

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS  
EM DUAS POPULAÇÕES DE MILHO (*Zea mays* L.) OPACO

FRANCISCO BERILO FAÇANHA MAMEDE  
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.

PIRACICABA  
Estado de São Paulo - Brasil  
Dezembro - 1991

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

Mamede, Francisco Berilo Façanha

M264e Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em duas  
populações de milho (Zea mays L.) opaco. Piracicaba, 1991  
183p.

Tese - ESALQ  
Bibliografia.

1. Milho opaco 2 - População - Parâmetro fenotípico 2.  
Milho opaco 2 - População - Parâmetro genético I. Escola  
Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba


CDD 633.15

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS  
EM DUAS POPULAÇÕES DE MILHO (*Zea mays*, L.) OPACO

Aprovada em: 18/02/1992

Comissão Julgadora:

Prof. Dr. Geraldo Antonio Tosello	ESALQ/USP
Prof. Dr. João Rubens Zinsly	ESALQ/USP
Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Junior	ESALQ/USP
Prof. Dr. José Roberto Moro	FCAV/Jaboticabal
Dr <sup>a</sup> Marlene Lima	IAC/Campinas

  
Prof. Dr. Geraldo Antonio Tosello  
Orientador

*Aos meus pais*

*MOZART e HOZANA*

**DEDICO**

*À minha esposa ELISABET*

*e aos meus filhos MICHELLE,*

*ALEXANDRE, BERILO Jr. e*

*BERISA RAQUEL*

**OFEREÇO**



## AGRADECIMENTOS

- À DEUS que me proporcionou a realização de tão sublime tarefa;
- Ao Professor Dr. Geraldo Antonio Tosello pela valiosa orientação, apoio e incentivo dados durante todo o decorrer do Curso;
- Aos Professores Dr. Cláudio Lopes de Souza Junior e Dr. Roland Vencovsky pelos prestimosos esclarecimentos oferecidos nos cálculos estatísticos e conceitos atinentes à Genética Quantitativa;
- Ao Departamento e Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" da Universidade de São Paulo na pessoa de seu DD. Chefe, Prof. Dr. João Lúcio Azevedo, demais professores e funcionários que nos concederam os meios disponíveis para a elaboração deste trabalho;
- Aos Professores do Curso de Genética e Melhoramento de Plantas, Dr. Natal Antonio Vello e Dr. José Branco de Miranda Filho pelo apoio e compreensão; e ao Prof. Dr. Francisco Célio Guedes Almeida do Departamento de Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias da UFC pelo incentivo dado para a complementação e término desta pesquisa;
- Ao Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará pela oportunidade que me foi oferecida para realizar este treinamento;

- À Financiadora de Estudos e Projetos - FINEP, que auxiliou no financiamento da pesquisa;
- À Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Pessoal do Ensino Superior - Plano Institucional de Capacitação de Docentes, CAPES - PICD, pelos recursos disponíveis na concessão da Bolsa, sem os quais se tornaria impossível atingir este objetivo;
- À todos os colegas do Curso e em particular a Eleusio Curvelo Freire, Francisco Rodrigues Freire Filho, João Pratagil Pereira de Araújo e João Ribeiro Crisóstomo pela dedicação, amizade fraterna e agradável convívio;
- Aos funcionários de campo, José Carlos Panaia e Antonio Juscelino Desidério e aos funcionários do Laboratório de Proteínas, Marcos Antonio Gorga, Luiz Adalberto Pescin, José Antonio Carmezini de Paula e Sandra Regina Germano pela ajuda empreendida na fase de tomada de dados;
- Às funcionárias da Biblioteca do Departamento de Genética, Terezinha de Jesus L. Barrete, Olívia R. Pachane, Nilce T.P. Nass; e à biblioteconomista, Dra. Zildemir Souza de Abreu da Biblioteca Central do Centro de Ciências Agrárias da UFC pela atenção, colaboração e presteza;
- Ao Professor Dr. Francisco Ivaldo Oliveira Melo, sua esposa Dra. Quélzia Maria Silva Melo e ao casal Dr. Moacir José Sales Medrado e Da. Rosemary Dantas Medrado pela singular acolhida na cidade de Piracicaba e ajuda prestada à família;

À minha esposa, Elisabeth, e aos meus filhos, Michelle, Alexandre, Berilo Jr. e Berisa Raquel pelo incentivo e carinho;

À Maria Dermivan Nogueira de Souza pelos serviços datilográficos.

## SUMÁRIO

	Página
LISTA DE TABELAS .....	ix
RESUMO .....	xxiii
SUMMARY .....	xxvii
1. INTRODUÇÃO .....	01
2. REVISÃO DE LITERATURA .....	04
2.1. O milho Opaco e seu Valor Nutricional ....	04
2.2. A Proteína do Milho .....	09
2.3. Produção, Altura da Planta, Altura da Es- piga e Demais Caracteres da Inflorescência Feminina do Milho .....	24
2.4. Aspectos Fisiológicos do Mutante Opaco-2 e sua Aplicação para o Melhoramento da Pro- teína em Milho .....	33
2.5. Parâmetros Genéticos Obtidos em Milho ....	48
3. MATERIAL E MÉTODOS .....	59
3.1. Material .....	59
3.2. Métodos .....	61
3.2.1. Execução experimental .....	61
3.2.2. Análise estatístico-genética .....	65
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	77
4.1. Avaliação da produção e Caracteres da Planta e da Espiga .....	77
4.2. Estimativas de Parâmetros Genéticos e Fe- notípicos .....	83

4.2.1. Estimativas de parâmetros para peso de espigas despalhadas, altura da planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão .....	84
4.2.2. Estimativas de parâmetros para os caracteres da espiga, comprimento, diâmetro e número de grãos da espiga .....	92
4.2.3. Estimativas de parâmetros para o peso de 100 grãos, teor de proteína, teor de triptofano e teor de triptofano na proteína .....	94
4.3. Estimativas das Covariâncias para os caracteres Peso de Espigas, peso de 100 Grãos, Teor de Proteína, Triptofano e Triptofano/Proteína .....	101
4.4. Estimativas de Correlações .....	105
4.4.1. Estimativas de correlações entre os caracteres peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NR) .....	106
4.4.2. Estimativas de correlações entre os caracteres peso de espigas despalhadas (PE), comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE) e número de grãos da espiga (NG) .....	108
4.4.3. Estimativas de correlações entre os caracteres peso de espigas despalhadas (PE), peso de 100 grãos (PG), percentagem de proteína (P), percentagem de triptofano (T) e percentagem de triptofano na proteína (T/P).	110

	Página
4.5. Progressos Esperados e Respostas Correlacionadas com Seleção .....	113
5. CONCLUSÕES .....	123
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	126
Tabelas .....	147

## LISTA DE TABELAS

Tabela nº		Página
1	Análise de variância em látice simples, parcialmente balanceado, com $k^2$ tratamentos e r repetições .....	67
2	Esperança matemática dos quadrados médios $E(QM)$ , obtidos nas análises de variância, através do delineamento em látice, para os diversos caracteres estudados, ao nível de médias de parcelas .	68
3	Produtos médios obtidos dos quadrados médios individuais e da soma dos caracteres, para o delineamento látice quadrado .....	71
4	Esperança matemática dos produtos médios $E(PM)$ , obtidos nas análises de covariância para os diversos caracteres estudados, ao nível de médias de parcelas .....	72
5	Médias e coeficientes de variação experimental ( $C.V._{Exp}$ ) das populações de milho opaco-2 ( $\sigma_{22}$ ), ESALQ-VD-2 e ESALQ-VF-1 para os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), número de ramificações do pendão (NR), comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), número de grãos da espiga (NG),	

	peso de 100 grãos (PG), percentagem de proteína (P), de triptofano (T) e de triptofano na proteína (T/P). Piracicaba, SP, 1983/84 .....	148
6	Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios E(QM), ao nível de médias de parcelas, referente ao peso de espigas despalhadas em (g/pl) <sup>2</sup> de 200 progênies de meios-irmãos das populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho ( <i>Zea mays</i> , L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 ...	149
7	Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios E(QM), ao nível de médias de parcelas, referente à altura da planta em (m) de 200 progênies de meios-irmãos das populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho ( <i>Zea mays</i> , L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 .....	150
8	Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios E(QM), ao nível de médias de parcelas, referente à altura da espiga em (m) de 200 progênies de meios-irmãos das populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho ( <i>Zea mays</i> , L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 .....	151



- 9 Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios  $E(QM)$ , ao nível de médias de parcelas, referente ao número de ramificações do pendão de 200 progénies de meios-irmãos das populações ESALQ -VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 ..... 152
- 10 Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios  $E(QM)$ , ao nível de médias de parcelas, referente ao comprimento da espiga em (cm) de 200 progénies de meios-irmãos das população ESALQ-VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 ..... 153
- 11 Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios  $E(QM)$ , ao nível de médias de parcelas, referente ao diâmetro da espiga em (cm) de 200 progénies de meios-irmãos das populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 ..... 154
- 12 Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios  $E(QM)$ , ao nível de médias de parcelas, referente ao número de grãos por espiga de 200 progénies de meios-irmãos das populações ESALQ - VD-2 e

Tabela nº	Página
ESALQ - VF-1 de milho ( <i>Zea mays</i> , L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 .....	155
13 Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios E(QM), ao nível de médias de parcelas, referente ao peso de 100 grãos em (gramas) de 200 progênies de meios-irmãos das populações ESALQ-VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho ( <i>Zea mays</i> , L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 .....	156
14 Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios E(QM), ao nível de médias de parcelas, referente ao teor de proteína em (%) de 200 progênies de meios-irmãos das populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho ( <i>Zea mays</i> , L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 .....	157
15 Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios E(QM), ao nível de médias de parcelas referente ao teor de triptofano em (%), de 200 progênies de meios-irmãos das populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho ( <i>Zea mays</i> , L.), opaco, Piracicaba, SP, 1983/84 .....	158

- 16 Análise agrupada de variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios  $E(QM)$ , ao nível de médias de parcelas, referente ao teor de triptofano na proteína em (%) de 200 progênies de meios-irmãos das populações ESALQ-VD-2 e ESALQ-VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 ..... 159
- 17 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos obtidas ao nível de médias de parcelas, para o peso de espigas despalhadas (PE) em (g/pl), sendo: variância genética entre progênies de meios-irmãos ( $\hat{\sigma}_P^2$ ), variância ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), variância fenotípica entre plantas dentro de parcelas ( $\hat{\sigma}_d^2$ ), variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), variância fenotípica ao nível de plantas ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) e ao nível de médias ( $\hat{\sigma}_{\frac{2}{F}}^2$ ); e o coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ) em (%) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 ..... 160
- 18 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos obtidas ao nível de médias de parcelas, para os caracteres: altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NR), sendo: variância genética entre progênies de meios-irmãos ( $\hat{\sigma}_P^2$ ), variância ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), variân-

- cia genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), variância fenotípica ao nível de plantas ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) e ao nível de médias ( $\hat{\sigma}_F^2$ ); e o coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ) em (%) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 ..... 161
- 19 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos obtidas ao nível de médias de parcelas, para os caracteres: comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE) e número de grãos da espiga (NG), sendo: variância genética entre progênies de meios-irmãos ( $\hat{\sigma}_P^2$ ), variância ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), variância fenotípica ao nível de plantas ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) e ao nível de médias ( $\hat{\sigma}_F^2$ ); e o coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ) em (%) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 ..... 162
- 20 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos obtidas ao nível de médias de parcelas, para os caracteres: peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P), sendo: variância genética entre progênies de meios-irmãos ( $\hat{\sigma}_P^2$ ), variância ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_e^2$ ) e variância genética adi-

- tiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), variância fenotípica à nível de plantas ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) e a nível de médias ( $\hat{\sigma}_F^2$ ); e o coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ) em (%) nas populações ESALQ-VD-2 e ESALQ-VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 ... 163
- 21 Estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito obtidas à nível de plantas ( $h^2$ ) e a nível de médias ( $h_x^2$ ), em valor absoluto e em percentagem das estimativas, para os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NR) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ-VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 ..... 164
- 22 Estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito obtidas à nível de plantas ( $h^2$ ) e à nível de médias ( $h_x^2$ ), em valor absoluto e em percentagem das estimativas, para os caracteres: comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), número de grãos da espiga (NG) e peso de 100 grãos (PG) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ-VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 ..... 165

23	Estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito obtidas à nível de plantas ( $h^2$ ) e à nível de médias ( $h^2_x$ ), em valor absoluto e em percentagem das estimativas, para os caracteres: teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho ( <i>Zea mays</i> , L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 .....	166
24	Análise agrupada de covariância entre progênies de meios-irmãos envolvendo os caracteres: peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P) com os respectivos produtos médios e esperanças matemáticas na população ESALQ - VD-2 de milho ( <i>Zea mays</i> , L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 .....	167
25	Análise agrupada de covariância entre progênies de meios-irmãos envolvendo os caracteres: peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P) com os respectivos produtos médios e esperanças matemáticas na população ESALQ - VF-1 de milho ( <i>Zea mays</i> , L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 .....	168

- 26 Análise agrupada de covariância entre progênies de meios-irmãos envolvendo os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P) com os respectivos produtos médios e esperanças matemáticas na população ESALQ - VD-2 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 ..... 169
- 27 Análise agrupada de covariância entre progênies de meios-irmãos envolvendo os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P) com os respectivos produtos médios e esperanças matemáticas na população ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 ..... 170
- 28 Estimativas das covariâncias: genética entre progênies ( $C\hat{O}v_p$ ); do erro ambiental entre parcelas ( $C\hat{O}v_e$ ); fenotípica entre médias de progênies ( $C\hat{O}v_F$ ) e genética aditiva entre plantas ( $C\hat{O}v_A$ ), entre os caracteres; peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), número de ramificações do pendão (NR) e número de grãos da espiga (NG), obtidas de 200 progênies de meios-

	irmãos da população ESALQ - VD-2 de milho ( <i>Zea mays</i> , L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 .....	171
29	Estimativas das covariâncias: genética entre progênies ( $C\acute{O}v_P$ ); do erro ambiental entre parcelas ( $C\acute{O}v_e$ ); fenotípica entre médias de progênies ( $C\acute{O}v_F$ ) e genética aditiva entre plantas ( $C\acute{O}v_A$ ), entre os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), número de ramificações do pendão (NR) e número de grãos da espiga (NG), obtidas de 200 progênies de meios-irmãos da população ESALQ - VD-2 de milho ( <i>Zea mays</i> , L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 .....	172
30	Estimativas das covariâncias: genética entre progênies ( $C\acute{O}v_P$ ), do erro ambiental entre parcelas ( $C\acute{O}v_e$ ), fenotípica entre médias de progênies ( $C\acute{O}v_F$ ) e genética aditiva entre plantas ( $C\acute{O}v_A$ ) entre os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P), obtidas da população ESALQ - VD-2 de milho ( <i>Zea mays</i> , L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 .....	173



- 31 Estimativas das covariâncias: genética entre progênies ( $C\hat{O}v_P$ ), do erro ambiental entre parcelas ( $C\hat{O}v_e$ ), fenotípica entre médias de progênies ( $C\hat{O}v_F$ ) e genética aditiva entre plantas ( $C\hat{O}v_A$ ), entre os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P), obtidas da população ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 ..... 174
- 32 Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva ( $r_A$ ), fenotípica entre plantas ( $r_F$ ); e fenotípica entre médias de parcelas ( $r_F$ ), entre os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NR), nas duas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ-VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 ..... 175
- 33 Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva ( $r_A$ ), fenotípica entre plantas ( $r_F$ ) e fenotípica entre médias de parcelas ( $r_F$ ), entre os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE) e número de grãos da espiga (DE); nas duas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 ..... 176

- 34 Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva entre plantas ( $r_A$ ), fenotípica entre plantas ( $r_F$ ) e fenotípica entre médias de parcelas ( $r_F^-$ ), entre os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 ..... 177
- 35 Ganhos genéticos esperados ( $G_g$ ), em valor absoluto e em percentagem da média, quando aplicadas a seleção entre (20%) e dentro (10%) de progênies de meios-irmãos (MI) e a seleção massal (SM) em ambos os sexos nos caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NR) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco, Piracicaba, 1983/84 ..... 178
- 36 Ganhos genéticos esperados ( $G_g$ ), em valor absoluto e em percentagem da média, quando aplicadas a seleção entre (20%) e dentro (10%) de progênes de meios-irmãos (MI) e a seleção massal (SM) em ambos os sexos nos caracteres: comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE) e número de grãos da espiga (NG) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco, Piracicaba, SP, 1983/84 ..... 179

- 37 Ganhos genéticos esperados ( $G_s$ ), em valor absoluto e em percentagem da média, quando aplicadas a seleção entre (20%) e dentro (10%) de progênies de meios-irmãos (MI) e a seleção massal (SM) em ambos os sexos nos caracteres: peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84 ..... 180
- 38 Estimativas das respostas correlacionadas em valor absoluto e em percentagem, considerando-se a seleção entre (20%) e dentro (10%) de progênies de meios-irmãos nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco, entre os seguintes caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), número de ramificações do pendão (NR) e número de grãos da espiga (NG). Piracicaba, SP, 1983/84 ..... 181
- 39 Estimativas das respostas correlacionadas em valor absoluto e em percentagem, considerando-se a seleção entre (20%) e dentro (10%) de progênies de meios-irmãos nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco, entre os seguintes caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), peso de 100 grãos (PG), teor

Tabela nº	Página
de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P). Pi- racicaba, SP, 1983/84 .....	183

ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS  
EM DUAS POPULAÇÕES DE MILHO (*Zea mays*, L.) OPACO

Autor: Francisco Berilo Façanha Mamede  
Orientador: Prof. Dr. Geraldo Antonio Tosello

## RESUMO

O objetivo deste trabalho foi estudar o comportamento de duas populações de milho com base genética ampla contendo o gene  $o_2o_2$ , a ESALQ-VD-2 opaco e a ESALQ-VF-1 opaco, através da estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em diversos caracteres de importância agrônômica.

Os ensaios foram instalados em outubro de 1983 na Fazenda Experimental do Anhembi, distrito de Anhumas, município de Piracicaba-SP, constando de látices simples 10x10 com duas repetições para cada população.

Quatrocentas progênies foram avaliadas empregando-se o método de seleção entre (20%) e dentro (10%) de progênies de meios-irmãos, sendo 200 progênies representativas da população dentre opaco e 200 progênies referentes à população "flint" opaco.

Os caracteres mensurados em campo foram a produtividade em (g/pl) calculada através do peso de espigas despalhadas, a altura da planta, altura da espiga, e o número de ramificações do pendão; a partir da inflorescência feminina obteve-se o comprimento, o diâmetro e o número de

grãos da espiga. Em laboratório foram determinados, além do peso de 100 grãos, os caracteres de qualidade como teor de proteína, teor de triptofano no grão, e teor de triptofano na proteína.

As médias obtidas revelaram que a população ESALQ-VD-2 opaco superou a ESALQ-VF-1 opaco, quanto ao peso de espigas despalhadas, altura da planta, altura da espiga, número de grãos da espiga, peso de 100 grãos e teor de proteína. Os coeficientes de variação experimental foram considerados satisfatórios.

As estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos foram obtidos ao nível de médias de parcelas, onde tem-se que a variância genética entre progênes de meios-irmãos ( $\hat{\sigma}_P^2$ ), e a variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ) foram superiores nos caracteres peso de espigas despalhadas, comprimento, diâmetro e número de grãos na espiga e no teor de proteína bruta na população ESALQ-VD-2 opaco; na "flint" opaco, o peso de 100 grãos superou a primeira população. Estimou-se ainda a variância ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), a variância fenotípica entre plantas dentro de progênes ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) e à nível de médias ( $\hat{\sigma}_F^2$ ).

Os coeficientes de variação genética ( $CV_g$ ) encontrados indicaram apreciável quantidade de variabilidade genética livre, enquanto que os coeficientes de herdabilidade no sentido restrito, à nível de plantas ( $\hat{h}^2$ ) e à nível de médias ( $\hat{h}_x^2$ ), se mostraram superiores na maioria dos caracte-

res na população ESALQ-VD-2 opaco, exceto altura da planta, e da espiga. O peso de 100 grãos e o teor de triptofano no grão foram superiores na população ESALQ-VF-1 opaco.

A estimativa do coeficiente de correlação genética aditiva ( $r_A$ ), foi negativa entre o peso de espigas despalhadas e os caracteres altura da espiga e teor de proteína nas duas populações estudadas. Foram mensuradas ainda as estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica ( $r_F$ ) e ambiental ( $r_e$ ).

Os ganhos genéticos esperados ( $G_g$ ) foram obtidos para todos os caracteres, aplicando-se seleção entre (20%) e dentro (10%) de progênies de meios-irmãos e a seleção massal em ambos os sexos. Caracteres como peso de espigas despalhadas, altura da planta, peso de 100 grãos, teor de triptofano e triptofano na proteína, entre outros, tiveram ganhos genéticos mais elevados, quando a seleção foi feita pelo primeiro método, enquanto que o teor de proteína obteve maior progresso, quando foi aplicada seleção massal nas duas populações.

As estimativas de respostas correlacionadas para peso de espigas, quando se selecionou para altura da planta e da espiga, comprimento da espiga e número de ramificações do pendão foram negativas ao contrário de quando a seleção foi para diâmetro da espiga e número de grãos da espiga na população ESALQ-VD-2 opaco; na população ESALQ-VF-1 opaco a resposta correlacionada para peso de es-

piga foi negativa ao se selecionar para altura da espiga. Para peso de espigas e peso de 100 grãos, obteve-se uma resposta correlacionada negativa para teor de proteína nas duas populações.



ESTIMATION OF GENETICS AND PHENOTYPICS PARAMETERS  
IN TWO OPAQUE POPULATIONS MAIZE (*Zea mays*, L.)

Author: Francisco Berilo Façanha Mamede  
Adviser: Prof. Dr. Geraldo Antonio Tosello

## SUMMARY

The objective of this work was to study the performance of two opaque maize ( $o_2o_2$ ) populations: ESALQ - VD-2 and ESALQ - VF-1 through the estimation of genetic and phenotypic parameters of several important of agronomic traits.

This work was carried out at the Anhembi Experimental Station located in the Anhumas district, in Piracicaba-SP. The experimental trial design used to evaluate the progenies were 10 x 10 simple lattice with two replications for each population. Four hundred progenies were evaluated for the selection method among (20%) and within (10%) half-sib progenies; two hundred progenies were representative of the opaque dent, and other two hundred of the "flint" opaque population.

The characters recorded in the field were the yield (g/pl) as dehusked ear weight, plant and ear height, and number of tassel branches. In the laboratory the following traits were recorded: the ear diameter, ear length and kernel per ear; 100 kernel weight, and obtained the quality characters for protein level, and tryptophan level in the kernels and within the protein.

The average values obtained showed the ESALQ-VD-2 opaque population was superior than that ESALQ-VF-1 opaque, in relation to yield, plant and ear height, kernel number per ear, 100 kernel weight and protein level. The experimental coefficients of variation were considered adequate.

The estimates of genetic and phenotypic parameters were obtained at the level of plot means in which it was possible to verify that the genetic variance among half-sib progenies ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) and the additive genetic variance ( $\hat{\sigma}_A^2$ ) were greater for yield, ear length and diameter and kernel number per ear and protein level in the ESALQ-VD-2 population, while in the ESALQ-VF-1 the 100 kernel weight character, this parameter was greater. Also, it was estimated the environmental variance among plants ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), the phenotypic variances among plants within progenies ( $\hat{\sigma}_d^2$ ), the phenotypic variances at the plant level ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) and at the average level ( $\hat{\sigma}_F^2$ ).

The coefficients of genetic variation ( $CV_g$ ) obtained indicated appreciable amount of free genetic variability while the coefficients of narrow sense heritability at the plant level ( $\hat{h}^2$ ) and at the average level ( $\hat{h}_x^2$ ) were greater, for most characters, in the ESALQ-VD-2 opaque population, except plant and ear height. The 100 kernel weight and tryptophan level in the kernel were greater in the ESALQ-VF-1 populations.

The estimates of coefficients for additive genetic correlation ( $r_A$ ) were negative between dehusked ear weight and the ear height and protein level characters in the two populations studied. The estimates of phenotypic ( $r_P$ ) and environmental ( $r_e$ ) coefficient of correlation were also measured.

The expected genetic gains ( $G_s$ ) were estimated for all characters for the selection among (20%) and within (10%) half-sib progenies and for mass selection in both sexes. The characters yield, plant height, 100 kernel weight, tryptophan level and tryptophan level in the protein, showed higher expected genetic gains for the first selection method. The protein level showed better expected genetic gain for the mass selection than half-sib selection in the two populations.

The estimates of correlated responses for ear weight, when the character was selected for plant and ear height, ear length and number of tassel branches were negative, opposite to situation in which the selection was done for ear diameter and numbers of kernel per ear in the ESALQ-VD-2 opaque population; in the ESALQ-VF-1 opaque population the correlated response to ear weight was negative when the selection was done for yield. For ear weight and 100 kernel weight were obtained negative correlated responses to protein level in the two populations.

## 1. INTRODUÇÃO

O milho, *Zea mays*, L. é uma cultura explorada em todos os quadrantes do planeta e por isto responsável por significativa parte do suprimento proteico na alimentação da maioria dos povos.

Devido, cada vez mais, a escassez de proteínas básicas, advindas da nutrição tradicional como carne, leite, ovos, legumes em geral, é que o milho possui um amplo potencial para entrar como substituto, principalmente em programas educacionais, atingindo pessoas das mais variadas faixas etárias. Os mais jovens, com maior prioridade, até aquelas pessoas que já alcançaram uma idade senil.

Após a descoberta do mutante opaco-2 por Jones e Singleton, em Connecticut nos Estados Unidos, durante a década de 1920 (NELSON, 1971), o milho passou a ter mais destaque na alimentação humana, com uma qualidade mais aperfeiçoada, já que o gene  $o_2o_2$  tem a capacidade de bloquear a síntese da fração proteica solúvel em álcool, prolamina, proporcionando às plantas que possuem esta habilidade, produzirem frações mais ricas em aminoácidos e importantes do ponto de vista nutricional.

Os trabalhos com a finalidade de melhorar a qualidade nutricional do milho tem sido preocupação de muitos cientistas em novas áreas da pesquisa, embora que desde tenras épocas, o homem tem dado maior atenção à qualidade da cultura, como tem sido comprovado através de estudos arqueológicos.

Inicialmente, os agricultores se mostraram céticos com relação a este tipo de milho mutante, opaco-2, devido o mesmo apresentar um aspecto fenotípico desagradável, destacando-se como um grão de textura farinácea sem muita consistência. Para contornar esta situação é que atualmente já se pode contar com um tipo de milho opaco modificado, exibindo um endosperma mais duro (CIMMYT, 1982).

O milho é uma gramínea que atingiu um elevado grau de domesticação tornando impossível desenvolver-se sem os tratos culturais adicionais empregados pelo homem. A intensa manipulação da cultura e a possibilidade da colheita em plantas individuais tornaram o milho uma espécie politética, diferenciado em muitas raças.

O milho é o cereal com maior número de produtos industrializados devido seu alto conteúdo em carboidratos, principalmente o amido, óleo e vitaminas (TOSELLO, 1978), tornando-se necessário um estudo mais acurado nesta área da genética bioquímica e fisiológica, associada ao melhoramento, contribuindo sobremaneira, para uma maior evolução da cultura.

Ademais, não devem ser esquecidas as estimativas feitas em 1965 por J.C. Abbot, FAO, mencionado por HARPSTEAD (1969), exaltando a importância dos cereais de grãos, como fontes prioritárias de proteína, indicando que 70% do suprimento proteico do mundo é proveniente de vegetais, enquanto que somente 30% é originária de espécies animais e das variadas formas marítimas. Segundo a FAO (1991), no triênio 1987-89 o suprimento de calorias "per capita"/dia foi de 2.674 no total, sendo 2.206 com produtos vegetais e 468 com produtos animais, cada vez mais enfatizando a importância dos vegetais na alimentação humana.

O objetivo primordial deste trabalho será estudar o comportamento do mutante opaco-2, através de duas populações, estimando-se para as mesmas, parâmetros genéticos e fenotípicos obtidos de diversos caracteres de importância para o melhoramento da cultura.

## 2. REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1. O Milho Opaco e seu Valor Nutricional

A descoberta do gene mutante opaco-2 na década de 20 por Jones e Singleton na Estação Experimental de Agricultura do Connecticut, Estados Unidos, segundo NELSON (1971); e após pesquisas realizadas por MERTZ et alii (1964), nova e importante dimensão foi acrescentada, não somente ao melhoramento do milho, mas também a outras espécies monocotiledôneas.

O valor nutricional superior do milho opaco, como fonte de proteína de boa qualidade, tem sido enfatizado em trabalhos de nutrição, principalmente aqueles relacionados a animais monogástricos na fase jovem, para os quais os aminoácidos lisina e triptofano são fatores limitantes para um melhor desenvolvimento (TOSELLO, 1978).

É sabido que a proteína do milho normal possui baixo valor nutricional para estas espécies animais anteriormente citadas, devido aos reduzidos níveis daqueles

aminoácidos, LENG (1974). Foram feitas tentativas com o objetivo de aumentar o teor protéico do grão, através de seleção com esta finalidade que, embora tenham sido válidas, não foram satisfatórias, devido o alto teor de zeína no milho, em torno de 50% com percentual de proteína entre 10 e 11% e, segundo EAST e JONES (1920), a produtividade do milho é negativamente correlacionada com a percentagem de proteína.

OSBORNE e MENDEL (1914) mostraram que ratos de todas as idades apresentavam um declínio acentuado e, eventualmente, morriam se fossem mantidos numa dieta na qual o milho comum, cuja fonte protéica fosse, unicamente, zeína ou prolamina. A qualidade da proteína de cereais, em geral, aumenta, quando decresce o teor de prolamina.

BEESON (1966) também realizou estudos de qualidade nutricional na alimentação à base de milho com ratos, suínos, aves e seres humanos. Experimentos com as duas primeiras espécies animais têm indicado que a qualidade da proteína do milho opaco-2 é equivalente a uma dieta isonitrogenada de milho normal mais farinha de soja.

O milho opaco-2 poderá contribuir amplamente no melhoramento da qualidade protéica da dieta dos povos, os quais contam com esta gramínea, como a mais importante na alimentação diária. Considerando esta premissa verdadeira é que OSBORNE e MENDEL (1914) verificaram que a grande produção de milho nos Estados Unidos induzia a um conhecimento de muitos aspectos relacionados ao valor nutritivo, não somente



de interesse científico, mas também de elevada importância econômica.

BRESSANI et alii (1962) desenvolveram pesquisa com dez variedades de milho em quatro países da América Central: México, Guatemala, Nicarágua e Panamá com a finalidade de verificar o valor nutritivo do milho, como uma importante cultura na dieta humana dos habitantes destas regiões. O estudo se baseou principalmente na influência varietal e ambiental no teor de nitrogênio, aminoácidos essenciais e percentuais de lipídios do material ensaiado. Concluíram que a seleção poderia ser realizada baseando-se no teor de aminoácido, ao invés de se apoiar no conteúdo de nitrogênio total, e que o triptofano, valina e isoleucina foram os aminoácidos mais promissores com este objetivo, devido a forte correlação destes três aminoácidos com o teor de nitrogênio total.

Pesquisas realizadas com crianças na Guatemala têm mostrado que "tortilhas" e massa de milho preparadas do opaco-2 forneceram aproximadamente a mesma qualidade de proteína do que quando a alimentação era suprida com leite desnatado (BEESON, 1966). Ao mesmo tempo, investigações técnicas desenvolvidas na Universidade de Purdue nos Estados Unidos, com pessoas adultas, indicaram que o milho opaco-2 é duplamente mais satisfatório no suprimento de proteína necessária ao homem, em comparação com o milho comum. Devido a isto, geneticistas e melhoristas de vários cereais como tri-

go, arroz, sorgo e cevada procuram encontrar mutantes semelhantes que tenham o potencial de alterar o padrão da suplementação protéica das dietas humanas e animais.

Do ponto de vista nutricional, as mudanças importantes desejadas são o aumento de lisina e triptofano; e possivelmente a diminuição de leucina, que aparentemente antagoniza a utilização de isoleucina e talvez de triptofano, segundo NELSON (1971).

INGLETT(1970) estudou o valor nutricional do milho através de sub-produtos moídos e secos; e como se sabe, o milho tem sido tradicionalmente considerado como uma fonte primária de calorías. A moagem à seco serve para obter produtos do endosperma, tipo farináceo é, para obtenção de óleo de superior qualidade, este proveniente do embrião. A técnica de retirada do óleo do embrião é mais eficiente pela extração com solvente, o qual forma um produto de alta qualidade nutricional. A obtenção de óleo do embrião através de expulsão por altas temperaturas, reduz o valor nutricional da proteína.

GUPTA et alii (1979) realizaram uma avaliação química e biológica da qualidade nutricional do endosperma duro do milho opaco-2, e após MERTZ et alii (1964) ter mostrado que este mutante tem duas vezes mais lisina e triptofano que o milho normal, aqueles autores verificaram que o material original contendo esta mutação, era de baixa produção e grãos moles, susceptíveis ao ataque de fungos

durante o seu desenvolvimento; e ao ataque de insetos durante o armazenamento.

Segundo AXTELL (1981), para se conseguir um maior progresso no melhoramento da qualidade nutricional de nossas culturas alimentares, os melhoristas de plantas deveriam se inteirar mais dos resultados nutricionais. As pesquisas desenvolvidas no campo, relacionadas com problemas alimentares nos países em desenvolvimento são extremamente necessárias e prioritárias; e se torna imperativo que o melhoramento de plantas seja utilizado pelo nutricionista humano, como uma importante ferramenta, para tentar diminuir ou resolver em definitivo os problemas de subnutrição e desnutrição existente no mundo.

MENTEN (1982) em trabalho que teve por objetivo comparar o valor nutricional das cultivares 'Piranão normal' e 'Piranão opaco-2', durante o período de crescimento-terminação de suínos, constatou que o material opaco-2, além de ter apresentado um teor de lisina 80% superior, mostrou valores mais elevados quanto aos aminoácidos triptofano, treonina, arginina, valina e histidina; e níveis inferiores para os aminoácidos metionina, leucina e fenilalanina. Este autor complementa que o emprego do milho opaco-2 permitiu uma redução na suplementação proteica em torno de 4%, diminuindo desta feita, os custos da ração, já que o farelo de soja tem preço bastante elevado.

## 2.2. A Proteína do Milho

A pesquisa no melhoramento de proteínas em cereais pode ser melhor entendida ao se examinar um maior número de classes de proteínas existentes nas sementes de cereais. OSBORNE (1897) iniciou estudos sistemáticos de proteínas em sementes, por volta de 1891, classificando-as de acordo com suas solubilidades, em: albuminas (solúveis em água), globulinas (solúveis em soluções salinas), prolaminas (solúveis em álcool relativamente forte), e glutelinas (solúveis em soluções diluídas alcalinas). As prolaminas de todos os cereais são relativamente ricas em prolina e glutamina, mas pobres em aminoácidos básicos incluindo a lisina.

EAST e JONES (1920) afirmaram que o teor de proteína é governado por um grande número de genes e que várias linhagens tendo o mesmo percentual de proteína, provavelmente diferem quanto aos genes que controlam este caráter e que há uma chance de aumentarem este percentual cruzando as linhagens entre si. WOODWORTH e JUGENHEIMER (1948) têm esta mesma opinião sobre a possibilidade do teor de proteína ser um caráter quantitativo, já que verificaram que todas as evidências disponíveis levam a este tipo complexo de herança. Estes autores consideram que o número de genes controlando o teor de proteína em milho, poderá ser de 20 a 40 e que a ação gênica para teor de proteína deverá ser a aditiva.

A zeína é a proteína mais abundante encontrada no endosperma do grão do milho normal e é deficiente em triptofano e lisina, que são aminoácidos essenciais para a nutrição animal. HANSEN et alii (1946) verificaram que há uma correlação significativamente elevada entre a zeína e o teor de proteína total. Concluíram ainda que o endosperma do milho doce continha uma média de 1% menos zeína do que o milho dente de igual teor de proteína.

Um outro tipo de proteína encontrado e biologicamente balanceada, é aquela do embrião, rica em lisina e triptofano (WOODWORTH e JUGENHEIMER, 1948).

Estudos na proteína do grão de milho foram iniciados por Gorham em 1822, segundo FREY et alii (1949). Gorham descreveu uma proteína solúvel em álcool, a zeína, a qual constituía 3,3% do grão de milho ou 40% da proteína no cariópse. OSBORNE e CLAPP (1908) analisaram a zeína com relação a 13 aminoácidos e descobriram alto percentual de leucina e ácido aspártico, mas carência de triptofano e lisina. Esta foi provavelmente a primeira alusão da deficiência nutricional da proteína do milho, entretanto, este fato não foi apontado depois por OSBORNE e MENDEL (1914).

Estes últimos autores chamaram a atenção para o fato de que a semente de milho contém diversas proteínas diferentes, as quais diferem uma da outra em suas solubilidades e composição química. As deficiências estruturais e

nutritivas da zeína são suplementadas por estas outras proteínas em diferentes amplitudes.

DOTY et alii (1946) analisaram as amostras de 28 híbridos de milho para proteína total, cistina, arginina, histidina, triptofano e tirosina. Os resultados mostraram que o teor de proteína dos híbridos variou consideravelmente e que a distribuição de aminoácido da fração protéica diferiu em várias amostras. Concluíram que o teor de proteína e o percentual de aminoácido da proteína estavam relacionados pela constituição genética.

MILLER et alii (1950) determinaram as percentagens de proteína e lisina no grão de nove híbridos simples desenvolvidos em quatro repetições. O teor de proteína bruta variou de 8,95 a 13,02%, enquanto as percentagens de lisina variaram de 0,28 a 0,37%. As percentagens de lisina e proteína total foram positivamente correlacionadas com um valor de  $r = 0,85$ . Os resultados obtidos nesta pesquisa também indicaram que a razão de lisina para proteína total foi a mesma, tanto em alto teor de proteína, como em baixo percentual proteico.

FREY (1951) analisando amostras individuais de plantas da geração  $F_2$  e retrocruzamentos de dois cruzamentos de milho, para proteína total, zeína, triptofano, valina, leucina e isoleucina, verificou que a zeína aumentou em proporção da proteína total, quando a percentagem de proteína do grão aumentou. No entanto, o triptofano, aminoáci-

do essencial escasso na zeína, diminuiu em termos proporcionais da proteína total, quando a percentagem de proteína aumentou. As percentagens de proteína total do grão e de triptofano foram significativamente menores em grãos de milho provenientes de cruzamento, do que em grãos desenvolvidos por autofecundação na mesma espiga.

FLYNN et alii (1954) verificaram que o teor de proteína de uma linhagem ou híbrido qualquer de milho é dependente de seu potencial genético, o qual pode ser mudado materialmente pelo melhorista. Entretanto, se o teor de proteína máximo possível, pode, ou não, ser atingido por uma determinada linhagem ou híbrido, isto pode ser grandemente influenciado por práticas culturais e pelo clima. Embora seja possível aumentar o percentual de proteína no milho, os melhoristas pouco têm conseguido em relação ao incremento de aminoácidos essenciais, ou seja, aumentos na proteína conduzem a aumentos na fração zeína, enquanto que somente pequenos aumentos são conseguidos nos teores de triptofano e lisina.

Um contínuo objetivo dos geneticistas e melhoristas de plantas é a identificação de genes e a seleção de variedades, as quais proporcionam níveis elevados dos aminoácidos triptofano, lisina, treonina e metionina, os quais são essenciais para a nutrição humana e de animais monogástricos (GREEN e PHILLIPS, 1974).

JAIMES e GALAN (1979) estimaram a incidência

de genes modificadores do endosperma opaco-2 em 64 variedades, representativas de 25 raças mexicanas de milho, as quais foram cruzadas com uma linhagem  $S_3$  de grãos opacos e cuja seleção foi realizada com base na proporção de grãos opacos modificados, segregantes nas gerações  $F_2$  e  $F_3$ , resultantes do cruzamento acima. Verificaram que os desvios fenotípicos observados em  $F_2$  para o caráter opaco-2 são devidos a efeitos cumulativos dos genes modificadores e que estes se opõem ao efeito do gene opaco-2, no que tange à repressão da síntese de zeína, aumentando a proporção da fração prolamina, esta com menor conteúdo de lisina e triptofano nas partes modificadas do grão.

BEESON (1966) verificou que o gene mutante opaco-2 corrigia a maioria das deficiências de aminoácidos no milho, aumentando o teor de lisina de 0,24% para 0,49%; e o teor de triptofano de 0,09% para 0,15%. Ademais, o percentual de proteína do milho opaco-2 era de 11,6% quando comparado com os 9,0% de proteína do milho híbrido comum.

MERTZ et alii (1964) estudaram o efeito do gene mutante opaco-2, o qual altera a composição da proteína e aumenta o conteúdo de lisina e triptofano do endosperma do milho. Este após separado da semente e seus aminoácidos determinados foi constatado que o seu padrão de aminoácido era diferente e que continha 69% mais lisina do que as sementes normais. Concluíram que o principal fator responsável por estas mudanças era a síntese de proteínas com um maior con-



teúdo de aminoácidos básicos na fração solúvel ácida do endosperma mutante. E ainda, que o gene opaco-2 reduz drasticamente a proporção de zeína.

WOLFE e FOWDEN (1957) verificaram diferenças consideráveis na composição de aminoácidos da proteína de sete variedades de milho. Estas dessimilaridades tendem ser maiores entre variedades geneticamente distintas. Tais diferenças não foram devidas a variações nas proporções de zeína. Esta proteína contém quantidades relativamente altas de ácido glutâmico, leucina, prolina e serina; assim é, que marcantes alterações nas percentagens desta particular proteína, poderiam ser associadas com aumentos ou decréscimos simultâneos das quantidades de todos estes aminoácidos na proteína total da semente.

Não há evidência definitiva que o efeito primário do mutante opaco-2 esteja na redução da síntese de zeína. NELSON (1969) admite que o aumento das outras frações proteicas seja um efeito primário e que uma redução na síntese de zeína seja um efeito secundário.

SODEK e WILSON (1970) verificaram que as proteínas do endosperma do milho diferiam consideravelmente em seus teores de leucina e lisina. Os meios pelos quais o gene opaco-2 opera, é desconhecido, mas parece que um simples gene poderia, tanto diminuir a síntese de zeína, como estimular a síntese de diversas outras classes de proteína.

MERTZ e BRESSANI (1957) estudaram vários mé-

todos de extração de proteínas, mas constataram que nenhum permite uma rápida extração do total de proteínas. No novo método desenvolvido pelos autores as proteínas do embrião e do endosperma do milho podem ser rápida e quase completamente extraídas por meio alcalino contendo sódio, cobre, sulfato e íons sulfito. Neste método, o nitrogênio insolúvel em álcali residual é dissolvido por uma ação conjunta do cobre e íons sulfito. Os extratos de proteína são relativamente livres de material não-protéico e adequados para fracionamento e estudos eletroforéticos.

LLOYD e MERTZ (1958) estudaram a fração glutelina da proteína do milho e compararam com a fração zeína. Através dos resultados encontrados concluíram que a glutelina completa e a gama-glutelina são muito diferentes em relação à zeína, quanto à composição de aminoácido. A zeína é carente de glicina e lisina; e muito pobre em triptofano, enquanto as glutelinas contêm cerca de 5% de glicina, 4% de lisina e 1% de triptofano. Ademais, as glutelinas contêm mais ácido aspártico, arginina, cistina e valina; e menos ácido glutâmico, isoleucina, leucina, prolina e serina, do que a zeína. Finalmente observaram, a partir destas análises que as frações glutelinas da proteína têm um maior valor biológico do que as proteínas do tipo zeína, embora assumindo igual digestibilidade.

BRESSANI e MERTZ (1958) trabalhando com variedades de milho da Guatemala e dos Estados Unidos veri-

ficaram que nas amostras do endosperma, as proteínas solúveis em ácido variaram de 17 a 26%, a zeína variou de 41 a 60% e as glutelinas variaram de 17 a 31% do nitrogênio total, enquanto que no embrião, considerando-se a mesma ordem de proteínas, as variações foram: 30 a 40%, 5 a 10% e 49 a 54% do nitrogênio total. O método de extração-fracionamento pelo cobre poderia provar o uso para o melhoramento do milho no desenvolvimento de novos tipos.

KEENEY (1970) estudou a composição de aminoácidos da proteína de quatro híbridos simples de milho do Wisconsin, Estados Unidos e constatou que a concentração média de proteína no grão variou de 7,0; 7,7 e 8,4 nos respectivos tratamentos: testemunha, adubado só com nitrogênio e o último com nitrogênio mais potássio, respectivamente. Os resultados obtidos indicaram que o aumento na proteína foi devido, em grande parte, a um aumento na zeína. A concentração no grão de milho de todos os aminoácidos essenciais, exceto metionina, foi maior no grão, cujo tratamento o nitrogênio e o potássio estavam balanceados.

GENTINETTA et alii (1975) estudaram 46 linhagens de milho opaco-2 com endosperma modificado, o qual foi comparado com material normal e opaco-2 padrões. O teor de proteína, a distribuição de proteína baseada na solubilidade e o teor de triptofano, embora significativamente diferentes dos dois tipos padrões, são mais estreitamente semelhantes ao opaco, do que em relação aos tipos normais.

JONES e TSAI (1977) mostraram que a zeína é mais rapidamente mobilizada do que outras proteínas durante a germinação da semente e isto pode vir comprovar porque os grãos do milho opaco-2 germinam mais lentamente do que as sementes do milho normal de linhas isogênicas. Isto significa que o alto teor de prolamina das gramíneas, milho e sorgo pode ser vantajoso para um estabelecimento mais rápido do "stand" sob condições competitivas nos trópicos.

BEAVER e LAMBERT (1982) verificaram que o melhoramento da qualidade da proteína no milho tem sido inicialmente baseado no uso de genes mutantes recessivos homozigotos opaco-2. Os autores sugeriram o uso de genes modificadores que mudam o fenótipo do endosperma dos homozigotos opaco-2 para uma aparência mais normal do endosperma. Verificaram além da ação gênica responsável pela modificação da textura desse mutante, se as diferenças citoplasmáticas contribuíram para a modificação de diversos tipos de textura do endosperma opaco-2 modificado, em relação aos híbridos não-modificados. Concluíram que o efeito de xênia foi extremamente importante para a modificação do endosperma e que este efeito deve ser controlado por polinizações manuais num programa de melhoramento, para dar um padrão mais adequado à textura do endosperma do milho opaco-2 modificado.

É sabido que a aleurona em milho comum é constituída de uma só camada e que esta é rica em proteína de alta qualidade, partindo desta premissa, NESTICKY e PIO-

VARCI (1984) trabalharam com uma raça sul americana de milho farináceo 'Coroico', contendo duas a seis camadas de aleurona, estudada por WOLF et alii (1972). Os primeiros autores compararam, em percentagem de lisina, esta raça de milho com o opaco-2, cujos grãos possuem uma única camada de aleurona com uma espessura média baixa, entre 60 a 70  $\mu\text{m}$ , em relação às múltiplas camadas da raça 'Coroico', cuja espessura variou de 80 a 90  $\mu\text{m}$ . Este tipo de milho não apresentou um correspondente aumento no teor de lisina, fato este contrário aos resultados alcançados por NELSON e CHANG (1974), os quais confirmaram um acentuado aumento nos teores da maioria dos aminoácidos, devido ao efeito do gene opaco-2 com múltiplas camadas de aleurona, induzindo os autores a indicarem que este fator deveria ser considerado num programa de melhoramento. Segundo NESTICKY e PIOVARCI (1984), Nelson em 1975 admitia que o efeito das múltiplas camadas de aleurona na atividade do gene opaco-2, era negligenciável. A ação gênica aditiva controlando as múltiplas camadas de aleurona e o alto teor protéico desta, tornaram o endosperma da raça 'Coroico' mais rico em lisina do que aquele do milho dente amarelo (WOLF et alii, 1972).

FREY et alii (1949) verificaram que o total da fração proteica não zeína é um melhor critério na seleção para aumentar o teor de triptofano no grão do milho em relação ao conteúdo da proteína total e que um moderado teor de proteína contendo uma maior relação triptofano/proteína

deveria ser preferível a um tipo de milho que tivesse apenas um alto teor de proteína.

MILLER et alii (1950) determinaram as porcentagens de proteína e lisina no grão de milho de nove cruzamentos simples desenvolvidos em quatro repetições. O teor de proteína bruta variou de 8,95 a 13,02%, enquanto as porcentagens de lisina variaram de 0,28 a 0,37%. As porcentagens de lisina e proteína foram positivamente correlacionadas com um valor de  $r = 0,85$ . Os resultados obtidos por estes autores também indicaram que a razão de lisina para proteína foi a mesma, tanto em alto teor de proteína, como em baixo percentual protéico.

MILLER et alii (1952) estudaram as interrelações de lisina e niacina com a proteína bruta e alguns de seus componentes proteicos no grão do milho. A exata natureza da reação metabólica entre niacina e triptofano não estava totalmente esclarecida, poderia parecer que a qualidade nutricional da proteína do milho deveria ser melhorada pela seleção de linhagens contendo quantidades aumentadas de niacina no grão, bem como porcentagens de lisina e triptofano. Amostras de grãos analisadas neste estudo indicaram que o teor de lisina da proteína do milho decresceu, quando a percentagem de proteína aumentou. Incrementos no percentual de lisina foram associados com maiores teores da zeína, triptofano, valina, leucina e isoleucina. Os coeficientes de correlação entre a lisina e estes outros componentes da

proteína foram bem menores e de valor limitado previsível. O teor de niacina foi totalmente independente da proteína e de seus componentes.

Nos estudos realizados por SAUBERLICH et alii (1953) foram feitas determinações para proteína e para dezoito aminoácidos numa série de amostras de milho. Todos estes aminoácidos foram encontrados em porções significativas no milho. A quantidade de aminoácido aumentou, quando ficou mais elevado o teor de proteína no milho, entretanto, o aumento de cada aminoácido não foi diretamente correlacionado com incrementos no teor de proteína. Ficou evidenciado que alguns aminoácidos da proteína total aumentaram, quando a percentagem de proteína aumentou; e isto ocorreu com a leucina, alanina, fenilalanina e prolina. O inverso ocorreu com os aminoácidos: arginina, glicina, lisina, e triptofano. Alguns aminoácidos permaneceram constantes, quando o teor protéico se elevou, isto ocorrendo com a isoleucina, cistina, histidina, metionina, serina, tirosina, ácido aspártico e ácido glutâmico.

MERTZ et alii (1964) mostraram que o milho opaco-2 tem um elevado teor de lisina, em torno de 3,6%, baseado na proteína do endosperma, a qual é cerca de duas vezes a quantidade de lisina encontrada nos híbridos de milho comum. A proteína é distribuída mais uniformemente através do endosperma, em comparação com os milhos do tipo dentado, ou seja, comuns. No opaco-2 falta a compacidade do grão,

não é translúcido, enquanto que as células do endosperma no milho dente comum, os quais possuem caráter vítreo; são compactas e se deixam atravessar pela luz. A proteína do endosperma do milho comum possui cerca de 40 a 50% de zeína e 20 a 30% de glutelina. No mutante opaco-2, o teor de zeína decresceu para 15% e o de glutelina aumentou para mais de 40%.

Estes autores também observaram que uma mudança na composição da proteína resultou numa correspondente alteração na estrutura da proteína ao nível subcelular. Esta estrutura de proteínas armazenadas e proteínas do endosperma de tipos de milho comuns e com alto teor de lisina foi cuidadosamente examinada por WOLF et alii (1967), cujos estudos forneceram uma base estrutural para a composição alterada da proteína e forneceram informações concernentes, quanto às características do milho moído das novas variedades de milho.

BAUDET et alii (1966) estudaram a composição de aminoácidos das frações nitrogenadas do grão do milho, utilizando um híbrido de milho, no qual foi empregado o método de extração e separação das frações nitrogenadas, desenvolvido por Osborne. A fração solúvel em solução salina contribuiu com somente 20% de nitrogênio total que contém 50% do total de lisina do grão.

INGLETT (1970) afirma que aproximadamente 10% do total do grão de milho é constituído de proteínas que são



classificadas de acordo com sua solubilidade em: albuminas, solúveis em água; globulinas, solúveis em soluções salinas; prolaminas, solúveis em álcool relativamente forte; e glutelinas, solúveis em soluções alcalinas diluídas. As proteínas do milho dente comum são deficientes nos aminoácidos essenciais, lisina e triptofano, particularmente no endosperma, o qual representa 80% do grão.

MURPHY e DALBY (1971) verificaram também que o gene opaco-2 causa um decréscimo na zeína e um aumento na glutelina, produzindo assim um maior teor de lisina, característico do endosperma mutante opaco-2. No trabalho realizado por MISRA et alii (1972) ficou evidenciado que o padrão de síntese de proteína em todos os mutantes de milho com altas concentrações de lisina pode ser muito semelhante. Nenhum efeito sinérgico é obtido na concentração de lisina, quando o "floury-2" é combinado com o opaco-2. Diferentes vias metabólicas conduzindo à síntese reduzida de zeína, pode existir no "floury" e em mutantes com amido modificado contendo altas concentrações de lisina.

Comparações em relação ao teor de lisina, entre proteína contendo a fração zeína e parte da proteína sem zeína; em endosperma de mutantes de milho maduro e imaturo foram realizadas por DALBY e TSAI (1975). Perceberam que o teor de lisina era mais elevado aos 22 dias após a polinização do que na maturidade, isto provavelmente devido

aos menores teores de amido e zeína nos estágios mais precoces do desenvolvimento do grão.

JONES et alii (1977) demonstraram que o acúmulo de zeína durante o desenvolvimento do endosperma foi tal que, quantidades razoáveis foram detectadas aproximadamente 16 dias após a polinização. O teor de zeína aumenta até 40 dias após a polinização, em compensação, o mutante opaco-2 acumulou pouca zeína 20 dias após a polinização e essencialmente completou o acúmulo aos 30 dias.

TSAI et alii (1978) estudaram a relação entre os teores de zeína e glutelina; e o acúmulo de peso seco durante o desenvolvimento do grão. Verificaram que aumentos no teor de amido durante o desenvolvimento do endosperma coincidiu com o ganho de zeína e glutelina. O mutante opaco-2 teve o menor ganho de zeína durante o desenvolvimento do endosperma e exibiu o menor índice de ganho de matéria seca, enquanto que o "floury-2", apresentou níveis intermediários de zeína, entre o opaco-2 e o normal; e mostrou um ganho intermediário de matéria seca.

O gene recessivo opaco-7, a exemplo do opaco-2, promove uma redução no teor de zeína, a par de um aumento relativo nas percentagens de albuminas, globulinas e glutelinas; além de diminuir o conteúdo total de proteína do endosperma de uma forma mais pronunciada que o aumento empreendido nos três tipos de proteínas, FONZO et alii (1980).

VINNICHENKO et alii (1989) verificaram num estudo da dinâmica de acumulação de aminoácidos individuais, em grupos e o total destes nos grãos normais da linhagem 'A 204' e na sua versão  $o_2o_2$  com alto teor de lisina, aos 22, 29, 43 e 50 dias após a polinização, em comparação com linhas analisadas previamente, que o gene mutante aumentou o total de aminoácidos; e o conteúdo do grupo aspartato, afetando a dinâmica de acúmulo do ácido aspártico, ácido aminobutírico e asparagina. O efeito do opaco-2 no teor de alguns aminoácidos do grupo glutamato dependeu do genótipo da linhagem na forma inicial.

Segundo DOEHLERT et alii (1991) genótipos com alto teor de proteína supriram mais aminoácidos para seus grãos e tais genótipos tinham aumentado o número de enzimas que podem contribuir no maior acúmulo de proteína. Os dados registrados pelos autores indicam que o suprimento de nutrientes é capaz de interagir com a atividade da enzima ADP - glucose pirofosforilase no desenvolvimento dos grãos para determinar as concentrações de amido e proteína nos cariópses maduros.

### **2.3. Produção, Altura da Planta, Altura da Espiga e demais Caracteres da Inflorescência Feminina do Milho**

Será que o teor de proteína está associado com produção? Esta é uma indagação proposta por WOODWORTH e

JUGENHEIMER (1948) sobre a qual evoluíram algumas considerações. Afirma-se que há uma relação inversa entre produção e teor de proteína, ou seja, a produção diminui, quando a percentagem de proteína aumenta. Este declínio ocorreu nas variedades desenvolvidas nos experimentos de Illinois, Estados Unidos, mesmo apesar do fato de que todo o material tinha sido cruzado, ou seja, nenhuma autofecundação tinha sido praticada. Ficou comprovado que as linhagens com alto teor de proteína produziram menos do que aquelas selecionadas para baixo percentual proteico. Ao mesmo tempo, ficou evidenciado que as espigas e grãos das linhagens de alto teor de proteína eram menores do que os das linhagens de baixo teor proteico.

Esta última afirmativa, se compatibiliza com o que foi descrito por Vasal em 1974, segundo BARREIRO NETO et alii (1982), sobre o milho mutante opaco-2, o qual é mais rico em proteína e cujo menor rendimento dos grãos era devido a menor compactação dos grãos de amido do endosperma, o que causa menor densidade dos cariópses.

SALAMINI et alii (1970) apontam dificuldades encontradas para usar os híbridos opaco-2, principalmente por causa de sua sempre presente e constante baixa produção, quando comparados com os híbridos normais. Como o alelo opaco-2 é usado no melhoramento do milho, torna-se necessário conhecer algo sobre o fenômeno responsável

pela baixa produção das plantas mutantes. A este respeito, os autores consideraram algumas hipóteses:

(1) o alelo opaco-2 tem um negativo efeito pleiotrópico em toda a planta;

(2) o alelo opaco-2 tem um efeito negativo somente no desenvolvimento do endosperma;

(3) durante a evolução do endosperma um lote de genes modificadores, possivelmente foi acumulado no genoma normal do milho.

Concluíram, entretanto, que o genótipo do grão parece ser o principal fator responsável. O genótipo da planta também exerce uma influência negativa na produção do opaco-2, mas numa intensidade bem menor.

HAYES e GARBER (1919) realizaram várias correlações entre teor de proteína e número de grãos por espiga, este último caráter sendo um importante componente da produção. Das dez correlações, oito foram negativas e a maioria destas foi significativa, entretanto, estas correlações foram feitas em espigas autofecundadas. O número de grãos obtidos numa espiga autofecundada é influenciado pelo processo de autopolinização.

WOODWORTH e JUGENHEIMER (1948) observaram que o número de grãos por espiga influenciava incisivamente a produção de grãos, ao mesmo tempo obtiveram alguns resultados relacionando tamanho da semente e teor de proteína. O tamanho da semente foi determinado em 81 híbridos trabalhan-

do com o peso de 1000 grãos em gramas. A variação ficou entre 275 e 376 gramas por 1000 grãos e o teor de proteína entre 10,0 e 12,2%. O coeficiente de correlação (+0,028) foi positivo e não significativo, concluindo que não havia nenhuma relação entre o tamanho da semente e o teor de proteína.

Após quarenta e oito gerações de seleção, duas linhagens dos experimentos de Illinois, Estados Unidos, a de alto teor de proteína (IHP) e a de baixo percentual proteico (ILP) apresentaram padrões intermediários, quanto à maturidade e altura da planta, segundo resultados obtidos por WOODWORTH et alii (1952). As alturas do colmo e da espiga foram aproximadamente iguais nas duas linhagens. A seleção empreendida para composição química provocou mudanças nas características físicas das espigas e grãos das linhagens selecionadas, reduzindo a produção de grãos destas, particularmente naquelas escolhidas para alto teor de proteína.

GREEN (1955) através de observações realizadas durante três anos em parcelas de milho, concluiu que parece haver uma definida correlação entre a altura de colmos e a produção de grãos. Verificou que se os colmos eram encurtados por meio de melhoramento, havia também, paralelamente, uma redução na produção. Estações climáticas nas quais ocorre maior crescimento do caule e maior desenvolvimento da superfície da área foliar, consequentemente

registraram-se maiores produções, pois tais mudanças climáticas são responsáveis por um maior rendimento.

BAUMAN (1959) encontrou que a produção, a altura da espiga e o número de grãos na fileira de milho eram envolvidos pela ação gênica epistática. Entretanto, significativas interações epistasia x ano foram encontradas em alguns casos. Os desvios epistáticos em alguns casos podem ser semelhantes às interações genótipo x ambiente, ou somente a uma parte destas, normalmente encontradas. O método desenvolvido pelo autor provou ser relativamente inefetivo na detecção da epistasia.

LAMBERT et alii (1969) estudaram a performance de híbridos de milho normal e opaco-2 de uma geração precoce de retrocruzamento, os quais foram comparados em dois locais. Em média, os híbridos opaco-2 foram significativamente de menores produções de grãos (8%) e peso de 100 grãos (5%) do que os normais, mas apresentaram níveis mais elevados para umidade do grão (20%), percentagem de grãos quebrados (89%), percentagem de óleo (13%) e percentagem de proteína (2%), numa escala relativa, em relação aos híbridos normais. Os dados encontrados para teor de lisina indicaram que alguma variação genética existe com relação a este caráter num determinado número de híbridos testados.

VERA e CRANE (1970) conduziram um ensaio de seleção em Lafayette, Estados Unidos, com duas populações de milho para determinar a eficiência de 50% de intensidade de

seleção com o objetivo de diminuir a altura da espiga. As populações foram submetidas a dois ciclos de seleção, cada ciclo seguido por uma geração de cruzamento livre. Os resultados mostraram que a seleção foi efetiva em diminuir a altura da espiga em 4,5% por ciclo. Uma ligeira redução na produção e um mais pronunciado decréscimo na percentagem de acamamento foram estatisticamente não significativos.

ACOSTA e CRANE (1972) estudaram a eficiência da seleção para menor altura da espiga e quatro caracteres agronômicos foram avaliados. Os ensaios foram realizados por meio de "topcrosses" e populações "per se". A altura da espiga ficou reduzida cerca de 24% em ambas subpopulações selecionadas durante os quatro ciclos, comparadas com as subpopulações tidas como controle. A altura da planta foi também reduzida, mas numa menor intensidade. A produção foi afetada pela seleção para menor altura da espiga, sem ter sido levado em conta a altura da planta. De uma maneira geral, a seleção para menor altura da espiga foi mais efetiva aos 20% de intensidade de seleção, do que aos 50%.

A avaliação de progênies de meios-irmãos de um composto "flint" de milho foi realizada por SAWAZAKI e OSUNA (1975), os quais verificaram também que a variabilidade genética da população, estimada através do coeficiente de variação genética, era moderada, perfazendo 5,25%. Entre outros caracteres estudados, os que apresentaram maiores



possibilidades de progresso com a seleção, foram: a altura da planta, a altura da espiga e o peso dos grãos.

Trabalhos de seleção foram desenvolvidos por MOLL et alii (1975) para avaliar a predição e repetibilidade das respostas correlacionadas e respostas a índices de seleção. Em cada uma das seis amostras da variedade 'Jarvis' de milho, a primeira geração de famílias foi selecionada, segundo cinco critérios: produção, altura da espiga e três índices baseados, tanto na produção, como na altura da espiga. A correlação genética entre a produção e a altura da espiga não foi linear e parece existir uma ótima altura da espiga, correspondente a uma máxima produção e estes valores para o primeiro caráter variaram de 116 a 129 cm.

SREERAMULU et alii (1970) realizando intercruzamentos dos mutantes opaco-2 e "floury-2", através de cruzamentos simples de milho, para os mesmos mutantes, mas com genótipos não correlacionados; observaram que significativamente, o peso dos grãos e o peso de grãos por espiga, aumentaram. Este incremento foi maior do que nos mesmos tipos de milho correspondentes normais. Os intercruzamentos também aumentaram o peso do endosperma no opaco-2, "floury-2" e até mesmo nos grãos normais; e o peso do embrião nos grãos normais e opaco-2. Os teores de proteína e lisina não foram aparentemente afetados pelos intercruzamentos, mas estes significativamente aumentaram o peso da proteína por grão em um dos dois cruzamentos simples. Os fenótipos opaco-

2 tinham menos proteína por espiga do que seus correspondentes normais.

Oito linhagens opaco-2 de milho foram cruzadas por SREERAMULU e BAUMAN (1970) numa série dialélica e as polinizações foram provenientes de opacos e normais. Dois fenótipos, opaco ( $o_2o_2o_2$ ) e normal ( $+o_2o_2$ ) foram comparados e a análise para capacidade de combinação foi realizada. Os fenótipos opacos foram 11% mais inferiores, tanto no peso de 100 grãos, como na produção de grãos, em relação aos seus correspondentes normais. O número de grãos por espiga foi o mesmo, tanto no opaco, como no normal. Os fenótipos opacos tinham 11,4% de proteína, contra os 10,63% do normal. A produção de proteína foi 4% menos no opaco-2 do que no normal. No milho opaco, o teor de lisina na proteína foi 4,70% e a lisina como percentagem da amostra foi 0,536. Os coeficientes de correlação do percentual de proteína e lisina com a produção de grãos foram muito baixos e não significativos. A ação gênica aditiva foi mais importante do que a não-aditiva para o peso de grãos, número de grãos, produção de grãos, lisina como percentagem da amostra e produção de lisina; enquanto que as ações gênicas aditiva e não-aditiva foram importantes para a percentagem de proteína e a produção de proteína.

CRISÓSTOMO (1978) realizou pesquisa com dois compostos de milho utilizando progênies de meios-irmãos e verificou a variabilidade genética dos caracteres: produção

de grãos, altura da planta e altura da espiga. A variância genética aditiva para produção nos dois compostos indicou suficiente variabilidade genética. Um dos compostos apresentou baixas correlações entre produção e altura da planta e entre produção e altura da espiga, indicando a possibilidade de obtenção de milhos produtivos com baixa altura. Os caracteres altura da planta e altura da espiga apresentaram correlações altas e positivas, concluindo daí que uma seleção feita para plantas com baixa inserção da espiga, consequentemente irá reduzir o porte da planta.

SINGH e RAI (1979) estudando o efeito do gene braquítico em parâmetros fisiológicos do milho, verificaram que não houve diferenças significativas na taxa de crescimento relativo dos tipos anões e altos num certo estágio da cultura, indicando que a incorporação do gene braquítico não trouxe nenhuma mudança aos atributos fisiológicos, como o ganho de matéria seca, a taxa de assimilação líquida da fotossíntese, o índice de crescimento da cultura e a área foliar. Os autores concluíram que o gene braquítico pode ser incorporado para diminuir a altura da planta, sem contudo mudar a eficiência fisiológica do genótipo.

ROOD e MAJOR (1981) realizaram cruzamentos dialélicos com oito linhagens puras de milho de maturação precoce, cujos resultados foram utilizados para estudar a herança e determinar a capacidade de combinação para o número de folhas e altura de plantas. Ficou evidenciada uma

aparente sobredominância para aumento na altura da planta. Devido a isto os híbridos foram consistentemente mais altos do que seus pais. A herdabilidade no sentido restrito para altura da planta foi muito baixa, indicando que a resposta para este caráter devido à seleção poderia ser muito lenta. A herdabilidade no sentido amplo foi muito maior, sugerindo que a altura da planta foi principalmente um resultado da variação genética. As grandes diferenças entre os dois tipos de herdabilidade indicaram que muito da variação genética foi não-fixável.

#### **2.4. Aspectos Fisiológicos do Mutante Opaco-2 e sua Aplicação para o Melhoramento da Proteína em Milho**

Vários estudos têm sido realizados no sentido de se verificar a influência do nitrogênio na cultura do milho, principalmente no que diz respeito à composição dos constituintes do grão, alterações fisiológicas da planta e do grão, teor de aminoácidos existentes, quais as partes componentes do grão em que estão situadas as frações nitrogenadas e como o nitrogênio incorporado à planta de milho sob a forma de adubo poderá acarretar mudanças nestes constituintes.

Devido a lisina ser o aminoácido limitante na prolamina, sendo esta a única fonte de proteína da dieta de

camundongos (OSBORNE e MENDEL, 1914) mostraram que o conteúdo de zeína aumentada, associada à alta adubação nitrogenada pode reduzir a qualidade nutricional da proteína do milho. Quando as plantas desenvolveram com baixos níveis de nitrogênio, o peso do grão e o teor de zeína ficaram reduzidos, semelhantes ao que foi produzido por outro mutante com elevado teor de lisina, o opaco-7 (DALBY e TSAY, 1975). Entretanto, TSAI et alii (1978) afirmam que aumentos no percentual de zeína, sob elevados índices de fertilização nitrogenada (acima de 201 kg/ha) não causam nenhuma redução adicional nos teores de lisina e triptofano, quando expressos na base da percentagem de proteína ou percentagem de peso seco.

NELSON (1971) mencionou que o opaco-2 bloqueia parcialmente a síntese da fração proteica solúvel em álcool, a zeína, que não tem valor nutritivo, tornando disponível o nitrogênio reduzido para a síntese de aminoácidos das outras frações proteicas. As alterações que ocorrem no opaco-2 são devidas somente à proteína do endosperma, não se observando mudanças na proteína da planta, do embrião e do pólen.

SCHNEIDER et alii (1952) mostraram que o milho ao desenvolver-se em solo com alto teor de nitrogênio e ao fazer-se uma pressão de seleção para elevados percentuais de proteína e óleo, ocorreu um aumento na proporção do embrião e um decréscimo no endosperma. O milho em solo pobre

de nitrogênio e pressionado para baixos teores de proteína e óleo, ocorreu o inverso.

Um ano antes (MILLER e BRIMHALL, 1951) estudaram os fatores que influenciavam os teores de óleo e proteína do grão do milho trabalhando com as linhagens para baixo e alto teores de óleo, como parentais, desenvolvidas em Illinois, Estados Unidos; mais a geração  $F_1$ , a geração segregante  $F_2$  e os retrocruzamentos 1 e 2, para os parentais de baixo óleo e alto teor de óleo, respectivamente. Notaram que o parental com o maior percentual de proteína no embrião, tinha a menor percentagem de proteína no endosperma. Numa comparação dos valores encontrados para proteína, verificaram que no endosperma há um maior teor, em relação ao grão, do que a percentagem de proteína existente no embrião.

Em trabalho realizado por MacGREGOR et alii (1961) ficou evidenciado que a adubação nitrogenada aumentou substancialmente a produção de grãos de milho, as concentrações de proteína no grão e a produção de proteína por unidade de área. Entretanto, as concentrações de todos os aminoácidos não aumentaram uniformemente e os níveis daqueles mais nutricionalmente importantes mostraram pouca ou nenhuma mudança, quando aumentou o teor de proteína do milho. Muitos fatores de crescimento estão envolvidos na produção de aminoácidos em grãos de milho, mas se torna evidente que são considerados de grande importância, a adu-

bação nitrogenada e os níveis básicos de fertilidade do solo.

Um dos grandes problemas do milho opaco é ter os grãos extremamente sensíveis à quebra, entretanto (KNIEP e MASON, 1989) quando aumentaram os níveis de nitrogênio no solo, diminuiu a susceptibilidade à quebra dos grãos de milho híbrido normal e opaco-2, como também a densidade do grão deste último mutante.

KNIEP e MASON (1991) ainda observaram que incrementando os níveis de nitrogênio no solo, aumentou a produção, o teor de proteína, o teor de lisina, enquanto que o teor de lisina na proteína decresceu de 0,39 a 0,36g/kg. Os mais elevados níveis do teor de proteína foram produzidos em híbridos normais com altos níveis de nitrogênio sem irrigação. A produção de grãos nos híbridos opaco-2, sob pequenos efeitos de nitrogênio no solo, sem irrigação, tiveram a melhor qualidade de proteína, indicado pelo teor de lisina na proteína.

GOODSELL (1968) estudou o teor de potássio em milho, comparando grãos amadurecidos de milho normal com grãos de milho opaco-2. A maior concentração de potássio encontrada nos grãos do mutante opaco-2 era devido a alguma forma de controle genético envolvendo o mesmo sistema gênico responsável pelo caráter opaco-2. Os teores de nitrogênio e fósforo foram menores nos grãos do mutante, em comparação com os grãos do milho normal. O excesso de acúmulo de po-

tássio, isoladamente, ou junto com outros íons metálicos pode exercer um efeito inibitório na síntese de amido com uma subsequente redução na produção de grãos dos híbridos opaco-2.

PAEZ et alii (1969) procuraram determinar as classes de grãos mutantes em milho nas espigas segregantes. Com esta finalidade desenvolveram dois experimentos paralelos utilizando linhagens contendo heterozigotos para os mutantes opaco-2 e "floury-2". Compararam o teor de umidade das classes de grãos normais e mutantes na maturação pós-fisiológica. Os mutantes apresentaram um maior teor de umidade em todas as linhagens testadas. O peso médio dos grãos das classes mutantes foi significativamente menor do que o correspondente das classes não mutantes em todas as linhagens. Provavelmente, a maior parte do endosperma mutante transformou o açúcar em amido, num baixo índice, logo a perda d'água pode estar associada com as concentrações de açúcar dentro do grão.

FEIST e LAMBERT (1970) estudaram as alterações que ocorreram durante os retrocruzamentos de seis linhas puras de milho, avaliando a percentagem de lisina na proteína e a redução no peso da semente durante sua conversão para o opaco-2. Embora, diferenças tenham sido encontradas nas linhagens estudadas, as mudanças obtidas foram graduais e poderiam não ser atribuídas à interação do gene opaco-2 com um ou alguns genes, provenientes dos pais re-



correntes. As mudanças foram, provavelmente, devidas à diferenças controladas geneticamente que ocorrem nas frações proteicas do grão, através dos retrocruzamentos. Estas variações podem aumentar ou reduzir os efeitos do gene opaco-2 em diferentes genótipos do pai recorrente. O percentual de redução no peso da semente das plantas opaco-2 não diferiram estatisticamente, nem entre as linhagens puras, nem nas gerações de retrocruzamento.

Dois compostos de milhos tropicais opaco-2, um dentado e outro "flint" foram utilizados por NACIF et alii (1974) para estudo das características físicas e químicas dos grãos opacos e comparados com os normais da mesma espiga. O gene opaco-2 causou decréscimo no peso do grão em maior proporção que a diminuição do volume, consequentemente reduzindo a densidade dos grãos opacos, em relação aos normais da mesma espiga. Na semente desgerminada, o mesmo gene ocasionou aumento da percentagem de lisina e da percentagem de lisina na proteína, como também decréscimo na percentagem de proteína.

PINTO et alii (1974) trabalhando com uma variedade e um híbrido de milho, opaco-2, verificaram após dois ciclos de seleção, para diferentes densidades dos grãos que a seleção para valores altos e baixos deste caráter foi extremamente eficiente, principalmente para a variedade. O aumento da densidade dos grãos através da seleção não alterou significativamente o teor de proteína, o teor de lisina

ou o volume dos grãos. A densidade dos grãos selecionados foi positivamente correlacionado com o peso de 1000 sementes das progênies do híbrido e não da variedade.

Durante o desenvolvimento do endosperma do milho homozigoto para o gene opaco-2 (DALBY e DAVIES, 1975) verificaram que a atividade da ribonuclease aumentou precocemente e após um longo período de acréscimo exponencial, esta atividade foi muito mais intensa no final do desenvolvimento do endosperma mutante do que no endosperma normal. A atividade da ribonuclease dos embriões opaco-2 aumentaram mais rapidamente, do que a correspondente dos embriões normais, embora a atividade final tenha sido a mesma em ambos os casos.

As atividades da ribonuclease dos endospermas normal e opaco foram comparadas por WILSON e ALEXANDER (1975) em três linhagens, as quais estavam segregando para o gene opaco-2. A menor atividade da ribonuclease nos mutantes foi ainda superior àquela observada nos grãos normais. O endosperma opaco tinha um maior conteúdo de água neste estágio de desenvolvimento, em comparação com o endosperma normal, logo as diferenças são bastante grandes, quando as atividades são baseadas em umidade de peso seco. Nos endospermas opacos os pesos secos foram menores, quando comparados com os seus correspondentes normais em todos os casos.

MAKONNEN e BAUMAN (1976) efetuaram cruzamentos dialélicos em seis linhagens opaco-2 e seus corres-

pondentes normais. Observaram que as médias do peso de grãos dos híbridos opaco-2 foram inferiores àquelas dos tipos normais. Estes também tiveram maior peso do sabugo, em relação aos opaco-2. Na maturidade fisiológica, os híbridos opaco-2 apresentaram uma variação em torno de 3,5% acima, quanto ao teor de umidade, em comparação com os correspondentes normais. Uma camada preta, indicadora da maturação fisiológica, formou ao mesmo tempo no opaco-2 e no grão do milho normal.

Já foi visto em trabalho anterior de SCHNEIDER et alii (1952) que uma seleção para níveis altos de proteínas e óleo no milho, acarreta a um aumento na proporção do embrião em detrimento do endosperma. TELLO et alii (1965) evidenciaram que a proteína do embrião contém uma maior proporção de aminoácidos essenciais do que a proteína do endosperma e que tipos de milho com um embrião grande devem ter um mais elevado teor de lisina.

Baseando-se neste aspecto do tamanho do embrião e no conteúdo de proteína-lisina foi que PESEV et alii (1976) estudaram na Jugoslávia a possibilidade de desenvolver linhas puras de milho contendo dois embriões, tendo como uma das finalidades entre outras, encontrar um considerável aumento no teor de proteína, o que realmente conseguiram com bastante êxito.

JONES e TSAI (1977) observaram que durante a germinação, os teores de lisina e triptofano aumentaram no

embrião de milho normal, até que, quatro dias após a germinação, os níveis totais destes aminoácidos são comparáveis àqueles encontrados em sementes maduras de mutantes com alto teor de lisina, como o opaco-2 e o "floury"-2. Aumento nos teores de lisina e triptofano, tanto no milho normal, como nos dois tipos mutantes, ocorreu no embrião, em cada tipo isoladamente, ou numa combinação destes dois últimos tipos, enquanto que os níveis destes aminoácidos, no endosperma, decresceram simultaneamente.

Todos os possíveis cruzamentos, exceto os recíprocos, entre as nove linhagens desenvolvidas nos experimentos de Illinois, Estados Unidos, foram desenvolvidos por DUDLEY et alii (1977) com a finalidade de avaliar sua performance e estudar: (1) os efeitos das percentagens de óleo e proteína na produção de grãos e outros caracteres agronômicos; (2) os efeitos da seleção para percentagem de proteína nos componentes deste caráter; (3) a relação das percentagens de óleo e proteína, para produção de calorías; e (4) a importância dos efeitos genéticos para diversos caracteres. Os resultados obtidos sugerem que: (a) a produção de grãos é negativamente correlacionada com percentagem de óleo e proteína; (b) a percentagem de proteína no grão é primariamente determinada pela percentagem de proteína no endosperma; (c) calorías por grama de matéria seca são amplamente determinadas pela percentagem de óleo, enquanto que, as calorías por grão ou hectare são intensa-

mente estabelecidas pelo peso dos grãos ou produção de grãos; entre outros.

KAUFFMAN e DUDLEY (1979) compararam a eficiência dos métodos de seleção massal e seleção de famílias de meios-irmãos, para aumentar o percentual de proteína no milho. Foram comparados três índices para aumentar a produção de grãos e a percentagem de proteína. Observaram que tanto a seleção massal, como a seleção de famílias de meios-irmãos foram eficientes para aumentar a percentagem de proteína. Significativa variância genética foi encontrada para a produção de grãos, percentagem de proteína e peso dos grãos, coincidindo com os resultados encontrados por GOERTZ et alii (1978), estes conduzindo pesquisa nos locais mais elevados da cordilheira dos Andes.

O teor de proteína mais do que o percentual de óleo em milho é muito influenciado por fatores ambientais, devido a isto (RENDIG e BROADBENT, 1979) estudaram os teores de proteína e aminoácidos em grãos de milho, desenvolvendo em diferentes níveis de nitrogênio. Os resultados indicaram que as diferenças nas concentrações de aminoácidos nos grãos dos diferentes tratamentos foram, em parte, a causa pelas variações nas concentrações da fração proteica prolamina, ou seja, a zeína. Os aminoácidos valina, histidina e metionina ocorreram em menores concentrações.

LOESCH e BAILEY (1980) compararam o mutante

opaco-2 com o duplo mutante "sugary"-2-opaco-2 ( $su_2 o_2$ ) distribuídos em famílias segregando nas gerações  $S_1$  e  $S_2$  para percentagem e índice de emergência de plântulas de milho; e para peso seco destas após germinadas. Os grãos opaco-2 foram maiores, mais pesados e tinham menor gravidade específica do que os grãos do duplo mutante. Nenhuma diferença entre as classes de endosperma foi detectada para a germinação de plântulas.

PHILLIPS et alii (1981) trabalharam com duzentas linhagens de milho para avaliar o crescimento da plântula num percentual médio mais alto de lisina mais treonina com a finalidade de encontrar mutantes resistentes. A resistência ocorreu somente quando as plântulas foram derivadas da germinação de grãos completos. O sistema de controle genético quantitativo para a alteração de lisina, parece complementar o efeito do gene opaco-2 de uma maneira aditiva.

ZORRILA e CRANE (1982) avaliaram três ciclos de seleção de famílias de irmãos-germanos na variedade 'Colus  $o_2$ ' de milho. A seleção foi dirigida primariamente para produção entre as famílias de irmãos-germanos e simultaneamente dentro das famílias de irmãos germanos, para grãos vítreos com bons níveis de lisina e livres de grãos podres. Uma análise de regressão mostrou que durante os três ciclos de seleção das famílias, a produção de grãos aumentou 2,86kg/ha ou 5,46% por ciclo. Os resultados indicaram que o

primeiro ciclo de seleção das famílias de irmãos-germanos na variedade 'Colus-o<sub>2</sub>' foi efetivo no melhoramento da produção.

SHERRARD et alii (1984) em quatro ciclos de seleção encontraram uma significativa resposta correlacionada no percentual de proteína do grão de milho, devido à seleção para alta atividade da redutase nitrato (NRA). Seleções feitas para baixos valores desta enzima mostraram pequena mudança no percentual de proteína do grão, durante os quatro ciclos de seleção. O aumento no teor de proteína do grão, em resposta à seleção para alta atividade da redutase nitrato (NRA) não levou à clássica relação entre produção de grãos e o percentual de proteína.

Para se fazer um levantamento dos métodos que poderão ser empregados e que venham a trazer resultados satisfatórios, visando elevados percentuais de proteína, deve-se antes de qualquer decisão, observar o desempenho e quais conclusões chegaram os clássicos experimentos desenvolvidos em Illinois, Estados Unidos. Os objetivos destes ensaios foram aumentar e diminuir os teores de óleo e proteína, bem como a reversão destes; e que implicações isto poderia trazer para a cultura do milho, quando fossem levado em conta outros importantes caracteres da planta.

Os experimentos de Illinois iniciaram em 1896 com a variedade 'Burr White' pelo Dr. C.G. Hopkins, para determinar se a composição química do milho poderia ser

influenciada pela seleção (WINTER, 1929; WOODWORTH e JUGHNER, 1948 e WOODWORTH et alii, 1952).

A população base foi proveniente de cento e sessenta e três espigas da variedade de polinização livre 'Burr White' e na qual foram feitas seleções em quatro diferentes direções, como sejam: para alto teor de óleo, baixo teor de óleo, alto percentual de proteína e baixo percentual de proteína (WINTER, 1929). Este autor mostrou que as linhagens para alta proteína e alto óleo, respectivamente (IHP) e (IHO), não se aproximaram do valor limite superior; a linhagem para baixa percentagem de proteína (ILP) mudou muito pouco nos 20 anos precedentes e a de baixo óleo (ILO) aproximou-se fisiologicamente do limite inferior.

LENG (1961) interpretou os resultados após 60 gerações de seleção, como indicativos de que a seleção limite não tinha sido atingida. A experiência neste ponto do programa, deixou claro que as significativas predições dos índices de resposta e limites de seleção podem ser feitos somente de uma análise biológica do caráter sob seleção.

DUDLEY e LAMBERT (1969) encontraram significativa variabilidade genética, quando foi obtida a variação entre médias de famílias de meios-irmãos, tanto para o teor de óleo, como para o teor de proteína, após 65 gerações de seleção nas quatro linhagens desenvolvidas em Illinois, Estados Unidos.



Ao completar 70 gerações de seleção divergente para óleo e proteína do grão de milho (DUDLEY, 1973) encontrou somente na linhagem para baixa percentagem de proteína (ILP), uma significativa redução no percentual de óleo, como resposta correlacionada. A seleção reversa teve pequeno efeito na maturidade em algumas das linhagens e pequeno efeito na altura nas linhagens para teor de óleo (RHO) e reversa para baixo óleo (RLO), entretanto, as linhagens reversas para alta e baixa percentagem de proteína foram mais altas do que as linhagens das quais se originaram.

Após estes trabalhos ficou evidenciado que a variabilidade genética estava sempre presente, mesmo nas gerações mais avançadas, logo diversos outros trabalhos visando sempre um maior percentual de proteína foram realizados; e na maioria dos casos, os pesquisadores faziam uso do mutante opaco-2 em milho, o qual possui teores mais elevados deste caráter.

WYSS et alii (1991) verificaram que os grãos imaturos das linhagens (IHP) e (ILP) foram desenvolvidos para maturidade "in vitro" no meio líquido que continha várias concentrações de nitrogênio. Este elemento mostrou ter um grande efeito no percentual de proteína do grão na linhagem (IHP) e um pequeno efeito para (ILP). Ocorreu o inverso, quanto ao peso seco dos grãos, que para esta última linhagem houve uma resposta ampla com o suprimento de nitro-

gênio, ao passo que para a primeira linhagem, a resposta foi moderada. Os autores concluíram que uma distinção na composição proteica do grão entre as duas linhagens resulta da coordenação de diferenças genéticas na absorção e remobilização da substância assimilada pelo vegetal com diferentes eficiências de utilização no grão.

Estudando índices de seleção para melhoramento do milho opaco-2 (MARTIN, 1980) verificou que a interrelação entre os caracteres agronômicos, qualidade da proteína e do grão, dependem de múltiplas características da seleção. A produção de grãos foi considerada o único caráter de valor econômico; e aqueles mais importantes, em relação aos objetivos específicos de seleção atingidos foram: produção de grãos, teor de umidade, dureza do grão, teor de lisina, peso do grão e o grau de transmissão da luz pelos grãos.

BEAVER (1981) estudou a herança e correlação de alguns caracteres na textura do endosperma modificado do milho opaco-2. O autor verificou que a textura do endosperma modificado pode ser usada no melhoramento de caracteres agronômicos no milho opaco-2. Pequenas diferenças citoplasmáticas foram encontradas nos 24 cruzamentos recíprocos entre milho opaco-2 e linhagens modificadas opaco-2. O efeito de xênia foi de tão intensa magnitude que as polinizações foram necessárias serem controladas num programa de melhoramento.

## 2.5. Parâmetros Genéticos Obtidos em Milho

O estudo dos parâmetros genéticos nas duas populações de milho contendo o gene mutante recessivo opaco-2 é considerado o objetivo primordial deste trabalho, o que poderá trazer subsídios para outras pesquisas no mesmo tipo de mutante em milho, ou possíveis comparações com cultivares normais da mesma espécie.

A correlação entre os diferentes caracteres torna-se de grande importância para o melhoramento de plantas, caso a associação exista ou não. O efeito indireto da seleção de um caráter e sua influência sobre a expressão de outro caráter foi denominado por FALCONER (1964) de resposta correlacionada, dependendo da correlação genética aditiva entre os mesmos caracteres.

CAMPOS (1966) desenvolveu ciclos sucessivos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos nas cultivares de milho 'dente paulista' e 'Piramex'. Observou que as variações entre os ciclos para cada caráter foram pequenas e as várias fontes de erro dificultaram as comparações, principalmente quando havia um pequeno número de gerações. Concluiu que a seleção para produção não deve ser feita somente com base num caráter, já que o número de espigas por planta, o peso médio de 50 grãos, o número médio de grãos por planta, a altura da planta e da espiga estão entre os mais correlacionados com a produção.

CARMO (1969) estimou as possibilidades de melhoramento e a magnitude da variabilidade genética das progênies de meios-irmãos em duas populações de milho com ampla base genética o 'Dentado Composto A' e o híbrido 'Dentado Composto A' x 'Duro Composto A'. Verificou que a variabilidade genética nas duas populações foi grande e que as variâncias genéticas do híbrido foram superiores às variâncias de uma das populações, logo o híbrido tinha um bom potencial para ser melhorado.

Foram obtidas médias, variâncias genéticas, herdabilidades e correlações entre caracteres nas famílias de meios-irmãos de quatro sintéticos opaco-2 e dois sintéticos "floury"-2 por DUDLEY et alii (1971). Dois sintéticos opaco-2 foram superiores nos seguintes caracteres: percentagem de lisina na proteína, produção de grãos e teor de lisina por parcela; mas inferior, quanto à percentagem de proteína e densidade do grão, em relação às versões "floury" do mesmo sintético. As variâncias genéticas para todos os caracteres, exceto a percentagem de lisina na proteína foram maiores nos sintéticos "floury"-2. As estimativas de herdabilidade indicam que o melhoramento na percentagem de lisina poderia necessitar de trabalhos de melhoramento correlatos, semelhantes àqueles necessários ao aumento de produção. As correlações obtidas sugerem que seleções simultâneas para produção de grãos e percentagem de lisina poderiam ser possíveis; e que aumentos na percentagem de lisina

tenderiam a elevar o percentual de lisina na proteína, e não incrementos na percentagem de proteína.

PAEZ e ZUBER (1973) desenvolveram sistemas de cruzamentos dialélicos para estudar as propriedades do endosperma do grão de milho normal e seus correspondentes mutantes opaco-2 e "floury"-2. Sete linhagens parentais foram envolvidas e cada uma tinha cinco versões do endosperma, entre as quais estavam incluídos os recessivos opaco-2 e "floury"-2. Houve significativa variação genética entre as combinações de cruzamentos simples dentro dos tipos de endospermas e isto para todas as características do grão estudadas. Em geral os dois mutantes mudaram as médias dos caracteres sem alterarem apreciavelmente os efeitos da capacidade de combinação dos genes envolvidos na herança destes mesmos caracteres.

Híbridos de cruzamentos dialélicos obtidos do cruzamento de seis linhas puras convertidas para opaco-2 foram comparados por GUPTA et alii (1975) com uma série semelhante de cruzamentos feitos entre as linhas puras normais análogas junto com os parentais, para caracteres de óleo e proteína. Os resultados obtidos mostraram que houve somente um pequeno decréscimo na percentagem de proteína ou produção de proteína por hectare, causado pelo gene opaco-2 em homozigose recessiva, comparado com seu correspondente normal. Por outro lado, a percentagem de lisina no grão inteiro, a produção de lisina por hectare e a percentagem de

lisina na proteína, aumentaram nas linhas opaco-2. Os híbridos tiveram uma menor média para os caracteres: percentagem de proteína, percentual de lisina no grão inteiro e percentagem de lisina na proteína, em relação às linhas puras parentais que lhe deram origem. Os coeficientes de correlação entre os caracteres de qualidade da proteína e os componentes de produção relacionados às características do grão foram negativos e significativos, especialmente na presença do gene opaco-2. Somente dois coeficientes de correlação apresentaram uma correlação forte e positiva: a percentagem de proteína com o percentual de lisina e a produção de lisina por hectare com o peso de 1000 grãos no milho opaco-2. Tais resultados coincidiram com os encontrados por DUDLEY et alii (1971).

Através do método de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos empregado no melhoramento da população de milho IAC-1 opaco-2, as estimativas dos parâmetros genéticos encontrados por POMMER et alii (1977) levaram às seguintes conclusões: a) a população deve continuar reagindo favoravelmente à seleção para produção; b) as estimativas do progresso esperado na seleção foram bastante próximas do progresso real calculado, mostrando grande eficiência na metodologia empregada; c) as estimativas de parâmetros genéticos obtidas na população mostraram ser de grande valia para a apreciação do processo de seleção,

permitindo inclusive predições seguras a respeito do progresso genético a ser obtido.

GERALDI (1977) estudando os caracteres do pendão em milho nos compostos 'Dentado Branco' e 'Flint Branco'; e na variedade comercial 'Centralmex' verificou que os coeficientes de herdabilidade se apresentavam com valores de médio a relativamente altos, para o peso, número de ramificações e comprimento do pendão, respectivamente, 36,1%, 45,8% e 28,8%. Os dois primeiros caracteres foram negativamente correlacionados com a produção de grãos. Os coeficientes de correlação genética aditiva parciais indicam que o caráter primário negativamente correlacionado com a produção de grãos é o número de ramificações do pendão. O autor concluiu que o tamanho do pendão é um dos componentes da eficiência da planta de milho e que o melhor indicador desta característica é o número de ramificações, logo a introdução de seleção para este parâmetro no método de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos para a produção de grãos deve melhorar a eficiência do mesmo.

MOTTO et alii (1978) estimaram o ganho genético esperado para o percentual de proteína de um sintético opaco-2 modificado de milho utilizando progênies de irmãos-germanos. Entre sete caracteres estudados, seis tiveram o componente aditivo da variância genética como representante da variância genética total. Uma correlação genética alta e positiva foi encontrada entre a percentagem de proteína e o

teor de triptofano. A análise deste caráter é preferida por causa de sua relação, tanto para quantidade, como para qualidade da proteína; e também devido a praticabilidade de manuseio de um grande número de amostras por dia, num custo razoável. A produção de grãos e a produção de triptofano mostram o maior ganho genético, embora que isto dependa principalmente da alta variabilidade genética encontrada para estes caracteres na população sob estudo. A produção de triptofano é uma característica composta que envolve simultaneamente, produção de grãos, qualidade e quantidade de proteína.

MOTTO (1979) empregou o delineamento I de Comstock e Robinson, para que as progênies provenientes de uma população sintética de milho opaco-2 fossem avaliadas quanto aos valores da herdabilidade e correlações entre quinze caracteres relacionados com a qualidade da semente e tratos agronômicos. Os resultados encontrados demonstraram que a variedade sintética ficou caracterizada, devido a uma apreciável variabilidade na maioria dos caracteres estudados. As estimativas de herdabilidade se mostraram elevadas para todos os caracteres com exceção do teor de triptofano da proteína, o qual foi baixo. Ficou ainda evidenciado que havia uma grande quantidade de variância genética aditiva para a maioria dos caracteres analisados.

MARTIN et alii (1982) realizaram estudos para calcular e comparar índices de seleção para o melhoramento



do milho opaco-2, levando em conta a confiabilidade da resposta antecipada de um índice, bem como o seu avanço genético esperado. Para se calcular um índice de seleção é necessário conhecer as variâncias fenotípicas e genotípicas, ao mesmo tempo que as covariâncias de cada caráter, bem como avaliar a importância destes caracteres, como por exemplo, seu valor econômico. Determinaram também a qualidade da proteína do grão para o melhoramento do milho opaco-2, entre outros caracteres agrônômicos de importância para a cultura. Os caracteres principais capazes de atingir os objetivos de seleção específicos foram: produção, umidade, peso do grão, dureza do cariópse, teor de lisina e opacidade. Os ganhos esperados dos esquemas envolvendo seleção de plantas individuais foram pequenos, devido a baixa herdabilidade destas.

Um composto de ampla base genética foi utilizado por REGAZZI et alii (1980) para estudar variâncias, covariâncias e correlações fenotípicas, genotípicas e genéticas aditivas no material experimental obtido por cruzamentos múltiplos entre os indivíduos, cujos caracteres avaliados em suas progênes, foram: produção de grãos, altura da planta, altura da espiga, peso de espigas por parcela, peso de 50 grãos, entre outros. A maioria dos caracteres apresentaram variabilidade genética aditiva, principalmente para os componentes de machos, enquanto que, para os componentes de fêmeas dentro de machos, ocorreu variabilidade

genética aditiva e dominante para todos os caracteres, significativos à 1% de probabilidade. As estimativas de herdabilidade no sentido restrito foram de razoável magnitude para quase todos os caracteres e as correlações que foram altamente significativas: produção de grãos com peso de espigas, altura da planta com altura da espiga, produção de grãos com número de espigas; e este caráter com o peso de espigas.

REIS et alii (1982) avaliaram progênies obtidas do 'Composto Dente B' de ampla base genética com a finalidade de estimar herdabilidade, correlações e índices de seleção em milho nos seguintes caracteres: produção de grãos, altura da planta, altura da espiga, peso de 50 grãos, peso de espigas por parcela e número de espigas por parcela. As estimativas de herdabilidade, para todos os caracteres, foram calculadas com base nas médias das progênies. As alturas da planta e da espiga tiveram herdabilidades acima de 36%, enquanto que, produção de grãos, peso de espigas e número de espigas tiveram herdabilidades menores que 22%. Os coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e genética aditiva se situaram acima de 40%, para a maioria dos caracteres, com exceção do peso de 50 grãos que apresentou menos de 40% de correlação com todos os caracteres. A produção de grãos apresentou correlações fenotípicas, genotípicas e genética aditivas positivas com alturas da planta e da espiga; e com o número de espigas por parcela,

permitindo concluir que a produção está intimamente associada com os três caracteres acima mencionados.

LORDELO (1982) trabalhando com duas populações de milho anão, encontrou suficiente variabilidade genética para obtenção de progressos relativamente altos com o emprego de métodos simples de seleção, em todos os caracteres. Ocorreu alta herdabilidade no sentido restrito, ao nível de plantas, para altura da planta, altura da espiga, índice de posição e número de ramificações no pendão. A seleção para aumentar a produção de grãos na população 'Piranão VD-2' poderá elevar a altura da planta, a altura da espiga e o índice de posição, enquanto que a altura da espiga foi o caráter mais positivamente correlacionado com a produção de grãos na população 'Piranão VF-1'. O mesmo tendo ocorrido com a outra população estudada.

MIRANDA F. e PATERNIANI (1983) avaliaram as estimativas de parâmetros genéticos em duas populações de milho, 'Piramex' e 'Cateto', consideradas potenciais para o melhoramento através de seleção recorrente. Dois tipos de progênies foram utilizadas como famílias de meios-irmãos (intrapopulação) e cruzamento-teste de famílias de meios-irmãos (interpopulação). As duas progênies mostraram uma significativa variação entre famílias de meios-irmãos original, a qual é indicativa da variância genética aditiva para ambas as populações. Os resultados mostraram ainda um maior potencial para o melhoramento interpopulação. A medida

do potencial genético das variedades para a expressão da heterose e melhoramento foi estimada em 1,273. Tal estimativa aproxima o valor esperado para o cruzamento entre duas populações com distribuições contrastantes de frequências gênicas e grau de dominância em torno de 1,0. A heterose foi esperada para aumentar 0,041 t/ha que significa um incremento de 0,8% em relação à média da população híbrida original.

Para melhor entendimento da relação entre textura do endosperma, qualidade da proteína e outras características da semente, em milho opaco-2 de endosperma modificado ou vítreo (BEAVER et alii, 1985) obtiveram estimativas da variância aditiva e de dominância, herdabilidade e correlações genéticas para uma população de milho opaco-2 modificado. Os dados foram colhidos em 240 famílias  $S_2$  para percentagem e grau de modificação do endosperma, peso de 100 grãos, densidade do grão, altura da planta, percentagem de lisina, percentagem de proteína e o percentual de lisina na proteína. Todos os caracteres mostraram variância genética significativa. As estimativas de herdabilidade variaram de intermediária a alta para todos os caracteres, exceto para a densidade do grão. A variância genética aditiva foi significativa e a variância devido aos efeitos de dominância, não significativa, para o percentual de lisina, percentagem de proteína, teor de lisina em 100g de proteína e altura da planta.

TOSELLO et alii (1987) trabalhando com a população de milho ESALQ-VD opaco com a finalidade de estimar parâmetros genéticos e fenotípicos em vários caracteres, como produtividade, altura da planta e da espiga, % de triptofano e % de triptofano na proteína verificaram que a referida população apresentou alto potencial genético para ser usada como material básico para seleção visando produtividade e qualidade proteica; e que selecionando para o primeiro caráter não haverá alterações para altura da planta ou da espiga, no entanto, poderá ocorrer um acréscimo no teor de proteína, acarretando um decréscimo na qualidade desta.

### 3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1. Material

Duas populações de milho (*Zea mays*, L.) opaco ( $o_2o_2$ ) de porte normal foram utilizadas para o desenvolvimento desta pesquisa. Segue-se uma descrição de cada uma destas populações.

##### (a) ESALQ - VD-2 - opaco

A população ESALQ - VD-2 - opaco de porte normal e grãos opaco ( $Br_2Br_2, o_2o_2$ ) foi obtida do inter-cruzamento do milho 'Maya' opaco ( $o_2o_2$ ), desenvolvido no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) com a versão normal do ESALQ - VD-2, seguido de três ciclos de seleção massal e um ciclo de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, sintetizado no Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", em Piracicaba, SP, segundo TOSELLO (1975).

A formação da população ESALQ - VD-2 deu-se a

partir de 1965 por recombinação das populações introduzidas do CIMMYT, representando germoplasmas de grãos dentados brancos e amarelos com predominância da raça Tuxpeño (PATERNIANI et alii, 1977), além de populações desenvolvidas em programas locais (LIMA, 1977). Posteriormente, esse material foi selecionado para grãos amarelos dentados e melhorado para produção por três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos (CASTRO, 1983).

(b) ESALQ - VF-1 - opaco

Esta população foi sintetizada pelo intercruzamento da população ESALQ - VF-1 de grãos normais com a população Maya opaco do IAC, doadora do gene  $o_2o_2$ . A população ESALQ - VF-1 normal foi desenvolvida por PATERNIANI et alii (1977), tendo como germoplasma básico população do milho de grãos duros representativos das raças de Cuba, Colombia e América Central. Após seleção para grãos duros e cor laranja, a população foi submetida a três ciclos de recombinação para produção, empregando o método de seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos. Após o intercruzamento, a população ESALQ - VF-1 opaco foi submetida também a três ciclos de seleção massal (SM) e um ciclo de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos.

## 3.2. Métodos

### 3.2.1. Execução experimental

As duas populações anteriormente descritas foram utilizadas no desenvolvimento experimental deste trabalho. Ambas estão representadas por progênies de meios-irmãos, após terem sido selecionadas em campo isolado.

Com a finalidade de se realizar seleção e melhoramento, bem como auferir a potencialidade genética de cada população, no final de outubro de 1983 foram instaladas 200 progênies de meios-irmãos de cada uma das duas populações descritas, tendo cada experimento duas repetições. Os ensaios foram instalados na Fazenda Anhembi no Distrito de Anhumas, Município de Piracicaba, com solo de média fertilidade e com pH ao redor de 5,5.

Utilizou-se como testemunhas, os híbridos de plos C 111-S e Ag 301, o primeiro da Cargill e o segundo da Agrocerec, respectivamente, os quais foram colocados no início, meio e final dos experimentos, sem participarem no entanto, da análise estatístico-genética.

A avaliação das 400 progênies foi realizada utilizando-se o delineamento em látice simples 10 x 10, perfazendo portanto, quatro látices 10 x 10 com duas repetições cada um. Cada parcela experimental tinha 5,20 m<sup>2</sup> de



área com 5,20 m de comprimento, com fileiras espaçadas de 1,0m e 0,20m entre covas, totalizando 26 covas na linha de plantio. Cada cova recebeu duas sementes, deixando-se somente uma planta por cova após o desbaste.

A coleta de dados teve início em meados de janeiro de 1984, para os quais os seguintes caracteres foram avaliados:

(a) À Nível de Campo

Os dados de produção de grãos foram tomados através do peso de espigas despalhadas (PE) por parcela, após a determinação do número de plantas da fileira de plantio. Os resultados observados deste caráter foram corrigidos para 15,5% de umidade e "stand" de 26 plantas (ZUBER, 1942). Os valores foram obtidos à nível de totais de parcelas, em libras, os quais, posteriormente, foram transformados para g/pl (gramas por planta), à nível de médias de parcelas.

Os dados referentes à altura da planta (AP) e altura da espiga (AE) foram mensurados de cinco plantas competitivas em cada parcela, antes da colheita. O primeiro caráter expressa a distância entre o nível do solo e a inserção da folha bandeira, enquanto a altura da espiga (AE) é tomada do ponto de inserção da primeira espiga, aquela que se encontra mais elevada no colmo.

O número de ramificações do pendão (NR) foi

obtido através da média do número de ramificações da inflorescência masculina, contadas nas mesmas cinco plantas competitivas de cada parcela em que os outros caracteres foram mensurados.

As espigas colhidas de cada uma das cinco plantas foram levadas para uma sala de recepção de materiais de campo, para que novos caracteres fossem mensurados, quais sejam: comprimento da espiga (CE) e diâmetro da espiga (DE), expressos em centímetros; número de grãos da espiga (NG) obtido através do produto entre o número de grãos de uma fileira da espiga e o número de fileiras existentes na espiga.

#### (b) À Nível de Laboratório

Após os caracteres anteriores terem sido mensurados, as espigas foram debulhadas manualmente, coletando-se os grãos em recipientes apropriados para avaliação do caráter peso de 100 grãos (PG) e do teor de umidade destes, obtido em aparelho apropriado da marca "Steinlite" de fabricação americana.

Além do peso de 100 grãos (PG) foram determinados valores médios para o teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P), através de uma amostra da mistura dos grãos de cinco espigas por parcela, em 80% das progênies de cada ensaio. Para se obter o efeito entre plantas dentro de progênies para

estes mesmos caracteres, coletou-se as amostras das cinco espigas de cada parcela, em 20% das progênies.

Retirou-se 20 grãos em cada uma das progênies para moagem em moinho elétrico, transformando o material em farelo, acondicionando em seguida em cartuchinhos de papel de filtro, cuidadosamente fechados.

Para a obtenção do teor de proteína (P) retirou-se, a priori, o óleo existente em cada amostra, através do extrator de Soxlet, empregando-se o solvente n-hexano. O percentual de proteína foi determinado pelo método micro Kjeldahl (A.O.A.C., 1965), o qual mede o teor de nitrogênio total da amostra, representada por 40 mg do material moído.

O teor de triptofano (T) no grão foi mensurado, retirando-se uma amostra de 100 mg do farelo de milho e tratando-a pelo método colorimétrico modificado por HERNANDES e BATES (1969), daquele primeiramente desenvolvido por OPIENSKA-BLAUTH et alii (1963).

O método se baseia na reação Hopkins-Cole, por meio da qual o ácido glioxílico e o triptofano que foram liberados pela digestão da proteína por papaína, formam um complexo colorido com o cloreto férrico, com o máximo de absorção em 560 nm.

O teor de triptofano na proteína foi obtido através da relação entre os percentuais do aminoácido e da proteína no grão.

### 3.2.2. Análise estatístico-genética

Os dados experimentais foram coletados nas duas populações, separadamente. Ambas ficaram distribuídas no campo em látices simples 10x10, com duas repetições. Os onze caracteres estudados foram avaliados nas 200 progênies que compunham cada população.

Com o objetivo de se obter as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos utilizados nesta pesquisa foram realizadas as análises de variância com todos os caracteres nas duas populações do estudo e as análises de covariância entre a produção de grãos e os demais caracteres de campo; entre a produção de grãos e os caracteres da espiga; e entre a produção de grãos e os caracteres obtidos em laboratório. Análises de covariância também foram realizadas somente entre estes caracteres, sem levar em conta a produção, ou seja, sem a participação do peso de espigas despalhadas (PE).

#### (a) Análise de Variância

As análises de variância para todos os caracteres, nas duas populações foram realizadas de acordo com a metodologia relatada por VENCOVSKY (1969), empregando-se o seguinte modelo:

$$x_{ijk} = \mu + p_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk}$$

onde:

- $x_{ijk}$  = é a observação feita no indivíduo  $k$ , da progênie  $i$ , no bloco  $j$ ;
- $\mu$  = é a média geral;
- $p_i$  = é o efeito da progênie  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, s$ );
- $b_j$  = é o efeito do bloco  $j$  ( $j = 1, 2, \dots, r$ );
- $e_{ij}$  = é o efeito da parcela  $ij$ ;
- $d_{ijk}$  = é o efeito relativo ao indivíduo  $k$  da parcela  $ij$  ( $k = 1, 2, \dots, n$ ).

Considerando-se o modelo aleatório, isto é, todos os efeitos, com exceção da média geral, como sendo aleatórios, tem-se as seguintes esperanças matemáticas (E):

$$E(p_i) = E(b_j) = E(e_{ij}) = E(d_{ijk}) = 0$$

$$E(p_i^2) = \sigma_p^2, E(b_j^2) = \sigma_b^2; E(e_{ij}^2) = \sigma_e^2; E(d_{ijk}^2) = \sigma_d^2$$

onde:

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

$\sigma_b^2$  = variância entre blocos;

$\sigma_e^2$  = variância do erro ambiental entre parcelas dentro dos blocos;

$\sigma_d^2$  = variância fenotípica entre plantas dentro de progênies.

As análises dos látices foram realizadas com as médias de parcela obtendo-se assim as somas de quadrados e quadrados médios para repetições, progênies ajustadas e

erro intra-blocos, cujas fontes de variações são as que seguem na Tabela 1 abaixo, segundo COCHRAN e COX (1969).

Tabela 1. Análise de variância em látice simples, parcialmente balanceado, com  $k^2$  tratamentos e  $r$  repetições.

Fonte de Variação	GL	QM
Repetições	$r - 1$	
Tratamentos ajustados	$k^2 - 1$	$Q_1$
Blocos dentro de repetições ajustadas	$r(k - 1)$	$Q_2$
Erro intra-blocos	$(k - 1)(rk - k - 1)$	$Q_3$
Total	$(rk^2 - 1)$	

onde:

$r$  = número de repetições;

$k$  = corresponde ao número de progênies (tratamento) por blocos;

$Q_1$  = quadrado médio dos tratamentos ajustados;

$Q_2$  = quadrado médio dos blocos dentro de repetições ajustadas;

$Q_3$  = quadrado médio do erro intra-bloco.

Os quadrados médios dentro de progênies ( $QM_d$ ) foram obtidos independentemente, através das médias ponderadas pelos graus de liberdade das estimativas das variâncias individuais dentro de parcelas, ou seja:

$$\overline{QM}_d = \frac{\sum_{ij} (GL)_{ij} (QM)_{ij}}{\sum_{ij} (GL)_{ij}} = \frac{\sum_{ij} (SQ_d)_{ij}}{\sum_{ij} (GL)_{ij}}$$

onde:

- $QM_d$  = quadrado médio dentro de cada parcela;  
 $SQ_d$  = soma de quadrados dentro de cada parcela;  
 $GL$  = número de graus de liberdade dentro de cada parcela.

A análise agrupada de variância dos experimentos de cada população foi feita através da ponderação pelos graus de liberdade dos quadrados médios obtidos nas análises de variância individuais de cada experimento ("pooled"). Dessa maneira, as esperanças matemáticas dos quadrados médios assim auferidos estão apresentadas na Tabela 2, ao nível de médias de parcelas.

Tabela 2. Esperança matemática dos quadrados médios  $E(QM)$ , obtidos nas análises de variância, através do delineamento em látice, para os diversos caracteres estudados, ao nível de médias de parcelas.

FV	Ao nível de médias		
	GL	QM	$E(QM)$
Progénies/Exp.	$GL_1$	$Q_1$	$\sigma_d^2/n + \sigma_e^2 + r\sigma_p^2$
Erro médio	$GL_2$	$Q_2$	$\sigma_d^2/n + \sigma_e^2$
Dentro	$GL_3$	$Q_3$	$\sigma_d^2$

onde:

$GL_1$ ,  $GL_2$  e  $GL_3$  = graus de liberdade associados às fontes de variação;

$Q_1$  = quadrado médio entre progênies;

$Q_2$  = quadrado médio do erro entre parcelas;

$Q_3$  = quadrado médio entre plantas dentro de progênies;

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

$\sigma_e^2$  = variância do erro ambiental entre parcelas

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

$r$  = número de repetições;

$n$  = número de plantas por parcela.

As estimativas das variâncias genéticas e ambientais foram obtidas ao nível de médias. De acordo com as esperanças dos quadrados médios da Tabela 2, as estimativas da variância genética entre progênies ( $\sigma_p^2$ ), da variância do erro ambiental entre parcelas ( $\sigma_e^2$ ) e da variância fenotípica dentro de progênies ( $\sigma_d^2$ ) foram obtidas a partir dos quadrados médios, pelo seguinte processo, para cada população:

$$\hat{\sigma}_d^2 = Q_3$$

$$\hat{\sigma}_e^2 = Q_2 - Q_3/n$$

$$\hat{\sigma}_p^2 = (Q_1 - Q_2)/r$$

O caráter produção de grãos, mensurado através do peso de espiga despalhadas (PE) foi obtido ao nível



de totais de parcelas, em kg/5,20m<sup>2</sup>, mas, posteriormente, transformado em média de parcela, em g/pl, através da relação entre o total auferido e o número de plantas da parcela, podendo assim, as estimativas dos parâmetros deste carácter, serem avaliados ao nível de médias, como os demais caracteres estudados.

As estimativas da variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), de variância fenotípica entre plantas ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) e entre médias de parcelas ( $\hat{\sigma}_F^2$ ), do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, ao nível de plantas ( $\hat{h}^2$ ) e ao nível de médias ( $\hat{h}_x^2$ ), foram obtidas através das seguintes equações, para cada população, de acordo com a metodologia descrita por VENCOVSKY (1987):

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_p^2;$$

$$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2$$

$$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2/r + \hat{\sigma}_d^2/n.r = Q_1/r$$

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

$$\hat{h}_x^2 = \hat{\sigma}_A^2/\hat{\sigma}_F^2$$

#### (b) Análise de Covariância

Os produtos médios entre os caracteres obtidos em campo e a produção de grãos, entre esta e os caracteres da espiga, entre a produção de grãos e os caracteres mensurados em laboratório; e os produtos médios entre tais

caracteres, sem considerar a produção foram desenvolvidos pelo método relatado por KEMPTHORNE (1966).

Inicialmente realizou-se uma análise de variância da soma dos caracteres para se obter as estimativas de covariância, utilizando-se apenas os processos de análise de variância.

O produto médio entre os caracteres foi obtido a partir do quadrado médio da soma dos caracteres e dos quadrados médios individuais de cada caráter, como mostra a Tabela 3, para cada fonte de covariação.

Tabela 3. Produtos médios obtidos dos quadrados médios individuais e da soma dos caracteres, para o delineamento látice quadrado.

Fonte de Covariação	Quadrados médios			Produtos Médios ( $PM_{x,y}$ )
	x	y	z	
Progênes	$QM_{p_x}$	$QM_{p_y}$	$QM_{p_z}$	$PM_{p_{xy}} = 1/2(QM_{p_z} - QM_{p_x} - QM_{p_y})$
Erro combinado	$QM_{e_x}$	$QM_{e_y}$	$QM_{e_z}$	$PM_{e_{xy}} = 1/2(QM_{e_z} - QM_{e_x} - QM_{e_y})$
Dentro	$QM_{d_x}$	$QM_{d_y}$	$QM_{d_z}$	$PM_{d_{xy}} = 1/2(QM_{d_z} - QM_{d_x} - QM_{d_y})$

sendo:

x e y = referem-se aos caracteres em estudo;

z = x + y;

$QM_p$ ,  $QM_e$  e  $QM_d$  = quadrados médios entre progênes; do erro entre parcelas e entre plantas dentro de parcelas, respectivamente;

$PM_p$ ,  $PM_e$  e  $PM_d$  = produtos médios entre progênes, do erro entre parcelas e entre plantas dentro de parcelas, respectivamente.

Os produtos médios dentro de progênies foram obtidos independentemente de maneira semelhante aos quadrados médios dentro de progênies, através das médias ponderadas pelos graus de liberdade das estimativas das covariâncias individuais dentro de parcelas.

As esperanças matemáticas obtidas para os produtos médios, referentes a cada fonte de variação, ao nível de médias de parcelas, encontram-se apresentadas na Tabela 4.

Tabela 4. Esperança matemática dos produtos médios  $E(PM)$ , obtidos nas análises de covariância para os diversos caracteres estudados, ao nível de médias de parcelas.

Fonte de Covariação	GL	PM	$E(PM)$
Progênies/Exp.	$GL_1$	$PM_1$	$Cov_d/n + Cov_e + r Cov_p$
Erro médio	$GL_2$	$PM_2$	$Cov_d/n + Cov_e$
Dentro	$GL_3$	$PM_3$	$Cov_d$

De acordo com a Tabela 4 acima, as estimativas das covariâncias genéticas e fenotípicas, ao nível de médias de parcelas, entre os caracteres em estudo foram obtidas a partir dos produtos médios das análises agrupadas, através das seguintes equações, para cada população:

$$C\acute{o}v_d = PM_3$$

$$C\acute{o}v_e = PM_2 - PM_3/n$$

$$C\acute{o}v_p = (PM_1 - PM_2)/n.r$$

sendo as demais estimativas obtidas segundo metodologia descrita por VENCovsky (1987):

$$C\acute{o}v_A = 4 C\acute{o}v_p$$

$$C\acute{o}v_F = C\acute{o}v_p + C\acute{o}v_e + C\acute{o}v_d$$

$$C\acute{o}v_{\bar{F}} = C\acute{o}v_p + C\acute{o}v_e/r + C\acute{o}v_d/n.r = PM_1/n.r$$

onde:

$C\acute{o}v_d$  = covariância fenotípica entre plantas dentro de progênies;

$C\acute{o}v_e$  = covariância do erro ambiental entre parcelas;

$C\acute{o}v_p$  = covariância genética entre progênies;

$C\acute{o}v_A$  = covariância fenotípica entre plantas;

$C\acute{o}v_{\bar{F}}$  = covariância fenotípica entre médias de progênies.

(c) Estimação das Correlações; Progressos Esperados e Respostas correlacionadas com Seleção

As correlações genéticas, fenotípicas e ambientais entre os caracteres foram estimadas de acordo com o procedimento relatado por FALCONER (1964) e KEMPTHORNE (1966), como segue:

$$r_A(x,y) = \frac{\text{Cov}_A(x,y)}{\hat{\sigma}_{A_x} \cdot \hat{\sigma}_{A_y}}$$

$$r_F(x,y) = \frac{\text{Cov}_F(x,y)}{\hat{\sigma}_{F_x} \cdot \hat{\sigma}_{F_y}}$$

$$r_e(x,y) = \frac{\text{Cov}_e(x,y)}{\hat{\sigma}_{e_x} \cdot \hat{\sigma}_{e_y}}$$

onde:

$r_A(x,y)$  = coeficiente de correlação genética aditiva entre os caracteres x e y;

$r_F(x,y)$  = coeficiente de correlação fenotípica entre os caracteres x e y.

$r_e(x,y)$  = coeficiente de correlação ambiental entre os caracteres x e y.

Os ganhos esperados com seleção foram calculados a partir do procedimento relatado por VENCovsky (1969), considerando-se a seleção massal e a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos com recombinação por sementes remanescentes, respectivamente com a seleção entre progênies de 20% e entre plantas dentro de progênies de 10%. Dessa maneira, os ganhos esperados com seleção foram calculados de acordo com as seguintes expressões:

$$G_{s_1} = i_1 \frac{\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2}}$$

$$G_{s_2} = i_2 \frac{(1/4) \sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_p^2 + \sigma_e^2/r + \sigma_d^2/n.r}}$$

$$G_{s_3} = i_3 \frac{(3/8) \sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_d^2}}$$

onde:

$G_{s_1}$  = ganho esperado com seleção massal em ambos os sexos;

$G_{s_2}$  = ganho esperado com seleção entre progênies de meios-irmãos, em ambos os sexos;

$G_{s_3}$  = ganho esperado com seleção entre plantas dentro de progênies de meios-irmãos, em um só sexo;

$i_1, i_2, i_3$  = coeficientes associados às porcentagens de 5%, 20% e 10%, respectivamente de indivíduos selecionados. Correspondem ao diferencial de seleção em unidades de desvio padrão da unidade de seleção, cujos valores da tabela são 2,06; 1,40 e 1,76, respectivamente às proporções acima aludidas.

As respostas correlacionadas esperadas com seleção foram calculadas a partir dos procedimentos apresentados por FALCONER (1964):

$$RC_1(y/x) = i_1 \frac{Cov_A(x,y)}{\sqrt{(\sigma_p^2 + \sigma_e^2 + \sigma_d^2)_x}}$$

$$RC_2(y/x) = i_2 \frac{(1/4) Cov_A(x,y)}{\sqrt{(\hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2/r + \hat{\sigma}_d^2/n.r)_x}}$$

$$RC_3(y/x) = i_3 \frac{(3/8) \text{Cov}_A(x,y)}{\sqrt{(\hat{\sigma}_d^2)_x}}$$

onde:

$RC_1(y/x)$  = resposta correlacionada esperada no caráter y, na unidade em que foi avaliado, por seleção massal nos dois sexos praticada no caráter x;

$RC_2(y/x)$  = resposta correlacionada esperada no caráter y, na unidade em que foi avaliado, por seleção entre progênies de meios-irmãos nos dois sexos praticada no caráter x;

$RC_3(y/x)$  = resposta correlacionada esperada no caráter y, na unidade em que foi avaliado, por seleção entre plantas dentro de progênies de meios-irmãos num só sexo praticada no caráter x;

$i_1(5\%)$  = corresponde a 2,06;

$i_2(20\%)$  = corresponde a 1,40;

$i_3(10\%)$  = corresponde a 1,76.

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1. Avaliação da Produção e Caracteres da Planta e da Espiga

O caráter peso de espigas despalhadas pode ser considerado como o mais importante entre os demais caracteres avaliados na planta do milho.

A Tabela 5 apresenta as médias dos caracteres das duas populações e os respectivos coeficientes de variação experimental em percentagem. Quanto às médias dos caracteres há uma tendência da população ESALQ - VD-2 opaco, apresentar um melhor comportamento do que a população ESALQ-VF-1 opaco. O peso de espigas despalhadas na primeira população foi bem superior, 80,688 g/pl, quando comparado com a segunda, 68,189 g/pl. O coeficiente de variação experimental dá uma indicação da precisão do ensaio e neste caso particular, para o peso de espigas despalhadas, pode-se afirmar que os experimentos não tiveram uma precisão satisfatória, já que os coeficientes de variação experimental foram 19,256% e 20,562% para a primeira e segunda popula-



caráter peso de espigas despalhadas (PE), indicando que existe uma acentuada variabilidade genética entre as progênies ensaiadas. Estes resultados foram semelhantes aos encontrados por RISSI (1980) trabalhando com as duas subpopulações Piranão A e Piranão B; por BIANCO (1984) com as populações Piranão VD-2 e VF-1; e por ZIMBACK (1985) para o mesmo caráter nas duas subpopulações A e B. SOUZA Jr. (1983) encontrou significância estatística ao nível de 5% nas progênies de meios-irmãos intra e interpopulacionais.

As Tabelas 7, 8 e 9 apresentam as análises agrupadas dos caracteres: altura da planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão, respectivamente. Os três caracteres nas duas populações apresentaram os quadrados médios altamente significativos, ao nível de 1% para as progênies ajustadas, indicando que há grande variabilidade genética entre as progênies ensaiadas, existindo assim um grande potencial destes materiais para serem melhorados através de seleção. Estes resultados foram semelhantes aos encontrados por RISSI (1980) com os milhos Piranão A e Piranão B, por BIANCO (1984) com as subpopulações Piranão VD-2 e Piranão VF-1 e por ZIMBACK (1985) com as subpopulações de milho opaco Piranão A e B.

Quanto aos caracteres da espiga: comprimento da espiga, diâmetro da espiga e número de grãos da espiga, as análises agrupadas encontram-se nas Tabelas 10, 11 e 12 respectivamente. Pode-se observar que somente o diâmetro da

ções, respectivamente. Deve-se ressaltar ainda que os ensaios foram instalados em local que não apresentavam condições ambientais completamente satisfatórias, tendo-se um solo com média fertilidade, uma textura argilo-arenosa com pequena profundidade e um pH com tendência a acidez, em torno de 5,5.

A exemplo do que ocorreu com o peso de espigas despalhadas, outros caracteres tiveram suas médias mais elevadas na população ESALQ - VD-2 como altura da planta (AP), altura da espiga (AE), comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), número de grãos da espiga, peso de 100 grãos e teor de proteína.

O milho flint-opaco superou o dentado, quanto ao número de ramificações do pendão e teor de triptofano na proteína, enquanto que o teor de triptofano no grão foi o mesmo nas duas populações.

Com exceção do caráter peso de espigas despalhadas (PE), os demais caracteres apresentaram coeficientes de variação experimental satisfatórios, como mostra a Tabela 5, enfatizando os caracteres altura da planta, altura da espiga, comprimento da espiga, diâmetro da espiga como aqueles que tiveram os mais baixos coeficientes de variação.

Observando-se a Tabela 6, nota-se que em ambas as populações, detectou-se para progênies ajustadas elevada significância no teste F, ao nível de 1%, para o

caráter peso de espigas despalhadas (PE), indicando que existe uma acentuada variabilidade genética entre as progênies ensaiadas. Estes resultados foram semelhantes aos encontrados por RISSI (1980) trabalhando com as duas subpopulações Piranão A e Piranão B; por BIANCO (1984) com as populações Piranão VD-2 e VF-1; e por ZIMBACK (1985) para o mesmo caráter nas duas subpopulações A e B. SOUZA Jr. (1983) encontrou significância estatística ao nível de 5% nas progênies de meios-irmãos intra e interpopulacionais.

As Tabelas 7, 8 e 9 apresentam as análises agrupadas dos caracteres: altura da planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão, respectivamente. Os três caracteres nas duas populações apresentaram os quadrados médios altamente significativos, ao nível de 1% para as progênies ajustadas, indicando que há grande variabilidade genética entre as progênies ensaiadas, existindo assim um grande potencial destes materiais para serem melhorados através de seleção. Estes resultados foram semelhantes aos encontrados por RISSI (1980) com os milhos Piranão A e Piranão B, por BIANCO (1984) com as subpopulações Piranão VD-2 e Piranão VF-1 e por ZIMBACK (1985) com as subpopulações de milho opaco Piranão A e B.

Quanto aos caracteres da espiga: comprimento da espiga, diâmetro da espiga e número de grãos da espiga, as análises agrupadas encontram-se nas Tabelas 10, 11 e 12 respectivamente. Pode-se observar que somente o diâmetro da

espiga não mostrou diferenças significativas entre as progênies ensaiadas, Tabela 11, enquanto que, tanto o comprimento da espiga, como o número de grãos da espiga apresentaram em ambas as populações, as progênies significativamente adiferentes, ao nível de 1%, Tabelas 10 e 12, respectivamente. A variação observada para o comprimento da espiga variou de 15,8 a 16,5 cm na população ESALQ - VD-2 e mostrou-se inferior à amplitude de variação encontrada por (MOTTO, 1979) que foi de 17,1 a 21,7 cm. O número de grãos observado na população dente-opaco variou de 416 a 426 grãos por espiga, superando a média de 403 grãos encontrados na versão  $o_2o_2$  por SALAMINI et alii (1970). O diâmetro da espiga permaneceu em torno dos 4,0 cm em todos os ensaios nas duas populações estudadas.

A Tabela 13 apresenta a análise agrupada do peso de 100 grãos, para as duas populações em estudo e a partir da mesma pode-se constatar que somente a população "flint" apresentou significância estatística, à 1%, à semelhança do resultado encontrado por TOSELLO e GERALDI (1980a), demonstrando assim que também para este caráter há grande variabilidade genética. As médias do peso de 100 grãos para a população ESALQ - VD-2 variaram entre 28,5 g e 29,5 g, ficando a média em torno de 29,0 g, como já visto anteriormente, valores estes semelhantes aos encontrados por SREERAMULU e BAUMAN (1970). Para o "flint" opaco a variação se situou entre 25,6 g e 26,3 g, a média permanecendo em

26,0g, aproximado ao valor do híbrido opaco testador (R801 x R802) encontrado por LAMBERT et alii (1969).

Observando-se os resultados obtidos para percentagem de proteína (Tabela 14) pode-se verificar que somente a população ESALQ - VD-2 apresentou a fonte de variação progênes ajustadas significativas à 5%, na análise agrupada. Isto deve-se ao fato de que somente um ensaio nesta população exibiu o teste F, significativo à 5%. O mesmo não ocorreu com a população flint-opaco. Daí se pode inferir que a primeira população, ESALQ - VD-2 opaco tem uma mais ampla variabilidade genética potencial em relação à segunda população flint-opaco. A população dente opaco registrou um valor de 9,3 a 9,5% para o percentual de proteína, enquanto que a população de grãos duros opaco, teve um percentual proteico, ainda mais baixo, o qual variou de 8,6 a 8,7. Estes valores são inferiores aos percentuais proteicos encontrados em milho normal. A população de milho dente opaco teve seus valores de percentuais proteicos, bem aproximados das médias encontradas para as subpopulações estudadas por ZIMBACK (1985) que apresentaram médias de 9,826% e 9,923%. TOSELLO e GERALDI (1980a) conseguiram uma amplitude de variação para o percentual proteico de 9,077% a 11,570% com uma média de 10,132% em 364 famílias de meios irmãos de milho opaco-2, tipo dentado. Esta média conseguida pelos autores pode ser considerada aceitável em milho mutante. SREERAMULU e BAUMAN (1970) conseguiram um percen-

tual de proteína para o milho normal numa amplitude de 9,31% a 11,48%, obtendo uma média de 10,63%, um pouco abaixo dos resultados encontrados para o mutante opaco-2 com uma amplitude de 10,42 a 13,54% e uma média de 11,40% da percentagem de proteína.

A Tabela 15 apresenta a análise agrupada do caráter teor de triptofano, cujos quadrados médios apresentam diferenças estatísticas altamente significativas entre progênies para as duas populações, que segundo SOUZA JUNIOR (1983) é um indicativo de variabilidade genética. A variação dentro das progênies em ambas as populações se mostraram muito reduzidas, salientando que como foi visto na Tabela 5, de médias, as duas populações tiveram o mesmo valor absoluto, 0,089%. CAVIEDES et alii (1983) verificaram que os opacos modificados, por terem um maior percentual de zeína, têm um menor teor de triptofano, que como o "flint" opaco, possui um endosperma mais duro e como mostra a Tabela 15, dispõe de pouca variabilidade genética, para este caráter.

A análise agrupada da Tabela 16 mostra que os quadrados médios das progênies ajustadas não foram significativos para o teor de triptofano na proteína e com valores de 0,016 e 0,025 nas duas populações, ESALQ - VD-2 opaco e ESALQ - VF-1 opaco. A média deste caráter na população ESALQ - VF-1, 1,041% foi superior à encontrada por TOSELLO e GERALDI (1980b), 1,024% mas inferior às médias das

subpopulações A e B, encontradas por ZIMBACK (1985), 10,68% e 1,076%, respectivamente, e ainda às encontradas por MOTTO (1979), 1,206% e 1,436%. A média da população ESALQ - VD-2 embora baixa, 0,953 foi ainda superior a 0,859% obtida por JAIMES e GALAN (1979) e 0,630% a 0,930% registradas por CAVIEDES et alii (1983), no México.

Pelos resultados apresentados e considerando as condições onde se desenvolveu o ensaio de avaliação, pode-se verificar que a população ESALQ - VD-2 opaco mostrou melhor performance que a população ESALQ - VF-1 opaco com uma produção satisfatória de peso de grãos, mesmo se tratando de um endosperma opaco. Quanto aos caracteres de qualidade tem-se que as populações apresentaram um bom teor de proteína, principalmente a população com grãos tipo dente, embora que níveis médios de 11% de teor proteico com um maior percentual de lisina e triptofano seria um padrão mais próximo do ideal. O teor de triptofano no grão foi considerado bom nas duas populações em estudo, ao passo que a população constituída de milho tipo "flint", apresentou um melhor teor de triptofano na proteína, conseqüentemente possuindo um maior valor nutritivo, embora com teor proteico mais reduzido.

#### **4.2. Estimativas de Parâmetros Genéticos e Fenotípicos**

O objetivo primordial desta pesquisa foi verificar o comportamento genético e fenotípico dos caracte-

res mensurados nas duas populações de milho opaco e possíveis comparações com variedades, populações ou compostos de milho sem o gene para opacidade nos mesmos caracteres aqui estudados. Com esta finalidade foram realizadas estimativas destes parâmetros por processos desenvolvidos por Cockerham (1963), segundo (VENCOVSKY, 1987) em alguns dos caracteres de marcante influência para a cultura do milho.

#### 4.2.1. Estimativas de parâmetros para peso de espigas despalhadas, altura da planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão

As estimativas genético-fenotípicas, obtidas ao nível de médias de parcelas para o caráter peso de espigas despalhadas ou produção, da variância genética entre progênes de meios irmãos ( $\hat{\sigma}_p^2$ ), da variância do erro ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), da variância fenotípica entre plantas dentro de progênes ( $\hat{\sigma}_d^2$ ), da variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), da variância fenotípica ao nível de plantas ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) e ao nível de médias ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) e o coeficiente de variação genético (CV<sub>g</sub>%) das duas populações estão contidas na Tabela 17.

Observando-se os dados da Tabela 17, pode-se verificar que a variância entre progênes da população ESALQ - VD-2 foi superior à registrada pela população "flint" opaco, ou seja 60,176 e 49,870, respectivamente. TOSELLO e GERALDI, (1980a) detectaram 83,36 (g/pl)<sup>2</sup> na



população ESALQ - VD, também de milho opaco, para o mesmo caráter peso de espigas despalhadas. A variância entre plantas dentro de progênies foi superior na população ESALQ - VD-2,  $\sigma_d^2 = 1120,262$ , em relação à ESALQ - VF-1,  $\sigma_d^2 = 1082,360$ . LIMA e PATERNIANI (1977) estimaram  $\sigma_d^2 = 2,912 \text{ (g/pl)}^2$  para a mesma variância com a população ESALQ - VD-2 MI HSII. Esta variância é um parâmetro importante, porque fornece uma indicação da uniformidade do material e assume significado maior, quando o objetivo é o de utilizar tal material à nível do produtor rural (CANTON, 1988).

A variância genética aditiva foi superior na população ESALQ - VD-2 opaco, em relação à população "flint", opaco, dados estes concordantes com os encontrados por MIRANDA FILHO et alii (1972) em que o composto Dentado superou em quase quatro vezes o Composto Flint. Daí poder se concluir que na população dente-opaco há uma melhor possibilidade de seleção intrapopulacional, por ser esta a variância utilizada em esquemas de seleção. LIMA e PATERNIANI (1977) encontraram o valor de  $1,064 \text{ (g/pl)}^2$  para a variância genética aditiva para o caráter produção, trabalhando com a população ESALQ - VD-2 MI HSII. CRISÓSTOMO (1978) encontrou  $0,614 \text{ (g/pl)}^2$  (RISSI, 1980),  $0,544 \text{ (g/pl)}^2$  (TOSELLO e GERALDI, 1980a)  $1,525 \text{ (g/pl)}^2$  e BIANCO (1984) uma amplitude de variação genética aditiva que foi de  $1,494 \text{ (g/pl)}^2$  com o milho flint braquítico, até  $2,349 \text{ (g/pl)}^2$  para o milho dente braquítico. ZIMBACK (1985) encontrou os va-

lores de  $1,350 \text{ (g/pl)}^2$  para a subpopulação A e  $1,403 \text{ (g/pl)}^2$  para a subpopulação B, para o mesmo parâmetro. Estimativas de variância genética aditiva para peso de espigas tem sido calculadas por vários autores. RAMALHO (1978) obteve uma estimativa média de variância genética aditiva de  $1,212 \text{ (g/pl)}^2$  para o Piramex original.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito, à nível de plantas ( $h^2$ ) e à nível de médias ( $h_x^2$ ) nas duas populações para o caráter peso de espigas despalhadas encontra-se na Tabela 21. Como se pode verificar a herdabilidade à nível de médias para o peso de espigas despalhadas foi muito semelhante nas duas populações, 35,8% e 36,3% para a ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1, respectivamente. Ambas as populações apresentaram uma superioridade da "herdabilidade" ao nível de média em relação à herdabilidade do caráter produção encontradas por LIMA e PATERNIANI (1977) que foi de 10,8%. As populações superpujaram também a estimativa do coeficiente de herdabilidade obtido por TOSELLO e GERALDI (1980a) com a variedade Dentada Opaco (24,95%). As estimativas do coeficiente de herdabilidade obtidas nesta pesquisa são inferiores aos obtidos por RISSI (1980) com a variedade Piranão A (50,35%) e Piranão B (70,73%); por BIANCO (1984) com as variedades Piranão VD-2 (76,68%) e Piranão VF-1 (70,17%); e ZIMBACK (1985) com a subpopulação A (44,07%) e subpopulação B (47,2%).

O coeficiente de variação genética para o caráter peso de espiga despalhada (Tabela 17) foi 9,613% na população ESALQ - VD-2, enquanto que, na população ESALQ - VF-1, registrou-se 10,356%, superando os valores para este parâmetro encontrados por ZIMBACK (1985), que foram 8,32% para a subpopulação A e 8,45% para a subpopulação B. RISSI (1980) trabalhando com o Piranão A e Piranão B, obteve 6,09% e 9,24%, enquanto que BIANCO (1984) registrou para o Piranão VD-2 (10,35%) e para o Piranão VF-1 (8,58%). Pode-se afirmar que os valores obtidos para as duas populações foram bons, indicando apreciável quantidade de variabilidade genética livre. RAMALHO (1978) afirma que para populações locais de milhos normais, essa mensuração tem variado de 3,37% a 15,31%, com uma média de 7,31%.

A Tabela 18 apresenta os parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres: altura da planta, altura da espiga e número de ramificações do pendão. A variância genética entre progênies foi igual para os dois caracteres, altura da planta e altura da espiga nas duas populações, 0,006 (m/pl)<sup>2</sup> para o primeiro caráter e 0,007 (m/pl)<sup>2</sup> para o segundo caráter, enquanto que para o número de ramificações do pendão houve uma sobrepujança da população ESALQ - VF-1. Quanto à variância genética aditiva, somente o número de ramificações do pendão teve diferença, favorecida pela população ESALQ - VF-1 com 15,824 em relação aos 12,812 registrados para a população ESALQ - VD-2. A altura da

planta e da espiga tiveram o mesmo comportamento, como já foi mencionado para a variância genética entre progênies, devido a relação  $\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_P^2$ . Para este parâmetro, a maioria dos autores trabalharam com a unidade em centímetros, e nas mais variadas populações há uma tendência da variância genética aditiva para altura da planta, ser maior do que para a altura da espiga, como se pode constatar em alguns dos resultados, a seguir: TOSELLO e GERALDI (1980a) obtiveram o valor de 187,85 para altura da planta e 122,075 para altura da espiga na variedade 'Dente Opaco'. ZIMBACK (1985) encontrou os valores da variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ) para altura da planta de 287,42 para a subpopulação A e de 370,05 para a subpopulação B, enquanto que para altura da espiga foram obtidos 204,60 e 252,62 para as subpopulações A e B, respectivamente. Resultados semelhantes foram obtidos por RISSI (1980). MIRANDA FILHO et alii (1974) encontraram valor da variância genética aditiva mais elevado para altura da espiga no Composto Dentado no valor de  $2,75 \times 10^{-2}$  em relação aos  $2,24 \times 10^{-2}$  no Composto Flint.

A variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ) para o número de ramificações do pendão (NR) foi de 12,812 para a população ESALQ - VD-2 e de 15,824 para a população ESALQ - VF-1, como mostra a Tabela 18, estes valores se assemelham àqueles obtidos por GERALDI (1977) para o Composto Flint Branco, 10,555 e para a variedade Centralmex, 15,232. LORDELO (1982) com as populações Piranão VD-2 e Piranão VF-1

obteve valores superiores, registrando 23,442 para a primeira e 43,964 para a segunda população.

As estimativas da variância fenotípica à nível de médias ( $\sigma_F^2$ ) também são mostradas na Tabela 18, as quais tiveram valores semelhantes nos caracteres altura da planta e altura da espiga, 0,011 na população ESALQ - VD-2 opaco e 0,010 na população ESALQ - VF-1 opaco, respectivamente para os dois caracteres, ao passo que, quanto ao número de ramificações do pendão, a população flint opaco registrou o valor de 8,160, quase o dobro daquele obtido na população dente opaco, 4,988. RISSI (1980) encontrou para altura da planta em metros, os valores de  $9,88 \times 10^{-3}$  no Piranão A e  $13,87 \times 10^{-3}$  no Piranão B, para esta estimativa da variância, enquanto que, para altura da espiga, na mesma unidade do caráter anterior, os valores foram  $7,37 \times 10^{-3}$  e  $7,84 \times 10^{-3}$ , para a primeira e segunda populações, respectivamente. ZIMBACK (1985) encontrou os valores 144,568 e 152,353 para este mesmo parâmetro no caráter altura da planta nas subpopulações de milho A e B, respectivamente, enquanto que para altura da espiga, os valores foram 98,962 e 101,214 para as duas subpopulações, na mesma ordem, tendo sido usado por este autor a unidade em centímetros nos dois caracteres.

Os caracteres altura da planta e da espiga são extremamente importantes para a cultura do milho, por permitir que seja realizada uma colheita mecânica, desde que

atinga uma uniformidade entre as plantas de uma população. Vários estudos já foram realizados com altura da planta e da espiga (ROBINSON et alii, 1955; LINDSEY et alii, 1962; QUEIROZ, 1969; MIRANDA FILHO et alii, 1974; CRISÓSTOMO, 1978; BIANCO, 1984), entre outros.

O número de ramificações do pendão do milho, um dos caracteres da inflorescência masculina desta graminea, tem uma importância preponderante na produção de grãos, por ser um caráter responsável pela prolificidade avaliada do lado masculino, como constatou GERALDI (1977); logo influenciando negativamente na produção que é o caráter primordial para o estabelecimento da cultura do milho.

Os coeficientes de variação genética de altura da planta, foram 3,10% para a população ESALQ - VD-2 e 3,37% para a população ESALQ - VF-1; e para altura da espiga 5,04% para a população ESALQ - VD-2, e 5,63% para a população ESALQ - VF-1, como mostra a Tabela 18.

ZIMBACK (1985) conseguiu coeficientes de variação genética de 5,16% e 5,97% para altura da planta; e para altura da espiga, estes valores foram 8,57% e 9,52% nas duas subpopulações A e B, respectivamente. BIANCO (1984) trabalhando com milho braquítico, obteve para a altura da planta, coeficientes de variação genética de 4,68 e 4,62% para o Piranão VD-2 e Piranão VF-1, respectivamente, estando estes valores já mais aproximados daqueles obtidos nesta pesquisa. Para altura da espiga, os valores encontrados por

este último autor foram 10,35% e 8,33%. Pelos dados apresentados verifica-se que os coeficientes de variação genética foram baixos para os dois caracteres, indicando para esta pesquisa, que ambos tiveram pequena variação genética.

RISSI (1980) obteve valores de coeficientes de variação genética próximos aos aqui obtidos, os quais, para altura da planta foram: 4,67% e 6,52%, respectivamente para o Piranão A e Piranão B, enquanto que para altura da espiga foram 7,46% e 9,80%, para a mesma ordem de variedades. LORDELO (1982) conseguiu coeficientes de variação genética de 5,50% e 6,23% para altura da planta nas populações Piranão VD-2 e Piranão VF-1, respectivamente, enquanto que, para altura da espiga, esses valores foram: 7,70 e 9,92% para as duas populações na mesma ordem.

A Tabela 21 apresenta os coeficientes de herdabilidade à nível de plantas ( $h^2$ ), à nível de médias ( $h_x^2$ ), que para altura da planta e altura da espiga tiveram resultados bem aproximados para as duas populações em torno de 60%. MIRANDA FILHO et alii (1974) com o Composto Dentado e CRISÓSTOMO (1978) com o Composto B encontraram resultados semelhantes. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito à nível de plantas e à nível de médias do número de ramificações do pendão (NR), foram bem diferentes nas duas populações estudadas, ocorrendo uma superioridade da população ESALQ - VD-2 opaco, que à nível

de médias registrou 64,20% para esta população, em contrapartida aos 48,48% da população flint opaco.

#### 4.2.2. Estimativas de parâmetros para os caracteres da espiga, comprimento e diâmetro da espiga e número de grãos da espiga

As estimativas genético-fenotípicas dos caracteres: comprimento da espiga, diâmetro da espiga e número de grãos da espiga estão contidas na Tabela 19. A variância genética entre progênies de meios-irmãos dos caracteres: comprimento e diâmetro da espiga foram muito semelhantes nas duas populações, mas nos dois caracteres a população ESALQ - VD-2, sobrepujou a população ESALQ - VF-1. Este mesmo parâmetro mensurado no caráter número de grãos da espiga, obteve valores elevados com a população ESALQ - VD-2 registrando 809,848 em relação aos 595,730 da população ESALQ - VF-1. A variância genética aditiva do comprimento da espiga nas duas populações foram respectivamente, 1,908 e 1,304. O diâmetro da espiga teve este parâmetro duplicado na população ESALQ - VD-2 em relação a ESALQ - VF-1, 0,008 e 0,004, respectivamente. A variância genética aditiva do número de grãos da espiga na população dentada foi 3.239,392, bem superior à encontrada na população flint, que foi 2.382,920. A partir destes resultados pode-se notar que a população ESALQ - VD-2 exhibe condições de melhor responder às pressões de seleção e com isto auferir progresso com maior rapidez,



ou seja, trata-se de um material com maior variabilidade genética aproveitável para a seleção entre as progênies.

Os coeficientes de variação genética se mantiveram em níveis relativamente baixos, principalmente para o diâmetro da espiga, 1,27% na população ESALQ - VD-2 e 0,85% na população ESALQ - VF-1 determinando assim que este caráter tem pequena variação genética. SAWAZAKI e OSUNA (1975) obtiveram somente 2,46% para o mesmo caráter, resultado aproximado ao aqui obtido e considerado pelos autores como dentro dos limites permitidos. Para o comprimento da espiga, estes autores conseguiram um coeficiente de variação genética igual à 1,98%, bem inferior aos encontrados neste trabalho, que foram 4,26% para a população ESALQ - VD-2 e 3,71% para a população ESALQ - VF-1. Realmente, os maiores valores encontrados para o coeficiente de variação genética foram para o caráter número de grãos da espiga que na população dentada foi 6,75% e para a população flint foi 5,98%.

Comparando-se os valores dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito à nível de plantas ( $h^2$ ) e à nível de médias ( $h_x^2$ ) registrados nas duas populações para o comprimento e o diâmetro da espiga com as estimativas de herdabilidade obtidas por MOTTO (1979), nota-se que os 72,0% encontrados para o comprimento da espiga e os 81,2% para o diâmetro, por este autor, estão bem acima dos percentuais encontrados nesta pesquisa, como se pode observar na Tabela

22. O número de grãos da espiga apresentou uma herdabilidade à nível de médias de 36,36% na população ESALQ - VD-2 e de 29,76% na população ESALQ - VF-1, demonstrando mais uma vez que a primeira população tem melhores condições de ser submetida à seleção. Entre os diversos caracteres estudados por SREERAMULU e BAUMAN (1970), o número de grãos da espiga não diferiu significativamente entre os tipos opaco e normal.

#### 4.2.3. Estimativas de parâmetros para o peso de 100 grãos, teor de proteína, teor de triptofano e teor de triptofano na proteína

As estimativas genético-fenotípicas obtidas à nível de médias por parcelas para o peso de 100 grãos, percentagem de proteína, percentagem de triptofano no grão e a percentagem de triptofano na proteína se encontram na Tabela 20, bem como o coeficiente de variação genética para todos os caracteres.

A variação genética entre progênies de meios irmãos do caráter peso de 100 grãos foi superior na população ESALQ - VF-1, ao passo que a percentagem de proteína foi mais variável na população ESALQ - VD-2. Na mesma tabela pode-se constatar que tanto o teor de triptofano no grão, como o percentual de triptofano na proteína tiveram os mesmos valores nas duas populações estudadas.

A variância aditiva para o peso de 100 grãos da população ESALQ - VD-2 foi menor, ou seja, 3,565 em com-

paração com 6,874 da segunda população. Para este caráter, a população flint apresentou-se mais promissora, quanto a resposta à seleção.

ZIMBACK (1985) encontrou os seguintes valores da variância genética aditiva para o mesmo caráter: 11,410 para a subpopulação A e 7,140 para a subpopulação B. TOSELLO e GERALDI (1980a) conseguiram uma variância genética aditiva da ordem de 10,887 para o peso de 100 grãos na variedade Dente - Opaco. Como se pode verificar este material mostra uma menor tendência à variabilidade genética, em relação às populações utilizadas nas duas pesquisas supra citadas.

REGAZZI et alii (1980) encontrou uma variância genética aditiva para o peso de 50 grãos no valor de 4,552 trabalhando com o tipo de milho 'Composto Dente B' sintetizado no Instituto de Genética da ESALQ. Valor bem próximo a este, também foi obtido por REIS et alii (1982) para o peso de 50 sementes do mesmo composto, 4,523; indicando assim um baixo valor da variabilidade utilizável para fins de seleção, concordando desta feita, com os resultados encontrados nesta pesquisa, principalmente com a população opaco tipo dente. BEAVER et alii (1985) conseguiram uma amplitude para a variância genética aditiva do peso de 100 grãos em torno de  $0,54 \pm 1,1$  trabalhando com um sintético opaco-2 modificado.

A variância fenotípica à nível de plantas

para o peso de 100 grãos foi muito superior à variância fenotípica à nível de médias, como se pode observar na Tabela 20. A variância fenotípica entre plantas dentro de progênies sendo maior que a variância entre progênies, pode ser devido mais à variância ambiental, do que propriamente à variância aditiva, já que esta, segundo PATERNIANI (1968) é a que determina o grau de eficiência na seleção de populações.

O coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, à nível de plantas ( $h^2$ ) e à nível de médias ( $h^2_x$ ) do peso de 100 grãos foram muito semelhantes, e em ambos os casos, a população ESALQ - VF-1 superou com o valor de 39,69%, à nível de plantas, a outra população ensaiada com 18,65%; enquanto que à nível de médias, a população flint registrou 37,66% contra 18,07% da população ESALQ - VD-2, Tabela 22. ZIMBACK (1985) obteve coeficientes de herdabilidade no sentido restrito, entre médias de progênies para peso de 100 grãos, relativamente elevados, 53,46% e 40,83% para as subpopulações A e B, respectivamente. Os coeficientes de herdabilidade à nível de plantas foram 53,31% e 35,93% para as duas subpopulações, na mesma ordem, ao passo que TOSELLO e GERALDI (1980a) obtiveram o valor de 57,96% entre médias de progênies.

O coeficiente de variação genética para o peso de 100 grãos na população ESALQ - VD-2 foi 3,255%, indicando pequena variabilidade para esta população, en-

quanto que, para a população ESALQ - VF-1, obteve-se 5,039%, como mostra a Tabela 20. Nesta, ainda estão inseridas as variâncias entre progênies para a percentagem de proteína, triptofano e triptofano na proteína. Para o primeiro caráter, a população de milho dente-opaco obteve um valor de 0,208 e na população flint-opaco foi bem menor, 0,037.

TOSELLO e GERALDI (1980a) encontraram a variância entre progênies para o percentual de proteína no valor de 0,0314, um pouco inferior à anterior encontrada nesta pesquisa. Os teores de triptofano no grão e triptofano na proteína apresentaram valores bem reduzidos e iguais nas duas populações,  $0,13 \times 10^{-4}$  e  $10 \times 10^{-4}$  para os primeiro e segundo caracteres, respectivamente, inferiores aos encontrados por TOSELLO e GERALDI (1980a),  $22 \times 10^{-4}$  para o teor de triptofano e  $15 \times 10^{-4}$  para o teor de triptofano na proteína.

As estimativas da variância genética aditiva ( $\sigma_A^2$ ) do percentual de proteína encontradas nas duas populações, foram: 0,832 para a população ESALQ - VD-2 opaco e 0,149 para a população ESALQ - VF-1, opaco. Verifica-se que a população de milho dentado terá maiores possibilidades de responder à pressão de seleção. Comparando-se os resultados aqui encontrados na população ESALQ - VD-2 (ZIMBACK, 1985) obteve 0,570 na subpopulação A e 0,552 na subpopulação B, conseqüentemente valores estes bem mais altos do que o obtido por TOSELLO e GERALDI (1980a), 0,125 para o mesmo

parâmetro na população ESALQ - VD (opaco), enquanto que BEAVER et alii (1985) obtiveram uma amplitude de variância genética aditiva da ordem de  $0,03 \pm 0,01$ , para o percentual de proteína em milho com o endosperma opaco-2 modificado.

As estimativas de variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ) para os percentuais de triptofano no grão  $0,52 \times 10^{-4}$  e triptofano na proteína  $0,005$  na população ESALQ - VD-2 e  $0,53 \times 10^{-4}$  para o primeiro caráter e  $0,007$  para o segundo, respectivamente; na população ESALQ - VF-1 se apresentaram muito reduzidas, eliminando a possibilidade da ocorrência de uma variabilidade genética potencial utilizável mais ampla através de seleção nas duas populações estudadas, como indicam os dados da Tabela 20. TOSELLO e GERALDI (1980a) obtiveram o valor da variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ) que foi de  $0,88 \times 10^{-2}$  para o caráter triptofano, diferenciando de  $3,6 \times 10^{-4}$  das estimativas obtidas nesta pesquisa, anteriormente citadas, para o mesmo parâmetro. Observando ZIMBACK (1985) vê-se que o autor registrou estimativas da variância genética aditiva para o percentual de triptofano no grão da ordem de  $6,964 \times 10^{-5}$  e  $5,402 \times 10^{-5}$ , para as subpopulações A e B, respectivamente.

Os coeficientes de variação genética se apresentaram com baixos valores, Tabela 20, nos três caracteres de qualidade nas duas populações. O teor de proteína apresentou um coeficiente de variação genética ( $CV_g\%$ ) na população ESALQ - VD-2 de  $4,825\%$  e de  $2,219\%$  na ESALQ - VF-1,

enquanto que BEAVER et alii (1985) obteve 1% em progênies  $S_1$  numa população opaco-2 com endosperma modificado. Quanto ao teor de triptofano, os valores foram 4,047% e 4,077% nas duas populações desta pesquisa, respectivamente. ZIMBACK (1985) conseguiu  $3,98 \times 10^{-5}\%$  na subpopulação Piranão A e  $3,48 \times 10^{-5}\%$  na subpopulação Piranão B. Os valores encontrados para o caráter teor de triptofano na proteína foram 8,104% para a população ESALQ - VD-2 e 4,211% para a população do tipo flint, conforme Tabela 20. O último autor citado encontrou para o mesmo caráter, coeficientes de variação genética da ordem de  $5,41 \times 10^{-3}\%$  e  $5,29 \times 10^{-3}\%$ , para as duas subpopulações A e B, respectivamente.

Daí pode-se concluir que há uma variabilidade genética potencial disponível nos três caracteres obtidos em laboratório.

As estimativas de herdabilidade, à nível de plantas, para o percentual de proteína na população ESALQ - VD-2, 58,19% e o percentual de triptofano nas duas populações 52,05% e 66,66% para a dente e flint-opaco, respectivamente, mostraram-se bons, acima de 50%, com exceção do percentual proteico da população flint-opaco, que ficou apenas com 15,33%, percentagem esta inferior às encontradas para o teor de triptofano na proteína, à nível de plantas, 19,34% para a população dente e 18,91% para a população flint, Tabela 23.

As estimativas de herdabilidade, à nível de

médias, mostraram a mesma tendência que à nível de plantas, apenas com percentuais menores nas duas populações. Ainda na mesma Tabela 23 o teor de triptofano na proteína registrou 46,32% na população ESALQ - VD-2, valor este bem acima do percentual estimado, à nível de plantas.

ZIMBACK (1985) obteve estimativas de herdabilidade elevadas para o teor de proteína, tanto à nível de médias de progênies, entre 55,7% e 59,0% como principalmente à nível de plantas, cujos valores foram mais elevados, entre 71,4% e 94,2% nas duas subpopulações estudadas, quando comparados com os obtidos nesta pesquisa mostrados na Tabela 23. TOSELLO e GERALDI (1980a) obtiveram um coeficiente de herdabilidade para o percentual de proteína no valor de 21,6%, superior aos 15,33% da população flint-opaco, à nível de plantas e inferior aos 58,19% da população dente-opaco, ao mesmo nível, registrados nesta pesquisa, ao passo que MOTTO (1979) conseguiu 68,1% de herdabilidade entre médias de progênies para o mesmo caráter.

As estimativas de herdabilidade para o caráter teor de triptofano no grão obtidas à nível de médias de progênies por ZIMBACK (1985) foram 53,71% e 47,60%, para as subpopulações A e B, respectivamente, enquanto que, à nível de plantas foram 88,97% e 55,75%, respectivamente, valores estes bem superiores aos encontrados na Tabela 23 para o mesmo caráter na população ESALQ - VD-2. TOSELLO e GERALDI (1980a) obtiveram tais estimativas, ao nível de



médias, em torno de 43,14% e MOTTO (1979) obteve 62,3%.

Coeficientes de herdabilidade para o caráter teor de triptofano na proteína obtido por TOSELLO e GERALDI (1980a) foi de 21,43%, superior aos 19,34% encontrado na população ESALQ - VD-2, à nível de plantas, enquanto que ZIMBACK (1985) conseguiu valores mais elevados nas duas subpopulações de milho A e B, respectivamente, 60,75% e 54,06%.

#### **4.3. Estimativas das Covariâncias para os Caracteres**

**Peso de Espigas, Peso de 100 Grãos, Teor de Proteína, Triptofano e Triptofano/Proteína**

As análises agrupadas de covariância entre progênies de meios irmãos envolvendo os caracteres: peso de espigas despalhadas, peso de 100 grãos, teor de proteína, teor de triptofano no grão e teor de triptofano na proteína estão distribuídas entre as Tabelas 24 a 27.

Na Tabela 24 de análise de covariância entre progênies de meios-irmãos, envolvendo o peso de 100 grãos e os demais caracteres de qualidade na população ESALQ - VD-2, o produto médio de progênies/experimento entre o teor de triptofano na proteína (T/P) com peso de 100 grãos (PG); e entre o primeiro caráter (T/P) e o teor de proteína (P) foram negativos, o mesmo ocorrendo com a população ESALQ - VF-1, Tabela 25.

As Tabelas 26 e 27 apresentam as análises agrupadas entre progênies de meios irmãos envolvendo os caracteres peso de espigas despalhadas e os demais caracteres de qualidade nas duas populações de milho opaco ensaiadas. Na Tabela 27 o produto médio da análise de covariância de progênies/experimento entre o peso de espigas despalhadas (PE) e o peso de 100 grãos (PG) foi o único positivo, os demais foram negativos.

As estimativas de covariância: genética entre progênies ( $C\hat{O}v_p$ ); do erro ambiental entre parcelas ( $C\hat{O}v_e$ ); fenotípica entre médias de progênies ( $C\hat{O}v_F$ ); e genética aditiva entre plantas ( $C\hat{O}v_A$ ) estão distribuídas entre os diferentes caracteres que foram estudados nas Tabelas 28 a 31.

Nas Tabelas 28 e 29 estão contidas as estimativas das covariâncias dos caracteres peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), número de ramificações do pendão (NR) e número de grãos da espiga (NG) nas populações ESALQ - VD-2, Tabela 28 e ESALQ - VF-1, Tabela 29.

Na Tabela 28 as estimativas da covariância genética entre progênies ( $C\hat{O}v_p$ ) e conseqüentemente da covariância genética aditiva entre plantas ( $C\hat{O}v_A$ ) apresentaram 50% das covariâncias entre os caracteres estudados com valores negativos, e entre estas pode ser citada a covariância entre peso de espigas e número de ramificações do

pendão (PE x NR); e com valor positivo, para altura da planta e altura da espiga (AP x AE), resultados estes concordantes com os encontrados para os mesmos caracteres por GERALDI (1977) e ZIMBACK (1985).

A Tabela 29 apresenta as estimativas de covariância para as mesmas duplas de caracteres, só que referente à população ESALQ - VF-1 opaco. Neste caso, somente quatro estimativas de covariância genética entre progênies ( $Côv_p$ ) e aditiva entre plantas ( $Côv_A$ ) se apresentaram negativas, sendo representativo de uma delas, a covariância entre o peso da espiga e a altura da espiga (PE x AE), registrando uma covariância genética aditiva entre plantas ( $Côv_A$ ) igual a -0,155. Nesta população ESALQ - VF-1, opaco, o valor da estimativa da covariância genética aditiva entre plantas para o peso de espigas e o número de ramificações do pendão (PE x NR) se mostrou positiva, 12,184, valor este completamente diferente do correspondente obtido na população ESALQ - VD-2, -7,642. Nesta população flint opaco, o número de ramificações do pendão não alterou suficientemente o peso de espigas despalhadas, possivelmente devido a influência negativa do pendão sobre a produção de grãos, segundo GERALDI (1977).

As estimativas de covariância genética entre progênies ( $Côv_p$ ), do erro ambiental entre parcelas ( $Côv_e$ ), fenotípica entre médias de progênies ( $Côv_F$ ) e genética aditiva entre plantas ( $Côv_A$ ), entre os caracteres, peso de es-

spigas despalhadas (PE), peso de 100 grãos (PG) e os demais caracteres de qualidade, como porcentagem de proteína (P), teor de triptofano no grão (T) e o teor de triptofano na proteína (T/P) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1, ambas contendo o gene para opacidade, estão apresentadas nas Tabelas 30 e 31.

Na Tabela 30 contendo as estimativas de covariância da população ESALQ - VD-2, somente três covariâncias genética-aditiva ( $Cov_A$ ) entre caracteres foram negativas, quais sejam: peso de espigas e a porcentagem de proteína (PG x P), -1,459; peso de 100 grãos e o percentual de proteína (PG x P), -0,731; e o percentual de proteína com o teor de triptofano na proteína (P x T/P), -0,032. Todas as demais covariâncias foram positivas com o peso de espigas e peso de 100 grãos (PE x PG) apresentando o maior valor da covariância genética aditiva entre plantas, ou seja, 2,009. Esta mesma covariância, entre os mesmos caracteres na população ESALQ - VF-1, registrou um valor bem mais elevado, 10,323; enfatizando assim a importância do peso de 100 grãos como componente da produção, ou seja do peso de espigas despalhadas. Também nesta população flint-opaco três covariâncias genética aditiva entre plantas ( $Cov_A$ ) tiveram seus valores negativos, duas coincidindo com a população dente-opaco, que foram entre o peso de espigas e o percentual de proteína (PE x P), -2,545, e o peso de 100 grãos com o teor de proteína (PG x P), -0,603; ficando a não coincidente como

sendo, a covariância entre o peso de espigas e o teor de triptofano na proteína (PE x T/P), -0,068.

#### 4.4. Estimativas de Correlações

A importância do estudo da correlação diz respeito a atuação de um caráter, frente à outro, ou seja, ao se melhorar um determinado caráter, que tipo de comportamento está ocorrendo com o segundo caráter da mesma planta. Tratando-se de princípios genéticos é importante se conhecer as duas causas de correlação entre dois caracteres: (a) genética; e (b) devido ao ambiente.

A primeira é devido, principalmente, ao fenômeno da pleiotropia que é a propriedade pela qual um gene afeta dois ou mais caracteres (FALCONER, 1964). Este autor considera ainda que o grau de correlação originado do pleiotropismo, expressa a quantidade pela qual dois caracteres sofrem influência dos mesmos genes. Uma causa genética, apesar de transitória é devida a ligações gênicas que podem ser quebradas por cruzamentos.

A correlação devida ao ambiente não é estritamente, a correlação dos desvios de ambiente, mas a correlação conjunta de desvios de ambiente e desvios genéticos não-aditivos (FALCONER, 1964).

**4.4.1. Estimativas de correlações entre os caracteres peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NR)**

A Tabela 32 apresenta as estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva ( $r_A$ ), fenotípica entre plantas ( $r_F$ ); e fenotípica entre médias de parcelas ( $r_F^-$ ); entre os caracteres peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NR) nas duas populações avaliadas nesta pesquisa. O peso de espigas (PE) se correlacionou negativamente com altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e o número de ramificações do pendão (NR) com valores de -0,092; -0,299 e -0,115, respectivamente quanto ao coeficiente de correlação genética aditiva na população ESALQ - VD-2 opaco, enfatizando que a correlação entre (PE) e (AE) foi altamente significativa. ZIMBACK (1985) encontrou resultados positivos e relativamente elevados entre o (PE) e (AP), bem como entre o (PE) e (AE).

Na população ESALQ - VF-1 somente a correlação genética aditiva entre (PE) e (AE) apresentou-se negativa (-0,064), enquanto que (PE) e (AP) foi positiva e não-significativa (0,027), mas entre (PE) e (NR) for positiva e significativa, à 5% (0,228), conforme se observa na Tabela 32. SAMPAIO (1986) obteve com o Composto ESALQ PB 4 um coeficiente de correlação genética aditiva, negativo e de baixo valor (-0,193) na associação entre o (PE) e (AP). Torna-se

vantajosa uma correlação negativa entre o (PE) e (AP), porque ao se reduzir a altura da planta (AP) nos milhos para porte baixo com a finalidade de reduzir o acamamento, irá conseqüentemente aumentar o peso de espigas (PE), acarretando em compensação um acréscimo de produção. GREEN (1955) constatou uma definida correlação entre a altura da planta e a produção de grãos, enquanto que MOLL et alii (1975) verificaram que não foi linear a correlação genética entre a produção e a altura da espiga. MOTTO (1979) encontrou correlações genéticas aditivas entre altura da planta e produção igual a 0,784 e entre a altura da espiga e a produção de grãos no valor de 0,727 que são consideradas elevadas. A correlação fenotípica entre (PE) e (AP) foi nula na população ESALQ - VD-2, entre (PE) e (AE) foi negativa (-0,015) e, positiva e próxima de zero (0,005) entre (PE) e (NR). As mesmas correlações, à nível de plantas, a exemplo da anterior na população ESALQ - VF-1 foram positivas, baixas e não significativas, ou seja: entre (PE) e (AP), (0,072); entre (PE) e (AE), (0,016); e entre (PE) e (NR), (0,026), segundo Tabela 32.

Os coeficientes de correlação genética aditiva e fenotípica entre altura da planta (AP) e altura da espiga (AE) foram positivos e de valores médios a elevados nas populações de milho ensaiadas na pesquisa, como mostra a Tabela 32, valendo destacar a correlação genética aditiva entre os dois caracteres na população ESALQ - VD-2 que foi

de 0,733. Este valor é coerente com os obtidos na literatura brasileira que estão em torno de 0,75 (LIMA e PATERNIANI, 1977; CRISÓSTOMO, 1978; RISSI, 1980; TOSELLO e GERALDI, 1980b; BIANCO, 1984; e SAMPAIO, 1986). Coeficientes de correlação genética aditiva entre estes mesmos caracteres com valores mais elevados foram obtidos por ZIMBACK (1985),  $r_A = 0,959$  e SOARES FILHO (1987),  $r_A = 0,975$ , este último autor trabalhando com a variedade Piranço - VF1B.

Todas as correlações envolvendo a altura da planta com o número de ramificações do pendão e entre este caráter e a altura da espiga foram positivas, mas com valores muito pequenos, merecendo destaque o coeficiente de correlação genética aditiva entre a altura da espiga e o número de ramificações do pendão, na população ESALQ - VD-2 que foi de 0,348, demonstrando assim que estas associações foram inexpressivas.

#### 4.4.2. Estimativas de correlações entre os caracteres peso de espigas despalhadas (PE), comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE) e número de grãos da espiga (NG)

Os coeficientes de correlação genética aditiva ( $r_A$ ), fenotípica entre plantas ( $r_F$ ) e fenotípica entre médias de parcelas ( $r_F$ ), entre os caracteres peso de espigas despalhadas (PE), comprimento da espiga (CE), diâmetro da



espiga (DE) e número de grãos da espiga (NG) estão contidos na Tabela 33.

Na população ESALQ - VD-2, opaco, os caracteres tiveram o seguinte comportamento: o peso de espigas (PE) teve uma correlação genética aditiva, altamente significativa com o comprimento da espiga (CE), o diâmetro da espiga (DE) e o número de grãos da espiga (NG), sendo que com o primeiro caráter esta correlação foi negativa (-0,315) e positiva com os dois últimos (0,799) e (0,326), respectivamente. As correlações fenotípicas à nível de plantas ( $r_F$ ) e de médias ( $r_{\bar{F}}$ ) foram positivas entre os mesmos caracteres supra mencionados, só que as correlações fenotípicas entre médias de parcelas entre o (PE) e o (DE), (0,298) e entre o (PE) e o (NG) igual a 0,344 foram altamente significativas.

A população ESALQ - VF-1 opaco, teve uma performance semelhante à população dente-opaco, quanto às correlações entre os mesmos caracteres, porém sem apresentar valores negativos, o que se torna mais palpável, já que se pode considerar os três últimos caracteres, importantes componentes da produção, ou seja, o peso de espigas deve aumentar quando ocorre algum incremento em qualquer um dos caracteres relacionados.

O comprimento da espiga correlacionou-se negativa e significativamente com o diâmetro da espiga (-1,641), quanto à correlação genética aditiva na população ESALQ - VD-2 e quanto à correlação fenotípica entre médias

este valor foi negativo (-0,160), e não significativo na mesma população estudada. MOTTO (1979) encontrou o valor de 0,242 para a estimativa do coeficiente de correlação fenotípica entre estes mesmos caracteres numa variedade sintética de opaco-2 modificado. O comprimento da espiga e o número de grãos obtiveram valores significativos, 0,327 e 0,287; para a correlação fenotípica, à nível de plantas e à nível de médias, respectivamente.

O diâmetro da espiga (DE) teve as correlações altamente significativas, nos três níveis estudados, com o número de grãos (NG) nas duas populações, reforçando assim a idéia de que, quanto mais grossa a espiga, maior número de fileiras e conseqüentemente de grãos, como se pode ver na Tabela 33.

#### **4.4.3. Estimativas de correlações entre os caracteres peso de espigas despalhadas (PE), peso de 100 grãos (PG), percentagem de proteína (P), percentagem de triptofano (T) e percentagem de triptofano na proteína (T/P)**

As estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva ( $r_A$ ), fenotípica entre plantas ( $r_F$ ) e fenotípica entre médias de parcelas ( $r_F^-$ ) entre os caracteres supra mencionados estão apresentados na Tabela 34.

O peso de espigas (PE) correlacionou-se negativamente com o percentual de proteína (P), valor igual a

-0,086; e positivamente com o peso de 100 grãos (PG), registrando 0,057; menor que o obtido por BARREIRO NETO et alii (1982), que foi 0,284. A correlação entre o (PE) e o (T) foi 0,208; e entre aquele caráter (PE) com (T/P) foi 0,478. Nestas duas correlações houve significação estatística, aos níveis de 5% e 1%, respectivamente na população ESALQ-VD-2. REGAZZI et alii (1980), REIS et alii (1982) e ZIMBACK (1985) encontraram correlação negativa e de baixa magnitude entre o peso de espigas (PE) e o peso de 100 grãos (PG). ZIMBACK (1985) encontrou correlações negativas entre o peso de espigas (PE) e o percentual de triptofano (T), mas positivas com o percentual de triptofano na proteína (T/P) nas duas subpopulações A e B. A correlação entre a produção de grãos e o teor de triptofano na proteína encontrado por MOTTO (1979) no valor de 0,149 foi inferior ao obtido nesta pesquisa entre o peso de espigas (PE) e o teor de triptofano na proteína (T/P), já mencionado anteriormente, 0,478.

Na população ESALQ - VF-1, o peso de espigas teve uma correlação genética aditiva de 0,278 com o peso de 100 grãos, altamente significativa, como mostra a Tabela 34. Este resultado vem fortalecer a importância do peso de 100 grãos como componente da produção em milho. A correlação fenotípica, à nível de plantas foi baixa, para os mesmos caracteres, ao passo que, a correlação fenotípica à nível de médias foi também significativa, mas ao nível de 5% de probabilidade. ZIMBACK (1985) encontrou uma correlação

genética aditiva de baixo valor entre o peso de espigas e o peso de 100 grãos nas duas subpopulações estudadas pelo autor.

O peso de espigas teve uma correlação negativa com o teor de proteína, sendo a correlação genética aditiva altamente significativa ( $-0,465$ ), enquanto que aquele caráter com o teor de triptofano na mesma população flint-opaco, teve uma correlação genética aditiva, positiva, mas com um valor muito baixo ( $0,062$ ) próximo ao da obtida por MOTTO (1979). As correlações fenotípicas encontradas nesta pesquisa entre estes dois últimos caracteres, ou seja, o peso de espigas e o teor de triptofano foram negativas ( $-0,045$ ), à nível de plantas e ( $-0,083$ ), à nível de médias, resultados inferiores aos obtidos por TOSELLO e GERALDI (1980b), ( $-0,178$ ) entre a produção de grãos e o teor de triptofano, confirmando assim que deve existir pequena associação entre os caracteres, e conseqüentemente tem pequena influência na seleção.

Têm-se poucas referências bibliográficas sobre correlações entre o peso de espigas (PE) e o teor de proteína (P) em milho, mas entre o peso de 100 grãos e o teor de proteínas foi encontrado nesta pesquisa uma correlação genética aditiva, negativa e altamente significativa para as populações flint, ( $-0,595$ ) e dente-opaco, ( $-0,424$ ). Na literatura, as correlações entre produção de grãos e teor de proteína são muito variáveis com valores que vão desde

0,35 (CAVIEDES et alii, 1983) até -0,70 (DUDLEY et alii, 1977).

Os coeficientes de correlação encontrados entre o teor de proteína e o teor de triptofano foram muito elevados e altamente significativos, com exceção do coeficiente de correlação fenotípica, à nível de médias que foi 0,165; registrado na população ESALQ - VF-1.

O teor de proteína e o teor de triptofano na proteína se correlacionaram negativamente com valores médios a elevados nas duas populações, conforme também constatou ZIMBACK (1985) nas duas subpopulações com as quais trabalhou. Na presente pesquisa, somente o coeficiente de correlação genética aditiva entre estes mesmos caracteres, na população flint-opaco apresentou-se com um baixo valor, positivo e não significativo, (0,030).

#### **4.5. Progressos Esperados e Respostas Correlacionadas com Seleção**

Nas Tabelas 35, 36 e 37 são apresentados os ganhos genéticos esperados ( $G_g$ ), em valor absoluto e em percentagem da média, ao serem aplicadas a seleção entre (20%) e dentro (10%) de progênies de meios-irmãos (MI) e seleção massal (SM) em ambos os sexos nos caracteres peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da

espiga (AE), número de ramificações do pendão (NR), Tabela 35; comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), número de grãos da espiga (NG), Tabela 36; peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P), Tabela 37; nas populações, ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho opaco e porte normal.

A população ESALQ - VF-1 apresentou ganhos superiores em relação à população ESALQ - VD-2 nos caracteres peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), Tabela 35; peso de 100 grãos (PG), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P), Tabela 37; ao passo que a segunda população superou em progresso à sua correspondente, flint-opaco, quanto aos caracteres número de ramificações do pendão (NR), Tabela 35; comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), número de grãos da espiga (NG), Tabela 36; e teor de proteína (P), Tabela 37, em termos percentuais.

Houve uma tendência do esquema de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos ser superior ao esquema de seleção massal na maioria dos caracteres estudados, com exceção apenas no caráter altura da espiga (AE) na população ESALQ - VF-1, Tabela 35; e no teor de proteína (P) nas duas populações estudadas, como mostra a Tabela 37. Isto vem enfatizar a importância do primeiro esquema de seleção ser mais eficiente do que a seleção massal, quando

esta não se mostrar mais compensadora, segundo PATERNIANI (1968).

Como se pode observar na Tabela 35; o peso de espigas despalhadas (PE) teve um ganho esperado de 13,71% com a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos em relação aos 11,80% com seleção massal, na população ESALQ - VD-2, ao passo que LIMA (1977) obteve 8,50% com a mesma população na sua versão normal, utilizando o primeiro esquema de seleção. RISSI (1980) registrou ganhos genéticos esperados, para produção de espigas na subpopulação Piranão A de 4,04% com seleção massal e 9,20% com seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos, enquanto que na subpopulação Piranão B, foi de 8,72% com o primeiro método e de 17,74% com o segundo, reforçando assim a superioridade deste último esquema de seleção.

ZIMBACK (1985) conseguiu para este mesmo caráter, ganhos genéticos esperados por ciclo de seleção, de 9,68% e 10,19% para as subpopulações A e B, respectivamente, valores estes considerados médios pelo autor.

Os ganhos genéticos esperados do número de ramificações do pendão (NR) se mostraram com percentuais bem acima daqueles apresentados pelos caracteres (PE), (AP) e (AE), em que ambas as populações, o esquema de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos superou a seleção massal, como mostra a mesma Tabela 35; mas segundo GERALDI

(1977), os progressos obtidos neste caráter deverão ser pouco menores do que aqueles que os resultados indicam, provavelmente devido à avaliação visual, que se constituiu menos eficiente do que a contagem. Para este mesmo caráter (NR), LORDELO (1982) encontrou progressos genéticos esperados de 13,55% e 14,20%, para populações Piranão VD-2 e Piranão VF-1, respectivamente, considerados pelo autor estimativas da mesma grandeza.

É certo que tais estimativas bem sempre podem ser exatas, pois os modelos nos quais elas se baseiam, frequentemente, não explicam a totalidade dos fenômenos envolvidos (VENCOVSKY, 1987). Mesmo assim, determinados resultados são satisfatórios, como se pode observar na Tabela 36, os valores dos progressos genéticos esperados para os caracteres, comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE) e número de grãos da espiga (NG) que na população ESALQ - VD-2 opaco, foram superiores aos da população ESALQ - VF-1 opaco, podendo-se no entanto, explorar uma ampla variabilidade genética na primeira população.

Na Tabela 37 estão os ganhos genéticos esperados para os caracteres mensurados em laboratório. O peso de 100 grãos (PG) registrou 4,21% de ganho com a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos contra 3,93% com a seleção massal na população dentada opaco, enquanto que na população correspondente "flint" opaco, os valores foram 9,28% e 8,89%, respectivamente. ZIMBACK (1985) conseguiu



valores de 12,13% e 8,04% com o primeiro método nas duas subpopulações A e B estudadas, ao passo que, aplicando seleção massal os valores foram bem inferiores.

A percentagem de proteína foi o único caráter nesta Tabela 37 em que a seleção massal (SM) sobrepujou o esquema de seleção entre e dentro de progênie de meios-irmãos (MI), 10,20% contra 7,33% na população ESALQ - VD-2 opaco, e 2,43% contra 1,95% na população ESALQ - VF-1 opaco; ocorrendo o inverso, quanto aos esquemas de seleção nas subpopulações A e B, testadas por ZIMBACK (1985). Trabalhando com as populações IAC Maya o-2 e IAC 1 o-2 POMMER (1986) encontrou progressos genéticos esperados de 4,33% e 8,40% para o teor de lisina nas duas populações, respectivamente. Quanto ao teor de triptofano, os valores obtidos com a seleção entre e dentro de progênie de meios-irmãos foram bem superiores aos encontrados com a seleção massal (SM) nas duas populações, analogamente aos registrados por ZIMBACK (1935), quanto à superioridade do primeiro esquema de seleção para o mesmo caráter nas subpopulações A e B. Os progressos genéticos esperados para o teor de triptofano na proteína (T/P) nos dois métodos e duas populações foram muito semelhantes.

As estimativas das respostas correlacionadas em valor absoluto e em percentagem, considerando-se a intensidade de 20% de seleção entre progênie de meios-irmãos nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho opaco,

entre os caracteres peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), número de ramificações do pendão (NR) e número de grãos (NG) estão contidos na Tabela 38.

As respostas correlacionadas esperadas para o peso de espigas despalhadas (PE), quando se selecionou para os caracteres altura da planta (AP), altura da espiga (AE), comprimento da espiga (CE) e número de ramificações do pendão (NR) foram negativas, com exceção para quando a seleção foi feita em direção ao diâmetro da espiga (DE) e para o número de grãos da espiga (NG) que apontaram resultados positivos, como mostra a Tabela 38. Para os resultados negativos aludidos acima, ora um caráter sendo selecionado, ora o seu correspondente sendo utilizado como base para a seleção isto leva a alguma perda na produção ao selecionar para um destes caracteres.

Observando-se os ganhos diretos encontrados nas Tabela 35 e 36 para estes mesmos caracteres nas duas populações no mesmo esquema de seleção, verifica-se que estes ganhos genéticos são de maior magnitude, com exceção do ganho genético esperado no diâmetro da espiga (DE) nas duas populações. As respostas correlacionadas ao se selecionar para o peso de espigas despalhadas (PE), levou a um avanço mais significativo, quanto ao diâmetro da espiga (DE). Segundo SOARES FILHO (1987) a produção em milho pode

sofrer variações quando a seleção é voltada para outros caracteres, que não ela própria.

As respostas correlacionadas para a altura da planta (AP) e altura da espiga (AE), ao se selecionar um ou outro destes caracteres mostraram-se com elevadas magnitudes, ou seja, selecionando-se para (AE) obteve-se ganhos de 5,79% e 4,63% para (AP) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ-VF-1, opacos de porte normal, respectivamente, como mostra a Tabela 38. Estes valores não foram superiores aos ganhos diretos nas duas populações, para o mesmo caráter (AP) que foram: 7,06% e 8,23%, respectivamente, Tabela 35. SAMPAIO (1986) encontrou uma resposta correlacionada para altura da planta (AP) quando a seleção foi baseada no peso de espiga em um dos seus materiais testados, a população ESALQ - PB-4, no valor de -1,14%, concordando assim com o resultado encontrado nesta pesquisa, -0,46%, e conflitantes com os resultados obtidos por RISSI (1980) e ZIMBACK (1985), que apresentaram resultados positivos e de elevada magnitude, ambos os autores trabalhando com plantas de porte baixo.

Considerando ainda os dados da Tabela 38, vale salientar que as respostas correlacionadas entre os caracteres (AP) e (DE), (AP) e (NG), (AE) e (NG), (CE) e (DE); e (CE) e (NG) mostraram-se negativas e de muito baixa magnitude, por esta razão diminuindo a probabilidade de perda ou progresso nulo de algum destes caracteres.

Na Tabela 39 estão contidas as estimativas

das respostas correlacionadas em valor absoluto e em percentagem, considerando-se a seleção entre (20%) e dentro (10%) de progênies de meios-irmãos entre os caracteres; peso de espigas despalhadas (PE), peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho opaco e porte normal.

As respostas correlacionadas em termos percentuais entre o peso de espigas despalhadas (PE) e o peso de 100 grãos (PG) na população ESALQ - VD-2 foram positivas, mas de muito baixa magnitude, discordando dos resultados encontrados por ZIMBACK (1985) em que a seleção do caráter peso de espigas despalhadas (PE) mostrou uma resposta correlacionada estimada negativa com o caráter peso de 100 grãos (PG), quando este autor utilizou uma intensidade de seleção entre progênies de meios-irmãos de 10%. O único ponto em comum nas duas pesquisas é que o ganho foi menor quando se selecionou para o peso de espigas (PE), o que era de se esperar pelo fato do caráter peso de 100 grãos ser um importante componente da produção, conseqüentemente uma pressão de seleção para um maior peso de grãos, acarretará num mais elevado peso da espiga; e assim, melhor produtividade, que é o escopo do melhoramento genético de plantas. Como aconteceu com os demais caracteres os ganhos diretos foram mais significativos do que as respostas correlacionadas, e isto se consignou com o peso de 100 grãos em que nas

duas populações de milho opaco estudadas, os progressos percentuais diretos sobrepujaram amplamente em magnitude, aquelas como pode ser visto na Tabela 37.

As respostas correlacionadas entre o peso de espigas (PE) e o teor de proteína (P) foram negativas, quer selecionando para um ou outro caráter, isto já devido às covariâncias genéticas aditivas serem negativas, bem como as correlações genéticas terem sido negativas, entre os mesmos caracteres, estas últimas contrariando alguns resultados encontrados por TOSELLO (1987). O fato destas respostas correlacionadas serem negativas deve ser devido ao fenômeno da pleiotropia do gene opaco-2 que mantém uma associação com diversos caracteres da planta do milho e, como se pode notar pelos dados, esta relação é inversa com o teor de proteína (TOSELLO, 1974; TOSELLO, 1978 e JAIMES e GALAN, 1979).

Da mesma maneira como ocorreu com os outros caracteres, os progressos diretos foram mais significativos, ou seja tiveram mais ampla magnitude do que as respostas correlacionadas, como pode se comparar observando as Tabelas 39 e 37 nas duas populações estudadas.

A resposta correlacionada entre o peso de 100 grãos (PG) e o teor de proteína (P) também se apresentou negativa, quando a seleção era praticada no primeiro caráter ou no segundo em ambas as populações. Isto poderá acarretar uma perda no peso dos grãos, quando se pratica uma seleção para teor de proteína. Os resultados encontrados

nesta pesquisa diferem dos valores obtidos por ZIMBACK (1985) que foram positivos nas duas subpopulações estudadas por este autor.

Quanto à resposta correlacionada entre teor de proteína (P) e teor de triptofano na proteína (T/P), somente na população ESALQ - VD-2 foi negativa e com magnitude mais pronunciada do que na população ESALQ - VF-1, que apresentou as respectivas respostas correlacionadas com sinal positivo, porém bem inferiores em magnitude do que foi registrado na primeira população, como mostra a Tabela 39.

Todas as outras respostas correlacionadas foram positivas, mas sempre com magnitudes bem menores, em relação aos ganhos diretos obtidos com os mesmos caracteres e o mesmo método de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos. Tornou-se desnecessário verificar as respostas correlacionadas em que a seleção praticada era a massal, isto porque os progressos diretos se mostraram mais eficientes, quando foi realizada a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos.

Vale salientar que ao selecionar para o teor de triptofano (T), o ganho esperado com seleção no teor de triptofano na proteína (T/P) foi de elevada magnitude, 19,30% na população ESALQ - VF-1, como mostra a Tabela 39, se tornando o único caráter com resposta correlacionada superior ao progresso direto com seleção.

## 5. CONCLUSÕES

a) A população ESALQ-VD-2 opaco superou a população ESALQ-VF-1 opaco, quanto as médias obtidas para peso de espigas despalhadas, altura da planta, altura da espiga, número de grãos da espiga, peso de 100 grãos e teor de proteína, com exceção do número de ramificações do pendão e do teor de triptofano na proteína.

b) As progênies ensaiadas apresentaram ampla variabilidade genética nas duas populações para os caracteres estudados, com exceção do diâmetro da espiga e do teor de triptofano na proteína.

c) As estimativas da variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ) foram superiores nos caracteres peso de espigas despalhadas, comprimento, diâmetro e número de grãos da espiga e no teor de proteína bruta na população ESALQ-VD-2 opaco e semelhantes para altura da planta e da espiga nas duas populações estudadas.

d) Os coeficientes de variação genética para o peso de espiga, altura da planta e da espiga foram

superiores na população ESALQ-VF-1, enquanto que para os caracteres da espiga, comprimento, diâmetro e número de grãos, e ainda para o teor de proteína e de triptofano na proteína, a população ESALQ-VD-2 foi superior com relação a este mesmo parâmetro.

e) O peso de espigas despalhadas apresentou coeficientes de herdabilidade baixos e semelhantes nas duas populações, enquanto que a população "flint" apresentou mais altos valores de herdabilidade para altura da planta e da espiga, peso de 100 grãos e teor de triptofano, mostrando que uma seleção destes caracteres é mais efetiva para esta população.

f) O teor de proteína bruta e o teor de triptofano na proteína mostraram uma resposta à seleção mais efetiva, na população ESALQ-VD-2 opaco, em comparação com a "flint" opaco, enfatizando que o primeiro caráter apresentou valores de herdabilidade bem superiores na primeira população.

g) O peso de espigas despalhadas se correlacionou negativamente com altura da planta e altura da espiga, possibilitando fazer-se pressão de seleção para menores alturas e com isto melhorar a produção.

h) Uma seleção para maior peso de espigas na população ESALQ-VD-2 diminui o teor de proteína, mas melhora a qualidade desta, uma vez que, apesar dos dois primeiros caracteres se correlacionarem negativamente, o teor de trip-



tofano e o teor de triptofano na proteína se correlacionam positiva e significativamente com o peso de espigas.

i) A seleção para altura da planta, altura da espiga e teor de proteína poderia ser feita através do método de seleção massal que é mais simples, ao passo que para o teor de triptofano seria compensador fazer uma seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos.

j) Na população ESALQ-VF-1 opaco a altura da espiga foi o único caráter que teve uma resposta correlacionada negativa com peso de espiga, enquanto que ocorreu o inverso com a população ESALQ-VD-2, na qual somente o diâmetro e o número de grãos da espiga tiveram resposta correlacionada positiva com o peso de espigas. Entre este caráter e os de qualidade, somente ocorreu resposta correlacionada negativa com o teor de proteína.

k) No presente trabalho verificou-se que maiores progressos genéticos foram obtidos quando se aplicou o método de seleção direta.

## LITERATURA CITADA

ACOSTA, A.E. & CRANE, P.L. Further selection for lower ear height in maize. *Crop Science*, Madison, 12(12):165-7, 1972.

ASSOCIATION OF OFFICIAL AGRICULTURAL CHEMISTS. *Official Methods of Analysis of the Association of Official Agricultural Chemists*. 10.ed. Washington, 1965. 745p.

AXTELL, J.D. Breeding for improved nutritional quality. In: FREY, K.Y., ed. *Plant breeding II*. Iowa, 1981. p. 365-432.

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.

BAUDET, J.; MOSSÉ, J.; LANDRY, J.; MOUREAUX, T. Étude sur les protéines du maïs. I. Composition en acides aminés des fractions, azotées du grain. *Annales de Physiologie Végétale*, Paris, 8: 321-9, 1966.

- BAUMAN, L.F. Evidence of non-allelic gene interaction in determining yield ear height and kernel row number in corn. *Agronomy Journal*, Madison, 51(9): 531-4, 1959.
- BEAVER, L.W. Inheritance and genetic correlations of certain traits in modified endosperm texture opaque-2 maize (*Zea mays*, L.) Apud *Dissertation Abstracts International*, Michigan, 42(6): 2167, 1981. (Resumo).
- BEAVER, L.W. & LAMBERT, R.J. Genetic control of modified endosperm texture in opaque-2 maize. *Crop Science*, Madison, 22(6): 1095-8, 1982.
- BEAVER, L.W.; LAMBERT, R.J.; DUDLEY, J.W. Genetic variability and correlations in a modified endosperm texture opaque-2 maize population. *Crop Science*, Madison, 25(1): 129-32, 1985.
- BEESON, W.M. Feed and food value of opaque-2 corn. In: *ASTA. Proceeding of the Twenty-first annual hybrid corn Industry-research*, Washington, 1966. n° 21, p. 50-4.
- BIANCO, S. Avaliação do potencial genético de populações de milho (*Zea mays*, L.) braquítico para teor de óleo na semente. Piracicaba, 1984. 98p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- BRESSANI, R. & MERTZ, E.T. Studies on corn proteins. IV. Protein and amino acid content of different corn varieties. *Cereal Chemistry*. St. Paul, 35(3): 227-35, 1958.

- BRESSANI, R.; ELIAS, L.G.; SCRIMSHAW, N.S.; GUZMÁN, M.A. Nutritive value of Central American corns. VI. Varietal and environmental influence on the nitrogen, essential amino acid and fat content of ten varieties. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 39(1): 59-67, 1962.
- CAMPOS, M.S. Efeitos da seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos em duas populações de milho (*Zea mays*, L.). Piracicaba, 1966. 42p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- CANTON, T. Avaliação de oito ciclos de seleção recorrente na população de milho (*Zea mays* L.) Suwan DMR. Piracicaba, 1988. 112p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- CARMO, C.M. Avaliação de progênies de meios-irmãos em populações heterogêneas de milho (*Zea mays*, L.). Piracicaba, 1969. 48p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- CASTRO, E.M. Competição entre populações de milho normais e braquíticas. Piracicaba, 1983. 155p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- CAVIEDES, C.M.; CARBALO QUIROS, A.; YAMAKAKE, T.A.K.; VILLEGAS, E.M. Correlaciones fenotípicas entre rendimiento e contenidos de proteína, triptofano y zeína, en familias de medio hermanos de maíz (*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 Batán, 1982.

COCHRAN, W.G. & COX, G.M. *Experimental design*; London, Wiley & Sons, ed., 1969. 610p.

COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics*, Raleigh, 4: 257-66, 1948.

CRISÓSTOMO, J.R. Estimaco de parmetros genticos visando seleo em dois compostos de milho (*Zea mays*, L.). Piracicaba, 1978. 71p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

DALBY, A. & DAVIES, L.I. Ribonuclease activity in the developing seeds of normal and opaque-2 maize. *Science*. Lancaster, 155(3769): 1573-5, 1975.

DALBY, A. & TSAI, C.Y. Comparisons of lysine and zein and nonzein protein contents in immature and maize endosperm mutants. *Crop Science*, Madison, 15(4): 513-5, 1975.

DOEHLERT, D.C. & LAMBERT, R.J. Metabolic characteristics associated with starch, protein, and oil deposition in developing maize kernels. *Crop Science*, Madison, 31(1): 151-7, 1991.

DOTY, D.M.; BERGDOLL, M.S.; NASH, H.A.; BRUNSON, A.M. Amino acids in corn grain from several single cross hybrids. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 23: 199-209, 1946.

DUDLEY, J.W. Seventy generations of selection for oil and protein in the corn kernel. In: WILKINSON, D., ed. *Proceedings of the Twenty-eighth Annual Corn and Sorghum Research Conference*, Washington, 1973, 123-36.

- DUDLEY, J.W. & LAMBERT, R.J. Genetic variability after 65 generations of selection in Illinois high oil, low oil, high protein and low protein strains of *Zea mays*, L. *Crop Science*, Madison, 9(2): 179-81, 1969.
- DUDLEY, J.W.; LAMBERT, R.J.; ALEXANDER, D.E. Variability and relationships among characters in *Zea mays* L. synthetics with improved protein quality. *Crop Science*, Madison, 11(4): 512-4, 1971.
- DUDLEY, J.W.; LAMBERT, R.J.; ROCHE, I.A. de la. Genetic analysis of crosses among corn strains divergently selected for percent oil and protein. *Crop Science*, Madison, 17(1): 111-7, 1977.
- EAST, E.M. & JONES, D.F. Genetic studies on the protein content of maize. *Genetics*, Baltimore, 5(6): 543-610, 1920.
- FALCONER, D.S. *Introduction to quantitative genetics*. 3a. ed. New York, The Ronald Press Company, 1964. 365p.
- FAO. *Production Yearbook - 1990*, Roma, 44: 79, 237, 1991.
- 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.
- FLYNN, L.M.; ZUBER, M.S.; LEWEKE, D.H.; GRAINGER, R.B.; HOGAN, A.G. Relation between protein content of corn and concentration of amino acids and nicotinic acid. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 31(3): 217-28, 1954.

- FONZO, N.; FORNASARI, E.; SALAMINI, F.; REGGIANI, R.; SOAVE, C. Interaction of maize mutants floury-2 and opaque-7 with opaque-2 in the synthesis of endosperm proteins. *Journal of Heredity*, Washington, 71(6): 397-402, 1980.
- FREY, K.J. The interrelationships of proteins and amino acids in corn. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 28: 123-32, 1951.
- FREY, K.J.; BRIMHALL, B.; SPRAGUE, G.F. The effects of selection upon protein quality in the corn kernel. *Agronomy Journal*, Madison, 41(9): 399-403, 1949.
- GENTINETTA, E.; MAGGIORE, T.; SALAMINI, F.; LORENZONI, C.; PIOLI, F.; SOAVE, C. Protein studies in 46 opaque-2 strains with modified endosperm texture. *Maydica*, Bergamo, 20: 145-164, 1975.
- GERALDI, I.O. Estimaco de parmetros genticos de caracteres do pendo em milho (*Zea mays*, L.) e perspectivas de melhoramento. Piracicaba, 1977. 103p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- GOERTZ, P.G.; POLIMER, W.G.; VILLEGAS, E.; DHILLON, B.S. Nutritional quality of andean maizes collections and comparisions of some chemical screening methods. *Maydica*, Bergamo, 23(4): 221-3, 1978.
- GOODSELL, S.F. Potassium in mature kernels of normal and opaque-2 maize. *Crop Science*, Madison, 8(3): 281-2, 1968.
- GREEN, Jr. V.E. Asociacin de altura de planta y cosecha en mais tropical. Turrialba, Turrialba, 5(1): 83-90, 1955.

- GREEN, C.E. & PHILLIPS, R.L. Potencial selection system for mutants with increased lysine, threonine and methionine. *Crop Science*, Madison, 14(6): 827-30, 1974.
- GUPTA, D.; KOVACS, I.; GASPAR, L. Protein quality traits and their relationships with yield and yield components of opaque-2 and analogous normal maize hibrids and inbred lines. *Theoretical and Applied Genetics*, Heidelberger, 45: 341-8, 1975.
- GUPTA, H.O.; LODHA, M.L.; RASTOGI, D.K.; SINGH, J.; MEHTA, S.L. Nutritional evaluation of hard endosperm opaque-2 maize. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, Easton, 27(2): 390-2, 1979.
- HANSEN, D.W.; BRIMHALL, B.; SPRAGUE, G.F. Relationship of zein to the total protein in corn. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 23: 329-35, 1946.
- HARPSTEAD, D.D. High lysine maize in its proper perspective. In: SUTHERLAND, J.I. & FALASCA, R.J., ed. *Proceedings of the Twenty-fourth Annual Corn and Sorghum Research Conference*. Washington, 1969. p.74-80.
- HAYES, H.K. & GARBER, R.J. Synthetic production of high-protein corn in relation to breeding. *Journal of the American Society of Agronomy*, Lancaster, 11(8): 309-18, 1919.
- HERNANDES, H. & BATES, L. A modified method for rapid tryptophan analysis in maize. *CIMMYT Research Bulletin* n° 13, México, 73p.



- INGLETT, G.E. Corn and sorghum proteins. In: SUTHERLAND, J. I. & FALASCA, R.J., ed. *Proceedings of the Twenty-fifth Annual Corn and Sorghum Research Conference*. Washington, n° 25, 1970, p. 67-8.
- JAIMES, O.M. & GALÁN, J.M. Incidência de genes modificadores del endosperma opaqué-2 em 25 razas mexicanas de maiz, y su efecto en la textura y calidad proteínica del grano. *Agrociencia*, Chapingo, 37: 185-97, 1979.
- JONES, R.A. & TSAI, C.Y. Changes in lysine and tryptophan content during germination of normal and mutant maize seed. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 54(3): 565-71, 1977.
- JONES, R.A.; LARKINS, B.A.; TSAI, C.Y. Storage protein synthesis in maize. II. Reduced synthesis of a major zein component by the opaqué-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(5): 583-8, 1979.
- KEENEY, D.R. Protein and amino acid composition of maize grain as influenced by variety and fertility. *Journal of the Science of Food and Agricultural*, Washington, 21(3): 182-4, 1970.
- KEMPTHORNE, O. *An introduction to genetic statistics*. 3a. ed. New York, John Wiley & Sons, 1966. 545p.
- KNIEP, K.R. & MASON, S.C. Kernel breakage and density of normal and opaqué-2 maize grain as influenced by irrigation and nitrogen. *Crop Science*, Madison, 29(1): 159-63, 1989.

- KNIEP, K.R. & MASON, S.C. Lysine and protein content of normal and opaque-2 maize grain as influenced by irrigation and nitrogen. *Crop Science*, Madison, 31(1): 177-81, 1991.
- LAMBERT, R.J.; ALEXANDER, D.E.; DUDLEY, J.W. Relative performance of normal and modified protein (opaque-2) maize hybrids. *Crop Science*, Madison, 9(2): 242-3, 1969.
- LENG, E.R. Predicted and actual responses during long-term selection for chemical composition in maize. *Euphytica*, Wageningen-Netherlands, 10(3): 368-78, 1961.
- LENG, E.R. Results of long-term 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.
- LIMA, M. Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho (*Zea mays*, L.) ESALQ - VD-2, Piracicaba, 1977. 71p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- LIMA, M. & PATERNIANI, E. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em progênies de meios-irmãos de milho (*Zea mays*, L.) ESALQ - VD-2 MI-HSIII e suas implicações no melhoramento. In: *Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética*, Piracicaba, nº 11, 1977. p. 84-9.
- LINDSEY, M.F.; LONNQUIST, J.H.; GARDNER, C.O. Estimates of genetic variance in open-pollinated varieties of Corn Belt corn. *Crop Science*, Madison, 2: 105-8, 1962.

- LLOYD, N.E. & MERTZ, E.T. Studies on corn proteins. III. The glutelins of corn. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 35(2): 156-68, 1958.
- LOESCH, P.J. & BAILEY Jr., T.B. Field emergence comparisons of opaque-2 and sugary-2 opaque-2 segregates in two maize synthetics. *Crop Science*, Madison, 20(4): 459-62, 1980.
- LORDELO, J.A.C. Parâmetros genéticos das populações do milho Piranão VD-2 e Piranão VF-1. Piracicaba, 1982. 63p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MacGREGOR, J.M.; TASKOVITCH, L.T.; MARTIN, W.P. Effect of nitrogen fertilizer and soil type on the amino acid content of corn grain. *Agronomy Journal*, Madison, 53(4): 211-4. 1961.
- MAKONNEN, D. & BAUMAN, L.F. Maturity interaction and black layer occurrence in opaque-2 and normal hybrids in maize (*Zea mays*, L.). *Euphytica*, Wageningen-Netherlands, 25(4): 499-503, 1976.
- MARTIN, S.K. Selection indices for the improvement of opaque-2 maize. *Dissertation Abstracts International*, B 41(3): 769, 1980.
- MARTIN, St., S.K.; LOESCH, Jr., P.J.; DEMOPULOS-RODRIGUEZ, J.T.; WISER, W.J. Selection indices for the improvement of opaque-2 maize. *Crop Science*, Madison, 22(3): 478-85, 1982.

- MENTEN, J.F.M. Uso de milho opaque-2 na alimentação de suínos em crescimento-terminação e seus efeitos sobre o desempenho e características da carcaça. Piracicaba, 1982. 100p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MERTZ, E.T. & BRESSANI, R. Studies on corn proteins. I. A new method of extraction. *Cereal Chemistry*, St. Paul, **34(1)**: 63-9, 1957.
- MERTZ, E.T.; BATES, L.S.; NELSON, O.E. Mutant gene that changes protein composition and increases lysine content of maize endosperm. *Science*, Lancaster, **145(3629)**: 279-80, 1964.
- MILLER, P.A. & BRIMHALL, B. Factors influencing the oil and protein content of corn grain. *Agronomy Journal*, Madison, **43(7)**: 305-311, 1951.
- MILLER, R.C.; AURAND, L.W.; FLACH, W.R. Aminoacid in high and low protein corn. *Science*, Lancaster, **112**: 57-8, 1950.
- MILLER, P.A.; HURST, T.L.; BRIMHALL, B. Relationship of lysine and niacin with the crude protein and certain protein components in corn grain. *Agronomy Journal*, Madison, **44(7)**: 343-5, 1952.
- MIRANDA, F. J.B. Princípios de experimentação e análise estatística. In: PATERNIANI, E., 2a. ed. *Melhoramento e Produção do Milho*. Piracicaba, 1987. Cap. 17. p. 765-95.

- MIRANDA, F°. J.B. & PATERNIANI, E. Intra e interpopulation genetic parameter estimates and implications in selection. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, VI(1): 15-27, 1983.
- MIRANDA, F°.J.B.; VENCOVSKY, R.; PATERNIANI, E. Variância genética aditiva da população de grãos em dois compostos de milho e sua implicação no melhoramento. In: *Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética*, Piracicaba, n° 6, 1972. p. 67-73.
- MIRANDA, F°.J.B.; VENCOVSKY, R.; PATERNIANI, E. Variância genética aditiva da altura da planta e da espiga em dois compostos de milho e sua implicação no melhoramento. In: *Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética*, Piracicaba, n° 8, 1974. p. 104-108.
- MISRA, P.S.; JAMBUNATHAN, R.; MERTZ, E.T.; GLOVER, D.V.; BARBOSA, H.M.; McWHINTER, K.S. Endosperm protein synthesis in maize mutants with increased lysine content. *Science*, Lancaster, 176 (4042): 1425-7, 1972.
- MOLL, R.H.; STUBER, C.W.; HANSON, W.D. Correlated responses and responses to index selection involving yield and ear height of maize. *Crop Science*, Madison, 15(2): 243-7, 1975.
- MOTTO, M. Heritability and interrelations of seed quality and agronomic traits in a modified opaque-2 synthetic variety 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 traits and allocation of resources in a modified opaque-2 synthetic. *Maydica*, Bergamo, 23: 35-44, 1978.
- MURPHY, J.J. & DALBY, A. Changes in the protein fractions of development normal and opaque-2 maize endosperm. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 48: 336-49, 1971.
- NACIF, A.P.; BARBOSA, H.M.; ANDERSON, J.C.; SARAIVA, L.S. Efeito da introdução do gene opaco-2 sobre características físicas e químicas de milhos tropicais. *Experientiae*. Viçosa, 17(3): 45-61, 1974.
- NELSON, O.E. Genetic modification of protein quality in plants. *Advances in Agronomy*, New York, 21: 171-93, 1969.
- NELSON, O.E. O programa de milho opaco-2 na Universidade de Purdue. In: Universidade Federal de Viçosa, ed. *Anais da VII Reunião Brasileira de Milho e I Simpósio sobre o Milho Opaco*. Viçosa, 1971. p. 160-83.
- NELSON, O.E. & CHANG, M.T. Effect of multiple aleurone layers on the protein content and amino acid content of maize endosperm. *Crop Science*, Madison, 14(3): 374-6, 1974.
- NESTICKY, M. & PIORVARCI, A. Influence of aleurone thickness on lysine content of maize kernels. *Journal of Plant Breeding*, Berlin, 92(2): 173-6, 1984.
- OPIENSKA-BLAUTH, J.; CHAREZINSKI, M.; BERBEC, H. "A new rapid method of determining tryptophan". *Report Analytical Biochemistry*, Washington, 6: 69p., 1963.

- OSBORNE, T.B. The amount and properties of the proteins of the maize kernel. *Journal of the American Chemical Society*, Easton, 19: 525-32, 1897.
- OSBORNE, T.B. & CLAPP, S.H. Hydrolysis of the proteins of maize (*Zea mays*, L.). *American Journal of Physiology*, 20: 477-93, 1908.
- OSBORNE, T.B. & MENDEL, L.B. Nutritive properties of proteins of the maize kernels. *The Journal of Biological Chemistry*. 18: 1-16, 1914.
- 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(4): 417-9, 1973.
- PAEZ, A.V.; USSARY, J.P.; HELM, J.L.; ZUBER, M.S. Survey of maize strains for lysine content. *Agronomy Journal*, Madison, 61(6): 886-9, 1969.
- PATERNIANI, E. Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento do milho (*Zea mays*, L.). Piracicaba, 1968. 92p. (Catedra - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- PATERNIANI, E.; ZINSLY, J.R.; MIRANDA, F., J.B. Populações melhoradas de milho obtidas pelo Instituto de Genética. In: *Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética*, Piracicaba, n° 11, 1977, p. 108-14.
- PESEV, N.; PETROVIC, R.; ZECEVIC, L.J.; MILOSEVIC, M. Study of possibility in raising maize inbred lines with two embryos. *Theoretical and Applied Genetics*, Heidelberger, 47(4): 197-201, 1976.

- PHILLIPS, R.L.; MORRIS, P.R.; WOLD, F.; GENGEBACH, B.G. Seedling screening for lysine-plus-threonine resistant maize. *Crop Science*, Madison, 21(4): 601-7, 1981.
- PINTO, R.F. da S.; BARBOSA, H.M.; ALMEIDA, F., J. Seleção para diferentes densidades das sementes em milho (*Zea mays*, L.) opaco-2. *Experientiae*, Viçosa, 18(2): 41-58, 1974.
- POMMER, C.V. Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos para produção e qualidade protéica em duas populações de milho opaco-2. Piracicaba, 1976. 111p. (Doutorado -Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- POMMER, C.V.; MIRANDA, L.T. de.; MIRANDA, L.E.C. de; SAWAZAKI, E. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho IAC-I opaco-2. *Bragantia*, Campinas, 36(19): 197-205, 1977.
- QUEIROZ, M.A. Correlações genéticas e fenotípicas em progênies de meios-irmãos de milho (*Zea mays*, L.) e suas implicações com o melhoramento. Piracicaba, 1969. 71p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. Piracicaba, 1978. 112p. (Doutorado-Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- REGAZZI, A.J.; SILVA, J.V.; THIEBAUT, J.T.L.; OLIVEIRA, L.M.; GALVÃO, J.D. Variâncias, covariâncias e correlações fenotípicas, genotípicas e genéticas aditivas num composto de milho (*Zea mays*, L.). *Revista Ceres*, Viçosa, 27(149): 32-46, 1980.



- REIS, F.P.; SILVA, J.C.; REGAZZI, A.J.; OLIVEIRA, L.M. Herdabilidades, correlações e índices de seleção em milho (*Zea mays*, L.). *Revista Ceres*, Viçosa, 29(163): 268-83, 1982.
- RENDIG, V.V. & BROADBENT, F.E. Proteins and amino acids of maize grain grown with various levels of applied nitrogen. *Agronomy Journal*, Madison, 71(3): 509-12, 1979.
- RISSI, R. Estimação de parâmetros genéticos em duas subpopulações da variedade de milho (*Zea mays*, L.) Piranão. Piracicaba, 1980. 76p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Genetic variance in open pollinated varieties of corn. *Genetics*, Austin, 40: 45-60, 1955.
- ROOD, S.B. & MAJOR, D.J. Diallel analysis of leaf number, leaf development rate and plant height of early maturing maize. *Crop Science*, Madison, 21(6): 867-73, 1981.
- SAMPAIO, N.F. Propriedades genéticas e potencial para o melhoramento dos compostos de milho (*Zea mays*, L.), ESALQ - PB-4 e ESALQ - PB-5. Piracicaba, 1986. 105p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SALAMINI, F.; BORGHI, B.; LORENZONI, C. The effect of the opaque-2 gene on yield in maize. *Euphytica*. Wageningen-Netherlands, 19(4): 531-8, 1970.
- SAUBERLICH, H.E.; CHANG, W.Y.; SALMON, W.D. The amino acid and protein content of corn as related to variety and nitrogen fertilization. *Journal Nutrition*, Alabama, 51(2): 241-50, 1953.

- SAWAZAKI, E. & OSUNA, J.A. Avaliação de progênies de meios-irmãos da população composto flint do milho (*Zea mays*, L.). *Científica*, São Paulo, 2(3): 223-30, 1975.
- SCHNEIDER, E.O.; EARLEY, E.B.; TURK, E.E. Nitrogen fractions of the component parts of the corn kernel as affected by selection and soil nitrogen. *Agronomy Journal*, Madison, 44(4): 161-9, 1952.
- SHERRARD, J.H.; LAMBERT, R.J.; NESSMER, M.J.; BELON, F.E.; HAGEMAN, R.H. Search for useful physiological and biochemical traits in maize. In: VOSE, P.B. & BLIXT, S.G., ed. *Crop Breeding a Contemporary Basic*. 1<sup>a</sup> ed. New York, Pergamon Press Ltd., 1984. Cap. 3, p.51-66.
- SINGH, H. & RAI, B. Effect of br-2 dwarfing gene on physiological parameters in maize. *Indian Journal of Agricultural Science*, New Delhi, 49(3): 168-73, 1979.
- SOARES F., W.S. Características fenotípicas e genéticas das populações de milho (*Zea mays*, L.) Braquítico Piranão - VD-2B e Piranão - VF-1B. Piracicaba, 1987. 185p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SODEK, L. & WILSON, C.M. Incorporation of leucine<sup>-14</sup>C and lysine<sup>-14</sup>C into protein in developing endosperm of normal and opaque-2 corn. *Archives of Biochemistry and Biophysics*, New York, 140(1): 29-38, 1970.
- SOUZA Jr., C.L. Variabilidade genética em milho (*Zea mays*, L.) e relação com a seleção recorrente intra e interpulacional. Piracicaba, SP, 1983. 151p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

- 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.
- SREERAMULU, C.; BAUMAN, L.F.; ROTH, G. Effect of out-crossing on protein quality, kernel weight, and related characters in opaque-2 and floury-2 maize (*Zea mays*, L.). *Crop Science*, Madison, 10: 235-6, 1970.
- TELLO, F.; ALVAREZ-TOSTADO, M.A.; ALVARADO, G. A study on the improvement of the essential amino acid balance of corn protein. I. Correlation between racial and varietal characteristics and lysine levels of Corn. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 42(4): 368-84, 1965.
- TOSELLO, G.A. Evaluation of protein and carbohydrate quality and content in selected endosperm mutant and their double-mutant combination with opaque-2 at two immature stages of development in *Zea mays*, L. Purdue University, West Lafayette. Indiana, USA, 1974 (Tese de Ph.D.).
- TOSELLO, G.A. Introdução do gene opaco-2 no Composto Dentado. In: *Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética*, Piracicaba, nº 9, 1975. p.170-2.
- TOSELLO, G.A. Comparações entre populações de milho (*Zea mays*, L.). opaco e normal. Piracicaba, 1978. 80p. (Livro-Docência - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- TOSELLO, G.A. Milhos especiais e seu valor nutritivo. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P. *Melhoramento e Produção do Milho*. 2<sup>a</sup> ed. Campinas, Fundação Cargill, 1987. Cap. 9, p.375-409.

- TOSELLO, G.A. & GERALDI, I.O. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para caracteres da planta e da qualidade do grão na população de milho ESALQ-VD opaco. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, Piracicaba, n° 14, 1980a. p.183-9.
- 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. In: Relatório Científico do Departamento e Instituto de Genética, Piracicaba, n° 14, 1980b. p.190-3.
- TOSELLO, G.A.; SOUZA Jr., C.L.; GERALDI, I.O. Estimativa de parâmetros genéticos de caracteres da planta e da qualidade do grão em uma população de milho opaco (*Zea mays*, L.). Anais da E.S.A. "Luiz de Queiroz", XLIV: 627-42, 1987.
- TSAI, C.Y.; HUBER, D.M.; WARREN, H.L. Relationship of the kernel sink for N to maize productivity. *Crop Science*, Madison, 18(3): 399-404, 1978.
- VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR, W.E., org. *Melhoramento e Genética*. São Paulo, Melhoramento, 1969. Cap. 1, p. 17-38.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E., 2<sup>o</sup> ed. *Melhoramento e Produção do Milho no Brasil*. Piracicaba, Fundação Cargill, 1987. Cap. 5, p.137-214.
- VERA, G.A. & CRANE, P.L. Effects of selection for lower ear height in synthetic population of maize. *Crop Science*, Madison, 10: 286-8, 1970.

- VINNICHENKO, A.N.; SHTEMENKO, N.I.; KHARCHENKO, V.I. Effect of the recessive opaque-2 allele on accumulation of free amino acids in the grain of maize. *Biologicheskije Nauki*, Moscow, (1): 96-101, 1989. Apud: *Maize Abstracts*, Wallingford, 6(1): 30, jan. 1990. (Resumo).
- WILSON, C.M. & ALEXANDER, D.E. Ribonuclease activity in normal and opaque-2 mutant endosperm of maize. *Science*, Lancaster, 155(3769): 1575-6, 1975.
- WINTER, F.L. The mean and variability as affected by continuous selection for composition in corn. *Journal of Agricultural Research*, Washington, 39(6): 451-76, 1929.
- WOLF, M.J.; CUTLER, H.C.; ZUBER, M.S.; KHOO, U. Maize with multilayer aleurone of high protein content. *Crop Science*, madison, 12(4): 440-2, 1972.
- WOLF, M.J.; KHOO, U.; SECKINGER, H.L. Sub-cellular structure of endosperm protein in high-lysine and normal corn. *Science*, Lancaster, 157(3788): 556-7, 1967.
- WOLFE, M. & FOWDEN, L. Composition of the protein of whole maize seeds. *Cereal Chemistry*, St. Paul, 34(4): 286-95, 1957.
- WOODWORTH, C.M. & JUGENHEIMER, R.W. Breeding and genetics of high protein corn. In: HECKERDORN, W. & ANDERSON, M., ed. *What's New in the Production Storage and Utilization of Hybrid Seed Corn*, n° 3. Chicago, ASTA, 1948. p.75-83.
- WOODWORTH, C.M.; LENG, E.R.; JUGENHEIMER, R.W. Fifty generations of selection for protein and oil in corn. *Agronomy Journal*, Madison, 44(2): 60-5, 1952.

- WYSS, C.S.; CZYEWICZ, J.R.; BELOW, F.E. Source-sink control of grain composition in maize strains divergently selected for protein concentration. *Crop Science*, Madison, 31(3): 761-6, 1991.
- ZIMBACK, L. Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em uma variedade de milho dentado braquítico opaco (*Zea mays*, L.). Piracicaba, 1985. 162p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- ZORRILLA, H.L. & CRANE, P.L. Evaluation of three cycles of full-sib family selection for yield in the 'Coloso 2' variety of maize. *Crop Science*, madison, 22(1): 10-2, 1982.
- ZUBER, M.S. Relative efficiency of incomplete block designs using corn uniformity trial data. *Agronomy Journal*, Madison, 34(1): 30-47, 1942.

**TABELAS**

Tabela 5. Médias e coeficientes de variação experimental (C.V. Exp.) das populações de milho opaco - 2 (O<sub>2</sub>O<sub>2</sub>), ESALQ-VD-2 e ESALQ-VF-1 para os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), número de ramificações do pendão (NR), comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), número de grãos da espiga (NG), peso de 100 grãos (PG), percentagem de proteína (P), de triptofano (T) e de triptofano na proteína (T/P). Piracicaba, SP, 1983/84.

Caráter	ESALQ - VD-2*		ESALQ - VF-1*	
	Média	C.V. Exp. (%)	Média	C.V. Exp. (%)
PE	80,688 g/pl	19,256	68,189 g/pl	20,562
AP	2,415 m	4,093	2,322 m	4,124
AE	1,678 m	5,345	1,513 m	5,159
NR	18,282 un.	10,311	24,537 un.	12,427
CE	16,191 cm	7,074	15,351 cm	7,781
DE	4,061 cm	6,275	4,054 cm	6,641
NG	421,554 un.	13,206	407,546 un.	13,135
PG	29,000 g	9,971	26,015 g	9,209
P	9,452%	11,565	8,725%	11,775
T	0,089%	9,413	0,089%	8,667
T/P	0,953%	12,477	1,041%	14,138

\* g/pl = gramas por planta; m = metros; cm = centímetros; un. = unidades; g = gramas; % = percentagem



Tabela 6. Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios  $E(QM)$ , ao nível de médias de parcelas, referente ao peso de espigas despalhadas em  $(g/pl)^2$  de 200 progênies de meios-irmãos das populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

FV	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1		E (QM)
	GL	QM	GL	QM	
Progênies ajustadas/Exp.	198	385,684**	198	274,335**	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2 + 2\sigma_p^2$
Erro médio	162	215,331	162	174,594	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2$
Dentro	320	1220,262	320	1082,360	$\sigma_d^2$

\*\* P < 0,01

Tabela 7. Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios  $E(QM)$ , ao nível de médias de parcelas, referentes à altura da planta em (m) de 200 progênies de meios-irmãos das populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

FV	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1		E(QM)
	GL	QM	GL	QM	
Progênies ajustadas/Exp.	198	0,022543**	198	0,020544**	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2 + 2\sigma_p^2$
Erro médio	162	0,009852	162	0,008245	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2$
Dentro	320	0,029439	320	0,023218	$\sigma_d^2$

\*\* P < 0,01

Tabela 8. Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios  $E(QM)$ , ao nível de médias de parcelas, referente à altura da espiga em (m) de 200 progênies de meios-irmãos das populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

FV	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1		E (QM)
	GL	QM	GL	QM	
Progênies ajustadas/Exp.	198	0,022257**	198	0,020480**	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2 + 2\sigma_p^2$
Erro médio	162	0,007917	162	0,005925	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2$
Dentro	320	0,024816	320	0,019518	$\sigma_d^2$

\*\* P < 0,01

Tabela 9. Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios  $E(QM)$ , ao nível de médias de parcelas, referente ao número de ramificações do pendão de 200 progênies de meios-irmãos das populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

FV	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1		E (QM)
	GL	QM	GL	QM	
Progênies ajustadas/Exp.	198	9,977099**	198	16,321345**	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2 + 2\sigma_p^2$
Erro médio	162	3,571029	162	8,408654	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2$
Dentro	320	16,210000	320	26,593750	$\sigma_d^2$

\*\* P < 0,01

Tabela 10. Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios  $E(QM)$ , ao nível de médias de parcelas, referente ao comprimento da espiga em (cm) de 200 progênies de meios irmãos das populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

FV	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1		E (QM)
	GL	QM	GL	QM	
Progênies ajustadas/Exp.	198	2,230897**	198	1,958841**	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2 + 2\sigma_p^2$
Erro médio	162	1,275304	162	1,306813	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2$
Dentro	320	4,046725	320	4,636187	$\sigma_d^2$

\*\* p < 0,01

Tabela 11. Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios  $E(QM)$ , ao nível de médias de parcelas, referente ao diâmetro da espiga em (cm) de 200 progênies de meios-irmãos das populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

FV	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1		E(QM)
	GL	QM	GL	QM	
Progênies ajustadas/Exp.	198	0,065375	198	0,071697	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2 + 2\sigma_p^2$
Erro médio	162	0,060029	162	0,069290	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2$
Dentro	320	0,139225	320	0,201875	$\sigma_d^2$

ns: não significativo

Tabela 12. Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios  $E(QM)$ , ao nível de médias de parcelas, referente ao número de grãos por espiga de 200 progênies de meios-irmãos das populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

FV	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1		E(QM)
	GL	QM	GL	QM	
Progênies ajustadas/Exp.	198	4454,223456**	198	4002,417078**	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2 + 2\sigma_p^2$
Erro médio	162	2834,526609	162	2810,956565	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2$
Dentro	320	12625,023000	320	12274,090000	$\sigma_d^2$

\*\* P < 0,01

Tabela 13. Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios  $E(QM)$ , ao nível de médias de parcelas, referente ao peso de 100 grãos em (gramas) de 200 progênies de meios-irmãos das populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Pi racicaba, SP, 1983/84.

FV	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1		E (QM)
	GL	QM	GL	QM	
Progênies ajustadas/Exp.	198	9,863215ns	198	9,127240**	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2 + 2\sigma_p^2$
Erro médio	162	8,080468	162	5,689786	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2$
Dentro	320	12,670900	320	12,387475	$\sigma_d^2$

ns = não significativo

\*\*  $P < 0,01$



Tabela 14. Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios E(QM), ao nível de médias de parcelas, referente ao teor de proteína em (%) de 200 progênes de meios-irmãos das populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

FV	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1		E(QM)
	GL	QM	GL	QM	
Progênes ajustadas/Exp.	198	1,583175*	198	1,066380ns.	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2 + 2\sigma_p^2$
Erro médio	162	1,166961	162	0,991388	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2$
Dentro	320	1,319312	320	1,186387	$\sigma_d^2$

\* P < 0,05

ns = não significativo

Tabela 15. Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios  $E(QM)$ , ao nível de médias de parcelas, referente ao teor de triptofano em (%) de 200 progênies de meios-irmãos das populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

FV	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1		E(QM)
	GL	QM	GL	QM	
Progênies ajustadas/Exp.	198	$0,91 \times 10^{-4}^{**}$	198	$0,84 \times 10^{-4}^{**}$	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2 + 2\sigma_p^2$
Erro médio	162	$0,65 \times 10^{-4}$	162	$0,58 \times 10^{-4}$	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2$
Dentro	320	$0,27 \times 10^{-4}$	320	$0,10 \times 10^{-4}$	$\sigma_d^2$

\*\*  $P < 0,01$

Tabela 16. Análise agrupada da variância em látice e esperanças matemáticas dos quadrados médios  $E(QM)$ , ao nível de médias de parcelas, referente ao teor de triptofano na proteína em (%) de 200 progênies de meios-irmãos das populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opa co. Piracicaba, SP, 1983/84.

FV	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1		E(QM)
	GL	QM	GL	QM	
Progênies ajustadas/Exp.	198	0,016 ns	198	0,025 ns	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2 + 2\sigma_p^2$
Erro médio	162	0,013	162	0,021	$\sigma_d^2/5 + \sigma_e^2$
Dentro	320	0,013	320	0,021	$\sigma_d^2$

ns = não significativo.

Tabela 17. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos obtidas ao nível de médias de parcelas, para o peso de espigas despalhadas (PE) em (g/pl), sendo: variância genética entre progênes de meios-irmãos ( $\hat{\sigma}_p^2$ ), variância ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), variância fenotípica entre plantas dentro de parcelas ( $\hat{\sigma}_d^2$ ), variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), variância fenotípica ao nível de plantas ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) e ao nível de médias ( $\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$ ); e o coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ) em (%) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

Parâmetros	ESALQ - VD-2	ESALQ - VF-1
$\hat{\sigma}_p^2$	60,176	49,870
$\hat{\sigma}_e^2$	-28,721	-41,877
$\hat{\sigma}_d^2$	1220,262	1082,360
$\hat{\sigma}_A^2$	240,704	199,482
$\hat{\sigma}_F^2$	1251,717	1090,352
$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	167,842	137,167
$CV_g$ (%)	9,613	10,356

Tabela 18. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos obtidas ao nível de médias de parcelas, para os caracteres: altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NR), sendo: variância genética entre progênies de meios-irmãos ( $\hat{\sigma}_p^2$ ), variância ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), variância fenotípica ao nível de plantas ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) e ao nível de médias ( $\hat{\sigma}_F^2$ ); e o coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ) em (%) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

Parâmetros	Caracteres	ESALQ - VD-2	ESALQ - VF-1
$\hat{\sigma}_p^2$	AP	0,006	0,006
	AE	0,007	0,007
	NR	3,203	3,956
$\hat{\sigma}_e^2$	AP	0,003	0,003
	AE	0,002	0,002
	NR	0,329	0,089
$\hat{\sigma}_A^2$	AP	0,024	0,024
	AE	0,028	0,028
	NR	12,812	15,824
$\hat{\sigma}_F^2$	AP	0,077	0,032
	AE	0,034	0,028
	NR	19,742	33,639
$\hat{\sigma}_F^2$	AP	0,011	0,010
	AE	0,011	0,010
	NR	4,988	8,160
$CV_g$ (%)	AP	3,10	3,37
	AE	5,04	5,63
	NR	9,78	8,10

Tabela 19. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos obtidas ao nível de médias de parcelas, para os caracteres: comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE) e número de grãos da espiga (NG), sendo: variância genética entre progênies de meios-irmãos ( $\hat{\sigma}_P^2$ ), variância ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), variância fenotípica ao nível de plantas ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) e ao nível de médias ( $\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$ ); e o coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ) em (%) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

Parâmetros	Caracteres	ESALQ - VD-2	ESALQ - VF-1
$\hat{\sigma}_P^2$	CE	0,477	0,326
	DE	0,002	0,001
	NG	809,848	595,730
$\hat{\sigma}_e^2$	CE	0,465	0,379
	DE	0,032	0,028
	NG	309,520	356,138
$\hat{\sigma}_A^2$	CE	1,908	1,304
	DE	0,008	0,004
	NG	3239,392	2382,920
$\hat{\sigma}_F^2$	CE	4,990	5,341
	DE	0,174	0,231
	NG	13744,393	13225,958
$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	CE	1,115	0,979
	DE	0,032	0,035
	NG	2227,111	2001,208
$CV_g$ (%)	CE	4,26	3,71
	DE	1,27	0,85
	NG	6,75	5,98

Tabela 20. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos obtidas ao nível de médias de parcelas, para os caracteres: peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P), sendo: variância genética entre progênes de meios-irmãos ( $\hat{\sigma}_p^2$ ), variância ambiental entre parcelas ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), variância fenotípica a nível de plantas ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) e a nível de médias ( $\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$ ); e o coeficiente de variação genética ( $CV_g$ ) em (%) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

Parâmetros	Caracteres	ESALQ - VD-2	ESALQ - VF-1
$\hat{\sigma}_p^2$	PG	0,891	1,718
	P	0,208	0,037
	T	$0,13 \times 10^{-4}$	$0,13 \times 10^{-4}$
	T/P	0,001	0,001
$\hat{\sigma}_e^2$	PG	5,546	3,212
	P	0,903	0,754
	T	$0,59 \times 10^{-4}$	$0,55 \times 10^{-4}$
	T/P	0,011	0,017
$\hat{\sigma}_A^2$	PG	3,565	6,874
	P	0,832	0,149
	T	$0,52 \times 10^{-4}$	$0,53 \times 10^{-4}$
	T/P	0,005	0,007
$\hat{\sigma}_F^2$	PG	19,10	17,318
	P	1,430	0,977
	T	$0,99 \times 10^{-4}$	$0,70 \times 10^{-4}$
	T/P	0,030	0,040
$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	PG	4,931	4,563
	P	0,691	0,433
	T	$0,45 \times 10^{-4}$	$0,42 \times 10^{-4}$
	T/P	0,012	0,012
$CV_g$ (%)	PG	3,255	5,039
	P	4,825	2,219
	T	4,047	4,077
	T/P	8,104	4,211

Tabela 21. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito obtidas a nível de plantas ( $h^2$ ) e a nível de médias ( $h^2_x$ ), em valor absoluto e em percentagem das estimativas, para os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NR) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

Caracteres	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1	
	$h^2$	$h^2_x$	$h^2$	$h^2_x$
PE	0,192 (19,23%)	0,358 (35,80%)	0,182 (18,29%)	0,363 (36,30%)
AP	0,325 (32,57%)	0,562 (56,29%)	0,746 (74,60%)	0,598 (59,56%)
AE	0,820 (82,08%)	0,644 (64,42%)	1,000 (100%)	0,710 (71,07%)
NR	0,648 (64,89%)	0,642 (64,20%)	0,470 (47,04%)	0,484 (48,48%)



Tabela 22. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito obtidas a nível de plantas ( $h^2$ ) e a nível de médias ( $h^2_{\bar{x}}$ ), em valor absoluto e em percentagem das estimativas, para os caracteres: comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), número de grãos da espiga (NG) e peso de 100 grãos (PG) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

Caracteres	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1	
	$h^2$	$h^2_{\bar{x}}$	$h^2$	$h^2_{\bar{x}}$
CE	0,382 (38,29%)	0,428 (42,83%)	0,244 (24,41%)	0,332 (33,28%)
DE	0,061 (6,14%)	0,081 (8,17%)	0,020 (2,07%)	0,033 (3,35%)
NG	0,235 (23,56%)	0,363 (36,36%)	0,180 (18,01%)	0,297 (29,76%)
PG	0,186 (18,65%)	0,180 (18,07%)	0,396 (39,69%)	0,376 (37,66%)

Tabela 23. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito obtidas a nível de plantas ( $h^2$ ) e a nível de médias ( $h_{\bar{x}}^2$ ), em valor absoluto e em percentagem das estimativas, para os caracteres: teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

Caracteres	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1	
	$h^2$	$h_{\bar{x}}^2$	$h^2$	$h_{\bar{x}}^2$
P	0,581 (58,19%)	0,300 (30,09%)	0,153 (15,33%)	0,086 (8,65%)
T	0,520 (52,05%)	0,285 (28,57%)	0,666 (66,66%)	0,314 (31,44%)
T/P	0,193 (19,34%)	0,463 (46,32%)	0,189 (18,91%)	0,150 (15,06%)

Tabela 24. Análise agrupada de covariância entre progênies de meios-irmãos envolvendo os caracteres: peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P) com os respectivos produtos médios e esperanças matemáticas na população ESALQ - VD-2 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

FC	GL	Produtos Médios (PM)							E (PM)
		P x PG	T x PG	T/P x PG	T x P	T/P x P	T/P x T		
Progênies/Exp.	198	0,546626	0,00763	-0,055510	0,004742	-0,108472	0,000545	$Cov_d/5 + Cov_e + 2Cov_p$	
Erro médio	162	0,912345	0,000470	-0,084992	0,002300	-0,092194	0,000429	$Cov_d/5 + Cov_e$	
Dentro	320	0,980706	0,003911	-0,064028	0,005853	-0,119114	0,001539	$Cov_d$	

Tabela 25. Análise agrupada de covariância entre progênies de meios-irmãos envolvendo os caracteres: peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P) com os respectivos produtos médios e esperanças matemáticas na população ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

FC	GL	Produtos Médios (PM)							E(PM)
		P x PG	T x PG	T/P x PG	T x P	T/P x P	T/P x T		
Progênies/Exp.	198	0,307003	0,002302	-0,011382	0,001421	-0,111501	0,000940	$Cov_d/5 + Cov_e + 2Cov_p$	
Erro médio	162	0,608923	0,000313	-0,068709	0,001026	-0,112022	0,000548	$Cov_d/5 + Cov_e$	
Dentro	320	0,734256	0,001056	-0,061709	0,002490	-0,146280	0,000052	$Cov_d$	

Tabela 26. Análise agrupada de covariância entre progênies de meios-irmãos envolvendo os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P) com os respectivos produtos médios e esperanças matemáticas na população ESALQ - VD-2 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

FC	GL	Produtos Médios (PM)				E (PM)
		PE x PG	P x PE	T x PE	T/P x PE	
Progênies/Exp.	198	13,468577	1,593461	0,019576	0,034000	$Cov_d/5 + Cov_e + 2Cov_p$
Erro médio	162	12,464038	3,417509	0,007923	-0,252961	$Cov_d/5 + Cov_e$
Dentro	320	1,663807	0,023903	0,000288	-0,001865	$Cov_d$

Tabela 27. Análise agrupada de covariância entre progênies de meios-irmãos envolvendo os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P) com os respectivos produtos médios e esperanças matemáticas na população ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

FC	GL	Produtos Médios (PM)				E (PM)
		PE x PG	P x PE	T x PE	T/P x PE	
Progênies/Exp.	198	10,565192	-1,266115	-0,012653	-0,128307	$Cov_d/5 + Cov_e + 2Cov_p$
Erro médio	162	5,403461	0,006750	-0,15884	-0,094269	$Cov_d/5 + Cov_e$
Dentro	320	1,944346	0,271019	0,000980	-0,039461	$Cov_d$

Tabela 28. Estimativas das covariâncias: genética entre progênes ( $\widehat{Cov}_P$ ); do erro ambiental entre parcelas ( $\widehat{Cov}_e$ ); fenotípica entre médias de progênes ( $\widehat{Cov}_F$ ) e genética aditiva entre plantas ( $\widehat{Cov}_A$ ), entre os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), número de ramificações do pendão (NR) e número de grãos da espiga (NG), obtidas de 200 progênes de meios-irmãos da população ESALQ - VD-2 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

	$\widehat{Cov}_P$	$\widehat{Cov}_e$	$\widehat{Cov}_F$	$\widehat{Cov}_A$
PE x AP	-0,068086	0,144834	-0,003548	-0,272346
PE x AE	-0,234605	0,151119	-0,161375	-0,938423
PE x CE	-2,022550	6,226472	1,235093	-0,090203
PE x DE	0,382769	0,674361	0,750115	1,531077
PE x NR	-1,910601	3,560767	-0,213500	-7,642404
PE x NG	0,085960	0,170376	0,226386	0,343840
AP x AE	0,004947	0,003138	0,007933	0,019788
AP x DE	$-0,3 \times 10^{-4}$	$-17,35 \times 10^{-4}$	$-9,55 \times 10^{-4}$	$-1,2 \times 10^{-4}$
AP x NR	0,014946	0,035727	0,028156	0,059784
AP x NG	-0,629422	0,618917	-0,332135	-2,517688
AE x NR	0,052649	0,032751	0,065979	0,210596
AE x NG	-0,776825	0,822831	-0,576300	-3,107300
CE x DE	-0,058276	0,040642	-0,030422	-0,233104
CE x NG	-1,894196	18,603763	14,314049	-7,576784
DE x NG	0,989489	2,838209	3,358582	3,957956
NR x CE	0,434737	0,360847	0,709473	1,738948
NR x DE	0,006008	0,038685	0,051110	0,024032
NR x NG	12,762771	21,182981	26,539112	51,051084

Tabela 29. Estimativas das covariâncias: genética entre progênes ( $\widehat{Cov}_p$ ); do erro ambiental entre parcelas ( $\widehat{Cov}_e$ ); fenotípica entre médias de progênes ( $\widehat{Cov}_F$ ) e genética aditiva entre plantas ( $\widehat{Cov}_A$ ), entre os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), número de ramificações do pendão (NR) e número de grãos da espiga (NG), obtidas de 200 progênes de meios-irmãos da população ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

	$\widehat{Cov}_p$	$\widehat{Cov}_e$	$\widehat{Cov}_F$	$\widehat{Cov}_A$
PE x AP	0,014985	0,407201	0,219639	0,059942
PE x AE	-0,038850	0,133288	-0,039138	-0,155400
PE x CE	2,095731	6,455730	5,477980	8,382924
PE x DE	0,187480	0,865392	0,651827	0,749923
PE x NR	3,203596	-0,057319	3,367423	12,814385
PE x NG	0,106031	0,186175	0,253905	0,424124
AP x AE	0,003290	0,002268	0,005780	0,013162
AP x DE	$-6,515 \times 10^{-4}$	$40,776 \times 10^{-4}$	$12,850 \times 10^{-4}$	$-26,060 \times 10^{-4}$
AP x NR	0,011439	0,053547	0,032240	0,045756
AP x NG	-1,407824	0,851399	-0,854385	-5,631296
AE x NR	0,013984	0,044363	0,032943	0,055936
AE x NG	-0,804888	1,142388	-0,659119	-3,219552
CE x DE	$8,3 \times 10^{-4}$	$539,46 \times 10^{-4}$	$400,74 \times 10^{-4}$	$33,2 \times 10^{-4}$
CE x NG	0,998733	16,354226	19,754736	3,994932
DE x NG	0,934751	1,008777	3,498145	2,939004
NR x CE	0,318137	-0,297210	0,285710	1,272548
NR x DE	0,050053	-0,40896	0,054342	0,200212
NR x NG	2,047031	-17,726670	6,197258	8,188124



Tabela 30. Estimativas das covariâncias: genética entre progênes ( $\widehat{Cov}_p$ ), do erro ambiental entre parcelas ( $\widehat{Cov}_e$ ), fenotípica entre médias de progênes ( $\widehat{Cov}_{\bar{F}}$ ) e genética aditiva entre plantas ( $\widehat{Cov}_A$ ), entre os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P), obtidas da população ESALQ - VD-2 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

	$\widehat{Cov}_p$	$\widehat{Cov}_e$	$\widehat{Cov}_{\bar{F}}$	$\widehat{Cov}_A$
PE x PG	0,502269	12,131277	6,734288	2,009076
PE x P	-0,364809	3,412728	1,343945	-1,459238
PE x T	0,005826	0,007865	0,009787	0,023304
PE x T/P	0,143380	-0,252588	0,016999	0,573920
PG x P	-0,182859	0,716204	0,273313	-0,731436
PG x T	$1,46 \times 10^{-4}$	$-3,12 \times 10^{-4}$	$3,81 \times 10^{-4}$	$5,86 \times 10^{-4}$
PG x T/P	0,014741	-0,072186	-0,027754	0,058964
P x T	0,001221	0,001129	0,002370	0,004884
P x T/P	-0,008139	-0,068371	-0,054235	-0,032556
T x T/P	$0,58 \times 10^{-4}$	$1,21 \times 10^{-4}$	$2,72 \times 10^{-4}$	$2,32 \times 10^{-4}$

Tabela 31. Estimativas das covariâncias: genética entre progênes ( $\widehat{Cov}_P$ ), do erro ambiental entre parcelas ( $\widehat{Cov}_e$ ), fenotípicas entre médias de progênes ( $\widehat{Cov}_F$ ) e genética aditiva entre plantas ( $\widehat{Cov}_A$ ), entre os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P), obtidas da população ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

	$\widehat{Cov}_P$	$\widehat{Cov}_e$	$\widehat{Cov}_F$	$\widehat{Cov}_A$
PE x PG	2,580865	5,014592	5,282596	10,323461
PE x P	-0,636432	-0,047453	-0,633057	-2,545730
PE x T	0,001615	-0,016080	-0,006327	0,006460
PE x T/P	-0,017019	-0,086376	-0,064153	-0,068076
PG x P	-0,150960	0,462072	0,153501	-0,603840
PG x T	$9,94 \times 10^{-4}$	$1,01 \times 10^{-4}$	$11,50 \times 10^{-4}$	$39,76 \times 10^{-4}$
PG x T/P	0,028663	-0,056367	-0,005691	0,114652
P x T	$1,97 \times 10^{-4}$	$5,28 \times 10^{-4}$	$7,10 \times 10^{-4}$	$7,90 \times 10^{-4}$
P x T/P	$2,60 \times 10^{-4}$	-0,082766	-0,55751	$10,40 \times 10^{-4}$
T x T/P	$1,96 \times 10^{-4}$	$5,37 \times 10^{-4}$	$4,69 \times 10^{-4}$	$7,84 \times 10^{-4}$

Tabela 32. Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva ( $r_A$ ), fenotípica entre plantas ( $r_F$ ); e fenotípica entre médias de parcelas ( $r_{\bar{F}}$ ), entre os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NR), nas duas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

	PE	AP	AE	NR	
PE	$r_A$	-0,092	-0,299**	-0,115	ESALQ - VD-2
	$r_F$	0,000	-0,015	0,005	
	$r_{\bar{F}}$	-0,002	-0,109	-0,006	
AP	$r_A$	0,027	0,733**	0,105	
	$r_F$	0,072	0,426**	0,003	
	$r_{\bar{F}}$	0,185	0,708**	0,118	
AE	$r_A$	-0,064	0,491	0,348**	
	$r_F$	0,016	0,620	0,066	
	$r_{\bar{F}}$	-0,033	0,563	0,281**	
NR	$r_A$	0,228*	0,073	0,082	-
	$r_F$	0,026	0,004	0,026	-
	$r_{\bar{F}}$	0,100	0,111	0,114	
	ESALQ - VF-1				

\*; \*\* Significativos ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 33. Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva ( $r_A$ ), fenotípica entre plantas ( $r_F$ ) e fenotípica entre médias de parcelas ( $r_{\bar{F}}$ ), entre os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE) e número de grãos da espiga (NG); nas duas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

	PE	CE	DE	NG	ESALQ - VD-2
PE	$r_A$	-0,315**	0,799**	0,326**	
	$r_F$	0,070	0,091	0,108	
	$r_{\bar{F}}$	0,084	0,298**	0,344**	
CE	$r_A$	0,030	-1,641**	-0,095	
	$r_F$	0,132	0,061	0,327**	
	$r_{\bar{F}}$	0,472**	-0,160	0,287**	
DE	$r_A$	0,765**	0,042	0,675**	
	$r_F$	0,086	0,159	0,272**	
	$r_{\bar{F}}$	0,293**	0,214*	0,395**	
NG	$r_A$	0,615**	0,059	0,872**	-
	$r_F$	0,062	0,463**	0,439**	-
	$r_{\bar{F}}$	0,244*	0,446**	0,413**	-
	ESALQ - VF-1				

\*; \*\* Significativos ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 34. Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva entre plantas ( $r_A$ ), fenotípica entre plantas ( $r_F$ ) e fenotípica entre médias de parcelas ( $r_P$ ), entre os caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

	PE	PG	P	T	T/P	ESALQ - VD-2
PE	$r_A$	0,057	-0,086	0,208	0,478**	
	$r_F$	0,084	0,071	0,039	-0,017	
	$r_P$	0,218*	0,116	0,112	0,011	
PG	$r_A$	0,278**	-0,424**	0,043	0,043**	
	$r_F$	0,069	-	0,085	-0,158	
	$r_P$	0,211*	-	0,025	-0,110	
P	$r_A$	-0,465**	-0,595**	0,742**	-0,461**	
	$r_F$	-0,012	0,254**	0,686**	-0,930**	
	$r_P$	-0,082	0,109	0,422**	-0,574**	
T	$r_A$	0,062	0,207*	-	0,416**	
	$r_F$	-0,045	0,057	-	0,978**	
	$r_P$	-0,083	0,082	-	0,355**	
T/P	$r_A$	-0,054	0,498**	1,224	-	
	$r_F$	-0,021	-0,106	0,435	-	
	$r_P$	-0,048	-0,023	0,638**	-	
	ESALQ - VF-1					

\*; \*\* Significativos ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 35. Ganhos genéticos esperados ( $G_s$ ), em valor absoluto e em porcentagem da média, quando aplicadas a seleção entre (20%) e dentro (10%) de progênies de meios-irmãos (MI) e a seleção massal (SM) em ambos os sexos nos caracteres: peso de espigas das palhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NR) nas populações ESALQ-VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

Caracteres	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1	
	MI	SM	MI	SM
PE	11,064 g/pl (13,71%)	9,524 g/pl (11,80%)	9,963 g/pl (14,61%)	8,457 g/pl (12,43%)
AP	0,181 m/pl (7,06%)	0,178 m/pl (6,94%)	0,191 m/pl (8,23%)	0,189 m/pl (8,16%)
AE	0,215 m/pl (12,82%)	0,214 m/pl (12,79%)	0,238 m/pl (15,73%)	0,240 m/pl (15,85%)
NR	4,107un/pl (22,46%)	4,036un/pl (22,08%)	3,964un/pl (16,15%)	3,819un/pl (15,56%)

Tabela 36. Ganhos genéticos esperados ( $G_s$ ), em valor absoluto e em percentagem da média, quando aplicadas a seleção entre (20%) e dentro (10%) de progênies de meios-irmãos (MI) e a seleção massal (SM) em ambos os sexos nos caracteres: comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE) e número de grãos da espiga (NG) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

Caracteres	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1	
	MI	SM	MI	SM
CE	1,260cm/pl (7,78%)	1,197cm/pl (7,39%)	0,860cm/pl (5,60%)	0,789cm/pl (5,14%)
DE	0,039cm/pl (0,97%)	0,035cm/pl (0,88%)	0,015cm/pl (0,39%)	0,013cm/pl (0,34%)
NG	43,052grãos/esp. (10,21%)	38,683grãos/esp. (9,17%)	32,839grãos/esp. (8,05%)	29,008grãos/esp. (7,11%)

Tabela 37. Ganhos genéticos esperados ( $G_s$ ), em valor absoluto e em porcentagem da média, quando aplicadas a seleção entre (20%) e dentro (10%) de progênie de meios-irmãos (MI) e a seleção massal (SM) em ambos os sexos nos caracteres: peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P) nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco. Piracicaba, SP, 1983/84.

Caracteres	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1	
	MI	SM	MI	SM
PG	1,223g/pl (4,21%)	1,141g/pl (3,93%)	2,415g/pl (9,28%)	2,312g/pl (8,89%)
P	0,693%/pl (7,33%)	0,974%/pl (10,30%)	0,170%/pl (1,95%)	0,212%/pl (2,43%)
T	0,009%/pl (10,38%)	0,007%/pl (8,17%)	0,013%/pl (15,28%)	0,008%/pl (9,32%)
T/P	0,051%/pl (5,44%)	0,047%/pl (4,99%)	0,058%/pl (5,62%)	0,053%/pl (5,12%)



Tabela 38. Estimativas das respostas correlacionadas em valos absoluto e em porcentagem, considerando-se a seleção entre (20%) e dentro (10%) de progênies de meios-irmãos nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ - VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco, entre os seguintes caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), altura da planta (AP), altura da espiga (AE), comprimento da espiga (CE), diâmetro da espiga (DE), número de ramificações do pendão (NR) e número de grãos da espiga (NG). Piracicaba, SP, 1983/84.

RC <sub>y/x</sub>	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1	
	Valor absoluto	%	Valor absoluto	%
RC <sub>PE/AP</sub>	-1,945437g	-2,41	0,466640g	0,68
RC <sub>AP/PE</sub>	-0,011998m	-0,46	0,002993m	0,08
RC <sub>PE/AE</sub>	-0,045267g	-8,73	-0,271661g	-1,86
RC <sub>AE/PE</sub>	-0,041343g	-2,46	-0,007761g	-0,51
RC <sub>PE/CE</sub>	-0,335348g	-6,61	5,534252g	8,11
RC <sub>CE/PE</sub>	-0,356424cm	-2,20	0,418689cm	2,72
RC <sub>CE/DE</sub>	5,672219g	7,02	2,487877g	3,64
RC <sub>DE/CE</sub>	0,067453cm	1,66	0,037455cm	0,92
RC <sub>PE/NR</sub>	-2,450399g	-3,03	3,210042g	4,70
RC <sub>NR/PE</sub>	-0,336696	-1,84	0,640020	2,60
RC <sub>PE/NG</sub>	4,569764g	5,66	5,844970g	8,57
RC <sub>NG/PE</sub>	15,148314	3,59	21,183248	5,19
RC <sub>AP/AE</sub>	0,148557	5,79	0,107703	4,63
RC <sub>AE/AP</sub>	0,141350m	8,42	0,102462m	6,76
RC <sub>AP/DE</sub>	-4,44 x 10 <sup>-4</sup>	-0,017	-0,008641m	-0,37
RC <sub>DE/AP</sub>	-8,56 x 10 <sup>-4</sup> cm	-0,021	-0,020278cm	-0,50
RC <sub>AP/NR</sub>	0,019169m	0,74	0,011462m	0,49
RC <sub>NR/AP</sub>	0,427055	2,33	0,356684	1,45
RC <sub>AP/NG</sub>	-0,033454m	-1,30	-0,010510m	-0,45

Continua...

Tabela 38. Continuação.

RC <sub>y/x</sub>	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1	
	Valor absoluto	%	Valor absoluto	%
RC <sub>NG/AP</sub>	-18,027062	-4,27	-43,958312	-10,78
RC <sub>AE/NR</sub>	0,067532m	4,02	0,014012m	0,92
RC <sub>NR/AE</sub>	1,587287	8,68	0,458090	1,86
RC <sub>AE/NG</sub>	-0,041295m	-2,46	-0,044363m	-2,93
RC <sub>NG/AE</sub>	-23,371255	-5,54	-26,342702	-6,46
RC <sub>CE/DE</sub>	-0,865720cm	-5,34	0,011 025cm	0,07
RC <sub>DE/CE</sub>	-0,153763cm	-3,78	0,002192cm	0,05
RC <sub>CE/NR</sub>	0,557635cm	3,44	0,318843cm	2,07
RC <sub>NR/CE</sub>	1,147069	6,27	0,840443	3,42
RC <sub>CE/NG</sub>	-0,100698cm	-0,62	0,055055cm	0,35
RC <sub>NG/CE</sub>	-1,979906	-1,18	2,638317	0,64
RC <sub>DE/NR</sub>	0,007706cm	0,18	0,050164cm	1,23
RC <sub>NR/DE</sub>	0,089252	0,48	0,725025	2,95
RC <sub>DE/NG</sub>	0,052603cm	1,29	0,040503cm	0,99
RC <sub>NG/DE</sub>	14,699379	3,48	9,762737	2,39
RC <sub>NR/NG</sub>	0,678491	3,71	0,112843	0,45
RC <sub>NG/NR</sub>	16,370768	3,88	2,051577	0,50

RC<sub>y/x</sub> = progresso esperado no caráter y, quando a seleção é praticada em x.

Tabela 39. Estimativas das respostas correlacionadas em valor absoluto e em percentagem, considerando-se a seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos nas populações ESALQ - VD-2 e ESALQ-VF-1 de milho (*Zea mays*, L.), opaco, entre os seguintes caracteres: peso de espigas despalhadas (PE), peso de 100 grãos (PG), teor de proteína (P), teor de triptofano (T) e teor de triptofano na proteína (T/P). Piracicaba, SP, 1983/84.

RC <sub>y/x</sub>	ESALQ - VD-2		ESALQ - VF-1	
	Valor absoluto	%	Valor absoluto	%
RC <sub>PE/PG</sub>	0,689148g/pl	0,85	3,627248g/pl	5,31
RC <sub>PG/PE</sub>	0,088512g	0,30	0,515610g	1,98
RC <sub>PE/P</sub>	-1,452632g/pl	-1,80	-2,896324g/pl	-4,24
RC <sub>p/PE</sub>	-0,062288%	-0,68	-0,127147%	-1,45
RC <sub>PE/T</sub>	4,147852g/pl	5,14	1,657277g/pl	2,43
RC <sub>T/PE</sub>	0,001069%	1,20	0,000322%	0,36
RC <sub>PE/T/P</sub>	4,989283g/pl	6,18	-0,517159g/pl	-0,75
RC <sub>T/P/PE</sub>	0,026348%	2,76	-0,003400%	-0,32
RC <sub>PG/P</sub>	-0,728576g	-2,51	-0,687155g	-2,64
RC <sub>p/PG</sub>	-0,250320%	-2,64	-0,212196%	-2,43
RC <sub>PG/T</sub>	0,103945g	0,35	1,020187g	3,92
RC <sub>T/PG</sub>	2,00 x 10 <sup>-4</sup> %	0,22	13,97 x 10 <sup>-4</sup> %	1,56
RC <sub>PG/T/P</sub>	0,512586g	1,76	1,735587g	6,67
RC <sub>T/P/PG</sub>	0,020225%	2,12	0,076117%	7,30
RC <sub>p/T</sub>	0,869129%	9,19	0,202460%	2,32
RC <sub>T/P</sub>	0,004861%	5,45	0,000897%	1,00
RC <sub>p/T/P</sub>	-0,283013%	-2,99	0,007916%	0,09
RC <sub>T/P/P</sub>	-0,032407%	-3,39	0,001183%	0,11
RC <sub>T/T/P</sub>	0,002016%	2,26	0,005967%	6,67
RC <sub>T/P/T</sub>	0,041293%	4,32	0,201163%	19,30

RC<sub>y/x</sub> = progresso esperado no caráter y, quando a seleção é praticada em x.