES <sup>(d)</sup>	QM RESÍDUO	% EFICIÊNCIA LÁTICE	% C. V. <sup>(b)</sup> <sub>e</sub>
1. Rendimento <sup>(c)</sup>	442,9991*	361,0705	109,50	16,16
2. Altura da planta	237,1917**	106,3273	115,37	6,36
3. Altura da espiga	130,74055**	59,36071	113,51	10,26
4. N <sup>o</sup> de ramificações/pendão	15,51327**	9,656608	109,23	18,47
5. Peso 100 grãos	6,856612**	2,620663	125,32	5,51
6. Comprimento de grãos	5,212013x10 <sup>-2</sup> **	2,826429x10 <sup>-2</sup>	115,63	10,57
7. Largura de grãos	6,384652x10 <sup>-3</sup> **	2,598499x10 <sup>-3</sup>	126,37	5,04
8. % de proteína	0,102239**	0,076834	111,33	2,69
9. % de triptofano	6,08890x10 <sup>-5</sup> *	5,8953x10 <sup>-5</sup>	116,55	8,62
10. % de trip/proteína	7,38245x10 <sup>-3</sup> *	6,92302x10 <sup>-3</sup>	103,60	9,01

(a) Análise considerando o delineamento em látice.

(b) Coeficiente de variação experimental.

(c) Transformado em (g/planta)<sup>2</sup>.

(d) Graus de Liberdade (GL) em do QM dentro; para todos os caracteres temos: GL de progênies = 99, y GL de erro = 198.

\* e \*\* Significativos aos níveis de 5% e 1% de probabilidade respectivamente.

Tabela 12 - Estimativas de variâncias genéticas, ambientais e fenotípicas, com o respectivo desvio padrão dos caracteres obtidos na análise conjunta ao nível de média de parcelas, da população S<sub>2</sub> L-14-CIMB5 Flint amarelo.

CARACTERES	$\hat{\sigma}_p^2$ (a)	$\hat{\sigma}_e^2$ (b)	$\hat{\sigma}_f^2$ (c)
1. Rendimento	329,383+87,205(20,40%)*	409,988+44,082(10,75%)	486,031
2. Altura da planta	94,182+21,437(22,76%)	158,20+17,009(10,75%)	148,919
3. Altura da espiga	34,863+9,437(27,22%)	86,144+9,262(10,75%)	63,377
4. N <sup>o</sup> de ramificações/pendão	8,443118+1,322(20,52%)	1,8747+0,915(48,81%)	9,1470
5. Peso 100 grãos	3,984612+0,738(18,54%)	0,423018+0,404(95,55%)	8,44142
6. Comprimento de grãos	1,3149x10 <sup>-2</sup> +3,755x10 <sup>-3</sup> (28,98%)	3,581x10 <sup>-2</sup> +3,85x10 <sup>-3</sup> (10,75%)	2,5086x10 <sup>-2</sup>
7. Largura de grãos	2,65333x10 <sup>-3</sup> +4,987x10 <sup>-4</sup> (18,79%)	2,497x10 <sup>-3</sup> +2,886x10 <sup>-4</sup> (10,75%)	3,4878x10 <sup>-3</sup>
8. % de proteína	3,909x10 <sup>-2</sup> +1,192x10 <sup>-2</sup> (30,49%)	1,1979x10 <sup>-2</sup> +1,288x10 <sup>-2</sup> (10,75%)	7,897x10 <sup>-2</sup>
9. % de triptofano	4,9413x10 <sup>-6</sup> +3,889x10 <sup>-6</sup> (78,71%)	5,814x10 <sup>-5</sup> +8,036x10 <sup>-6</sup> (10,75%)	2,3655x10 <sup>-5</sup>
10. % de trip/proteína	8,5708x10 <sup>-6</sup> +4,4086x10 <sup>-6</sup> (57,09%)	8,182x10 <sup>-5</sup> +8,826x10 <sup>-6</sup> (10,75%)	2,7049x10 <sup>-5</sup>

(a)  $\hat{\sigma}_p^2$  = Estimativa da variância genética entre progênies;

(b)  $\hat{\sigma}_e^2$  = Estimativa da variância ambiental entre parcelas;

(c)  $\hat{\sigma}_f^2$  = Estimativa da variância fenotípica.

\* Valores dentro dos parênteses se referem ao percentual do desvio padrão em relação a estimativa.

Tabela 13 - Estimativas de variâncias genéticas, ambientais e fenotípicas, com o respectivo desvio padrão dos caracteres obtidos na análise conjunta ao nível de média de parcelas do híbrido interpopulacional S<sub>2</sub> L-14-CIMB5 Flint amarelo (H<sub>12</sub>), Piracicaba, SP.

CARACTERES	$\hat{\sigma}_p^2(a)$	$\hat{\sigma}_e^2(b)$	$\hat{\sigma}_A^2(c)$	$\hat{\sigma}_f^2(d)$
1. Rendimento	149,987±39,187(26,14%) <sup>6</sup>	343,490±36,932(10,75%)	399,898±104,900(26,14%)	294,387
2. Altura da planta	100,122±19,297(19,27%)	94,368±9,070(10,75%)	266,994±48,743(18,27%)	128,2419
3. Altura da espiga	47,148±9,404(19,94%)	54,654±9,876(10,75%)	125,728±28,078(19,94%)	65,3668
4. N.º de ramificações/pendão	4,724±35±0,0995(21,06%)	1,644±7±0 <sup>-1</sup> ±0,740(450,31%)	12,598±27±2,653(21,06%)	7,4284
5. Peso 100 grãos	2,31430±0,511(22,11%)	5,39979±10 <sup>-1</sup> ±0,407(63,80%)	6,17148±1,364(22,11%)	5,4382
6. Comprimento de grãos	9,58056±10 <sup>-3</sup> ±2,871±10 <sup>-3</sup> (27,94%)	2,49815±10 <sup>-2</sup> ±2,686±10 <sup>-2</sup> (10,75%)	2,54948±10 <sup>-2</sup> ±7,124±10 <sup>-2</sup> (27,94%)	1,787±10 <sup>-2</sup>
7. Largura de grãos	1,38711±10 <sup>-3</sup> ±3,832±10 <sup>-4</sup> (27,61%)	3,54452±10 <sup>-3</sup> ±3,811±10 <sup>-4</sup> (10,75%)	3,700±10 <sup>-3</sup> ±1,021±10 <sup>-3</sup> (27,61%)	2,5688±10 <sup>-3</sup>
8. % de proteína	3,44993±10 <sup>-1</sup> ±9,601±10 <sup>-2</sup> (27,83%)	8,9465±10 <sup>-1</sup> ±9,619±10 <sup>-2</sup> (10,75%)	9,19818±10 <sup>-1</sup> ±2,56±10 <sup>-1</sup> (27,83%)	0,64324
9. % de triplofano	1,0075±10 <sup>-2</sup> ±3,702±10 <sup>-2</sup> (36,74%)	4,191±10 <sup>-2</sup> ±4,508±10 <sup>-2</sup> (10,75%)	2,6887±10 <sup>-2</sup> ±9,872±10 <sup>-2</sup> (36,74%)	2,4049±10 <sup>-2</sup>
10. % de trip/proteína	3,4990±10 <sup>-3</sup> ±1,155±10 <sup>-3</sup> (33,02%)	1,228±10 <sup>-2</sup> ±1,320±10 <sup>-2</sup> (10,75%)	9,3307±10 <sup>-3</sup> ±3,081±10 <sup>-3</sup> (33,02%)	7,5930±10 <sup>-3</sup>

(a)  $\hat{\sigma}_p^2$  = Estimativa da variância genética entre progênesis;

(b)  $\hat{\sigma}_e^2$  = Estimativa da variância ambiental entre parcelas;

(c)  $\hat{\sigma}_A^2$  = Estimativa da variância genética aditiva;

(d)  $\hat{\sigma}_f^2$  = Estimativa da variância fenotípica;

\* Valores dentro dos parênteses se referem ao percentual do desvio padrão em relação a estimativa.



Tabela 14 - Estimativas de variâncias genéticas, ambientais e fenotípicas, com o respectivo desvio padrão dos caracteres obtidos na análise conjunta ao nível de média de parcelas, do híbrido interpopulacional S<sub>2</sub> L-15-CIM66 Dent amarelo x L-14-CIM65 Flint amarelo (CH<sub>24</sub>), Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

CARACTERES	$\hat{\sigma}_P^2(a)$	$\hat{\sigma}_A^2(b)$	$\hat{\sigma}_E^2(c)$	$\hat{\sigma}_F^2(d)$
1. Rendimento	27,306±24,479x10 <sup>-3</sup>	361,070±38,822x10,7590	72,825±05,279x10,6390	147,0633
2. Altura da planta	43,021±11,790x26,9690	109,327±11,432x10,7590	119,323±31,390x26,9690	79,06389
3. Altura da espiga	23,793±6,491x27,2690	59,360±6,362x10,7590	63,448±17,308x27,2690	43,59011
4. N° de ramificações/pendão	1,6522±0,908x41,2790	4,14420±1,082x25,6390	5,20582±2,148x41,2790	5,16118
5. Peso 100 grãos	1,41198±0,335x23,7290	6,6182±0,711x10,7590	3,76529±0,893x23,7290	2,28953
6. Comprimento de grãos	7,95194±0,712,646x10-3x39,2790	2,82642±0,713,038x10 <sup>-3</sup> x10,7590	2,12051±0,717,058x10 <sup>-3</sup> x39,2790	1,73733x10 <sup>-3</sup>
7. Largura de grãos	1,26203±0,713,136x10-4x24,8590	2,59694±0,712,793x10 <sup>-4</sup> x10,7590	3,36546±0,718,363x10 <sup>-4</sup> x24,8590	2,12621x10 <sup>-3</sup>
8. % de proteína	8,46864±0,715,590x10-3x55,3090	7,683±0,718,261x10 <sup>-3</sup> x10,7590	2,28830±0,711,474x10 <sup>-3</sup> x55,3090	3,40793x10 <sup>-3</sup>
9. % de triptofano	6,4533x10 <sup>-3</sup> ±3,582x10-8x550,5190	5,895±0,716,338x10 <sup>-6</sup> x10,7590	1,7208±0,719,473x10 <sup>-6</sup> x550,5190	2,02983x10 <sup>-3</sup>
10. % de trip/proteína	1,6847x10 <sup>-4</sup> ±4,239x10-4x227,3390	6,823±0,717,336x10 <sup>-6</sup> x10,7590	4,9727x10 <sup>-6</sup> ±1,130x10 <sup>-3</sup> x227,3390	2,46081x10 <sup>-3</sup>

(a)  $\hat{\sigma}_P^2$  = Estimativa da variância genética entre progênies;

(b)  $\hat{\sigma}_E^2$  = Estimativa da variância ambiental entre parcelas;

(c)  $\hat{\sigma}_A^2$  = Estimativa da variância genética aditiva;

(d)  $\hat{\sigma}_F^2$  = Estimativa da variância fenotípica;

\* Valores dentro dos parênteses se referem ao percentual do desvio padrão em relação a estimativa.

Tabela 15 - Estimativas de coeficientes de herdabilidade, coeficientes de variação genética e experimental e coeficiente b, relativas a dez caracteres da população S<sub>2</sub> L-14 CIM65 Flint amarelo (P<sub>11</sub>), Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

CARACTERES	$h_m^2$	$CV_g$	$CV_e$	b
1. Rendimento	70,67	18,15	18,91	0,95
2. Altura da planta	64,10	6,93	8,98	0,77
3. Altura da espiga	54,69	9,81	15,46	0,63
4. Nº de ramificações/pendão	70,43	16,56	18,65	0,89
5. Peso 100 grãos	61,85	7,25	6,86	1,06
6. Comprimento de grãos	50,84	7,96	13,14	0,60
7. Largura de grãos	76,13	5,05	4,89	1,03
8. % de proteína	49,50	2,05	3,59	0,57
9. % de triptofano	20,88	2,56	8,64	0,27
10. % de trip/proteína	24,29	3,06	9,39	0,32

$h_m^2$ : herdabilidade no sentido restrito, ao nível de médias, em porcentagem.  
 $CV_m^2$ : coeficiente de variação genética, em porcentagem.  
 $CV_e^g$ : coeficiente de variação experimental, em porcentagem.  
b: relações  $CV_g / CV_e$ .

Tabela 16 - Estimativas de coeficientes de herdabilidade, coeficientes de variação genética e experimental e coeficiente b, relativas a dez caracteres da população S<sub>2</sub> L-14 CIM65 Flint amarelo x S<sub>2</sub> L-15 CIM66 Dent amarelo (H<sub>12</sub>), Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

CARACTERES	$h_m^2$	CV <sub>g</sub>	CV <sub>e</sub>	b
1. Rendimento	56,69	11,29	17,09	0,66
2. Altura da planta	78,07	6,85	6,29	1,09
3. Altura da espiga	72,12	10,89	11,73	0,93
4. Nº de ramificações/pendão	63,61	16,83	19,68	0,85
5. Peso 100 grãos	42,55	5,44	6,80	0,80
6. Comprimento de grãos	53,44	6,22	10,06	0,62
7. Largura de grãos	54,00	3,72	5,95	0,62
8. % de proteína	53,63	6,20	9,98	0,62
9. % de triptofano	41,90	3,47	7,09	0,49
10. % de trip/proteína	46,08	6,79	12,72	0,53

$h_m^2$ : herdabilidade no sentido restrito, ao nível de médias, em porcentagem.

CV<sup>m</sup>: coeficiente de variação genética, em porcentagem.

CV<sup>g</sup>: coeficiente de variação experimental, em porcentagem.

b: relações  $CV_g / CV_e$ .

Tabela 17 - Estimativas de coeficientes de herdabilidade, coeficientes de variação genética e experimental e coeficiente b, relativas a dez caracteres da população  $S_2$  L-15 CIM66 Dent amarelo x  $S_2$  L-14 CIM65 Flint amarelo ( $H_{21}$ ), Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

CARACTERES	$h_m^2$	$CV_g$	$CV_e$	b
1. Rendimento	18,49	4,44	16,18	0,27
2. Altura da planta	55,17	4,07	6,36	0,64
3. Altura da espiga	54,59	6,50	10,26	0,63
4. Nº de ramificações/pendão	37,82	8,30	18,47	0,45
5. Peso 100 grãos	61,77	4,04	5,51	0,73
6. Comprimento de grãos	45,77	5,60	10,57	0,53
7. Largura de grãos	59,30	3,51	5,04	0,69
8. % de proteína	24,84	0,89	2,69	0,33
9. % de triptofano	3,17	0,90	8,62	0,10
10. % de trip/proteína	7,57	1,49	9,01	0,16

$h_m^2$ : herdabilidade no sentido restrito, ao nível de médias, em porcentagem.

$CV_m$ : coeficiente de variação genética, em porcentagem.

$CV_g$ : coeficiente de variação experimental, em porcentagem.

b: relações  $CV_g / CV_e$ .

Tabela 18 - Ganhos genéticos esperados por ciclo de seleção, em porcentagem das médias de dez caracteres da população  $S_2$  L-14 CIM65 Flint amarelo ( $P_{11}$ ) quando aplicada a intensidade de 10% de seleção entre progênies. Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

CARACTERES	GANHO <sup>(a)</sup>	% DA MÉDIA
1. Rendimento	26,85 g/planta	25,08
2. Altura da planta	13,67 cm/planta	9,76
3. Altura da espiga	7,66 cm/planta	12,76
4. Nº de ramificações/pendão	3,75 nr/pendão	24,47
5. Peso 100 grãos	2,76 gramas/100 grãos	10,03
6. Comprimento de grãos	0,14 cm/grãos	9,72
7. Largura de grãos	0,08 cm/grãos	7,84
8. % de proteína	0,24 %	2,49
9. % de triptofano	$1,78 \times 10^{-3}$ %	2,05
10. % de trip/proteína	0,022 %	2,63

<sup>(a)</sup> Seleção intrapopulacional.

Tabela 19 - Ganhos genéticos esperados por ciclo de seleção, em porcentagem das médias de dez caracteres da população  $S_2$  L-14-CIM65 Flint x  $S_2$  L-15-CIM66 Dent amarelo ( $H_{12}$ ) quando aplicada a intensidade de 10% de seleção entre progênies. Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

CARACTERES	GANHO <sup>(a)</sup>	% DA MÉDIA
1. Rendimento	16,22 g/planta	14,96
2. Altura da planta	15,56 cm/planta	10,65
3. Altura da espiga	10,26 cm/planta	16,29
4. Nº de ramificações/pendão	3,04 nr/pendão	23,62
5. Peso 100 grãos	1,74 gramas/100 grãos	6,25
6. Comprimento de grãos	0,12 cm/grãos	8,01
7. Largura de grãos	0,05 cm/grãos	4,81
8. % de proteína	0,76 %	7,99
9. % de triptofano	$3,61 \times 10^{-3}$ %	3,95
10. % de trip/proteína	0,07 %	8,11

<sup>(a)</sup> Seleção intrapopulacional.

Tabela 20 - Ganhos genéticos esperados por ciclo de seleção, em porcentagem das médias de dez caracteres da população  $S_2$  L-15-CIM66 Dent x  $S_2$  L-14-CIM65 Flint amarelo ( $H_{21}$ ) quando aplicada a intensidade de 10% de seleção entre progênies. Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

CARACTERES	GANHO <sup>(a)</sup>	% DA MÉDIA
1. Rendimento	3,95 g/planta	3,36
2. Altura da planta	8,63 cm/planta	5,32
3. Altura da espiga	6,34 cm/planta	8,45
4. Nº de ramificações/pendão	1,51 nr/pendão	8,98
5. Peso 100 grãos	1,64 gramas/100 grãos	5,59
6. Comprimento de grãos	0,11 cm/grãos	6,67
7. Largura de grãos	0,05 cm/grãos	4,76
8. % de proteína	0,08 %	0,78
9. % de triptofano	$2,52 \times 10^{-4}$ %	0,28
10. % de trip/proteína	$6,61 \times 10^{-3}$ %	0,72

(a) Seleção intrapopulacional.

Tabela 21 - Ganhos genéticos esperados por ano e por ciclo de seleção recorrente recíproca, em porcentagem das médias de dez caracteres relativos as populações S<sub>2</sub> L-14-CIM65 Flint amarelo (H<sub>1</sub>) e S<sub>2</sub> L-15-CIM66 Dent amarelo (H<sub>2</sub>) quando aplicada a intensidades de 10% de seleção entre progênies. Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

CARACTERES	GANHO POR CICLO <sup>(a)</sup>	% DA MÉDIA
1. Rendimento	20,17 g/planta	17,85
2. Altura da planta	24,19 cm/planta	15,97
3. Altura da espiga	16,60 cm/planta	24,74
4. Nº de ramificações/pendão	4,56 nr/pendão	32,60
5. Peso 100 grãos	3,38 gramas/100 grãos	11,79
6. Comprimento de grãos	0,23 cm/grãos	14,68
7. Largura de grãos	0,09 cm/grãos	8,85
8. % de proteína	0,83 %	8,77
9. % de triptofano	3,86 x 10 <sup>-3</sup> %	4,23
10. % de trip/proteína	0,14 %	8,46

CARACTERES	GANHO ANUAL POR CICLO MÍNIMO <sup>(b)</sup>	% DA MÉDIA
1. Rendimento	6,72 g/planta	5,95
2. Altura da planta	8,06 cm/planta	5,32
3. Altura da espiga	5,53 cm/planta	8,01
4. Nº de ramificações/pendão	1,52 nr/pendão	10,86
5. Peso 100 grãos	1,12 gramas/100 grãos	3,93
6. Comprimento de grãos	0,08 cm/grãos	4,89
7. Largura de grãos	0,03 cm/grãos	2,95
8. % de proteína	0,28 %	2,92
9. % de triptofano	1,28 x 10 <sup>-3</sup> %	1,41
10. % de trip/proteína	0,05 %	2,82

CARACTERES	GANHO ANUAL POR CICLO NORMAL <sup>(c)</sup>	% DA MÉDIA
1. Rendimento	4,03 g/planta	3,57
2. Altura da planta	4,83 cm/planta	3,19
3. Altura da espiga	3,32 cm/planta	4,81
4. Nº de ramificações/pendão	0,91 nr/pendão	6,52
5. Peso 100 grãos	0,67 gramas/100 grãos	2,35
6. Comprimento de grãos	0,05 cm/grãos	2,93
7. Largura de grãos	0,02 cm/grãos	1,77
8. % de proteína	0,17 %	1,75
9. % de triptofano	7,72 x 10 <sup>-4</sup> %	0,85
10. % de trip/proteína	0,03 %	1,69

(a) Seleção interpopulacional.

(b) Ciclo de 3 anos, considerando estação de inverno e verão.

(c) Ciclo de 5 anos, considerando uma estação por ano.



Tabela 22 - Estimativas de covariâncias genéticas, ambientais e fenotípicas entre os caracteres rendimento (R), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de ramificações do pendão (NRP), peso de 100 grãos ( $P_{100}$ ) e proteína (P) da população  $S_2$  L-14-CIM65 Flint amarelo ( $P_{11}$ ). Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

		AP	AE	NRP	$P_{100}$	P
R	$\widehat{COV}_P$	133,152	30,452	17,9166	25,986	-0,2868
	$\widehat{COV}_e$	70,472	66,192	12,955	4,237	0,7976
	$\widehat{COV}_F$	156,642	52,516	22,2349	27,3983	-0,02093
AP	$\widehat{COV}_P$		46,452	6,6735	7,090	-0,05369
	$\widehat{COV}_e$		37,990	3,847	2,1370	0,4250
	$\widehat{COV}_F$		59,115	7,9758	7,8023	1,0879
AE	$\widehat{COV}_P$			2,929	3,6079	-0,0023269
	$\widehat{COV}_e$			2,585	1,530	0,8680
	$\widehat{COV}_F$			3,7906	4,1178	0,2870
NRP	$\widehat{COV}_P$				2,1333	-0,016166
	$\widehat{COV}_e$				-0,606	-0,160
	$\widehat{COV}_F$				1,9333	-0,06949
$P_{100}$	$\widehat{COV}_P$					-0,006705
	$\widehat{COV}_e$					0,1926
	$\widehat{COV}_F$					0,05749

$\widehat{COV}_P$  = covariância genética entre progênies;

$\widehat{COV}_e$  = covariância do error ambiental entre parcelas;

$\widehat{COV}_F$  = covariância fenotípica entre médias de progênies.

Tabela 23 - Estimativas de covariâncias genéticas, ambientais e fenotípicas entre os caracteres rendimento (R), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de ramificações do pendão (NRP), peso de 100 grãos (P100) e proteína (P) do híbrido interpopulacional  $S_2$  L-14-CIM65 Flint amarelo x  $S_2$  L-15-CIM65 Dent amarelo ( $H_{12}$ ). Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

		AP	AE	NRP	P100	P
R	COV <sub>P</sub>	74,756	40,789	11,764	15,553	0,57665
	COV <sub>e</sub>	32,893	31,672	9,134	6,358	0,51604
	COV <sub>A</sub>	199,349	108,499	31,294	41,372	1,5339
	COV <sub>F</sub>	85,7203	51,276	14,808	17,672	0,74861
AP	COV <sub>P</sub>		59,649	14,303	7,950	0,7187
	COV <sub>e</sub>		46,4130	1,115	2,13	0,9279
	COV <sub>A</sub>		158,667	38,046	21,149	1,9118
	COV <sub>F</sub>		75,120	14,674	8,660	1,0286
AE	COV <sub>P</sub>			8,857	4,105	-0,6549
	COV <sub>e</sub>			1,540	1,130	0,3737
	COV <sub>A</sub>			23,5610	10,919	-1,7421
	COV <sub>F</sub>			9,3703	4,4816	-0,5303
NRP	COV <sub>P</sub>				1,193	-0,1727
	COV <sub>e</sub>				0,707	0,02595
	COV <sub>A</sub>				3,174	-0,4595
	COV <sub>F</sub>				1,4286	-0,16405
P100	COV <sub>P</sub>					-0,21407
	COV <sub>e</sub>					0,3482
	COV <sub>A</sub>					-0,56944
	COV <sub>F</sub>					0,098003

COV<sub>P</sub> = covariância genética entre progênies;

COV<sub>e</sub> = covariância do error ambiental entre parcelas;

COV<sub>A</sub> = covariância genética aditiva entre progênies;

COV<sub>F</sub> = covariância fenotípica entre média de progênies.

Tabela 24 - Estimativas de covariâncias genéticas, ambientais e fenotípicas entre os caracteres rendimento (R), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de ramificações do pendão (NRP), peso de 100 grãos (P100) e proteína (P) do híbrido interpopulacional  $S_2$  L-15-CIM66 Dent amarelo x  $S_2$  L-14-CIM65 Flint amarelo ( $H_{21}$ ). Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

		AP	AE	NRP	P100	P
R	COV <sub>P</sub>	14,7033	10,034	-3,7373	3,4533	0,02507
	COV <sub>e</sub>	74,505	44,410	25,202	8,625	0,3866
	COV <sub>A</sub>	39,1178	126,6904	-9,94122	9,18578	0,06618
	COV <sub>F</sub>	39,5383	24,8373	4,66336	6,2083	0,1539
AP	COV <sub>P</sub>		25,0173	0,94166	2,3616	-0,10526
	COV <sub>e</sub>		63,685	13,070	1,270	0,0291
	COV <sub>A</sub>		66,5460	2,5048	6,2818	-0,2799
	COV <sub>F</sub>		46,2456	5,29832	2,78493	-0,09556
AE	COV <sub>P</sub>			1,7966	0,3733	0,023616
	COV <sub>e</sub>			6,675	1,350	0,0159
	COV <sub>A</sub>			4,7789	0,99297	0,062818
	COV <sub>F</sub>			4,0216	0,8223	0,022891
NRP	COV <sub>P</sub>				0,2973	0,0041933
	COV <sub>e</sub>				0,135	0,0159
	COV <sub>A</sub>				0,79082	0,0111542
	COV <sub>F</sub>				0,3423	0,0094933
P100	COV <sub>P</sub>					0,016383
	COV <sub>e</sub>					0,0216
	COV <sub>A</sub>					0,043578
	COV <sub>F</sub>					0,023583

COV<sub>P</sub> = covariância genética entre progênies;

COV<sub>e</sub> = covariância do error ambiental entre parcelas;

COV<sub>A</sub> = covariância genética aditiva entre progênies;

COV<sub>F</sub> = covariância fenotípica entre média de progênies.

Tabela 25 - Estimativas de covariâncias genéticas, ambientais e fenotípicas entre os caracteres rendimento (R), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de ramificações do pendão (NRP), peso de 100 grãos (P100) e proteína (P) e triptofano na proteína (T/P) entre a população  $S_2$  L-14-CIM65 Flint amarelo  $P_{(11)}$  e o híbrido interpopulacional  $S_2$  L-14-CIM65 Flint amarelo x  $S_2$  L-15-CIM66 Dent amarelo ( $H_{12}$ ). Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

		AP	AE	NRP	P100	T/P
		HÍBRIDO ( $H_{12}$ )				
R	COV <sub>P</sub>	6,66056	3,0314	-1,10773	0,06770	-0,000430783
	COV <sub>e</sub>	29,2085	-3,3915	0,5135	-0,248875	0,00027918
	COV <sub>F</sub>	16,3967	1,9009	-0,936563	-0,15258	-0,00033772
AP	COV <sub>P</sub>	5,86266	3,11933	0,1051	0,0189583	-0,00173506
	COV <sub>e</sub>	-3,6005	-1,7930	-0,5105	0,047125	0,0008918
	COV <sub>F</sub>	4,66259	2,52166	-0,06506	0,034666	-0,00143824
AE	COV <sub>P</sub>	7,2710	0,9185	1,23933	0,0119083	0,010882
	COV <sub>e</sub>	-1,3405	-0,8355	-0,4355	0,032125	-0,0021081
	COV <sub>F</sub>	6,82416	0,640	1,094163	0,0226166	0,003855
NRP	COV <sub>P</sub>	0,28142	0,3448	0,099133	-0,0146833	0,00038721
	COV <sub>e</sub>	-0,34998	-0,2048	0,1427	0,000825	-0,00053813
	COV <sub>F</sub>	0,16476	0,27593	0,14669	-0,014408	0,00020783
P100	COV <sub>P</sub>	0,002047	0,00625	-0,000541633	0,0010666	0,000779126
	COV <sub>e</sub>	-0,003476	0,001486	-0,001014	0,003390	0,00003888
	COV <sub>F</sub>	0,000888	0,0021203	-0,00087963	0,0021966	0,000792088
POPULAÇÃO ( $P_{11}$ )						

COV<sub>P</sub> = covariância genética entre progênies;

COV<sub>e</sub> = covariância do error ambiental entre parcelas;

COV<sub>F</sub> = covariância fenotípica entre média de progênies.

Tabela 26 - Estimativas de coeficientes de correlação genética e fenotípica entre os caracteres rendimento (R), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de ramificações do pendão (NRP), peso de 100 grãos (P100) e proteína (P) da população  $S_2$  L-14-CIM65 Flint amarelo (P<sub>11</sub>). Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

		AP	AE	NRP	P100	P
R	$r_G$	0,756	0,285	0,389	0,717	-0,080
	$r_F$	0,598	0,305	0,340	0,500	0,033
AP	$r_G$		0,813	0,271	0,366	-0,028
	$r_F$		0,612	0,217	0,257	-0,025
AE	$r_G$			0,196	0,307	-0,002
	$r_F$			0,157	0,203	0,128
NRP	$r_G$				0,421	-0,032
	$r_F$				0,303	-0,082
P100	$r_G$					-0,017
	$r_F$					0,057

$r_G$  = coeficiente de correlação genética aditiva;

$r_F$  = coeficiente de correlação fenotípica.

Tabela 27 - Estimativas de coeficientes de correlação genética e fenotípica entre os caracteres rendimento (R), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de ramificações do pendão (NRP), peso de 100 grãos (P100) e proteína (P) ao nível de médias de progênies do híbrido interpopulacional  $S_2$  L-14-CIM65 Flint amarelo x  $S_2$  L-15-CIM66 Dent amarelo ( $H_{12}$ ). Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

		AP	AE	NRP	P100	P
R	$r_A$	0,610	0,484	0,441	0,833	0,080
	$r_F$	0,465	0,390	0,334	0,466	0,057
AP	$r_A$		0,866	0,656	0,521	0,121
	$r_F$		0,820	0,475	0,327	0,113
AE	$r_A$			0,592	0,392	-0,162
	$r_F$			0,425	0,237	-0,081
NRP	$r_A$				0,360	-0,135
	$r_F$				0,224	-0,075
P100	$r_A$					-0,239
	$r_F$					0,052

$r_A$  = coeficiente de correlação genética aditiva;  
 $r_F$  = coeficiente de correlação fenotípica.

Tabela 28 - Estimativas de coeficientes de correlação genética e fenotípica entre os caracteres rendimento (R), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de ramificações do pendão (NRP), peso de 100 grãos (P100) e proteína (P) ao nível de médias de progênies do híbrido interpopulacional  $S_2$  L-15-CIM66 Dent amarelo x  $S_2$  L-14-CIM65 Flint amarelo ( $H_{21}$ ). Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

		AP	AE	NRP	P100	P
R	$r_A$	0,429	0,392	-0,510	0,555	0,052
	$r_F$	0,365	0,309	0,168	0,337	0,067
AP	$r_A$		0,775	0,101	0,300	-0,172
	$r_F$		0,770	0,262	0,207	-0,057
AE	$r_A$			0,263	0,064	0,052
	$r_F$			0,403	0,082	0,023
NRP	$r_A$				0,178	0,032
	$r_F$				0,099	0,022
P100	$r_A$					0,149
	$r_F$					0,083

$r_A$  = coeficiente de correlação genética aditiva;

$r_F$  = coeficiente de correlação fenotípica.

Tabela 29 - Estimativas para seleção recorrente recíproca de coeficientes de correlação genética e fenotípica entre os caracteres rendimento (R), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de ramificações do pendão (NRP), peso de 100 grãos (P100) e proteína (P) ao nível de médias de progênies dos híbridos interpopulacional  $S_2$  L-14-CIM65 Flint amarelo x  $S_2$  L-15-CIM66 Dent amarelo ( $H_{12}$ ) e  $S_2$  L-15-CIM66 Dent amarelo x  $S_2$  L-14-CIM65 Flint amarelo ( $H_{12}$ ). Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

		AP	AE	NRP	P100	P
R	$r_A$	0,519	0,437	-0,034	0,594	0,066
	$r_F$	0,415	0,349	0,251	0,401	0,062
AP	$r_A$		0,820	0,378	0,410	-0,025
	$r_F$		0,795	0,373	0,267	-0,028
AE	$r_A$			0,427	0,228	-0,055
	$r_F$			0,414	0,159	-0,029
NRP	$r_A$				0,269	-0,051
	$r_F$				0,153	-0,026
P100	$r_A$					-0,045
	$r_F$					0,014

$r$  = coeficiente de correlação genética aditiva;

$r_F$  = coeficiente de correlação fenotípica.



Tabela 30 - Estimativas de covariâncias genéticas, ambientais e fenotípicas entre os caracteres rendimento (R), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de ramificações do pendão (NRP), peso de 100 grãos (P100) e proteína (P) e triptofano na proteína (T/P) entre a população  $S_2$  L-14-CIM65 Flint amarelo  $P_{11}$  e o híbrido interpopulacional  $S_2$  L-14-CIM65 Flint amarelo x  $S_2$  L-15-CIM66 Dent amarelo ( $H_{12}$ ). Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

		HÍBRIDO ( $H_{12}$ )				
R	$r_G$	0,029	0,076	-0,040	0,006	-0,004
	$r_F$	0,046	0,038	-0,022	-0,015	-0,003
NRP	$r_G$	0,186	0,565	-0,027	0,012	-0,011
	$r_F$	0,079	0,305	-0,009	0,045	-0,010
P100	$r_G$	0,297	0,212	0,408	0,010	0,092
	$r_F$	0,135	0,090	0,184	0,034	0,031
P	$r_G$	0,391	0,792	0,111	-0,126	0,025
	$r_F$	0,095	0,360	0,024	-0,063	0,008
T/P	$r_G$	0,065	0,292	-0,013	0,071	0,514
	$r_F$	0,047	0,149	-0,007	0,052	0,174
		POPULAÇÃO ( $P_{11}$ )				

$r_G$  = coeficiente de correlação genética entre médias de progênies;

$r_F$  = coeficiente de correlação fenotípica ao nível de parcelas.

Tabela 31 - Estimativas das respostas correlacionadas com a seleção para os caracteres rendimento (R), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de ramificações do pendão (NRP), peso de 100 grãos (P100) e proteína (P) em porcentagem da média da população S<sub>2</sub> L-14-CIMES Flint amarelo (P<sub>11</sub>), quando aplicada a intensidade de 10% de seleção entre progênies. Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

RC <sub>y/x</sub>	VALOR	% DE MÉDIA	RC <sub>y/x</sub>	VALOR	% DE MÉDIA
RC <sub>R/AP</sub>	19,33 cm	18,06	RC <sub>P100/AP</sub>	4,91 g	3,74
RC <sub>AP/R</sub>	10,85 g/planta	7,75	RC <sub>AP/P</sub>	-0,596%	-0,42
RC <sub>R/AE</sub>	6,73 cm	11,28	RC <sub>P/AP</sub>	-7,79x10 <sup>-3</sup> cm	-0,08
RC <sub>R/AE</sub>	2,48 g/planta	2,31	RC <sub>AE/NRP</sub>	1,70 cm	2,84
RC <sub>R/NRP</sub>	3,96 nr/pendão	3,69	RC <sub>NRP/AE</sub>	0,64 nr/pendão	4,22
RC <sub>NRP/R</sub>	0,29 g/planta	1,89	RC <sub>AE/P</sub>	2,50 g	4,16
RC <sub>R/P100</sub>	18,02 g/100 grãos	16,83	RC <sub>P100/AE</sub>	0,79 cm	2,90
RC <sub>P100/R</sub>	2,11 g/planta	7,70	RC <sub>AE/P</sub>	-0,025%	-0,04
RC <sub>R/P</sub>	-1,79%	-1,68	RC <sub>P/AE</sub>	-5,14x10 <sup>-4</sup> cm	5,34x10 <sup>-4</sup>
RC <sub>P/R</sub>	-0,02 g/planta	-0,24	RC <sub>NRP/P</sub>	1,47 g	5,37
RC <sub>AP/AE</sub>	10,26 cm	7,33	RC <sub>P100/NRP</sub>	1,24 nr/pendão	8,10
RC <sub>AE/AP</sub>	6,74 cm	11,24	RC <sub>NRP/P</sub>	-9,40x10 <sup>-4</sup> nr/pendão	-0,59
RC <sub>AP/NRP</sub>	3,88 nr/pendão	2,77	RC <sub>P/NRP</sub>	-1,79x10 <sup>-2</sup> cm	-9,77x10 <sup>-3</sup>
RC <sub>NRP/AP</sub>	0,96 cm	6,71	RC <sub>P100/P</sub>	-7,45x10 <sup>-2</sup> %	-0,27
RC <sub>AP/P100</sub>	1,02 cm	3,51	RC <sub>P/P100</sub>	-4,64x10 <sup>-3</sup> g	-0,048

RC<sub>y/x</sub> = Progresso esperado no caráter Y quando a seleção é praticada em X.

Tabela 32 - Estimativas das respostas correlacionadas com a seleção para os caracteres rendimento (R), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de ramificações do pendão (NRP), peso de 100 grãos (P100) e proteína (P) em porcentagem da média do híbrido interpopulacional S<sub>2</sub> L-14-CIM65 Flint amarelo x S<sub>2</sub> L-15-CIM66 Dent amarelo (H<sub>12</sub>), quando aplicada a intensidade de 10% de seleção entre progênies. Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

RC <sub>y/x</sub>	VALOR	% DE MÉDIA	RC <sub>y/x</sub>	VALOR	% DE MÉDIA
RC <sub>R/AP</sub>	11,61 cm	7,95	RC <sub>P</sub>	5,99 g/100 grãos	4,42
RC <sub>AP/R</sub>	8,09 g/planta	10,71	RC <sub>AP/P</sub>	1,57%	1,08
RC <sub>R/AE</sub>	8,87 cm	8,18	RC <sub>P/AP</sub>	0,11 cm	1,17
RC <sub>R/AE</sub>	4,41 g/planta	7,00	RC <sub>AE/NRP</sub>	5,72 cm	9,07
RC <sub>R/NRP</sub>	7,59 nr/pendão	7,00	RC <sub>NRP/AE</sub>	1,92 nr/pendão	14,73
RC <sub>NRP/R</sub>	1,27 g/planta	9,86	RC <sub>AE/P</sub>	3,09 g/100 grãos	4,91
RC <sub>R/P100</sub>	11,73 g/100 grãos	10,82	RC <sub>P100/AE</sub>	0,89 cm	3,19
RC <sub>P100/R</sub>	1,68 g/planta	6,02	RC <sub>AE/P100</sub>	-1,43 cm	-2,28
RC <sub>R/P100</sub>	1,26%	1,16	RC <sub>P/AE</sub>	-0,14%	-1,50
RC <sub>P/R</sub>	6,24x10 <sup>-2</sup> g/planta	0,65	RC <sub>NRP/P100</sub>	0,90 g/100 grãos	6,97
RC <sub>AP/AE</sub>	12,98 cm	8,89	RC <sub>P100/NRP</sub>	0,77 nr/pendão	2,75
RC <sub>AE/AP</sub>	9,27 cm	14,71	RC <sub>NRP/P</sub>	-0,37%	-2,93
RC <sub>AP/NRP</sub>	9,23 nr/pendão	6,32	RC <sub>P/NRP</sub>	-0,11 nr/pendão	-1,17
RC <sub>NRP/AP</sub>	2,22 cm	17,21	RC <sub>P100/P</sub>	0,46%	-1,68
RC <sub>AP/P100</sub>	1,23 cm	4,10	RC <sub>P/P100</sub>	-0,16 g/100 grãos	-1,70

RC<sub>y/x</sub> = Progresso esperado no caráter Y quando a seleção é praticada em X.

Tabela 33 - Estimativas das respostas correlacionadas com a seleção para os caracteres rendimento (R), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de ramificações do pendão (NRP), pesode 100 grãos (P100) e proteína (P) em porcentagem da média do híbrido interpopulacional  $S_2$  L-15-CIM66 Dent amarelo x  $S_2$  L-14-CIM65 Flint amarelo ( $H_{21}$ ), quando aplicada aintensidade de 10% de seleção entre progênies. Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

$RC_{Y/X}$	VALOR	% DE MÉDIA	$RC_{Y/X}$	VALOR	% DE MÉDIA
$RC_{R/AP}$	2,91 cm	2,47	$RC_{P100/AP}$	2,74 g/100 grãos	1,59
$RC_{AP/R}$	2,12 g/planta	1,31	$RC_{AP/P}$	-1,00%	-0,62
$RC_{R/AE}$	2,67 cm	2,27	$RC_{P/AP}$	$-2,08 \times 10^{-2}$ cm	-0,20
$RC_{R/AE}$	1,45 g/planta	1,93	$RC_{AE/NRP}$	1,39 nr/pendão	1,85
$RC_{R/NRP}$	-2,89 nr/pendão	-2,45	$RC_{NRP/AE}$	0,47 cm	2,84
$RC_{NRP/R}$	-0,54 g/planta	-3,21	$RC_{AE/P100}$	0,43 g/100 grãos	0,58
$RC_{R/P100}$	4,01 g/100 grãos	3,42	$RC_{P100/AE}$	$9,95 \times 10^{-2}$ cm	0,33
$RC_{P100/R}$	0,49 g/planta	1,70	$RC_{AE/P100}$	0,22%	0,30
$RC_{R/P}$	0,23%	0,20	$RC_{P/AE}$	$6,29 \times 10^{-3}$ cm	0,06
$RC_{P/R}$	$3,63 \times 10^{-3}$ g/planta	0,03	$RC_{NRP/P100}$	0,34 g/100 grãos	2,05
$RC_{AP/AE}$	6,66 cm	4,11	$RC_{P100/NRP}$	0,23 nr/pendão	0,78
$RC_{AE/AP}$	4,95 cm	6,60	$RC_{NRP/P}$	$3,99 \times 10^{-2}$ %	0,38
$RC_{AP/NRP}$	0,72 nr/pendão	0,45	$RC_{P/NRP}$	3,24 nr/pendão	0,03
$RC_{NRP/AP}$	0,18 cm	1,10	$RC_{P100/P}$	0,15%	0,53
$RC_{AP/P100}$	0,46 cm	1,69	$RC_{P/P100}$	$1,90 \times 10^{-2}$ g/100 grãos	0,18

$RC_{Y/X}$  = Progresso esperado no caráter Y quando a seleção é praticada em X.

Tabela 34 - Estimativas das respostas correlacionadas com a seleção recorrente recíproca para os caracteres rendimento (R), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), número de ramificações do pendão (NRP); peso de 100 grãos (P100) e proteína (P) em porcentagem das médias dos híbridos interpopulacionais relativas a populações S<sub>2</sub> L-14-CIM68 Flint amarelo e S<sub>2</sub> L-15-CIM66 Dent amarelo, quando aplicada a intensidade de 10% de seleção entre progênies. Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

RC <sub>y/x</sub>	VALOR	% DE MÉDIA	RC <sub>y/x</sub>	VALOR	% DE MÉDIA
RC <sub>R/AP</sub>	14,52 g/planta	10,42	RC <sub>P100/AP</sub>	1,89 g/100 grãos	6,01
RC <sub>AP/R</sub>	10,21 cm	12,02	RC <sub>AP/P</sub>	0,57 cm	0,46
RC <sub>R/AE</sub>	11,54 g/planta	10,45	RC <sub>P/AP</sub>	8,92 x 10 <sup>-2</sup> %	0,97
RC <sub>R/AE</sub>	5,86 cm	8,93	RC <sub>AE/NRP</sub>	7,11 cm	10,92
RC <sub>R/NRP</sub>	4,70 g/planta	4,55	RC <sub>NRP/AE</sub>	2,39 nr/pendão	17,77
RC <sub>NRP/R</sub>	0,73 nr/pendão	6,65	RC <sub>AE/P100</sub>	3,52 cm	5,49
RC <sub>R/P100</sub>	15,74 g/planta	14,24	RC <sub>P100/AE</sub>	-0,13 g/100 grãos	3,52
RC <sub>P100/R</sub>	2,17 g/100 grãos	7,72	RC <sub>AE/P100</sub>	3,52 cm	1,98
RC <sub>R/P</sub>	1,49 g/planta	1,36	RC <sub>P/AE</sub>	1,00%	-1,44
RC <sub>P/R</sub>	6,60x10 <sup>-2</sup>	0,68	RC <sub>NRP/P100</sub>	0,10 nr/pendão	9,02
RC <sub>AP/AE</sub>	19,64 cm	13,00	RC <sub>P100/NRP</sub>	-0,10 g/100 grãos	3,53
RC <sub>AE/AP</sub>	14,22 cm	21,31	RC <sub>NRP/P</sub>	1,24 nr/pendão	-7,55
RC <sub>AP/NRP</sub>	9,95 cm	6,77	RC <sub>P/NRP</sub>	-0,10%	-1,14
RC <sub>NRP/AP</sub>	2,40 nr/pendão	18,31	RC <sub>P100/P</sub>	-0,31 g/100 grãos	-1,15
RC <sub>AP/P100</sub>	8,73 cm	5,79	RC <sub>P/P100</sub>	-0,14%	-1,52

RC<sub>y/x</sub> = Progresso esperado no caráter Y quando a seleção é praticada em X.

Tabela 35 - Estimativas das respostas correlacionadas com a seleção na população e resposta no híbrido interpopulacional para os caracteres rendimento (R), número de ramificações do pendão (NRP), peso de 100 grãos (P100), proteína (P) e triptofano/proteína (TP) em porcentagem das médias do híbrido interpopulacional relativas a população  $S_2$  L-14-CIM65 Flint amarelo ( $P_{11}$ ) e o híbrido interpopulacional  $S_2$  L-14-CIM65 Flint amarelo x  $S_2$  L-15-CIM66 Dent amarelo ( $H_{2112}$ ) quando aplicada a intensidade de 10% de seleção entre progênies. Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

$RC_{Y/X}$	VALOR	% DE MÉDIA
$RC_{R/R}$	0,54 g/planta	0,50
$RC_{NRP/R}$	0,24 nr/pendão	1,91
$RC_{P100/R}$	$0,03 \times 10^{-2}$ g/100 grãos	-0,32
$RC_{P/R}$	$5,51 \times 10^{-3}$	0,058
$RC_{TP/P}$	$-8,70 \times 10^{-4}$ %	-0,099
$RC_{NRP/NRP}$	1,81 nr/pendão	14,06
$RC_{P100/NRP}$	$6,11 \times 10^{-2}$ g/100 grãos	0,22
$RC_{P/NRP}$	$1,10 \times 10^{-2}$ %	0,11
$RC_{TP/NRP}$	$1,009 \times 10^{-3}$ %	-0,11
$RC_{P100/P100}$	0,85 g/100 grãos	3,07
$RC_{P/P100}$	$8,25 \times 10^{-3}$	0,08
$RC_{TP/P100}$	$7,54 \times 10^{-3}$ %	0,86
$RC_{R/P}$	$-9,19 \times 10^{-2}$ %	-0,97
$RC_{P/TP}$	$6,81 \times 10^{-4}$ %	0,078
$RC_{TP/TP}$	2,63%	3,02

$RC_{Y/X}$  = Progresso esperado no caráter Y quando a seleção é praticada em X.

Tabela 36 - Estimativas das respostas correlacionadas com a seleção no híbrido interpopulacional e resposta para os caracteres rendimento (R), número de ramificações do pendão (NRP), peso de 100 grãos (P100), proteína (P) e triptofano/proteína (TP) em porcentagem das médias da população relativas a híbrido interpopulacional  $S_2$  L-14-CIM65 Flint amarelo x  $S_2$  L-14-CIM66 Dent amarelo ( $H_{12}$ ) quando aplicada a intensidade de 10% de seleção entre progênies. Piracicaba, SP, (Caterpillar) 1988/89.

$RC_{Y/X}$	VALOR	% DE MÉDIA
$RC_{R/R}$	0,72 g/planta	0,67
$RC_{NRP/R}$	0,63 nr/pendão	4,14
$RC_{P100/R}$	0,78 g/100 grãos	2,86
$RC_{P/R}$	0,030%	0,31
$RC_{TP/P}$	$2,21 \times 10^{-4}$ %	0,026
$RC_{NRP/NRP}$	2,01 nr/pendão	13,15
$RC_{P100/NRP}$	2,72 g/100 grãos	2,15
$RC_{P/NRP}$	0,22 %	2,31
$RC_{TP/NRP}$	$4,03 \times 10^{-3}$ %	0,48
$RC_{P100/P100}$	0,93 g/100 grãos	3,40
$RC_{P/P100}$	$7,48 \times 10^{-2}$	0,77
$RC_{TP/P100}$	$-4,08 \times 10^{-4}$ %	-0,048
$RC_{R/P}$	$-3,22 \times 10^{-2}$ %	-0,33
$RC_{P/TP}$	$2,34 \times 10^{-3}$ %	0,27
$RC_{TP/TP}$	$1,57 \times 10^{-1}$	1,88

$RC_{Y/X}$  = Progresso esperado no caráter Y quando a seleção é praticada em X.