

**TREZE CICLOS DE SELEÇÃO ENTRE E DENTRO DE
FAMÍLIAS DE MEIOS IRMÃOS PARA PRODUÇÃO
DE GRÃOS NO MILHO IAC MAYA**

EDUARDO SAWAZAKI

Orientador: DR. ERNESTO PATERNIANI

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

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Outubro - 1979

AGRADECIMENTOS

O autor deseja agradecer a todos que contribuíram para execução deste trabalho e de maneira especial às seguintes pessoas e instituições.

Prof. Dr. Ernesto Paterniani, Chefe e Diretor do Departamento e Instituto de Genética da E.S.A. "Luiz de Queiroz", pela orientação geral, sugestões e críticas oferecidas na elaboração do trabalho.

Eng.º Agr.º Dr. Luiz Torres de Miranda, Pesquisador Chefe da Seção de Milho e Cereais Diversos, pelo fornecimento dos dados, pelas facilidades concedidas, sugestões e críticas valiosas.

Eng.º Agr.º Dr. Celso Valdevino Pommer, pelas sugestões e críticas oferecidas, e pelas correções feitas no manuscrito.

Eng.º Agr.º Eduardo Bulisani, pelas sugestões e elaboração do summary.

Sr. Guido Pedrossantti, pela execução dos serviços de campo e pelas informações valiosas oferecidas.

Srta. Maria Aparecida do Canto Oliveira, pela execução dos serviços de datilografia.

Srs. Chefes das Estações Experimentais do I.A.C. e da Fazenda de Produção Ataliba Leonel, pela execução dos ensaios.

ÍNDICE

	"Página"
1. RESUMO	1
2. INTRODUÇÃO	3
3. REVISÃO DE LITERATURA	8
4. MATERIAL E MÉTODO	16
4.1. Material	16
4.2. Métodos	18
4.2.1. Metodologia utilizada para a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos	18
4.2.2. Análise estatística	20
4.2.3. Estimativas de parâmetros genéticos .	22
4.2.4. Estimativas dos progressos genéticos obtidos	25
5. RESULTADOS OBTIDOS	29
5.1. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho IAC Maya	29
5.2. Estimativas de parâmetros genéticos na popu- lação do IAC Maya	36
6. DISCUSSÃO	41
6.1. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho IAC Maya	41
6.2. Estimativa dos parâmetros genéticos	47
7. CONCLUSÕES	54
8. SUMMARY	57
9. LITERATURA CITADA	59
APÊNDICE	67

LISTA DE TABELAS

"Página"

- Tabela 1. Número de famílias avaliadas e selecionadas, juntamente com o número de plantas selecionadas e respectivas proporções, bem como os valores do diferencial de seleção estandarizado dentro de famílias (K_2), para os ciclos de seleção conduzidos no milho IAC Maya....67
- Tabela 2. Análise da variância dos 4 experimentos de 63/64, em látice quádruplo 7 x 7, referentes a 49 progênies de meios irmãos do IAC Maya original, em 4 locais com uma repetição; e análise da variância combinada dos experimentos..... 68
- Tabela 3. Análise da variância dos 4 experimentos de 64/65, em látice quádruplo 7 x 7, referentes a 49 progênies de meios irmãos do IAC Maya 1, em 4 locais com uma repetição; e análise da variância combinada dos experimentos..... 69
- Tabela 4. Análise da variância dos 4 experimentos de 66/67, em látice quádruplo 7 x 7, referentes a 49 progênies de meios irmãos do IAC Maya 3, em 4 locais com uma repetição; e análise da variância combinada dos experimentos..... 70
- Tabela 5. Análise da variância dos 4 experimentos de 67/68, em látice quádruplo 7 x 7, referentes a 49 progênies de meios irmãos do IAC Maya 4, em 4 locais com uma repetição; e análise da variância combinada dos experimentos..... 71
- Tabela 6. Análise da variância dos 4 experimentos de 68/69, em látice quádruplo 7 x 7, referentes a 49 progênies de meios irmãos do IAC Maya 5, em 4 locais com uma repetição; e análise da variância combinada dos experimentos..... 72

- Tabela 7. Análise da variância dos Experimentos de 69/70, 70/71, 71/72, 74/75 e 75/76, em látice quadruplo 13 x 13, respectivos aos ensaios com 169 progênes de meios irmaos do IAC Maya 6, IAC Maya 7, IAC Maya 8, IAC Maya 11, e IAC Maya 12, em 4 locais com uma repetição 73
- Tabela 8. Análise da variância do experimento de 72/73, em blocos casualizados, referentes a 105 progênes do IAC Maya 9 e a 64 progênes de meios irmãos do IAC Maya p 1, em quatro locais com uma repetição 74
- Tabela 9. Análise da variância do Experimento de 73/74, em blocos casualizados, referentes a 86 progênes de meios irmãos do IAC Maya 10 e a 83 progênes do IAC Maya p 2 (originárias do IAC Maya p 1 x IAC Maya 9), em quatro locais com uma repetição..... 75
- Tabela 10. Análise da variância do experimento de 76/77, em blocos ao acaso, referentes a 168 progênes de meios irmãos do IAC Maya 13, em 4 locais com uma repetição..... 76
- Tabela 11. Médias do número de plantas por 10 m² da população IAC Maya e da respectiva testemunha, número de repetições por experimento e médias de produção de grãos em kg/ha da testemunha..... 77
- Tabela 12. Comparação das produtividades dos diferentes ciclos de seleção da Variedade IAC Maya com o híbrido IAC Hmd 6999 B (produção corrigida) 78

- Tabela 13. Comparação do índice de espiga (número de espiga por planta) dos diferentes ciclos da população de milho IAC Maya com as médias e ao ciclo inicial tomado como 100, das testemunhas Hd 8467 e Hmd 6999 B..... 79
- Tabela 14. Estimativas do coeficiente de variação genética, da variância genética entre progênies de meios irmãos obtidas das análises em látice e dos respectivos erros..... 80
- Tabela 15. Estimativas da variância genética aditiva e dos valores de herdabilidades, entre médias de famílias de meios irmãos e ao nível de planta, para produção de grãos..... 81
- Tabela 16. Diferencial de seleção entre famílias de meios irmãos (ds), em kg/planta e porcentagem em relação à média da população, e respectivos valores standardizados (K_1)..... 82
- Tabela 17. Estimativas do progresso genético esperado em gramas por planta e em porcentagem da média, devido a seleção entre progênies de meios irmãos..... 83
- Tabela 18. Estimativas do progresso genético esperado devido a seleção entre famílias de meios irmãos, obtidos utilizando-se do diferencial de seleção (ds) e da constante K_1 84
- Tabela 19. Estimativas do progresso genético esperado em gramas por planta e em porcentagem da média, devido a seleção dentro de famílias ($\Delta g_e \times c$) 85
- Tabela 20. Estimativas do progresso genético esperado devido a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos 86

LISTA DE FIGURAS

	"Página"
Figura 1. (A, B, C, D, E, F, G, H, I, J, L, M, N, O,P) Distribuição das frequências das produções (em porcentagem do Hmd 6999 B) das famílias de meios irmãos avaliadas e selecionadas nas populações do IAC Maya	94
Figura 2 A. Regressão da produtividade de milho em relação ao ciclo original (=100), em função dos 10 ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos do IAC Maya	95
Figura 2 B. Regressão da produtividade de milho em relação ao ciclo original (=100), em função dos 13 ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos do IAC Maya	96
Figura 3. Regressão do índice de espiga em relação aos ciclos original e 4 (=100), em função dos ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos do IAC Maya	97
Figura 4. Variabilidade genética para produção de grãos entre as progênes de meios irmãos, re- ferentes aos ciclos do IAC Maya, expressa em $\hat{\sigma}_{m_i}^2$ e correspondente coeficiente de variação genética em relação a média da população	98
Figura 5. Variabilidade genética para o índice espiga entre as famílias de meios irmãos dos ciclos referentes ao milho IAC Maya, expressa em $\hat{\sigma}_{m_i}^2$ e correspondente coeficiente de variação genética em relação a média da população	99

"CURRICULUM VITAE"

Eduardo Sawazaki, nascido aos 30 de agosto de 1949, em Morro Agudo, Estado de São Paulo. Obteve o título de engenheiro agrônomo, pela Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária "Campus" de Jaboticabal - UNESP, em julho de 1973. Neste mesmo ano, em agosto, ingressou na Seção de Milho e Cereais Diversos do Instituto Agronômico, trabalhando inicialmente com práticas culturais para cultura de sorgo granífero e milho. Publicou diversos trabalhos científicos, sendo que os mais recentes e os principais se encontram em Bragantia. Atualmente concentra suas atividades com melhoramento, práticas culturais e adubação do milho.

1. RESUMO

O método de seleção entre e dentro das famílias de meios irmãos, sem uso de semente remanescente, foi empregado na variedade sintética IAC Maya durante 13 ciclos. Inicialmente 196 famílias de meios irmãos foram avaliadas em quatro localidades em ensaios de delineamento látice 7 x 7. Em um dos locais foi ainda plantado um lote isolado contendo fileiras femininas, correspondentes aos tratamentos dos ensaios, e fileiras masculinas compostas de uma mistura de igual quantidade de sementes de todas as progênes. Como testemunha foi utilizado um híbrido duplo, colocado sistematicamente nas laterais dos sub-blocos do látice. A seleção entre famílias foi baseada na produção média dos quatro locais. Dentro das melhores famílias, no lote isolado, foram selecionadas as melhores plantas.

A partir do sexto ciclo de seleção, diminuiu-se o número de famílias para 169 e a testemunha passou a ser colocada ao acaso dentro de cada sub-bloco do látice 13 x 13. No

nono e décimo ciclo, o número de famílias foi diminuído respectivamente para 105 e 86. No décimo primeiro ciclo o número de famílias foi restabelecido para 169 pela introdução de famílias do IAC Maya cruzadas com as linhagens ETO 344, Pm 423 e Col.2(22), contendo dois retrocruzamentos para o IAC Maya.

Das análises em látice e em blocos casualizados dos dados de produção de grãos, estimaram-se os parâmetros genéticos desejados, para um melhor conhecimento da população sob seleção. O índice de espiga foi igualmente estudado visando estimar o efeito da seleção e da introgressão das linhagens prolíficas neste caráter.

A seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos mostrou-se eficiente no melhoramento da produtividade. Nos treze ciclos de seleção foi obtido um progresso médio de 2,84% por ciclo e um melhoramento total de 36,92%.

A introgressão das linhagens no IAC Maya 11, aumentou a variabilidade genética da população e tornou a seleção mais efetiva. O índice de espiga da população foi pouco afetado pela seleção e introgressão das linhagens.

A variabilidade genética observada no IAC Maya 13, dá evidência de que a seleção continuará sendo efetiva por muitas gerações.

2. INTRODUÇÃO

A espécie *Zea mays* L., originária do continente americano, é, dentre as espécies cultivadas, a que provavelmente atingiu o maior grau de domesticação, e ainda apresenta a maior variabilidade natural, com cerca de 250 raças já descritas, conforme relatam PATERNIANI e GOODMAN (1977).

O tipo de planta do milho, que permite a colheita individual das espigas, favorece a seleção das melhores espigas, e desde a sua domesticação é aceito o fato de que a seleção massal deve ter sido aplicada pelos povos primitivos e indígenas, que obtiveram em milhares de anos de cultivo um grande progresso no melhoramento dessa cultura.

O melhoramento conduzido no milho desde o seu descobrimento pelos povos civilizados, deve-se em grande parte aos trabalhos realizados nos Estados Unidos da América do Norte, principalmente com o desenvolvimento de novos métodos de melhoramento, os quais passaram por diferentes etapas, caracterizadas pelo estágio dos conhecimentos na época

ca. Em ordem cronológica do seu surgimento podemos citar: seleção massal; hibridação varietal; seleção espiga por fileira; milho híbrido; seleção recorrente: fenotípica, para capacidade geral de combinação, para capacidade específica de combinação e recíproca; seleção massal estratificada e seleção espiga por fileira modificada denominada também de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. Os métodos de seleção massal, hibridação varietal e seleção espiga por fileira foram empregados no final do século 19 e no início do século 20, sem, entretanto, resultar em progressos substanciais (RICHEY, 1922; SPRAGUE, 1977). O método do milho híbrido sugerido por SHULL (1909, *apud* ALLARD, 1971) utilizando a técnica do cruzamento duplo desenvolvida por JONES (1918), proporcionou um progresso substancial no melhoramento do milho.

A produção comercial do híbrido duplo iniciada em 1921, teve sua expansão na década de 30 e 40, chegando em 1944, a mais de 80% da área cultivada com milho nos Estados Unidos. O aumento da produtividade devido o emprego de sementes híbridas, foi estimado na época em mais de 20% (ALLARD, 1971).

No Brasil, os trabalhos com milho híbrido iniciados em 1932 no Instituto Agrônomo do Estado de São Paulo, permitiram a produção comercial das primeiras sementes híbridas em 1942 (ANDRADE SOBRINHO, 1952). Entre os progressos obtidos no melhoramento do milho com a utilização do milho híbrido, podemos citar a obtenção dos híbridos duplos H.3531 (1946)

22% mais produtivo que a variedade Cateto, H.4624 (1953), 43% mais produtivo que a variedade Armour (CONAGIN e JUNQUEIRA, 1966), H.6999 (1956), 97% mais produtivo que a variedade Armour (ANDRADE SOBRINHO e VIÉGAS, 1960), H.6999 B (1958), 9% superior ao H.6999 e o H.7974 (1966), 12% superior ao H.6999 (MIRANDA, 1966).

Depois dos primeiros grandes progressos do milho híbrido, gradualmente foi tornando-se evidente que novos avanços eram muito pequenos e obtidos à custa de grandes esforços (PATERNIANI, 1968).

Os esquemas de melhoramento populacional designados como seleção recorrente, oferecem a possibilidade de minimizar as dificuldades decorrentes da baixa frequência de genes favoráveis nas populações empregadas na obtenção das linhagens. O processo de seleção e recombinação dos genótipos selecionados permite uma progressiva concentração de genes desejáveis (PATERNIANI, 1965) e maior oportunidade de combinar alelos favoráveis nas populações melhoradas.

A indicação da existência de apreciável quantidade de variância genética aditiva nas variedades de polinização livre de milho, repetidamente confirmada em estudos de genética quantitativa (ROBINSON *et alii*, 1955; LINDSEY *et alii*, 1962), levam a considerar que tais variedades podem ser eficientemente melhoradas por métodos simples de seleção, como seleção massal e seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. O insucesso destes métodos, no passado, foi devido

provavelmente à deficiência da técnica empregada, visto que, um aperfeiçoamento da técnica experimental na seleção massal, conhecida como seleção massal estratificada, tem-se mostrado promissora para aumento da produtividade (GARDNER, 1961; LONNQUIST, 1967; ZINSLY, 1968; AYALA, 1971). Inovações sugeridas por LONNQUIST (1964) na metodologia da seleção espiga por fileira, também mostraram resultados positivos, conforme dados obtidos por PATERNIANI. (1967) e WEBEL e LONNQUIST (1967).

A utilização comercial de variedades sintéticas, sugerida por HAYES e GARBER (1919, *apud* ALLARD, 1971), não chegou a ser um fator importante na produção do milho, devido ao sucesso do milho híbrido. Entretanto, combinando-se linhagens elites testadas quanto à capacidade de combinação, têm-se obtido variedades sintéticas de alta produtividade, as quais podem inclusive ser melhoradas por seleção (ALLARD, 1971). Os sintéticos podem ser utilizados diretamente pelos agricultores, a um custo menor, e apresentam maiores possibilidades de fornecerem linhagens superiores.

A obtenção da variedade sintética IAC Maya por MIRANDA, (1966) e seu contínuo melhoramento por seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, visou ao aproveitamento de linhagens elites obtidas no programa de milho híbrido, e a obtenção contínua de sementes melhoradas para fornecimento aos agricultores e para obtenção do híbrido intervarietal IAC Phoenix (IAC Maya x IAC-1).

O presente estudo, utilizando-se os dados obtidos em treze ciclos de seleção na variedade sintética IAC Maya visou atender os seguintes objetivos:

- a) obter informações sobre a eficiência do método de seleção entre e dentro das famílias de meios irmãos para o melhoramento contínuo da produtividade do milho;
- b) estimar a magnitude da variabilidade genética da população nos diversos ciclos de seleção, através das estimativas de parâmetros genéticos;
- c) estimar os progressos esperados pela seleção entre famílias e seleção massal dentro de famílias;
- d) obter informações sobre o melhoramento da população devido a introdução de germoplasma das linhagens Col 2(22), ETO 344 e Pm 423.

3. REVISÃO DE LITERATURA

A seleção espiga por fileira foi introduzida por HOPKINS em 1896 na Estação Experimental de Illinois em experimentos visando modificar o conteúdo de óleo e proteína dos grãos de milho. De uma forma simples, o método envolve a seleção de um certo número de espigas e subsequente avaliação num teste de progênie. As espigas para o próximo ciclo são escolhidas dentro das melhores progênies. Os primeiros resultados publicados por HOPKINS (1899 *apud* SPRAGUE, 1977) mostraram grande eficiência do método em modificar o teor de óleo e proteína dos grãos de milho. O método teve, assim, imediata e geral aceitação pelos melhoristas de milho.

SMITH (1909, *apud* JUGENHEIMER, 1976) relata os efeitos da seleção espiga por fileira na altura da inserção da espiga. Após seis gerações o material selecionado para maior altura estava com 145,5 cm, enquanto que os tipos selecionados para menor altura estavam com 58,7 cm. RICHEY (1922) relaciona vários trabalhos com emprego da seleção espiga por

fileira no melhoramento da produtividade de milho. De modo geral, o método mostrou ser ineficiente, embora muitas modificações do esquema básico fossem sugeridas e experimentadas. Algumas delas foram: uso de repetições das fileiras em diferentes partes do campo; uso de testemunhas uniformes distribuídas sistematicamente; comparação apenas das fileiras existentes na mesma quarta parte do campo; e comparação das produções individuais através de uma testemunha padrão plantada na mesma cova. Essas modificações tinham por objetivo reduzir o erro experimental, para se obterem comparações mais precisas entre as progênies.

SMITH e BRUNSON (1925, *apud* JUGENHEIMER, 1976) compararam cinco ciclos de seleção espiga por fileira, para alta e baixa produção, com a população original mantida por seleção massal. Em dez anos de avaliação, obtiveram que a população melhorada para alta produção foi equivalente à população original conduzida por seleção massal, enquanto que para baixa produção, a seleção mostrou ser mais efetiva.

Em variedades não melhoradas, JENKINS (1936) salienta que em geral ocorreu um aumento da produção nos primeiros ciclos de seleção, mas esses efeitos não eram cumulativos e constantes, e eram anulados nas gerações seguintes devido a uma endogamia pronunciada. SPRAGUE (1977) relata que a ineficiência da seleção espiga por fileira foi devida principalmente ao uso de parcelas simples para avaliação das progênies e aos efeitos da depressão causada pela endogamia.

Um exemplo clássico da eficiência da seleção espiga por fileira são os resultados obtidos com várias gerações de seleção conduzidas na variedade Burr White para alto e baixo teor de óleo e de proteína. Em dez anos de melhoramento, SMITH (1908; *apud* DUDLEY, 1974) obteve na seleção para alto teor um aumento de 10,92% para 14,26% no teor de proteína e de 4,70% para 7,37% no teor de óleo. Na seleção para baixo teor, a redução foi de 10,26% para 8,64% no teor de proteína e de 4,70% para 2,66% no teor de óleo. Dados da continuidade deste trabalho por mais quarenta anos são relatados por WOODWORTH *et alii* (1952), sendo que a seleção espiga por fileira foi aplicada durante as vinte e oito primeiras gerações. Foram obtidos ganhos pequenos e contínuos, e a variabilidade da população para os caracteres selecionados permaneceu alta.

O sucesso da seleção espiga por fileira em modificar o teor de óleo e de proteína nos grãos de milho, foi devido às seguintes razões, conforme aponta JUGENHEIMER (1976): medidas precisas das características avaliadas, seleção conduzida por muitas gerações, seleção cuidadosa foi feita todos os anos e endogamia controlada pelo uso de lote isolado e polinização manual. É importante acrescentar a alta herdabilidade dos caracteres.

A existência de alta porção de variância genética aditiva nas variedades de polinização livre de milho, comprovada nos trabalhos de ROBINSON *et alii* (1955), ofereceu mais subsídios para provar que as deficiências da

técnica experimental empregada na seleção espiga por fileira, foi a principal causa de sua ineficiência no melhoramento da produtividade. LONNQUIST (1964), em consequência, sugeriu algumas modificações do método de seleção espiga por fileira que consistem, sobretudo, no emprego de delineamentos experimentais adequados, certo controle da polinização e uma adequada amostragem de sementes. O método com as modificações denominou-se "método de seleção espiga por fileira modificado". Basicamente o método consiste na avaliação das progênes de milho em ensaios de produção, plantando-se três repetições, sendo uma em cada localidade. A seleção entre progênes é baseada no comportamento médio nas três localidades, e a escolha das melhores plantas dentro das melhores progênes é feita visualmente em uma das localidades. Através da utilização da média de três locais na seleção das melhores progênes, diminuem-se os efeitos das interações genótipos por locais. Entretanto, como se faz um ciclo por ano, as interações genótipos por anos, ficam confundidas com os efeitos dos genótipos.

De modo geral, LONNQUIST propôs a utilização de 190 espigas para avaliação, mais a variedade original e diversos híbridos duplos como testemunhas, a serem incluídos todos os anos para permitir uma base constante de medida do progresso de seleção. Uma das repetições é plantada em local isolado de outras culturas de milho, tendo intercaladas a cada quatro linhas outras duas provenientes de sementes de todas as espigas misturadas em igual quantidade. Essas fileiras funcionarão

como masculinas e as outras, despendoadas na época oportuna, como femininas. Antes da colheita, as cinco melhores plantas de cada progênie em estudo são marcadas. Com os dados obtidos nas três repetições, escolhem-se as 20% melhores progênies e as espigas já previamente selecionadas dessas famílias constituirão as espigas para a próxima geração.

As modificações propostas tiveram aceitação geral, tendo inúmeros países iniciado programas de melhoramento do milho com base nesse esquema.

PATERNIANI (1967) apresenta os primeiros resultados obtidos com o emprego desse método, com ligeiras modificações, inclusive do próprio nome, que chamou de "seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos". As modificações introduzidas consistiram em acrescentar uma quarta repetição, plantada um mês mais tarde que as demais, tendo além das progênies de meios irmãos dos ensaios, uma fileira de plantas polinizadoras oriundas da mistura de sementes de todas as famílias, intercalada a cada três fileiras. As linhas polinizadoras são plantadas em duas épocas, uma junto com as demais e outra uma semana mais tarde, visando fornecer uma melhor amostragem de pólen. A avaliação das famílias é feita com os dados das três primeiras repetições e na quarta repetição é feita a seleção massal dentro das melhores famílias. Utilizando esse método na população Dente Paulista, obtida pela combinação de 45 amostras coletadas entre agricultores do Estado de São Paulo, foi obtido em três ciclos de seleção um progresso médio de 13,6% por ciclo, mostrando uma grande eficiência do método.

No melhoramento de uma variedade adaptada ao Corn Belt, o método também mostrou ser eficiente. Um progresso médio observado de 9,44% por ciclo, em 4 ciclos de seleção conduzidos na variedade Hays Golden, foi obtido por WEBEL e LONNQUIST (1967). O método mostrou ser inclusive mais eficiente que a seleção massal estratificada para prolificidade conduzida nesta mesma variedade por LONNQUIST (1967).

PATERNIANI (1969) obteve em 4 ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, na variedade Piramex, um progresso médio observado de 3,8% por ciclo. O método mostrou também ser eficiente para aumento da capacidade de combinação nos cruzamentos envolvendo populações melhoradas.

Estudos realizados por SILVA (1969) com a aplicação do método no melhoramento da população Cateto Colombia Composto, indicam possibilidades de progresso efetivo. Para melhor eficiência do método, o autor sugere a condução de uma repetição por local, avaliação das famílias com base nas suas produções expressas em porcentagem das testemunhas e não inclusão das testemunhas como tratamento normal, mas, como controles intercalares nos blocos incompletos.

O método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos foi promissor no melhoramento das populações Cateto, Dente Paulista, Caingang (ZINSLY, 1969), e Dentado Composto (QUEIROZ, 1969). Em seis ciclos de seleção conduzidos na população Centralmex, SEGOVIA, (1976) mostra que o método foi eficiente até o ciclo 3, com um progresso médio de 3,30% por

ciclo; do ciclo IV ao VI, não foi detectada mudança na população devido principalmente à interação genótipo x ano.

POMMER (1976), utilizando o método em questão, com algumas inovações, obteve em quatro ciclos de seleção, um ganho médio observado de 7,04% por ciclo na produtividade da variedade IAC Mayá opaco-2, e de 7,09% por ciclo na variedade IAC-1 opaco-2. Além disso, o método mostrou ser eficiente para elevar o índice de espiga das populações. As modificações consistiram no uso de quatro ensaios, com uma repetição por local, e com um controle intercalar constante em todos os sub-blocos, além da quinta repetição em lote isolado para despendoamento. Utilizando esse mesmo esquema MIRANDA *et alii* (1977) obtiveram em oito ciclos de seleção na variedade IAC-1 um progresso médio observado de 1,9% por ciclo. Com a introdução de germoplasma das linhagens Col.2(22), ETO 344, e Pm 423, na população, o progresso genético passou a 3,3% por ciclo, durante a seleção do ciclo 9 ao 11 (MIRANDA *et alii* 1978).

COMPTON e BAHADUR (1977), dando continuidade aos trabalhos iniciados por WEBEL e LONNQUIST (1967) com a aplicação do método no melhoramento da variedade Hays Golden, obtiveram em dez ciclos de seleção um ganho médio de 5,26% por ciclo. Nos últimos ciclos os ganhos foram menores, mostrando uma certa estagnação do progresso.

O uso de semente remanescente para recombinação das melhores progênies, permite diminuição dos serviços de mão-de-obra, além de permitir uma seleção massal mais eficien-

te. LIMA (1977), empregando este esquema no melhoramento da população ESALQ V.D.2, obteve um progresso genético médio de 8,15% e 10,8%, respectivamente no primeiro e segundo ciclos de seleção. O progresso com a seleção entre famílias foi mais de duas vezes superior ao progresso com a seleção dentro de famílias.

Segundo estudo feito por RAMALHO (1977) a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos com semente remanescente (1 ciclo por ano) proporciona ganhos anuais maiores do que com uso de semente remanescente (1 ciclo cada 2 anos). Esta vantagem é tanto maior quanto maior for a intensidade de seleção entre famílias e maior for a magnitude da variância aditiva.

4. MATERIAL E MÉTODO

4.1. Material

Utilizou-se a variedade sintética IAC, Maya, de grãos dentados e amarelos, que foi sintetizada na Seção de Milho e Cereais Diversos do Instituto Agronômico do Estado de São Paulo. Segundo MIRANDA (1972) o IAC Maya foi obtido pela combinação das seguintes linhagens:

- a) 14 linhagens originárias de Asteca que são um composto de Coleções de San Luis Potosi;
- b) Ip 701-1, linhagem obtida por autofecundação da variedade Tuxpan, originária do Texas e que foi selecionada do cruzamento de Tuxpenho branco com Creole Yellow Flint, sendo mais precoce, mais baixa e de endosperma amarelo;
- c) Tx 303, linhagem comercial tardia do Texas, foi obtida da variedade Yellow Surecropper;
- d) PD(MS) 6, linhagem de grãos dentados, obtida da variedade Pozo Dulce (Mass selection);

- e) Llera III branca;
- f) Vera Cruz 226 e 227, variedades de Tuxpenho branco, típicas, muito tardias, altas e de espigas grandes.

Estes materiais foram combinados por cruzamentos manuais em cadeia, planta a planta, seguindo-se uma geração de polinização livre em campo isolado. Desde então, essa população vem sendo selecionada pelo método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos.

Num trabalho paralelo ao da seleção, o IAC Maya 7 foi cruzado com três linhagens prolíficas. Duas eram de material duro e branco da Colômbia, identificadas como ETO 344 e Col.2(22), às quais havia sido transferida a cor amarela por cinco retrocruzamentos. A outra, identificada como Pm 423, foi isolada de Asteca. A seguir o material obtido foi retrocruzado com o IAC Maya 7, obtendo-se assim um total de 64 famílias, sendo 40 originárias do cruzamento com ETO 344, 18 com a Pm 423 e 6 com a Col.2(22). Essas famílias foram avaliadas junto com 105 progênes do IAC Maya 9 nos ensaios de avaliação, e também incluídas no lote isolado de despendoamento somente como femininas, recebendo assim o segundo retrocruzamento. Deste material foram selecionadas 83 progênes, tendo a seguinte proporção quanto a origem: 65 de ETO 344, 12 da Pm 423 e 6 da Col.2(22). No ano seguinte elas foram incluídas nos ensaios de avaliação e no lote isolado de despendoamento nas fileiras masculinas e femininas, junto com 86 famílias do IAC Maya 10.

4.2. Métodos

4.2.1. Metodologia utilizada para a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos

O método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos para o melhoramento da população IAC Maya foi inicialmente conduzido da seguinte maneira:

Após uma geração de polinização livre escolheram-se 196 espigas de plantas com boas características agrônômicas, sendo cada uma delas debulhada e as sementes mantidas separadas. As progênies destas espigas (progênies de meios irmãos) são plantadas em 4 ensaios de avaliação usando-se o delineamento látice quádruplo 7 x 7 com uma repetição em cada um dos seguintes locais do Estado de São Paulo: Fazenda de Produção Ataliba Leonel, em Manduri; Estações Experimentais do Instituto Agronômico em Campinas, Pindorama e Ribeirão Preto. Cada parcela é constituída de uma fileira de 10 metros, na qual são semeadas 3 grãos a cada 40 cm. Entre 20 a 30 dias após o plantio é feito um desbaste deixando-se duas plantas por cova. O espaçamento mantido entre as fileiras é de um metro.

Até o ciclo 3, utilizou-se como testemunha o híbrido duplo IAC Hd 8467, e a partir do quarto ciclo, o híbrido duplo IAC Hmd 6999 B. A partir do sexto ciclo de seleção, o número de famílias foi reduzido a 169, e o delineamento experimental passou a ser o látice quádruplo 13 x 13, com uma re-

petição nas localidades já citadas. No lãtice 7 x 7, a testemunha foi colocada nas laterais de cada sub-bloco, e no de 13 x 13 ela foi intercalada dentro de cada sub-bloco.

Em Campinas é plantado ainda um lote isolado de despendoamento, constituído de todas as famílias utilizadas nos ensaios, sendo que, a cada 4 fileiras, intercala-se o plantio de uma fileira cujas sementes são constituídas da mistura de amostra representativa de cada família incluída no ensaio. Na época oportuna, as fileiras das famílias são despendoadas, funcionando como femininas, e as linhas com mistura de sementes servirão como polinizadoras.

Nos ensaios são feitas as seguintes anotações: número inicial e final de plantas por parcela, número de plantas acamadas, número de plantas quebradas, número de espigas atacadas por moléstias, número total de espigas e peso de espigas.

Após a colheita dos ensaios, o peso de espigas total de cada uma das famílias nos quatro locais, é transformado em porcentagem em relação ao peso de espigas total da testemunha nos sub-blocos correspondentes. As famílias com as maiores porcentagens são selecionadas. Esta parte corresponde à seleção entre famílias de meios irmãos.

Com base nas informações dos ensaios, 40 a 50 das melhores famílias são colhidas no lote isolado de despendoamento. As espigas de cada família são colhidas e colocadas em sacos de pano com numeração correspondente. As espigas de plan-

tas prolíficas são acondicionadas juntas em um saco de papel. No laboratório é feita uma seleção visual dentro de cada família, eliminando-se espigas atacadas por moléstias e pragas, fora do tipo padrão da variedade, bem como aquelas com número insuficiente de sementes para prosseguimento do trabalho. São selecionadas primeiramente as espigas de plantas prolíficas e depois as espigas maiores entre as restantes. Inicialmente foram selecionadas de 8 a 9 espigas dentro das famílias e posteriormente se passou a selecionar de 4 a 6 espigas. Esta parte corresponde à seleção massal dentro de famílias de meios irmãos, onde 196 espigas são selecionadas, servindo para plantio do próximo ciclo de seleção.

Na tabela 1, são apresentados o número de famílias selecionadas em cada ciclo e o número médio de plantas selecionado dentro de cada família.

4.2.2. Análise estatística

Em vista de que as 4 repetições são distribuídas por 4 ambientes diferentes, as interações genótipo x ambiente não podem ser estimadas e ficam confundidas com o resíduo. O modelo matemático representativo deste método de seleção pode ser expresso como segue (LONNQUIST, 1964):

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

Onde:

- μ = média da população;
 G_i = valor genotípico do genótipo i ;
 L_j = efeito do local j ;
 Y_k = efeito do ano k ;
 GL_{ij} = efeito da interação do genótipo i com o local j ;
 GY_{ik} = efeito da interação do genótipo i com o ano k ;
 LY_{jk} = efeito da interação do local j com o ano k ;
 GLY_{ijk} = efeito da interação do genótipo i com o local j
 e o ano k ;
 e_{ijk} = efeito não determinável de variáveis ao acaso
 que ocorrem durante um ciclo de plantio.

O número de plantas por parcela foi transformado em \sqrt{x} e analisado como blocos casualizados. O índice de espigas também foi analisado como blocos casualizados. Para o peso de grãos por parcela, obtido multiplicando-se o peso de espiga pelo rendimento médio de grãos nos ensaios, fez-se primeiramente a análise em blocos casualizados e depois em lâttice simples, de acordo com as indicações de COCHRAN e COX (1957), com exceção dos ciclos 9, 10 e 13, que foram analisados somente como blocos casualizados.

A análise combinada dos experimentos em lâttice 7 x 7 foi feita obtendo-se o somatório das somas de quadrados para tratamentos e para resíduo intrabloco combinado e dividindo-se pelos respectivos somatórios dos graus de liberdade. Estes cálculos conduziram aos quadrados médios ponderados para família de meios irmãos e resíduo intrabloco.

4.2.3. Estimativas de parâmetros genéticos

Os parâmetros genéticos foram estimados levando em conta os componentes de variância ao nível de parcela e ao nível de indivíduos. As análises em lâttice quádruplo, feitas com totais de parcelas e as esperanças matemáticas dos quadrados médios ao nível de parcela e indivíduo, seguiram conforme o esquema utilizado por CRISOSTOMO (1978).

Fonte de variação	Gl	Qm	Esperanças dos quadrados médios	
			Ao nível de parcelas	Ao nível de plantas
Progênes ajustadas	k^2-1	Q1	$\sigma_e^2 + r\sigma_p^2$	$n\sigma_d^2 + n^2\sigma_e^2 + n^2r\sigma_p^2$
Erro intrabloco	$(k-1)(rk-k-1)$	Q2	σ_e^2	$n\sigma_d^2 + n^2\sigma_e^2$

Onde:

- r = número de repetições (= número de locais);
- k = número de blocos;
- Q1 = quadrado médio de progênie ajustada;
- Q2 = quadrado médio do erro intrabloco;
- σ_e^2 = variância ambiental entre parcelas ao nível de totais;
- σ_p^2 = variância genética entre progênes de meios irmãos ao nível de totais de parcela;
- n = número de plantas por parcela (=stand final);
- σ_d^2 = variância fenotípica dentro de progênes, ao nível de plantas;

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

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

A variância entre progênes de meios irmãos foi estimada como segue:

$$\sigma_p^2 = \frac{Q2 - Q1}{r}$$

A variância genética aditiva (σ_A^2) foi considerada a partir da variância de progênie, conforme adaptação de COMSTOCK e ROBINSON (1948).

$$\sigma_A^2 = 4 \sigma_p^2 = \frac{4 \sigma_p^2}{n^2} = \frac{4(Q2 - Q1)}{rn^2}$$

Dispondo-se apenas dos totais de parcelas, não foi possível separar a variância entre plantas dentro de parcela (σ_d^2) da variância entre parcela (σ_e^2). Em casos semelhantes, GARDNER (1961), WEBEL e LONNQUIST (1967), SILVA (1969) e muitos pesquisadores, têm usado a relação

$$t = \frac{\sigma_d^2}{\sigma_e^2} = 10$$

Nos ensaios de populações conduzidos no Departamento de Genética da ESALQ, segundo MIRANDA FILHO (1977), a relação

$t = \frac{\sigma_d^2}{\sigma_e^2}$ tem apresentado valores entre 5 a 10. Assim, consi-

derou-se que a estimativa de σ_d^2 , deve estar próximo dos valores obtidos com $t = 10$. As estimativas foram obtidas conforme a expressão (PATERNIANI, 1968)

$$\sigma_d^2 = \frac{10 Q1}{10 n + n^2}$$

O coeficiente de variação genética foi estimado conforme a expressão:

$$C. V. \text{ genética} = \frac{\sigma^2}{\bar{X}_{pop.}} \times 100$$

onde $\bar{X}_{pop.}$ = média da população.

A herdabilidade ao nível de médias de famílias de meios irmãos (h_{mi}^2) foi calculada como segue:

$$h_{mi}^2 = \frac{\sigma_p^2}{Q1} = \frac{1/4 \sigma_A^2}{\sigma_p^2 + \frac{\sigma_e^2}{r} + \frac{\sigma_d^2}{nr}}$$

A herdabilidade entre plantas foi calculada como sendo o quociente entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica dentro de progênies, ao nível de plantas.

$$h_1^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_d^2}$$

O erro das estimativas de variância entre progênies de meios irmãos foi calculado de acordo com as indicações de VELLO e VENCovsky (1974).

$$s(\sigma_{mi}^2) = \sqrt{\frac{2}{r^2} \left(\frac{Q1^2}{g_1 + 2} + \frac{Q2^2}{g_2 + 2} \right)}$$

g_1 = graus de liberdade de progênies

g_2 = graus de liberdade do resíduo

4.2.4. Estimativas dos progressos genéticos obtidos

Na seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos, sem uso de semente remanescente (1 ciclo por ano), o progresso genético esperado pode ser estimado de acordo com o modelo proposto por ROBINSON e COCHERHAM (1965), e mais recentemente adaptada por VENCOVSKY (1969). Desta maneira a contribuição da seleção praticada entre famílias e a contribuição da seleção massal dentro das famílias, podem ser avaliadas como segue:

$$\Delta g = \frac{K_1 (1/8) \sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_p^2 + \sigma_e^2/r + \sigma_d^2/n.r}} + \frac{K_2 (3/8) \sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_d^2}}$$

K_1 = constante que depende da intensidade de seleção entre famílias

K_2 = constante que depende da intensidade de seleção dentro de famílias

Os valores de K_1 foram tirados de tabela para $N > 50$ (tabelas I e II), e os valores de K_2 foram tirados de tabelas para $N < 50$ (tabela XX) (FISHER e YATES, 1938).

Na seleção entre famílias de meios irmãos, a consideração de alguns aspectos, como: genealogia, acamamento, quebramento e resistência a doenças, tem levado a uma seleção não truncada. Neste caso, VENCOVSKY (1975), recomenda a utilização do diferencial de seleção para cálculo da estimativa do

progresso entre famílias. Desta forma avaliou-se a contribuição da seleção entre famílias como segue:

$$\Delta g_e = \frac{ds (1/8) \sigma_A^2}{\sigma_p^2 + \sigma_e^2/r + \sigma_d^2/nr}$$

$$ds = \frac{\bar{X}_s - \bar{X}_p}{n}$$

\bar{X}_s = média da amostra selecionada

\bar{X}_p = média da população

n = número de plantas (stand final)

O uso da constante K_2 no cálculo da estimativa do progresso esperado devido a seleção dentro, superestima o seu valor, uma vez que as plantas mais produtivas nem sempre são selecionadas. Na impossibilidade do uso do diferencial de seleção, usou-se a relação $c = \frac{\Delta g_e (ds)}{\Delta g_e (K_1)}$, a qual multiplicada por Δg_d (progresso esperado devido à seleção dentro) originou as estimativas do progresso genético esperado devido a seleção massal (LIMA, 1977).

A média do "stand" da testemunha foi quase sempre inferior ao da população, e para melhor comparação da produção da população com a da testemunha, estimou-se a produção da testemunha para uma produção equivalente ao "stand" da população, utilizando-se da fórmula de ZUBER, (1942), como segue:

$$p.c.c. = p.c. \frac{H - 03 F}{H - F}$$

onde;

p.c.c. = peso corrigido

p.c. = peso observado

H = média do "stand" da população

F = "stand" população - "stand" testemunha

Para se ter uma avaliação do progresso real observado, é preciso ter uma testemunha constante em todos os ciclos. Na maior parte dos ciclos de seleção foi utilizado a testemunha Hmd 6999 B, e nos casos onde foi incluído o Hd 8467, fez-se um ajuste para uma produção equivalente ao Hmd 6999 B. Essa correção foi baseada em dados de ensaios de competição de híbridos realizados em vários locais nos anos agrícolas 63/64 e 64/65, pela Seção de Milho e Cereais Diversos do Instituto Agrônômico.

Para estimativa do progresso genético observado, fez-se análise de regressão, utilizando as produções médias de cada ciclo em porcentagem da testemunha, expressas em relação ao ciclo original igual a 100. Assim, o coeficiente de regressão e a equação da reta, foram obtidos como segue (STEEL e TORRIE, 1960).

$$b = \frac{\sum X Y}{\sum X^2} \quad e \quad Y = a + b X$$

onde:

b = coeficiente de regressão;

X = ciclos de seleção;

Y = produção média de cada ciclo, em porcentagem da testemunha, expressa em relação ao original igual a 100;

a = interseção da linha de regressão com a ordenada.

O erro da estimativa do coeficiente de regressão (s_b) foi calculado como segue:

$$s_b = \frac{\frac{\sum (Y - \bar{Y})^2}{n-2}}{\sum X^2}$$

\bar{Y} = estimativa de produção obtida pela equação de regressão;

n = número de dados de Y.

O valor de t foi obtido fazendo

$$b/s_b.$$

5. RESULTADOS OBTIDOS

5.1. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho IAC Maya

O número de plantas por parcela (stand) obtido na época da colheita, foi transformado em \sqrt{x} e analisado como blocos casualizados em todos os experimentos. Os tratamentos tiveram efeitos significativos ao nível de 5% pelo teste F, com exceção dos experimentos 69/70, 70/71 e 74/75, onde não houve significância. Os valores do coeficiente de variação desses experimentos variaram de 1,31% (exp. 67/68) a 7,64% (exp. 68/69).

A análise da variância do "stand" fornece informações adicionais para orientação na correção dos dados de produção em função do "stand". Geralmente a correção é recomendada quando o teste F para tratamentos não é significativo (SILVA, 1969). Nos casos de significância, não se recomenda a correção, pois as variações entre os tratamentos quanto ao

"stand", podem ser devidas a fatores ambientais e genéticos. Para facilidade na análise estatística, e devido ao reduzido número de experimentos com teste F para tratamentos não significativo, resolveu-se utilizar dos dados originais de produção de grãos em todas as análises estatísticas.

As análises da variância dos experimentos referentes a produção de grãos em $\text{kg}/10 \text{ m}^2$, das populações do IAC Maya, desde o original até o ciclo 13, com exceção do ciclo 2, são apresentadas nas tabelas 2 a 10. As análises individuais e combinadas dos experimentos em látice quádruplo 7×7 , são apresentadas nas tabelas 2 a 6. O coeficiente de variação, nas análises individuais, variou de 12,24% (exp. IV-67/68, tabela 5) a 18,9% (exp. I-68/69, tabela 6) e nas análises combinadas a variação foi de 14,57% (exp. 67/68), a 16,68% (exp. 68/69). A eficiência da análise em látice em relação a de blocos casualizados, nas análises individuais, variou de 92,58% (exp. III-64/65, tabela 3) a 146,39% (exp. IV-63/64, tabela 2), e nas análises combinadas, a variação foi de 101,92% (exp. 66/67, tabela 4) a 125,45% (exp. 67/68).

As análises dos experimentos em látice quádruplo 13×13 , são apresentadas na tabela 7. Os valores do coeficiente de variação desses experimentos variaram de 11,95% (exp. 69/70) a 21,48% (exp. 70/71). A eficiência do látice em relação a análise em blocos casualizados, variou de 108,23% (exp. 75/76) a 133,27% (exp. 70/71).

Os experimentos 72/73, 73/74 e 76/77, embora

fossem plantados em delineamento lâtigo 13 x 13, foram analisados como blocos casualizados, devido a inclusão de famílias de IAC Maya cruzada com as linhagens prolíficas ETO 344, Pm 423 e Col.2(22) nos experimentos 72/73 e 73/74, e pela perda de uma família no experimento 76/77. Os resultados de suas análises são apresentados nas tabelas 8, 9 e 10. Os coeficientes de variação desses experimentos foram respectivamente de 14,88%, 18,58% e 20,61%.

Nas tabelas 8 e 9 são ainda apresentados os resultados das análises em blocos casualizados das famílias do IAC Maya 7 cruzadas com as 3 linhagens, respectivamente denominadas do IAC Maya p 1 e IAC Maya p 2. O coeficiente de variação destes experimentos foi respectivamente de 14,14% e 17,67%.

Em geral, os valores do coeficiente de variação dos ensaios foram satisfatórios para estes tipos de experimentos. As análises em lâtigo, na maioria dos casos mostraram boa eficiência em relação a análise em blocos casualizados.

O teste F para tratamentos, nas análises em blocos casualizados, foi significativo ao nível de 5% em quase todos os experimentos, com exceção dos experimentos III-67/68 (tabela 5), 73/74 (tabela 9) e 74/75 (tabela 7). Nas análises em lâtigo, o teste F para tratamentos ajustados foi significativo a 5% em todos os experimentos, sendo a maioria também significativo a 1%. A média do peso de grãos por parcela dos experimentos, situou-se entre 3,45 kg (exp. 76/77, tabela 10) a

6,212 kg (exp. 69/70, tabela 7). As baixas produções verificadas nos experimentos 70/71 e 76/77, foram devidos principalmente a ocorrência de condições climáticas desfavoráveis para a cultura. Em 1976, o plantio tardio dos ensaios (meados de dezembro) prejudicou sensivelmente a produção do híbrido utilizado como testemunha.

Os "stands" dos experimentos variaram de 38,95 (exp. IV-63/64, tabela 2) a 46,71 (exp. 69/70, tabela 7) plantas por 10 m², em um máximo inicial de 50 plantas. Para a testemunha, a variação foi de 26,54 (exp. I-68/69, tabela 6) a 45,58 (exp. 74/75, tabela 7) plantas por parcela. De modo geral, os "stands" da testemunha foram ligeiramente inferiores aos das respectivas populações, com exceção dos experimentos I a IV de 63/64 que foram pouco superiores, e dos experimentos de I a IV de 68/69 que foram em média 29% inferiores.

Para evitar que a produção relativa da população em relação à testemunha ficasse superestimada, corrigiu-se a produção da testemunha em função do "stand" da população. Os dados médios do "stand" da população e da testemunha, bem como as médias originais e corrigidas pela fórmula de ZUBER (1942), referentes a produção de grãos da testemunha, encontram-se na tabela 11. O número de repetições do híbrido, incluído na tabela, mostra a sua representatividade como testemunha no experimento.

Para avaliação do efeito da seleção durante vários ciclos, é necessário que se tenha uma testemunha constan-

te em todos os ciclos. Uma vez que se utilizou-se o híbrido Hd 8467 nos quatro primeiros ciclos e o Hmd 6999 B nos demais, foi necessário estimar a produção do Hmd 6999 B em função do Hd 8467. Baseado em dados originais de ensaios de avaliação de híbridos (não publicados), conduzidos pela Seção de Milho e Cereais Diversos do Instituto Agronômico do Estado de São Paulo, nos anos de 1963/64 e 1964/65, em vários locais, verificou-se que a produção do Hmd 6999 B foi equivalente a produção do Hd 8467.

A avaliação dos efeitos da seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos nos ciclos de seleção conduzidos no milho IAC Maya, pode ser apreciada na tabela 12 e nas figuras 1 (A, B, C, D, E, F, G, H, I, J, L, M, N, O, P) e 2 (A e B).

Na tabela 12, as produções médias de grãos da população e do Hmd 6999 B, dão uma idéia de como foi a produtividade nos diferentes anos. As variações entre anos refletem em grande parte as condições ambientais de cada ano. As produções das populações originadas do cruzamento do IAC Maya 7 com as linhagens ETO 344, Pm 423 e Col.2(22), denominadas de IAC Maya p 1 e IAC Maya p 2, contendo respectivamente um e dois retrocruzamento para o IAC Maya, são também incluídas na tabela 12. A produtividade destas populações foi superior à respectiva população de IAC Maya avaliada no mesmo experimento.

O efeito da seleção pode ser visualizado na produção relativa da população em relação a média do Hmd 6999 B.

A população original produziu o equivalente a 87,7% da produção do híbrido. Com cinco ciclos de seleção as produções foram equivalentes, e após treze ciclos de seleção a população foi 28,7% superior a produção do Hmd 6999 B. Na produção relativa em relação ao ciclo 0 tomado como 100, observa-se que o ganho total obtido com a seleção foi de 46,7% em relação ao ciclo original. Os ganhos não foram constantes. Observa-se que houve acréscimo da produção relativa nos três ciclos iniciais e nos ciclos 9, 10 e 13.

A amplitude das produções médias observadas entre as progênes de cada ciclo, apresentada na mesma tabela, permite visualizar o efeito da seleção nos níveis de produção das famílias. Nos ciclos conduzidos, verifica-se que a seleção proporcionou o aumento gradativo da produtividade de algumas famílias em relação ao híbrido. No ciclo 0, a melhor família foi 12,1% superior ao híbrido, no ciclo 12, foi de 47,4% superior, e no ciclo 13, foi 80,5% superior, o que pode ser considerado um valor superestimado, em vista das condições ambientais terem desfavorecido mais a produção do híbrido. No ciclo 9, verifica-se que, devido ao aumento da intensidade de seleção e da redução do número de famílias, foram eliminadas as famílias de níveis de produção mais baixo. A alta produtividade de algumas famílias do Maya p 1 e Maya p 2, observada na sua amplitude, salienta o valor das linhagens introduzidas para o melhoramento do IAC Maya.

Na figura 1 (A, B, C, D, E, F, G, H, I, L, N, O,

P) pode-se visualizar as distribuições de frequência das produções das progênes nos ciclos de seleção conduzidos. São também apresentadas as frequências, em linha pontilhada, das produções das famílias selecionadas em cada ciclo. Na figura 1 (J e M) são apresentadas as distribuições de frequência das produções das famílias de Maya p 1 e Maya p 2, bem como, as frequências em linha pontilhada, das produções de suas famílias selecionadas.

Utilizando as produções médias de cada ciclo expressas em relação ao original dado como 100, foi feita uma análise de regressão das produções em função dos ciclos de seleção. Até o ciclo 10, anterior à introdução das linhagens ETO 344, Pm 423 e Col.2(22), obteve-se um coeficiente de regressão de 2,58% de aumento por ciclo, significativo a 0,1% de probabilidade (fig. 2 A). Em dez ciclos, foi obtido um ganho total de 25,8%. Com os treze ciclos, obteve-se um coeficiente de regressão de 2,84% de aumento por ciclo, significativo a 0,1% de probabilidade (fig. 2 B). O que dá um ganho total de 36,92%. Subtraindo o ganho total obtido até o décimo ciclo, tem-se nos três últimos ciclos um ganho total de 11,12%, que representa um ganho médio de 3,37% por ciclo de seleção.

O índice de espiga foi analisado em blocos casualizados para todos os experimentos. Os valores do teste F para tratamentos foram significativos a 5% na maioria dos experimentos, com exceção dos experimentos 69/70, 72/73 e 76/77. Os coeficientes de variação destes experimentos variaram de

10,86% (exp. 69/70) a 18,32% (exp. 70/71), tendo o experimento 72/73 constituído uma exceção, o seu coeficiente de variação foi de 45,6%. As médias do índice de espiga da população e das respectivas testemunhas, bem como a média relativa da população em relação a média da testemunha, são apresentadas na tabela 13.

Observando a média relativa do índice de espiga da população em relação ao híbrido Hd 8467, observa-se um pequeno acréscimo na média dos ciclos 1 e 3 em relação ao ciclo 0. Com relação ao híbrido Hmd 6999 B, do ciclo 4 ao 10, ocorreu um pequeno aumento na média do índice de espiga da população. O ciclo 11, no qual foi introduzido germoplasma das linhagens ETO 344, Pm 423 e Col.2(22), teve a maior média relativa do índice de espiga, sendo 8,08% superior ao Hmd 6999 B.

A análise da regressão em função das médias relativas ao ciclo 0 tomado como 100 dos quatros primeiros ciclos de seleção, mostram um progresso genético médio de 0,95% por ciclo no índice de espigas (figura 3). Nos ciclos 4 ao 13, onde a testemunha foi o Hmd 6999 B, utilizou-se as médias de cada ciclo expressa em relação ao ciclo 4 tomado como 100 e obteve-se um coeficiente de regressão de 0,79% por ciclo.

5.2. Estimativas de parâmetros genéticos na população do IAC Maya

Nos experimentos com delineamento em látice quadrado 7 x 7, foram utilizados os quadrados médios de tra-

tamentos ajustados e os erros intrablocos obtidos das análises combinadas dos experimentos de cada ano, para obtenção das estimativas de parâmetros genéticos. Nos demais experimentos, em delineamento látice 13 x 13, as estimativas de parâmetros genéticos foram obtidas das análises em látice, com exceção dos experimentos 72/73, 73/74 e 76/77, que foram obtidas das análises em blocos casualizados.

A variabilidade genética entre famílias de meios irmãos dos ciclos de IAC Maya, pode ser avaliada na tabela 14, através das estimativas de variância de meios irmãos ($\hat{\sigma}_{mi}^2$) e do coeficiente de variação genética (C.V. gen.) obtido em relação a média da população.

O comportamento da variância de meios irmãos e do coeficiente de variação genética nos diversos ciclos de seleção podem também ser visualizados na figura 4. No ciclo 0, a $\hat{\sigma}_{mi}^2$ foi de 0,1498, aumentou para 0,2448 no ciclo 1, e caiu gradativamente até o ciclo 7, com um valor equivalente à metade do valor inicial. A variação do C.V. gen. nesse período, foi muito semelhante, só que seu valor inicial foi o mais alto, de 8,93%, chegando ao ciclo 6, com um valor de 5,62%. Em sequência, tanto os valores da $\hat{\sigma}_{mi}^2$ como do C.V. gen., aumentaram bruscamente, alcançando um nível equivalente ao maior valor inicial no ciclo 8, para depois alcançarem os valores mínimos de 3,00% para o C.V. gen. e de 0,0220 para $\hat{\sigma}_{mi}^2$ no ciclo 10. Os valores de ambos, novamente se elevaram, atingindo valores máximos de 14,8% e de 0,2601, no ciclo 13.

As estimativas do C.V. gen. e da σ_{mi}^2 com seus respectivos erros, para as populações de Maya p 1 e Maya p 2, são também incluídas na tabela 14. Em ambas, o C.V. gen. foi de 6,4%, e a $\hat{\sigma}_{mi}^2$ foi de 0,1331 no Maya p 1, diminuindo cerca de 22,0% no Maya p 2. Os erros destas estimativas foram elevados, sendo de 40,87% no Maya p 1 e de 48,04% no Maya p 2.

O erro das estimativas da σ_{mi}^2 , para a população foi relativamente alto, variando de 16,45% (ciclo 13) a 43,66% (ciclo 7). Com exceção, do ciclo 10, onde a estimativa do erro foi maior que o valor da σ_{mi}^2 .

A tabela 15 apresenta os valores das estimativas da variância genética aditiva (σ_A^2) e das herdabilidades entre médias de progênies de meios irmãos (h_{mi}^2) e entre plantas (h_p^2) dos ciclos do IAC Maya. A $\hat{\sigma}_A^2$ teve valor máximo no ciclo 1, e valores aproximados nos ciclos 8 e 13. Houve diminuição gradativa nos seus valores do ciclo 1 ao 7, e uma redução drástica do ciclo 8 ao 10 em 1/10 do valor. A herdabilidade entre progênies de meios irmãos foi relativamente alta na maioria dos ciclos, variando de 27,79% (ciclo 7) a 67,30% (ciclo 13), com exceção do ciclo 10 que teve o valor de 9,49%. A herdabilidade entre plantas, variou de 5,2% (ciclo 11) a 25,08% (ciclo 13), tendo também o ciclo 10 como exceção, com a valor de 1,29%.

As populações de Maya p 1 e Maya p 2, tiveram valores médios para $\hat{\sigma}_A^2$ e herdabilidades, sendo que no Maya p 2 houve uma ligeira diminuição em relação aos valores do Maya p 1.

O progresso genético esperado na seleção entre famílias foi obtido utilizando-se do diferencial de seleção (tabela 16). Os valores obtidos encontram-se na tabela 17. O ganho estimado expresso em porcentagem da média, foi de 4,16% no ciclo 0, de 4,39% no ciclo 1, e nos ciclos seguintes, diminuiu gradativamente até o valor de 1,54% no ciclo 6. Aumentou nos ciclos 7 e 8, atingindo neste último, o valor de 5,19%, caiu bruscamente nos ciclos seguintes, até um valor próximo de zero no ciclo 10. A partir daí, os ganhos foram aumentando, atingindo o valor máximo de 7,18% no ciclo 13. A porcentagem do progresso devido à seleção entre famílias em relação ao progresso total esperado, incluído na tabela, mostra que na maioria dos ciclos de seleção, houve maior contribuição da seleção entre famílias. A porcentagem variou de 41,72% (ciclo 12) a 63,50% (ciclo 1).

O progresso genético esperado devido a seleção massal dentro das famílias, obtido utilizando-se do diferencial de seleção estandardizado K_2 (tabela 1) e da variância dentro de progênies (σ_d^2) estimada pela relação $\sigma_e^2 = 10 \sigma_d^2$,

foi corrigida pela relação $c = \frac{\Delta g_e (ds)}{\Delta g_e (k_1)}$. Os valores de "c"

obtidos em cada ciclo, bem como as respectivas estimativas de $\Delta g_e (ds)$ e $\Delta g_e (k_1)$ se encontram na tabela 18. Os valores corrigidos do progresso genético esperado devido a seleção massal se encontram na tabela 19. Os ganhos esperados em gramas/planta variaram de 0,18 (ciclo 10) a 5,22 (ciclo 8). Os valores

expressos em porcentagem da média, situaram-se entre 2,74% a 2,09% nos cinco ciclos iniciais, caindo para 1,20% no sexto ciclo, aumentando até 4,27% no oitavo ciclo e diminuindo até 0,20% no décimo ciclo. Aumentou novamente nos ciclos seguintes, chegando a um valor máximo de 6,05% no décimo terceiro ciclo.

Na tabela 20, encontram-se os valores obtidos para o progresso genético total esperado devido à seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. O ganho em gramas/planta variou de 0,45 (ciclo 10) a 11,56 (ciclo 8), e a média nos treze ciclos foi de 6,28 gramas/planta. O progresso expresso em porcentagem da média, teve no ciclo 0, o valor de 6,75%. Diminuiu gradativamente até o sexto ciclo, atingindo o valor de 2,74%. Foi um pouco superior no sétimo ciclo e aumentou a 9,46% no ciclo 8, diminuiu no ciclo 9 e chegou próximo de zero no ciclo 10. Aumentou nos ciclos seguintes, chegando a 2,63% no ciclo 11 e a 13,23% no ciclo 13. O ganho médio esperado nos treze ciclos foi de 5,62% por ciclo, para um progresso obtido de 2,84% por ciclo (figura 2 B).

A variabilidade genética entre as famílias de meios irmãos dos ciclos do IAC Maya, quanto ao índice de espigas, pode ser visto na figura 5, através do comportamento da variância genética de meios irmãos e do coeficiente de variação genética obtidos em relação a média da população.

6. DISCUSSÃO

6.1. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho IAC Maya

Os ensaios de avaliação de progênies de meios irmãos do milho IAC Maya, quanto ao "stand", tiveram precisão satisfatória. Seus coeficientes de variação foram baixos, comparados com os valores obtidos por QUEIROZ (1969), que variaram de 11,5% a 16,0%. As médias dos "stands" das populações foram altas em todos os experimentos (acima de 80%), sendo superior ao "stand" da testemunha, com exceção dos experimentos de 63/64, que foram pouco inferiores.

Quanto a produção de grãos, os experimentos tiveram precisão satisfatória, considerando que a amplitude do coeficiente de variação foi de 11,95% a 21,48%. Uma maior precisão nos ensaios de avaliação de progênies é altamente desejável, uma vez que quanto mais precisamente forem avaliadas as progênies, melhor será a resposta e o progresso obtido pela seleção. Entretanto, no esquema de melhoramento utilizado, a

variabilidade genética dentro das progênies de meios irmãos e as interações genótipo x ambiente, contribuem para elevação do coeficiente de variação (PATERNIANI, 1968). As interações genótipo x local e genótipo x anos x local, não podem ser estimadas, devido a utilização de uma repetição por local, e ficam confundidas com o resíduo. Observando os coeficientes de variação dos experimentos nas tabelas 2 a 10, e as correspondentes distribuições de frequências das figuras 1 A a 1 P, notam-se que os ciclos 7 e 13 possuem os maiores valores do coeficiente de variação e as maiores variações na distribuição de frequência das famílias (fig. 1 G e 1 P). A baixa produção observada nestes ciclos (tabela 12) foi devida à ocorrência de condições climáticas desfavoráveis, as quais devem ter contribuído para maior interação genótipo x ambiente, e conseqüentemente maior coeficiente de variação. O menor coeficiente de variação, como era de se esperar, ocorreu no ciclo 6, que teve a maior produtividade e a menor variação da distribuição de frequência das famílias (fig. 1 F).

Com os sucessivos ciclos de seleção, PATERNIANI (1968) relata que é de se esperar uma redução da variabilidade genética dentro de progênies e também das interações genótipo x ambiente, e conseqüentemente, diminuição dos valores do coeficiente de variação, nos ciclos mais avançados de seleção.

Observando as tabelas 2 a 10, notam-se que os valores do coeficiente de variação se comportaram aleatoriamente nos ciclos de seleção, apresentando uma tendência de au-

mento. É possível, conforme relata PATERNIANI (1968) que os dois fatores considerados (variabilidade genética dentro de progênes e interações genótipo x ambiente) sejam relativamente pouco importantes em comparação com os demais fatores responsáveis pela variância residual.

A seleção para produtividade no milho IAC Maya resultou em modificações no sentido desejado. A regressão dos dez primeiros ciclos (fig. 2 A) indica um progresso genético médio de 2,58% por ciclo, o que corresponde um progresso total de 25,8%. Devido a introdução das linhagens ETO 344, Pm 423 e Col.2(22) no IAC Maya 11, na regressão dos treze ciclos (fig. 2 B), observa-se um aumento do progresso genético médio, que passou a 2,84% por ciclo. Caso não houvesse a introgressão das linhagens na população, em relação ao progresso genético médio, é provável que teríamos um comportamento similar ao progresso genético médio obtido na variedade Hays Golden, que em 10 ciclos foi de 5,6% por ciclo (COMPTON e BAHADUR, 1977) e em 12 ciclos foi de 4,6% por ciclo (GARDNER, 1976; *apud* PATERNIANI e MIRANDA FILHO, 1978). As produções médias relativas obtidas nos diferentes ciclos, apresentam desvios em relação a linha de regressão, o que também tem-se verificado em trabalhos similares. Os desvios observados em relação aos valores estimados pela regressão, são devidos sobretudo às interações com diferentes anos, podendo ser também afetado pela amostragem, conforme salienta PATERNIANI (1968). É que os genótipos são sempre selecionados com base no seu comportamento num determi-

nado ano, e como os anos nunca são iguais, pode ocorrer que as condições do ano seguinte não sejam favoráveis aos genótipos que foram mais favorecidos pelas condições ambientais do ano anterior.

Na tabela 12, as produções relativas dos três primeiros ciclos estão dentro de um valor esperado. É que a produção relativa dos três primeiros ciclos, foi obtida em relação ao Hd 8467, estimado como sendo de produção igual ao Hmd 6999 B, de acordo com as suas produções obtidas em ensaios. A população original e o IAC Maya 1, incluídas nestes ensaios, apresentaram uma produção relativa ao Hmd 6999 B, respectivamente de 84,6% e 96,0% (MIRANDA, 1966). As produções relativas ao Hd 8467, apresentadas na tabela 12, de 87,7% para população original e de 95,3% para o IAC Maya 1, equivalem às produções em relação ao Hmd 6999 B, confirmando o acerto da estimativa.

Observando a variação da amplitude das produções relativas das famílias nos diversos ciclos de seleção, nota-se que a seleção foi mais eficiente em proporcionar o aparecimento de genótipos mais produtivos do que em eliminar os genótipos de baixa produção. No melhoramento conduzido no milho Dentista Paulista (PATERNIANI, 1967), houve um efeito marcante da seleção na eliminação dos genótipos menos produtivos. A utilização de maior número de famílias para avaliação, maior intensidade de seleção e baixo nível de produção das famílias, devem ter sido os fatores que contribuíram para esse efeito positivo da seleção. No decorrer da seleção conduzida no milho Maya, no oitavo ciclo, aumentou-se a intensidade de seleção e

reduziu o número de famílias para o próximo ciclo. Como consequência, houve no nono ciclo um aumento razoável da produtividade, principalmente devido a eliminação das famílias de baixa produção. Em consequência, houve também uma redução drástica na variabilidade genética da população. Utilizando-se de maior número de progênes, superior a 300, por exemplo, conforme recomenda PATERNIANI (1968), poderia ser aplicada uma alta intensidade de seleção entre progênes, sem que a variabilidade da população fosse muito afetada.

A redução do número de famílias do Maya 9 e Maya 10, foi para que se pudessem avaliar nos mesmos ensaios as progênes originadas do cruzamento do Maya 7 com as linhagens ETO 344, Col.2(22) e Pm 423. A redução da variabilidade da população decorrente desse procedimento, seria compensada pela introdução na população de germoplasma das linhagens. A introgressão ocorreu no ciclo 11, e nos ciclos seguintes, houve aumento da variabilidade da população maior expressão do efeito da seleção no progresso genético médio, que aumentou de 2,58% para 3,37% por ciclo, e melhoria do aspecto do grão, que passou a ser mais duro. O fato do material introduzido contar com 2 retrocruzamentos, as características básicas do Maya não foram modificadas. A prolificidade das linhagens, foi um caráter que se procurou manter na população, entretanto, notou-se que apenas o Maya 11 teve uma melhoria no índice de espigas (tabela 13).

Na variedade IAC-1, a introdução das mesmas li-

nhagens prolíficas, num processo semelhante, teve como efeitos, o aumento do progresso genético, que de 1,9% passou a 3,3% por ciclo, e o aumento da prolificidade (MIRANDA *et alii*, 1977 e 1978).

Nas variedades IAC Maya o2 e IAC-1 o2, obtidas dos cruzamentos das respectivas variedades normais com linhagens originárias do "Corn Belt", portadoras do gene opaco-2, foram efetuadas a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos. Posteriormente, foram introduzidas no terceiro ciclo, as linhagens ETO 344, Col.2(22) e Pm 423, seguindo o mesmo procedimento. Em 4 ciclos de seleção, POMMER (1976) obteve para produtividade, um progresso médio de 7,04% por ciclo no IAC Maya o2 e de 7,09% por ciclo no IAC-1 opaco-2. Para o índice de espiga, foi obtido um progresso médio de 1,90% por ciclo no IAC Maya o2 e de 1,69% por ciclo no IAC-1 o2. O alto progresso obtido com a seleção nestas populações opaco-2, em comparação com as suas populações normais, se deve ao baixo nível de produção e maior variabilidade dessas populações.

Em trabalhos de melhoramento similares, conduzidos com outras populações, verifica-se que o progresso obtido com a seleção está intimamente relacionado com a variabilidade da população original. Em uma população de ampla base genética, denominada Dente Paulista, PATERNIANI (1967), obteve em 4 ciclos de seleção, um progresso médio de 13,6% por ciclo. Utilizando uma variedade mais uniforme, WEBEL e LONNQUIST (1967) obtiveram em 4 ciclos de seleção, um progresso médio de

9,4% por ciclo. Em um material de menor variabilidade, o milho Piramex, PATERNIANI (1968) obteve em quatro ciclos de seleção um progresso genético médio de 3,79% por ciclo.

O melhoramento obtido em dez ciclos de seleção no milho IAC Maya, equivalente a um progresso médio de 2,58% por ciclo, foi bem inferior ao de 5,26% por ciclo, obtido por COMPTON e BAHADUR (1977) na variedade Hays Golden, durante o mesmo tempo de seleção. Considerando o fato do milho IAC Maya ser uma variedade sintética de alta produtividade e uniformidade, o progresso obtido é bastante razoável.

6.2. Estimativa dos parâmetros genéticos

A obtenção das estimativas de variância genética de meios irmãos (σ_{mi}^2), do coeficiente de variação genética e da variância genética aditiva, foi feita nas populações dos diversos ciclos do IAC Maya, visando determinar os efeitos da seleção nestes parâmetros, que estimam a variabilidade genética da população. Segundo PATERNIANI (1968), o progresso genético obtido por qualquer método de seleção está em função da variabilidade genética presente no material, ou seja, mais precisamente da variância genética aditiva. Visando conhecer a proporção da variância genética aditiva em relação à variância fenotípica, determinou-se para as unidades de seleção utilizadas, famílias de meios irmãos e plantas individuais, os coeficientes de herdabilidade correspondentes.

Na tabela 14, analisando os valores obtidos da

variância de meios irmãos nos diversos ciclos, observou-se que do ciclo original ao ciclo 1, ocorreu um aumento significativo da $\hat{\sigma}_{mi}^2$. Nos trabalhos de melhoramento similares conduzidos em outras populações, o maior decréscimo da variabilidade genética tem ocorrido da população original para o ciclo 1 (PATERNIANI, 1967, 1968; WEBEL e LONNQUIST, 1967; e POMMER *et alii*, 1977). Com relação a variedade Centralmex, que teve um comportamento semelhante ao Maya, SEGOVIA (1976) atribuiu o fato como sendo devido a origem híbrida da população, cujo ciclo original corresponde à geração F2 e que expressou toda a sua potencialidade no ciclo 1. Esse fato é concordante com o que ocorreu no IAC Maya, que também é de origem híbrida e corresponde a geração F2 no ciclo original.

Observando as distribuições de frequência das famílias no ciclo original (fig. 1 A) e no ciclo 1 (fig. 1 B) tem-se a evidência que a variabilidade da população aumentou no ciclo 1, concordando com um provável aumento da variabilidade, como indica através do aumento da $\hat{\sigma}_{mi}^2$.

Nos demais ciclos, as variações ocorridas nos valores da $\hat{\sigma}_{mi}^2$, estão na maior parte situadas dentro dos limites da estimativa do erro ($\hat{\sigma}(\hat{\sigma}_{mi}^2)$), com exceção dos aumentos ocorridos nos ciclos 8, 11, 12 e 13, e das diminuições ocorridas nos ciclos 3, 7 e 10. Os aumentos significativos ocorridos nos ciclos 11, 12 e 13, deve-se à introgressão das linhagens ETO 344 Pm 423 e Col.2(22) no IAC Maya 11. Para o aumento ocorrido no ciclo 8, supõe-se que seja devido a libera-

ção de razoável quantidade de variabilidade potencial. MATHER (1943, *apud* ALLARD, 1971) define variabilidade potencial aquela que está oculta e que se liberta parcialmente nas gerações seguintes. Ela pode ser homozigótica, quando dois genes de efeitos cumulativos estiverem na forma aaBB ou AAbb ou heterozigótica. A ocorrência de "crossing over" favorece a transformação da variabilidade potencial em variabilidade livre, que se expressa na diferença fenotípica entre homozigotos. Maior variabilidade potencial é de se esperar em variedades sintéticas constituídas por linhagens de diferentes locais. PATERNIANI (1965) relata que nestes casos ocorrem formações de grupos ou blocos de genes distintos, devido ao efeito da seleção que atuou em cada material. A quebra de ligações genéticas entre os genes ou grupos de genes, contribue para liberação da variabilidade genética.

Com relação aos decréscimos ocorridos na $\hat{\sigma}_{mi}^2$, nos ciclos 3 e 10, há evidência que possa ser devido ao efeito da alta intensidade de seleção aplicado nos ciclos anteriores. No ciclo 7, a redução observada, aparentemente não se relaciona a nenhum fato, é mais provável que o valor da estimativa esteja incorreto, pois observando seu respectivo coeficiente da variação genética e distribuição de frequência (fig. 1 G), nota-se que o IAC Maya 7 apresenta maior variabilidade que o IAC Maya 6.

Ainda na tabela 14, os valores dos coeficientes de variação genética, acompanham em parte as oscilações da $\hat{\sigma}_{mi}^2$. A variabilidade da população expressa pela distri-

buição de frequência das famílias é concordante com as modificações que ocorreram no C.V. gen. O valor de 8,93% obtido no IAC Maya original, é bem inferior aos 15,3% obtido no Dente Paulista original (PATERNIANI, 1967) e aos 15,6% obtidos no IAC-1 o2 original (POMMER *et alii*, 1977), é inferior aos 11,27% obtido no milho Hays Golden original (WEBEL e LONNQUIST, 1967) e pouco inferior ao 10,52% obtidos no Piramex original (PATERNIANI, 1968).

O comportamento da variância genética aditiva (tabela 15) foi semelhante a $\hat{\sigma}_{mi}^2$, exceto em relação ao ciclo 13 em que a $\hat{\sigma}_A^2$ não expressou um valor máximo, discordando dos valores da $\hat{\sigma}_{mi}^2$, do C.V. gen e da distribuição de frequência que expressaram maior variabilidade da população no ciclo 13. O valor máximo da $\hat{\sigma}_A^2$ de 5,393 ($\times 10^{-4}$), observada no Maya 1, em relação a valores obtidos por outros pesquisadores, é pouco inferior ao 7,576 ($\times 10^{-4}$) obtido no Piramex original (PATERNIANI, 1968), equivalente a do IAC-1 original (MIRANDA *et alii* 1977), 4 vezes inferior ao valor encontrado no IAC-1 o2 original (POMMER *et alii*, 1977) e duas vezes superior a do Centralmex 1 (PATERNIANI, 1968).

Ainda na mesma tabela, os valores do coeficiente de herdabilidade entre médias de famílias de meios irmãos, foram razoáveis, oscilando entre 27,79% (ciclo 7) a 67,30% (ciclo 13), com exceção do ciclo 10 que foi de 9,49%. A herdabilidade ao nível de planta, foi baixa na maioria dos ciclos, com exceção do ciclo 13, que teve um valor razoável de

25,08%. O valor médio de 11,22%, compara-se aos valores obtidos no IAC-1 (MIRANDA *et alii*, 1977), é pouco inferior à média de 12,8% obtido no milho Piramex (PATERNIANI, 1968) e bem inferior aos valores obtidos no IAC-1 o2 (POMMER *et alii*, 1977) que variaram de 21,0% a 41,0%.

As estimativas do progresso genético esperado, obtidas no IAC Maya conforme indicações de VENCOSKY (1969, 1975) e LIMA (1977), foram em média, 5,35% nos dez primeiros ciclos, 6,55% nos últimos três ciclos e de 5,62% nos treze ciclos conduzidos. Os respectivos progressos observados foram de 2,58%, 3,37% e 2,84% por ciclos de seleção.

Nos trabalhos similares encontrados em literatura, verifica-se que na maioria dos casos, existe concordância entre os valores do progresso obtido pela equação de regressão e o progresso esperado. Como exemplos, tem-se os resultados relatados por WEBEL e LONNQUIST (1967), que obtiveram no milho Hays Golden, um progresso genético esperado de 8,39% e um progresso observado de 9,44%; por SEGOVIA (1976), que obteve no milho Centralmex um progresso esperado de 3,25% e um progresso observado de 3,30% e por COMPTON e BAHADUR (1977), que obtiveram um progresso esperado de 4,87% e um progresso observado de 5,26%.

Resultado semelhante ao encontrado no IAC Maya, foi obtido por PATERNIANI (1968) no milho Piramex, que para um progresso esperado de 5,81% por ciclo, obteve um progresso de 3,79% pela regressão.

Valores do progresso esperado, superestimados em relação ao progresso obtido, foram relatados por MIRANDA *et alii* (1977, 1978), que obtiveram no milho IAC-1, um progresso esperado de 8,8% e um progresso observado de 1,9%, nos oito primeiros ciclos de seleção, e de um progresso esperado de 7,2% versus um progresso observado de 3,30%, nos ciclos 9 e 10. Entre as possíveis causas, que possam contribuir para maior discordância entre os valores do progresso esperado com o progresso observado, podemos apontar o uso do diferencial de seleção estandardizado (constante K) no cálculo do progresso esperado, principalmente nos casos de seleção não truncada, e a baixa eficiência da seleção massal dentro das famílias. No presente trabalho, verificamos que o uso da constante K_1 no cálculo do progresso esperado devido a seleção entre famílias de meios irmãos, aumentou em média 17% (tabela 18) o progresso esperado. Variações na eficiência da seleção massal são de se esperar que ocorram nos diferentes trabalhos, considerando que a metodologia empregada, bem como o próprio melhorista influem na eficiência da seleção.

A seleção massal conduzida nas populações da Seção de Milho e Cereais Diversos do Instituto Agrônomo, tem sido prejudicada pelo atraso da colheita dos ensaios, que normalmente vem ocorrendo. De posse dos dados dos ensaios, são selecionadas no campo de despendoamento de 40 a 50 melhores famílias, e nessas famílias é feita a seleção massal. A maior permanência das plantas no campo, tem aumentado o número de

plantas quebradas, acamadas e de espigas atacadas por pragas de grãos. Com isso, muitas plantas de boas características agronômicas deixam de ser selecionadas pelo fato de não estarem de pé ou apresentarem os grãos atacados por gorgulhos (*Sitophilus zeamais* Motschulsky, 1855 e *Sitophilus oryzae* Linné, 1763. Além desses fatores, a baixa herdabilidade para produção de grãos, dificulta a seleção dos melhores genótipos, e contribui para a baixa eficiência da seleção massal.

Considerando apenas o progresso esperado devido a seleção entre famílias no IAC Maya, teremos um progresso esperado de 3,15% nos dez primeiros ciclos, de 3,38% nos últimos três ciclos e de 3,20% nos treze ciclos. Esses resultados são concordantes com o progresso obtido, o que sugere que a contribuição da seleção massal dentro das progênes deve ter sido insignificante.

Para o próximo ciclo de seleção, foi estimado um progresso esperado de 13,23% sendo que a seleção entre famílias contribui com 54,31%. Considerando os progressos obtidos anteriormente, espera-se na prática um progresso real entre 6 a 7% no IAC Maya 14.

7. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos no presente trabalho permitem chegar as seguintes conclusões.

1 - A seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos foi eficiente para aumentar a produtividade da variedade sintética IAC Maya. Nos treze ciclos de seleção conduzidos, foi obtido um progresso total de 36,92%.

2 - Como consequência da seleção efetuada, ocorreu nos sete primeiros ciclos de seleção, uma queda gradativa da variabilidade genética da população, que foi recuperada totalmente no oitavo ciclo pela liberação de variabilidade potencial ou latente.

3 - O aumento da intensidade de seleção aliado a diminuição do número de famílias, teve como consequência um ganho substancial na produtividade e uma redução drástica da variabilidade genética da população.

4 - A introdução de germoplasma das linhagens ETO 344, Pm 423 e Col.2(22) no IAC Maya 11, teve como conse-

quência: aumento da variabilidade genética da população, maior eficiência da seleção e modificação no aspecto do grão do milho, que tornou-se mais duro.

5 - Com o decréscimo da variabilidade genética, o progresso genético foi proporcionalmente afetado.

6 - As linhagens ETO 344, Pm 423 e Col.2(22) mostraram alta capacidade de combinação com a população IAC Maya.

7 - Nos dez primeiros ciclos de seleção, obteve-se um progresso genético médio de 2,58% por ciclo, enquanto que o progresso genético esperado foi estimado como sendo de 5,35% por ciclo de seleção.

8 - Após a introdução das linhagens no IAC Maya 11, obteve-se um progresso genético observado de 3,37% por ciclo, enquanto que o progresso genético esperado foi de 6,55% por ciclo. Considerando os treze ciclos, o progresso genético médio foi de 2,84% por ciclo e o progresso genético esperado foi de 5,62% por ciclo.

9 - Em relação ao progresso genético total esperado, estimou-se que a contribuição média da seleção entre famílias foi de 57,48%.

10 - Estima-se para o próximo ciclo um progresso genético esperado de 13,23%, com a seleção entre famílias contribuindo com 54,31%.

11 - Além do melhoramento da produtividade foi obtido um progresso genético médio de 0,94% por ciclo no indi-

ce de espiga, durante os quatro primeiros ciclos de seleção. Nos ciclos 4 ao 13, foi obtido um progresso de 0,78% por ciclo.

12 - Devido a alta variabilidade da população IAC Maya 13, espera-se que a resposta da produtividade à seleção continue por mais gerações.

8. SUMMARY

Thirteen cycles of selection among and within half-sib families without the use of the remnant seed, were carried out in the synthetic variety IAC Maya. Initially 196 half-sib families were tested in four locations in the State of São Paulo in a 7 x 7 lattice design. An isolated detasseling plot was grown in one locality, where the female rows corresponded to the experiment treatments and the male rows constituted a balanced seed mixture of all tested ears. As control, a double cross hybrid was systematically seeded in each border of the lattice's sub-block. The selection among families was based upon the mean yield of the four locations. Within the selected families the best plants were chosen in the detasseling plot.

In the 6th cycle the number of families was reduced to 169 and the control was thereafter randomly seeded in each sub-block of the lattice 13 x 13. In the 9th and 10th cycle the number of families was reduced to 105 and 86,

respectively. The introgression of lines of ETO 344, Pm 423 and Col.2(22), backcrossed twice to IAC Maya increased again the number of families to 169 in the 11th cycle.

Grain yield data was analysed as lattice and randomized blocks to estimate the genetic parameters. The ear index was treated similarly to study the effect of the introgression of prolific lines in the population.

The selection among and within half-sib families was efficient in increasing grain yield. It was obtained a total genetic progress of 36,92% giving an average value of 2,84% per cycle. The introgression of prolific lines increased the population variability, the selection efficiency and increased slightly the ear index. The high genetic variability in IAC Maya 13 suggest that selection will continue to be effective for many generation.

9. LITERATURA CITADA

- ALLARD, R.W. 1971. *Princípios do melhoramento genético das plantas*. São Paulo, Editora Edgard Blucher Ltda. 381 p.
- ANDRADE SOBRINHO, J. de, 1952. Produção de sementes híbridas de milho no Estado de São Paulo. *Bragantia*, Campinas, 12: 267-276.
- ANDRADE SOBRINHO, J. de e G.P. VIÉGAS, 1960. *Milho híbrido em São Paulo*. Campinas, Instituto Agrônômico, Boletim nº 117.
- AYALA OSUNA, J. 1971. Seleção massal estratificada para produção em duas populações de milho (*Zea mays* L.). Jaboticabal, UNESP. 97 p. (Tese de doutoramento)
- COCHRAN, W.G. e G.M. COX. 1957. *Experimental Designs*. 2a.ed. New York, John Wiley e Sons, Inc. 611 p.
- COMPTON, W.A. e K. BAHADUR. 1977. Ten cycles of progress from modified ear-to-row selection in corn. *Crop Science*, Madison, 17:378-380.

- COMSTOCK, R.E. e H.F. ROBINSON. 1948. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometric*, 4:254-266.
- CONAGIN, A. e A.A.B. JUNQUEIRA. 1966. O milho no Brasil. In: Instituto Brasileiro de Potassa. ed. *Cultura e Adubação do Milho*. São Paulo, Editora Maria Ltda. 541 p.
- CRISOSTOMO, J.R. 1978. Estimacão de parâmetros genéticos visando seleçãõ em dois compostos de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP. 71 p. (Tese de mestrado)
- FISHER, R.A. e F. YATES. 1938. *Statistical tables for biological, agricultural and medical research*. Londres, ed. Oliver and Boyd. 89 p.
- GARDNER, C.O. 1961. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. *Crop Science*, Madison, 1:241-245.
- GARDNER, C.O. 1976. Quantitative genetic studies and population improvement in maize and sorghum. *Proc. International Conference on Quant. Genetics*. Ames, Iowa p.475-489. (original não consultado, apud PATERNIANI, E. e J.B. MIRANDA FILHO, 1978. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E. ed. *Melhoramento e produçãõ de milho no Brasil*. Piracicaba, ed. Marprint. p.202-256).
- HAYES, H.K. e R.J. GARBER. 1919. Synthetic production of high protein corn in relation to breeding. *Jour. Amer.*

- Soc. Agron. 11:309-319. (original não consultado; apud ALLARD, R.W., 1971. *Princípios do melhoramento genético das plantas*. São Paulo, ed. Edgard Blucher Ltda. 381 p.).
- HOPKINS, C.G. 1899. Improvement in the chemical composition of the corn kernel. *Ill. Agric. Exp. Sta. Bull.* 55:205-240. (original não consultado; apud SPRAGUE, G.F. (ed.) 1977. *Corn and corn improvement*. 2a ed., Madison, editora Amer. Soc. of Agron. Inc. 774 p. (Agronomy 18)
- JENKINS, M.T. 1936. Corn improvement. In: U.S. Dept. Agr. ed. *Yearbook of Agriculture 1936*. Washington, ed. U.S. Dept. Agriculture. p. 455-522.
- JONES, D.F. 1918. The effects of inbreeding and cross breeding upon development. *Conn. Agr. Expt. Sta. Bul.* 207:5-100.
- JUGENHEIMER, R.W. 1976. *Corn improvement, seed production, and uses*. New York, ed. John Wiley e Sons. 670 p.
- LIMA, M. 1977. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos na população de milho (*Zea mays* L.). ESALQ VD 2. Piracicaba, ESALQ/USP. 71 p. (Tese de mestrado)
- LINDSEY, M.F.; J.H. LONNQUIST e C.O. GARDNER. 1962. Estimates of genetic variance in open-pollinated varieties of corn belt corn. *Crop Science*, Madison, 2:105-108.
- LONNQUIST, J.H. 1964. Modification of the ear-to-row procedure for the improvement of maize populations. *Crop Science*, Madison, 4:227-228.

- LONNQUIST, J.H. 1967. Mass selection for prolificacy in maize. *Der Zuchter*, New York, 37:185-188.
- MATHER, K. 1943. Polygenic inheritance and natural selection. *Bio. Rev.* 18:32-64. (Original não consultado: *apud* ALLARD, R.W. 1971. *Princípio do melhoramento genético das plantas*, São Paulo. Ed. Edgard. Blucher Ltda. 381 p.).
- MIRANDA FILHO, J.B. 1977. Avaliação de famílias de meios irmãos na população ESALQ. PB-1. *Rel. Cient. Inst. Gen. Piracicaba*, 11:90-94.
- MIRANDA, L.T. de. 1966. Híbridos e variedades. In: Instituto Brasileiro de Potassa, ed. *Cultura e Adubação do Milho*. São Paulo, ed. Maria Ltda. 541 p.
- MIRANDA, L.T. de. 1972. A característica "latência" do milho (*Zea mays* L.) e suas possibilidades no melhoramento. Piracicaba, ESALQ/USP. 93 p. (Tese de doutoramento)
- MIRANDA, L.T. de; L.C.E. MIRANDA; C.V. POMMER e E. SAWAZAKI. 1977. Oito ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho IAC-1. *BRAGANTIA*, Campinas, 36:187-196.
- MIRANDA, L.T. de; L.E.C. MIRANDA; C.V. POMMER e E. SAWAZAKI. 1978. Melhoramento genético do cultivar de milho IAC-1. *Bragantia*, Campinas, 37:63-70.
- PATERNIANI, E. 1965. Seleção recorrente para capacidade geral de combinação em milhos da América Central. *Ciência e Cultura*, São Paulo, 17:555-559.

- PATERNIANI, E. 1967. Selection among and within half-sib families in brasilian population of maize (*Zea mays*, L.). *Crop Science*, Madison, 7:212-216.
- PATERNIANI, E. 1968. Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no melhoramento do milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ"USP, 92 p. (Tese de Professor Catedrático da Cadeira nº 19)
- PATERNIANI, E. e M.M. GOODMAN. 1977. *Races of maize in Brazil and adjacent areas*. México, ed. Las Americas. 95 p.
- POMMER, C.V. 1976. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos para produção e qualidade proteica em duas populações de milho (*Zea mays* L.) opaco-2. Campinas, UNICAMP. 111 p. (Tese de doutorado)
- POMMER, C.V.; L.T. de MIRANDA; L.E.C. de MIRANDA e E.SAWAZAKI. 1977. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho IAC-1 opaco 2. *Bragantia*, Campinas, 36:197-205.
- QUEIROZ, M.A. 1969. Correlações genéticas e fenotípicas em progênies de meios irmãos de milho (*Zea mays* L.) e suas implicações no melhoramento. Piracicaba, ESALQ/USP. 71 p. (Tese de mestrado)
- RAMALHO, M.A.P. 1977. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endogamas. Piracicaba, ESALQ/USP. 122 p. (Tese de doutoramento)

- RICHEY, F.D. 1922. The experimental basis for the present status of corn breeding. *Jou. Amer. Soc. Agron.*, Madison, 14:1-17.
- ROBINSON, R.F.; R.E. COMSTOCK e P.H. HARVEY, 1955. Genetic variances in open-pollinated varieties of corn. *Genetic*, New York, 40:45-60.
- ROBINSON, H.F. e C.G. COCKERHAM. 1965. Estimación y significado de los parámetros genéticos. *Fitotecnia Latino-americana*, 2:23-38.
- SEGOVIA, R.T. 1976. Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) Centralmex. Piracicaba, ESALQ/USP. 98 p. (Tese de doutorado)
- SHULL, G.H. 1909. A pure line method of corn breeding. *Amer. Breed. Assoc. Rept.*: 5:51-59. (Original não consultado; apud ALLARD, R.W. 1971. *Princípios do melhoramento genético das plantas*. São Paulo, ed. Edgard Blucher Ltda. 381 p.).
- SILVA, J. 1969. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho Cateto Colombia Composto. Piracicaba, ESALQ/USP. 69 p. (Tese de mestrado)
- SMITH, L.H. 1908. Ten generations of corn breeding. *Ill. Agr. Sta. Bul* 128. (Original não consultado; apud DUDLEY, J. W. ed. 1974. *Seventy generations of selection for oil and protein in maize*. Madson, ed. Crop. Sci. Soc. of America, Inc. 212 p.).
- SMITH, L.H. 1909. The effect of selection upon certain

- physical characters in the corn plant. *Ill. Agr. Exp. Sta. Bull.* 132. (Original não consultado; apud JUGENHEIMER, R.W. 1976. *Corn improvement, seed production and uses*. New York, ed. John Wiley e Sons. 670 p.).
- SMITH, L.H. e A.M. BRUNSON, 1925. An experiment in selection corn for yield by the method of ear-row breeding plot. *Ill. Agr. Exp. Sta. Bull.* 271. (Original não consultado; apud JUGENHEIMER, R.W. 1976. *Corn improvement, seed production and uses*. New York, ed. John Wiley e Sons. 670 p.).
- SPRAGUE, G.F. 1977. *Corn and corn improvement*. 2a. ed. Madison. *Amer. Soc of Agron. Inc.* 774 p. (Agronomy 18)
- STEEL, R.D. e J.H. TORRIE. 1960. *Principles and procedures of statistics*. New York, ed. Mac Graw-Hill Book Company, Inc. 481 p.
- VELLO, N. e R. VENCOVSKY. 1974. Variância associada às estimativas de variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade. *Rel. Cient. Inst. Genética*, Piracicaba, 8:238-248.
- VENCOVSKY, R. 1969. Genética quantitativa. In: KERR, W. E. org. *Melhoramento e genética*. Melhoramentos ed. Universal, São Paulo. p. 17-37.
- VENCOVSKY, R. 1975. Progresso esperado na seleção recíproca baseada em famílias de meios irmãos e plantas prolíficas. *Ref. Cient. Inst. Genética*, Piracicaba, 9:192-196.
- WEBEL, O.D. e J.H. LONNQUIST. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L.), *Crop Science*, 7:651-655.

- WOODWORTH, C.M.; E.R. LENG e R.W. JUGENHEIMER. 1952. Fifty generations of selection for protein and oil corn. *Agronomy Journal*, Madison, 44:60-65.
- ZINSLY, J.R. 1968. Estudo sobre a seleção massal em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP. 60 p. (Tese de mestrado)
- ZINSLY, J.R. 1969. Estudo comparativo entre a seleção massal e seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP. 52 p. (Tese de doutorado)
- ZUBER, M.S. 1942. Relative efficiency of incomplete block designs using corn uniformity trial data. *J. Am. Soc. Agron.* 34:30-47.

APÊNDICE

Tabela 1. Número de famílias avaliadas e selecionadas, juntamente com o número de plantas selecionadas e respectivas proporções, bem como os valores do diferencial de seleção estandardizado dentro de famílias (k_2), para os ciclos de seleção conduzidos no milho IAC Maya.

Ciclos	N.º de famílias total selecionadas			N.º de plantas selecionadas		k_2
	N	N'	N'/N	N''	N''/40	
			%		%	
0	196	22	10,7	9,33	23,3	1,28
1	196	20	10,2	9,80	24,5	1,25
2	196	23	11,7	8,52	21,3	1,33
3	196	23	11,7	8,52	21,3	1,33
4	196	34	17,3	5,60	14,0	1,54
5	196	30	15,3	6,53	16,3	1,47
6	169	31	18,3	5,45	13,6	1,56
7	169	32	18,9	5,28	13,2	1,57
8	169	27	16,0	3,90	9,8	1,70
9	105	18	16,0	4,78	12,0	1,61
Maya p1	64	17	27,0	4,88	12,2	1,60
10	86	19	22,1	4,16	10,4	1,67
Maya p2	83	21	25,3	4,28	10,7	1,66
11 (p)	169	47	27,8	3,59	9,0	1,74
12 (p)	169	68	40,2	2,48	6,2	1,88
13 (p)	168 ^{a/}	25	14,8	6,76	16,9	1,45

p = Maya com introdução das linhagens ITO 344, Pm 423 e Col. 2(22), com o número de retrocruzamento em seqüência.

^{a/} = Perda de uma progênie nos ensaios.

Tabela 2. Análise da variância dos 4 experimentos de 63/64, em látice quádruplo 7 x 7, referentes a 49 progênes de meios irmãos do IAC Maya original, em 4 locais com uma repetição; e análise da variância combinada dos experimentos. Produção de grãos de milho em kg/10 m², 1963/64.

Causas de variação	GL	Exp. I				Exp. II				Exp. III				Exp. IV				Análise combinada			
		QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM	ΣGL	ΣQM
Tratamentos (não aj.)	48	1,0460**	1,0952**	0,9199**	0,9121**	1,0121**	1,0121**	1,0121**	1,0121**	1,0121**	1,0121**	1,0121**	1,0121**	1,0121**	1,0121**	1,0121**	1,0121**	1,0121**	1,0121**	192	1,0183**
Blocos dentro de rep. (aj.)	24	1,2578	0,5503	1,3481	1,6970	1,6970	1,6970	1,6970	1,6970	1,6970	1,6970	1,6970	1,6970	1,6970	1,6970	1,6970	1,6970	1,6970	1,6970	96	1,2133
Resíduo intra bloco	120	0,3871	0,4482	0,4884	0,3427	0,3427	0,3427	0,3427	0,3427	0,3427	0,3427	0,3427	0,3427	0,3427	0,3427	0,3427	0,3427	0,3427	0,3427	480	0,4166
Tratamentos (aj.)	48	0,8600**	1,0811**	0,8424*	1,2800**	1,2800**	1,2800**	1,2800**	1,2800**	1,2800**	1,2800**	1,2800**	1,2800**	1,2800**	1,2800**	1,2800**	1,2800**	1,2800**	1,2800**	192	1,0159**
Média das progênes		4,270	4,423	4,332	4,302	4,302	4,302	4,302	4,302	4,302	4,302	4,302	4,302	4,302	4,302	4,302	4,302	4,302	4,302		4,331
"Stand" médio		41,81	41,03	40,92	38,95	38,95	38,95	38,95	38,95	38,95	38,95	38,95	38,95	38,95	38,95	38,95	38,95	38,95	38,95		40,68
Média do Hd 8467		5,276	5,279	5,113	4,880	4,880	4,880	4,880	4,880	4,880	4,880	4,880	4,880	4,880	4,880	4,880	4,880	4,880	4,880		5,137
"Stand" médio (test.)		42,86	44,43	43,16	41,55	41,55	41,55	41,55	41,55	41,55	41,55	41,55	41,55	41,55	41,55	41,55	41,55	41,55	41,55		43,00
C.V. (látice) %		14,57	15,13	16,12	13,61	13,61	13,61	13,61	13,61	13,61	13,61	13,61	13,61	13,61	13,61	13,61	13,61	13,61	13,61		14,90
Eficiência %		123,27	100,69	116,91	146,39	146,39	146,39	146,39	146,39	146,39	146,39	146,39	146,39	146,39	146,39	146,39	146,39	146,39	146,39		118,87

Tabela 3. Análise da variância dos 4 experimentos de 64/65, em látice quádruplo 7 x 7, referentes a 49 progênes de meios irmãos do IAC Maya 1, em 4 locais com uma repetição; e análise da variância combinada dos experimentos.
Produção de grãos de milho em kg/10 m², 1964/65.

Causas de variação	GL	Análise combinada					
		Exp. I	Exp. II	Exp. III	Exp. IV		
		QM	QM	QM	QM		
					ΣGL		
					ΣQM		
Tratamentos (não aj.)	48	1,6568**	2,7412**	1,2274**	1,5245**	192	1,7875**
Blocos dentro de rep. (aj.)	24	1,0387	1,3868	0,9658	1,7538	96	1,2863
Resíduo intra bloco	120	0,8960	0,8501	0,7445	0,6325	480	0,7808
Tratamentos (aj.)	48	1,6801**	2,6607**	1,2074**	1,4829**		1,7578**
Média das progênes		5,991	5,900	5,878	5,843		5,903
"Stand" médio		41,44	43,26	42,25	43,50		42,61
Média do Hd 8467		5,859	6,204	5,882	6,052		5,999
"Stand" médio (test.)		39,73	41,55	40,84	40,71		40,70
C.V. (látice) %		15,80	15,62	14,68	13,61		14,97
Eficiência %		100,36	103,83	92,58	117,07		103,98

Tabela 4. Análise da variância dos 4 experimentos de 66/67, em látice quádruplo 7 x 7, referentes a 49 progênes de meios irmãos do IAC Maya 3, em 4 locais com uma repetição; e análise da variância combinada dos experimentos. Produção de grãos de milho em kg/10 m², 1966/67.

Causas de variação	GL	Exp. I		Exp. II		Exp. III		Exp. IV		Análise combinada		
		QM	**	QM	**	QM	*	QM	**	ΣGL	ΣQM	
Tratamentos (não aj.)	48	1,3055	**	1,2111	**	1,2712	*	1,5536	**	192	1,3354	**
Blocos dentro de rep. (aj.)	24	0,8030		0,7789		0,6751		1,5080		96	0,9412	
Resíduo intra bloco	120	0,6220		0,6179		0,7780		0,6470		480	0,6662	
Tratamentos (aj.)	48	1,2647	**	1,1969	**	1,2712	*	1,2851	**	192	1,2545	**
Média das progênes		5,775		5,335		5,374		5,410			5,473	
"Stand" médio		43,00		41,88		41,98		41,72			42,15	
Média do Hd 8467		5,395		5,364		5,165		5,118			5,260	
"Stand" médio (test.)		39,34		38,27		39,27		39,14			39,00	
C.V. (látice) %		13,66		14,73		16,41		14,87			14,91	
Eficiência %		101,05		100,87		100,34		111,56			101,92	

Tabela 5. Análise da variância dos 4 experimentos de 67/68, em látice quádruplo 7 x 7, referentes a 49 progênes de meios irmãos do IAC Maya 4, em 4 locais com uma repetição; e análise da variância combinada dos experimentos. Produção de grãos de milho em kg/10 m²; 1967/68.

Causas de variação	GL	Exp. I		Exp. II		Exp. III		Exp. IV		Análise combinada	
		QM	QM	QM	QM	QM	QM	ΣGL	ΣQM		
Tratamentos (não aj.)	48	1,1993**	1,3843**	1,2528n.s.	0,9072**	192	1,1859**				
Blocos dentro de rep.(aj.)	24	1,5512	2,0951	2,5896	0,6636	96	1,7249				
Resíduo intra bloco	120	0,4913	0,6358	0,6637	0,4242	480	0,5537				
Tratamentos (aj.)	48	0,9232**	1,2333**	1,1310**	0,8764**	192	1,0410**				
Média das progênes		4,723	5,278	5,107	5,320		5,107				
"Stand" médio		45,00	45,90	45,62	45,38		45,47				
Média do Hd 8467		5,165	5,240	5,306	5,557		5,317				
"Stand" médio (test.)		45,54	44,89	44,63	44,86		44,98				
C.V. (látice) %		14,84	15,11	15,95	12,24		14,57				
Eficiência %		122,06	123,87	132,00	103,20		125,45				

Tabela 6. Análise da variância dos 4 experimentos de 68/69, em látice quádruplo 7 x 7, referentes a 49 progênes de meios irmãos do IAC Maya 5, em 4 locais com uma repetição; e análise da variância combinada dos experimentos. Produção de grãos de milho em kg/10 m², 1968/69.

Causas de variação	GL	Exp.I		Exp.II		Exp.III		Exp.IV		Análise combinada	
		QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM	QM	ΣGL	ΣQM
Tratamentos (não aj.)	48	1,5787*	1,1465*	0,9977*	1,1180*	1,2102**				192	1,2102**
Blocos dentro de rep.(aj.)	24	2,2979	1,2347	1,1443	1,3393	96	1,5041				
Resíduo intra bloco	120	0,7653	0,6899	0,5990	0,5392	480	0,6483				
Tratamentos (aj.)	48	1,1803*	1,1706*	0,9488*	0,9519**	192	1,0629**				
Média das progênes		4,627	4,709	5,005	4,964		4,827				
"Stand" médio		39,41	39,81	42,57	42,63		41,09				
Média do Hmd 6999 B		3,458	3,755	4,022	3,654		3,722				
"Stand" médio (test.)		26,54	30,09	31,46	29,59		29,42				
C.V. (látice) %		18,90	17,64	15,46	14,79		16,68				
Eficiência %		120,03	105,41	106,70	113,43		111,43				

Tabela 7. Análise da variância dos experimentos de 69/70, 70/71, 71/72, 74/75 e 75/76, em látice quádruplo 13 x 13, respectivos aos ensaios com 169 progênes de meios irmãos do IAC Maya 6, IAC Maya 7, IAC Maya 8, IAC Maya 11 e IAC Maya 12, em 4 locais com uma repetição.
Produção de grãos de milho em kg/10 m².

Causas de variação	GL	Exp.69/70	Exp.70/71	Exp.71/72	Exp.74/75	Exp.75/76
		QM	QM	QM	QM	QM
Tratamentos (não aj.)	168	1,0664**	1,3644**	2,0092**	1,2197n.s.	1,5998**
Blocos dentro de rep.(aj.)	48	2,3927	3,9159	4,8099	3,4873	1,9190
Resíduo intra bloco	456	0,5514	0,7009	0,9229	0,7594	0,7626
Tratamentos (ajustados)	168	1,0385**	0,9706**	1,8298**	1,0840**	1,4268**
Média das progênes		6,212	3,897	5,308	4,911	5,288
"Stand" médio		46,71	43,90	43,46	46,29	45,42
Média do Hmd 6999 B		5,841	3,722	5,253	4,187	4,464
"Stand" médio (test.)		44,44	42,27	43,05	45,58	42,04
C.V. (látice) %		11,95	21,48	18,09	17,74	16,51
Eficiência %		124,39	133,27	130,10	124,90	108,23

Tabela 8. Análise da variância do experimento de 72/73, em blocos casualizados, referentes a 105 progênes de meios irmãos do IAC Maya 9 e a 64 progênes de meios irmãos do IAC Maya p 1, em quatro locais com uma repetição. Produção de grãos de milho em kg/10 m².

Causas de variação	IAC Maya 9		IAC Maya p 1	
	GL	QM	GL	QM
Tratamentos	104	1,2653**	63	1,1813**
Resíduo	312	0,6143	189	0,6488
Média das progênes		5,265		5,698
"Stand" médio		41,82		42,54
Média do Hmd 6999 B		4,400		4,400
"Stand" médio do híbrido		38,35		38,35
Coefficiente de variação %		14,88		14,14

Tabela 9. Análise da variância do experimento 73/74, em blocos casualizados, referentes a 86 progênies de meios irmãos do IAC Maya 10 e a 83 progênies do IAC Maya p 2 (originárias do IAC Maya p 1 x IAC Maya 9), em quatro locais com uma repetição.

Produção de grãos em kg/10 m².

Causas de variação	IAC Maya 10		IAC Maya p 2	
	GL	QM	GL	QM
Tratamentos.	85	0,9262 ^{n.s.}	82	1,2019 [*]
Resíduo	255	0,8384	246	0,7885
Média das progênies		4,928		5,023
"Stand" médio		43,76		44,31
Média do Hmd 6999 B		4,066		4,066
"Stand" médio do híbrido		41,54		41,54
Coefficiente de variação %		18,58		17,67

Tabela 10. Análise de variância do experimento de 76/77, em blocos ao acaso, referentes a 168 progêneses de meios irmãos do IAC Maya 13, em 4 locais com uma repetição.

Produção de grãos de milho em kg/10 m², 1976/77.

Causas de variação	GL	QM
Tratamentos	167	1,5460**
Resíduo	501	0,5054
Média das progêneses de meios irmãos		
"Stand" médio		3,450
Média do Hmd 6999 B		45,75
"Stand" médio do híbrido		2,666
Coefficiente de variação %		45,38
		20,61

Tabela 11. Médias do número de plantas por 10 m² da população IAC Maya e da respectiva testemunha, número de repetições por experimento e médias de produção de grãos em kg/ha da testemunha.

Experi- mentos	"Stand"		Testemunha		
	População	Testemunha	N.º de repetições	Produção em kg/ha s/correção corrigida ^{a/}	
63/64	40,68	43,00	224	5137	4939
64/65	42,61	40,70	224	5999	6196
66/67	42,15	39,00	224	5260	5558
67/68	45,47	44,98	224	5317	5357
68/69	41,09	29,42	224	3722	4756
69/70	46,71	44,44	52	5841	6050
70/71	43,90	42,27	52	3722	3822
71/72	43,46	43,05	52	5253	5288
72/73	41,82	38,35	52	4400	4679
73/74	43,76	41,54	52	4066	4218
74/75	46,29	45,58	52	4187	4233
75/76	45,42	42,04	52	4464	4715
76/77	45,75	45,38	52	2666	2681

^{a/} = A produção foi corrigida em relação ao "stand" da população através da fórmula de Zuber.

Tabela 12. Comparação das produtividades dos diferentes ciclos de seleção da variedade IAC Maya com o híbrido IAC Hmd 6999 B (produção corrigida).

Ciclos	Média em kg/ha		Produção (%) relativa		
	População	Hmd 6999 B	Ciclo 0	Hmd 6999 B	
				Média	Amplitude
0	4331	4939 ^{a/}	100,0	87,7	56,9-112,1
1	5903	6196 ^{a/}	108,7	95,3	53,2-118,7
3	5473	5558 ^{a/}	112,2	98,5	59,6-130,4
4	5107	5357	108,6	95,3	58,6-121,4
5	4827	4756	115,4	101,3	68,3-134,5
6	6212	6050	117,1	102,7	77,4-123,8
7	3897	3822	116,2	101,9	54,1-139,1
8	5308	5288	114,5	100,4	64,7-141,0
9	5265	4679	128,3	112,5	83,0-143,3
Maya p1	5688	4679	138,9	121,3	97,0-145,9
10	4928	4218	133,2	116,8	85,6-139,3
Maya p2	5023	4218	135,8	119,1	88,5-153,1
11 (p)	4911	4233	132,3	116,0	84,1-144,9
12 (p)	5288	4715	127,9	112,2	62,6-147,4
13 (p)	3450	2681	146,7	128,7	71,7-180,5

^{a/} = Produção do híbrido Hd8467, considerada igual a produção do Hmd 6999 B.

Tabela 13. Comparação do Índice de espiga (número de espiga por planta) dos diferentes ciclos da população de milho IAC Maya com as médias e ao ciclo inicial tomado como 100, das testemunhas Hd 8467 e Hmd 6999 B.

Ciclos	Índice de espigas			
	Média população	Média testemunha	% relativa	
			Ciclo inicial	Testemunha
0	0,917	0,942	100,0 ^{a/}	97,35
1	1,017	1,009	103,53	100,79
3	0,954	0,948	103,36	100,63
4	0,975	1,020	100,00 ^{b/}	95,59
5	0,941	1,038	94,83	90,65
6	0,960	0,988	101,64	97,16
7	0,819	0,853	100,44	96,01
8	1,006	1,096	96,02	91,79
9	1,081	1,099	102,89	98,36
Maya p1	1,057	1,099	100,62	96,18
10	0,979	0,974	105,14	100,51
Maya p2	0,976	0,974	104,82	100,20
11 (p)	0,950	0,879	113,06	108,08
12 (p)	0,998	1,034	100,97	96,52
13 (p)	0,918	0,951	100,98	96,53

^{a/} = Hd 8467

^{b/} = Hmd 6999 B.

Tabela 14. Estimativas do coeficiente de variação genética, da variância genética entre progênies de meios irmãos obtidas das análises em lâtilce e dos respectivos erros.

Ciclos	$\hat{\sigma}_{mi}^2$	$\hat{s}(\sigma_{mi}^2)$	$\hat{s}(\sigma_{mi}^2)/\hat{\sigma}_{mi}^2$	C.V.gen.
			%	%
0	0,1498	0,0266	17,78	8,93
1	0,2448	0,0463	18,93	8,38
3	0,1470	0,0336	22,86	7,00
4	0,1218	0,0279	22,90	6,83
5	0,1036	0,0289	27,91	6,67
6	0,1218	0,0296	24,30	5,62
7	0,0674	0,0288	42,62	6,66
8	0,2267	0,0519	22,90	8,97
9	0,1628 ^{a/}	0,0451	27,70	7,66
Maya p1	0,1331 ^{a/}	0,0544	40,87	6,40
10	0,0220 ^{a/}	0,0397	-	3,00
Maya p2	0,1033 ^{a/}	0,0496	48,04	6,40
11 (p)	0,0811	0,0327	40,36	5,80
12 (p)	0,1660	0,0407	24,51	7,70
13 (p)	0,2601 ^{a/}	0,0428	16,45	14,80

^{a/} = Obtidas das análises em blocos ao acaso.

Tabela 15. Estimativas da variância genética aditiva e dos valores de herdabilidades, entre médias de famílias de meios irmãos e ao nível de planta, para produção de grãos.

Ciclos	$\hat{\sigma}_A^2$ ($\times 10^{-4}$)	Herdabilidades	
		\hat{h}_{m1}^2	\hat{h}_1^2
		%	%
0	3,565	58,99	17,89
1	5,393	55,63	15,48
3	3,311	46,88	10,92
4	2,357	46,77	10,74
5	2,454	38,98	7,95
6	2,232	46,89	10,72
7	1,400	27,79	4,73
8	4,802	49,56	12,09
9	3,803	51,45	13,16
Maya p1	(2,942)	(45,07)	(10,13)
10	0,470	9,49	1,29
Maya p2	(2,105)	(34,40)	(9,23)
11 (p)	1,515	29,93	5,20
12 (p)	3,220	46,56	10,63
13 (p)	4,971	67,30	25,08
Média	3,038	44,32	11,22

Tabela 16. Diferencial de seleção entre famílias de meios irmãos (ds), em kg/planta e porcentagem em relação à média da população, e respectivos valores estandarizados (k_1).

Ciclos	ds	ds/média pop.	k_1
	kg/planta	%	
0	0,0150	14,09	1,71
1	0,0219	15,81	1,72
3	0,0220	16,94	1,66
4	0,0176	15,67	1,47
5	0,0199	16,94	1,57
6	0,0087	6,54	1,44
7	0,0122	13,74	1,44
8	0,0256	20,96	1,53
9	0,0164	13,02	1,53
Maya p1	0,0087	6,49	1,23
10	0,0056	4,95	1,34
Maya p2	0,0074	6,49	1,26
11 (p)	0,0098	9,24	1,21
12 (p)	0,0079	6,78	0,96
13 (p)	0,0161	21,35	1,58

Tabela 17. Estimativas do progresso genético esperado, em gramas por planta e em porcentagem da média, devido a seleção entre progênes de meios irmãos.

Ciclos	g/planta	% da média	% do total
0	4,43	4,16	61,61
1	6,09	4,39	63,50
3	5,16	4,00	63,31
4	4,11	3,66	57,16
5	3,88	3,30	61,20
6	2,05	1,54	56,32
7	1,69	1,67	59,72
8	6,34	5,10	54,84
9	4,21	3,34	55,91
Maya p1	(1,96)	(1,46)	(52,13)
10	0,27	0,24	60,00
Maya p2	(1,25)	(1,10)	(49,80)
11 (p)	1,47	1,38	52,69
12 (p)	1,84	1,58	41,72
13 (p)	5,42	7,18	54,31
Média	3,61	3,20	57,48

Tabela 18. Estimativas do progresso genético esperado devido a seleção entre famílias de meios irmãos, obtidos utilizando-se do diferencial de seleção (ds) e da constante k_1 .

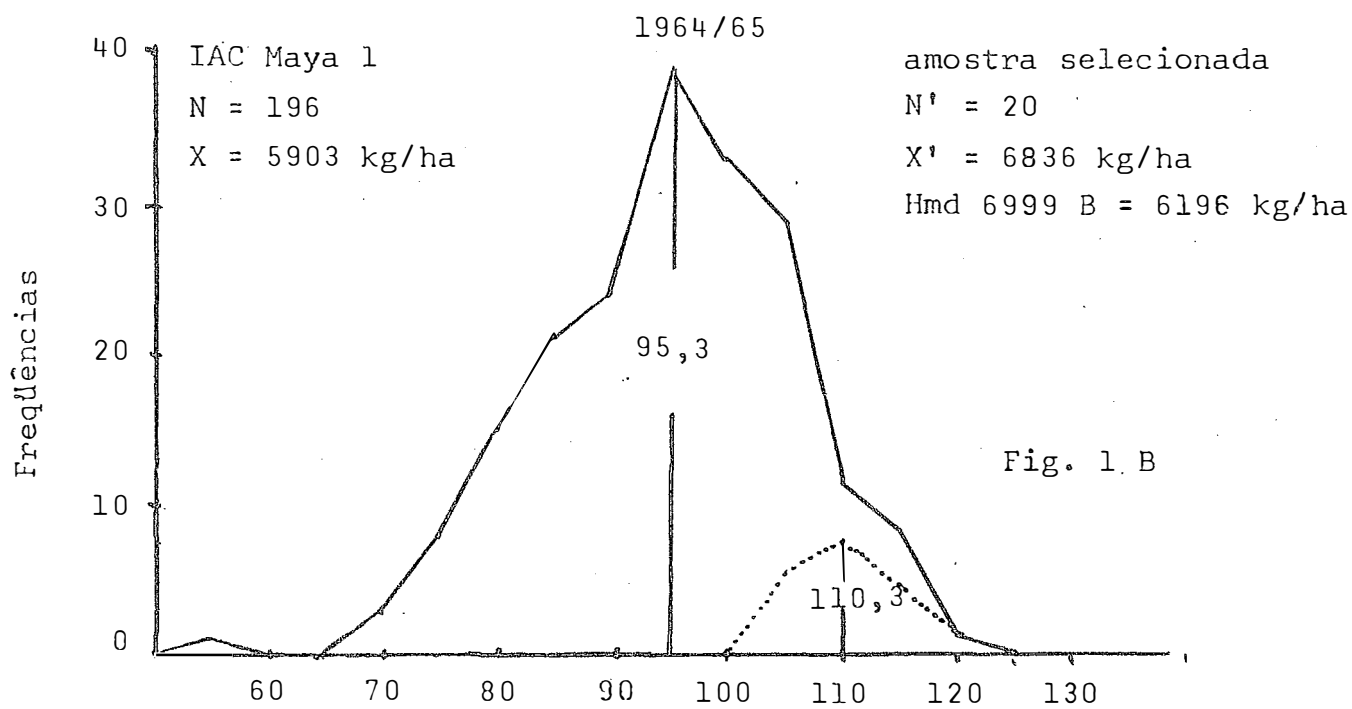
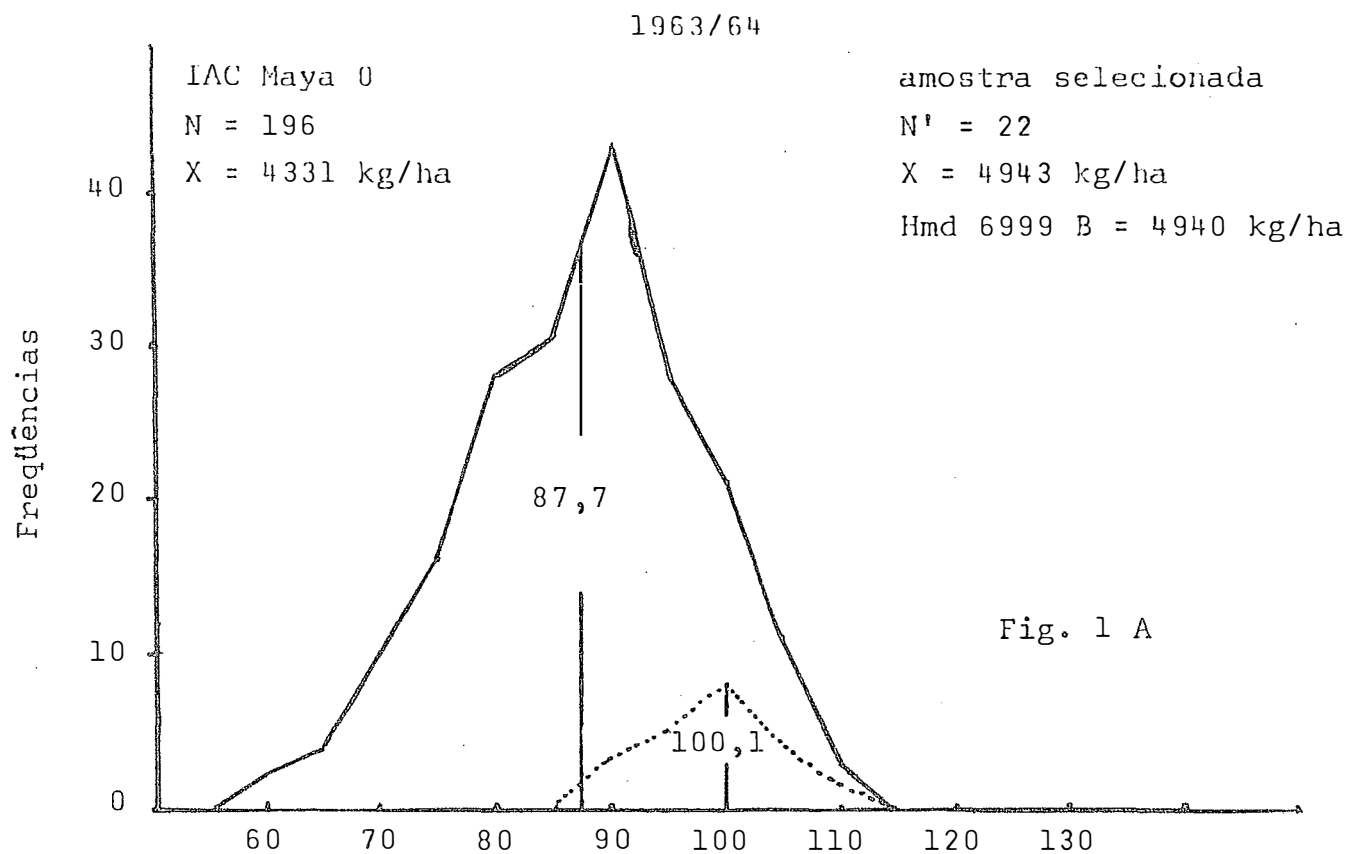
Ciclos	g/planta		$\frac{\hat{\Delta}g_e(ds)}{\hat{\Delta}g_e(k_1)} = c$
	$\hat{\Delta}g_e(ds)$	$\hat{\Delta}g_e(k_1)$	
0	4,43	6,15	0,720
1	6,09	7,45	0,817
3	5,16	5,17	0,998
4	4,11	3,86	1,060
5	3,88	3,84	1,010
6	2,05	3,68	0,557
7	1,69	2,25	0,751
8	6,34	5,90	1,074
9	4,21	5,41	0,778
Maya p1	(1,96)	(3,54)	(0,550)
10	0,27	0,72	0,375
Maya p2	(1,25)	(2,70)	(0,460)
11 (p)	1,47	2,04	0,720
12 (p)	1,84	2,94	0,623
13 (p)	5,42	7,22	0,751
Média	3,61	4,36	0,828

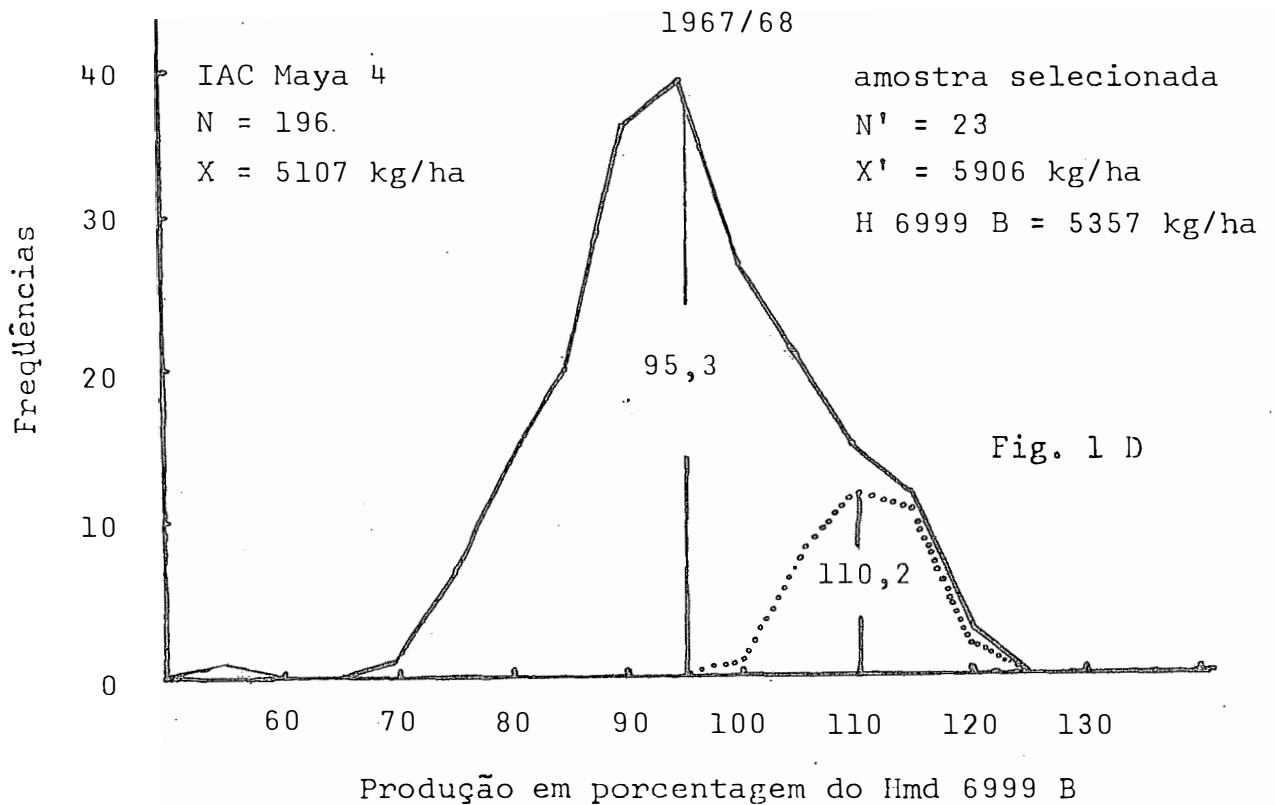
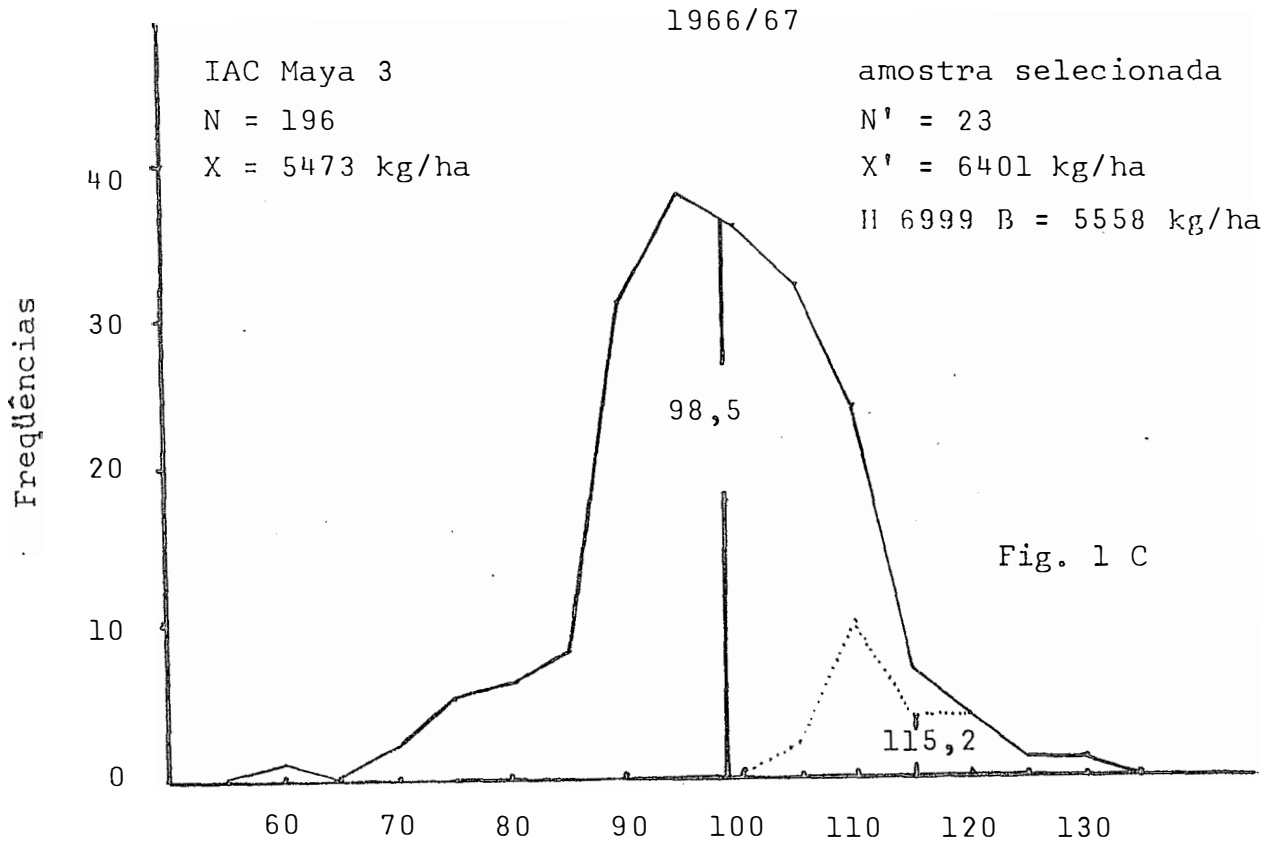
Tabela 19. Estimativas do progresso genético esperado, em grama por planta e em porcentagem da média, devido a seleção dentro de famílias ($\hat{\Delta}g_e \times c$).

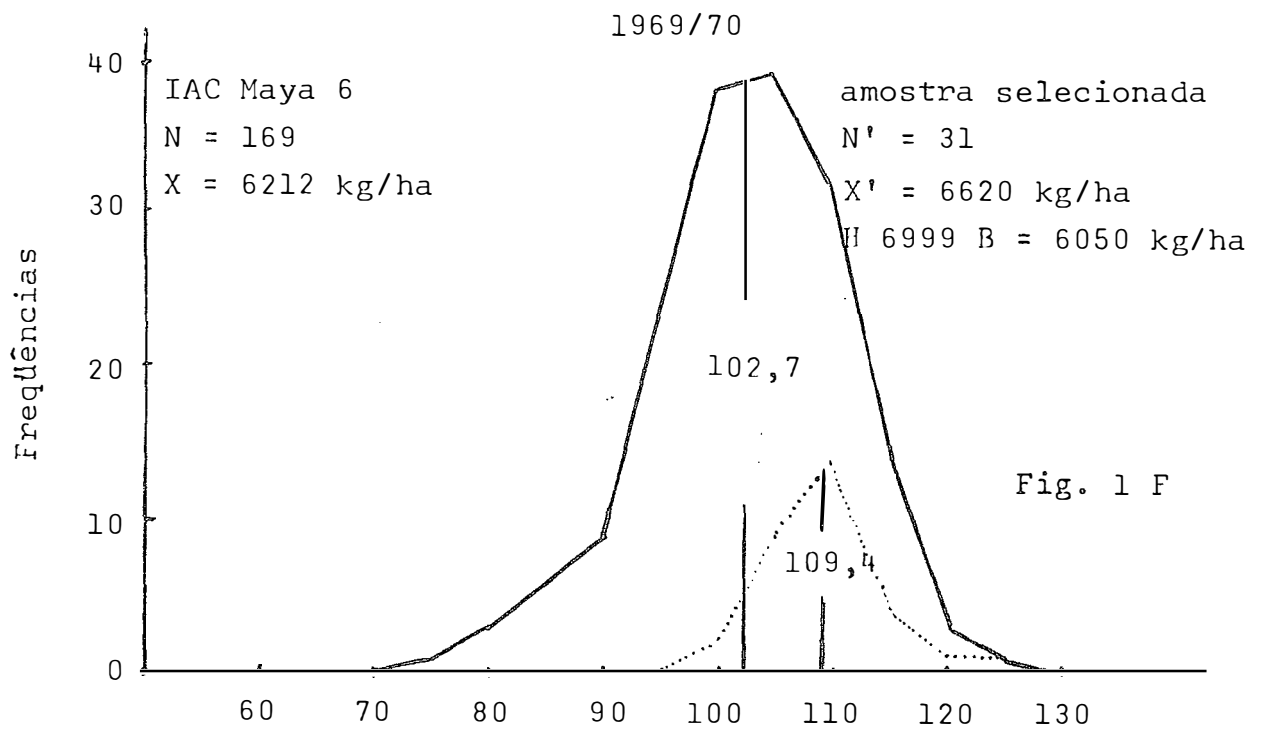
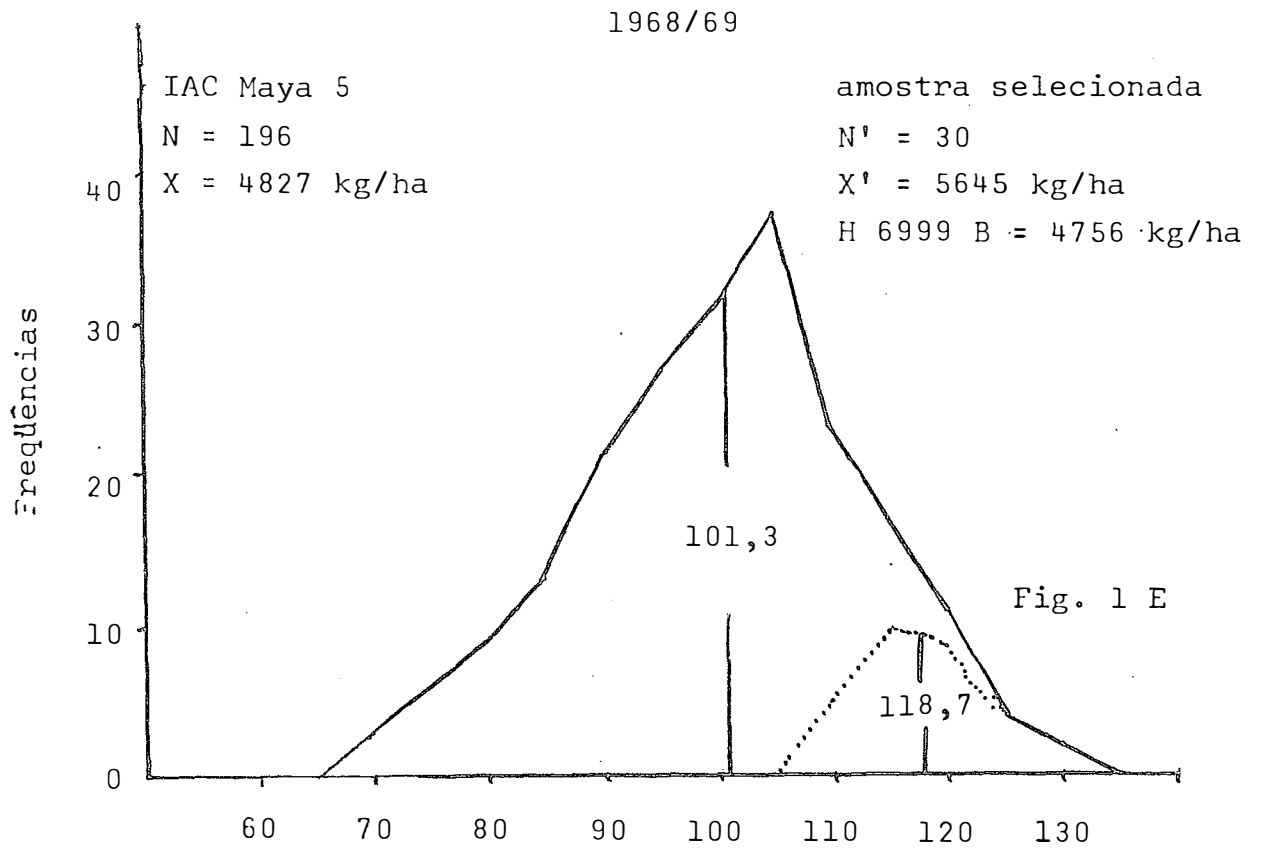
Ciclos	g/planta	% da média	% do total
0	2,76	2,59	38,39
1	3,50	2,53	36,50
3	2,99	2,30	36,69
4	3,08	2,74	42,84
5	2,46	2,09	38,80
6	1,59	1,20	43,68
7	1,14	1,28	40,28
8	5,22	4,27	45,16
9	3,32	2,61	44,09
Maya p1	(1,80)	(1,34)	(47,87)
10	0,18	0,20	40,00
Maya p2	(1,26)	(1,11)	(50,20)
11 (p)	1,32	1,24	47,31
12 (p)	2,57	2,21	58,28
13 (p)	4,56	6,05	45,69
Média	2,67	2,41	42,52

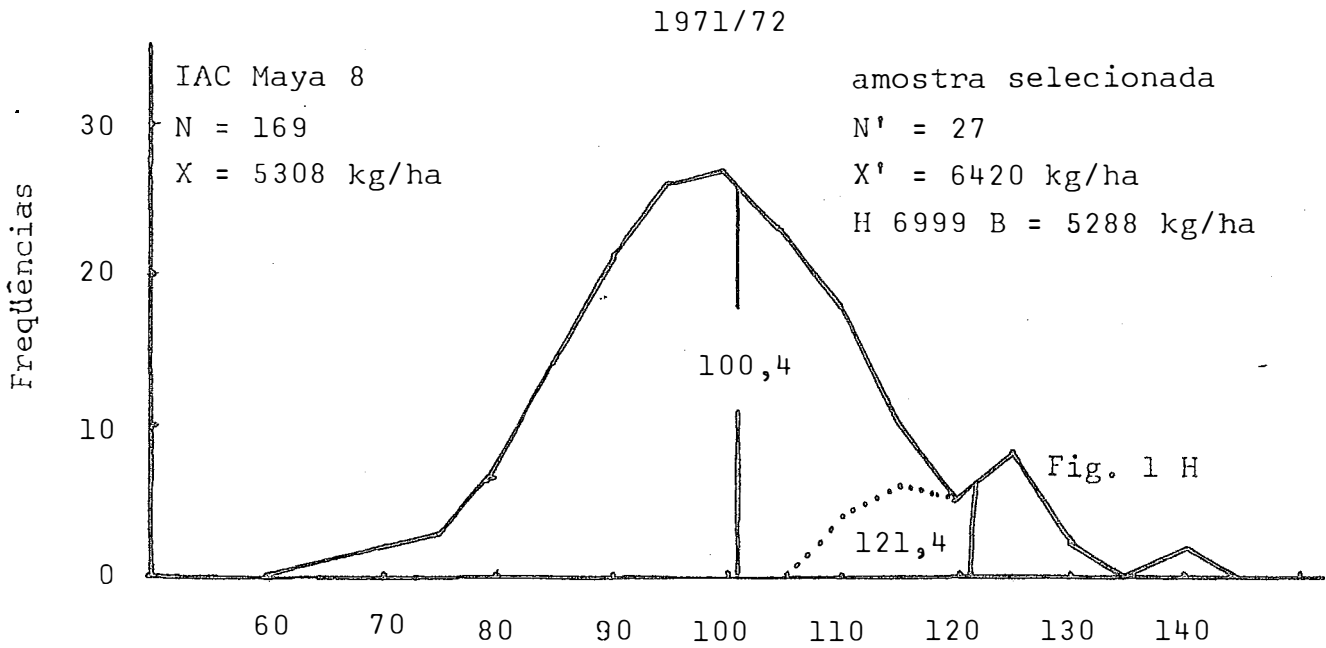
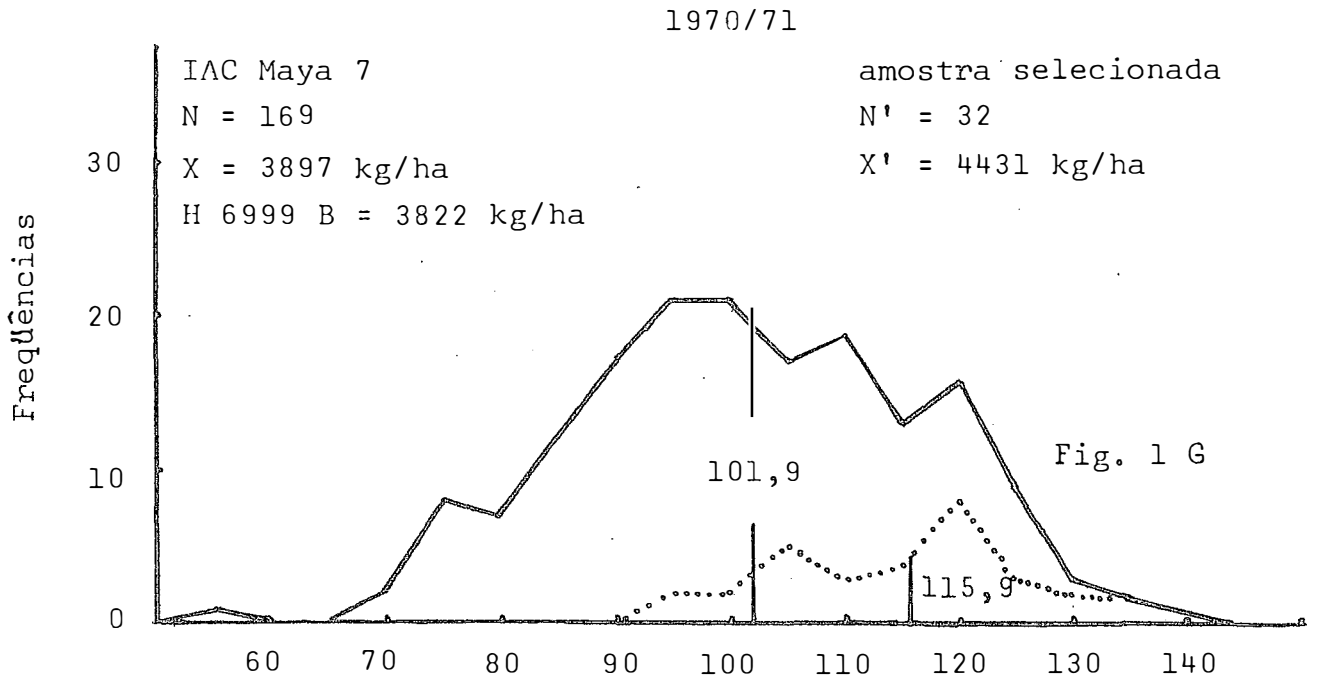
Tabela 20. Estimativas do progresso genético esperado devido a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãs.

Ciclos	g/planta	% da média
0	7,19	6,75
1	9,59	6,92
3	8,15	6,28
4	7,19	6,40
5	6,34	5,40
6	3,64	2,74
7	2,83	3,19
8	11,56	9,46
9	7,53	5,92
Maya p1	(3,76)	(2,81)
10	0,45	0,40
Maya p2	(2,51)	(2,20)
11 (p)	2,79	2,63
12 (p)	4,41	3,79
13 (p)	9,98	13,23
Média	6,28	5,62

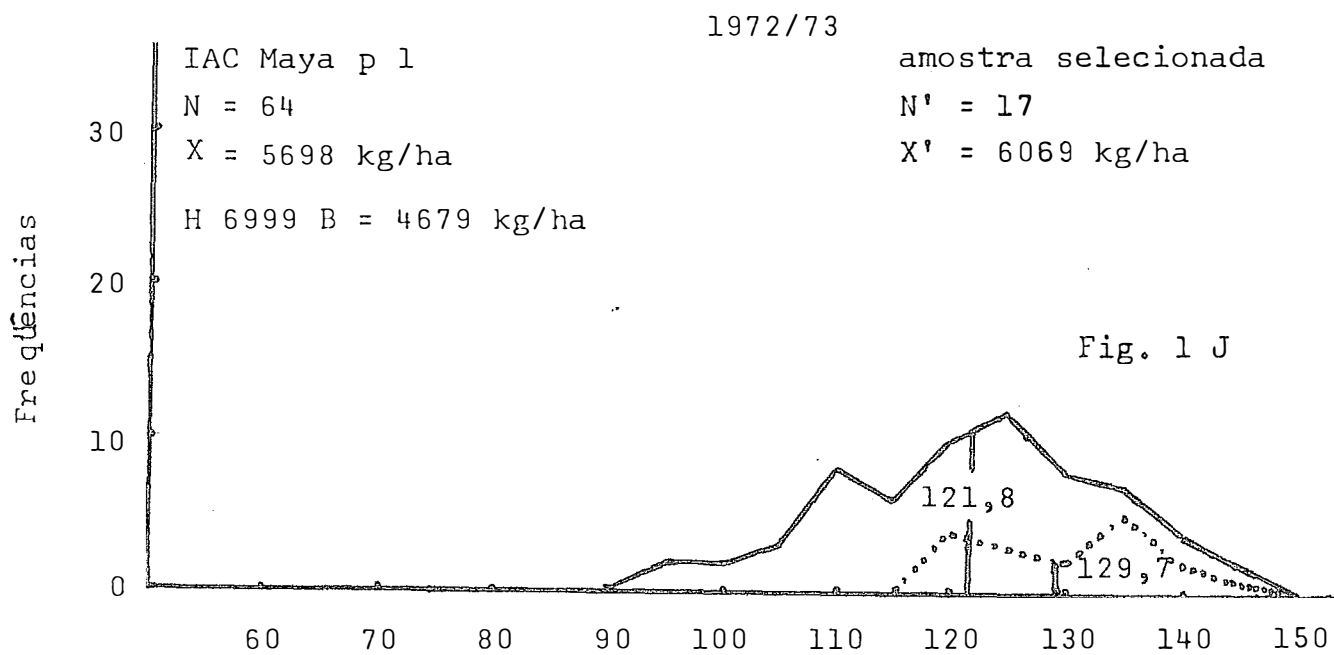
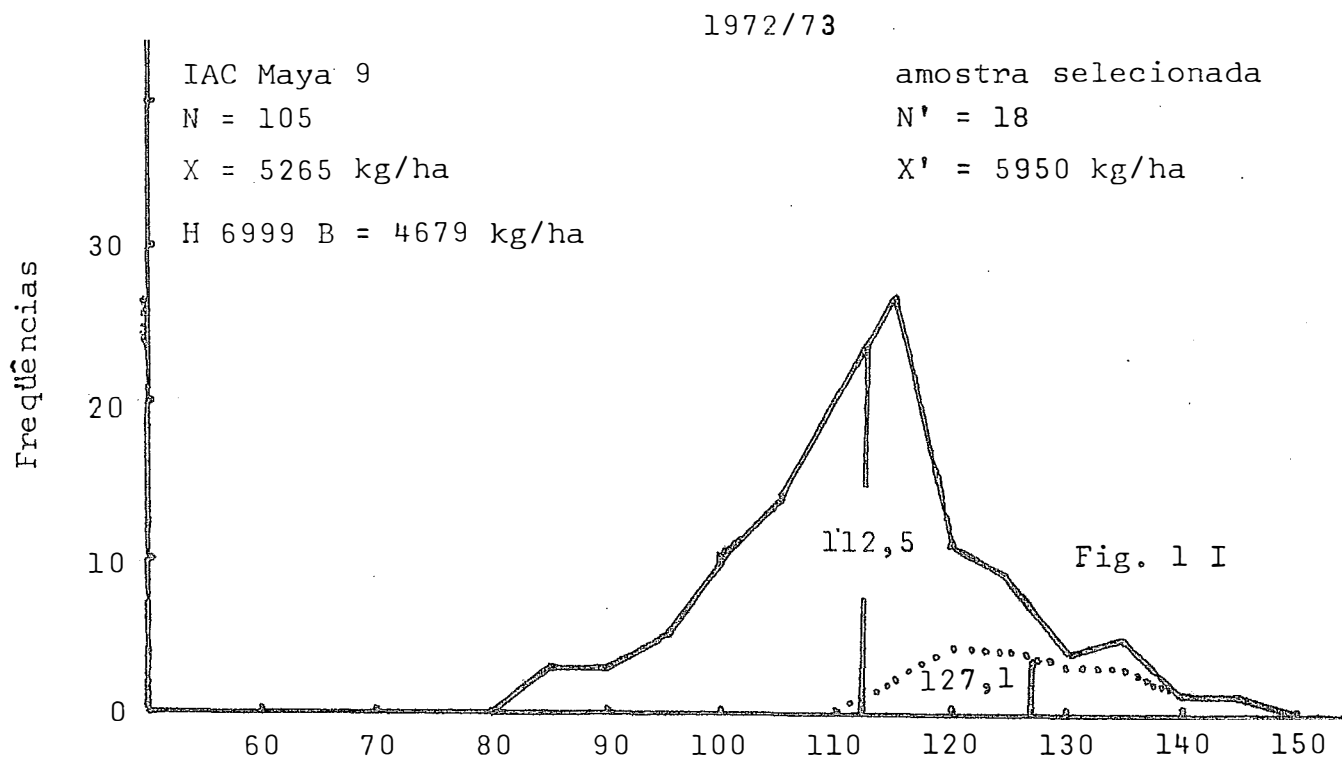


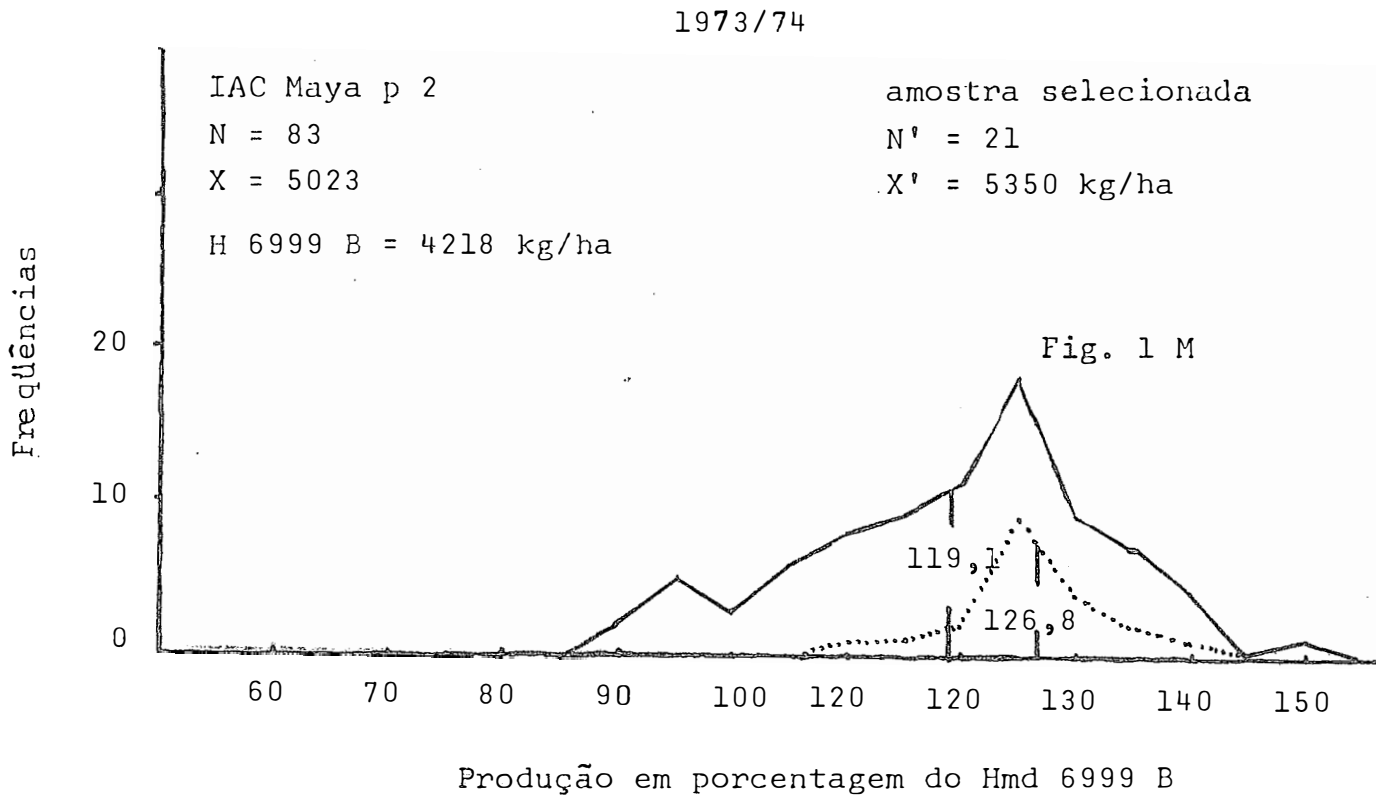
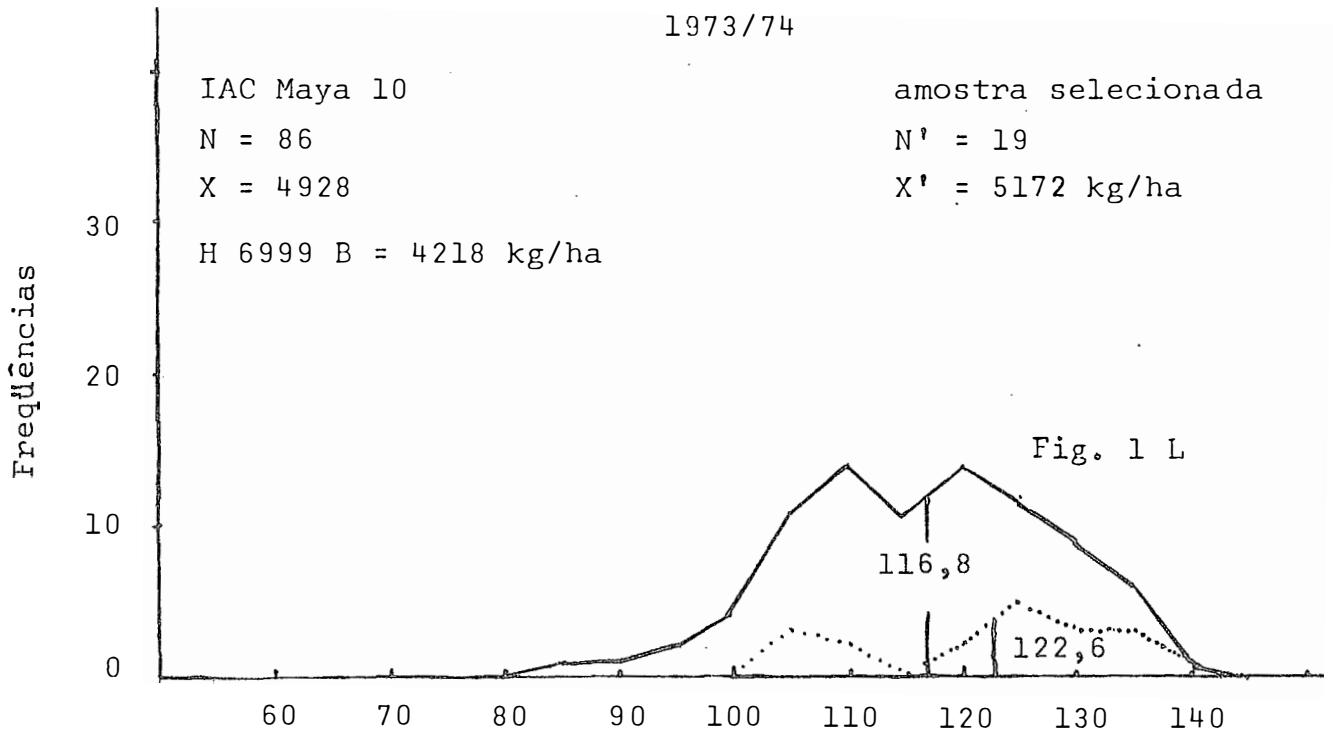


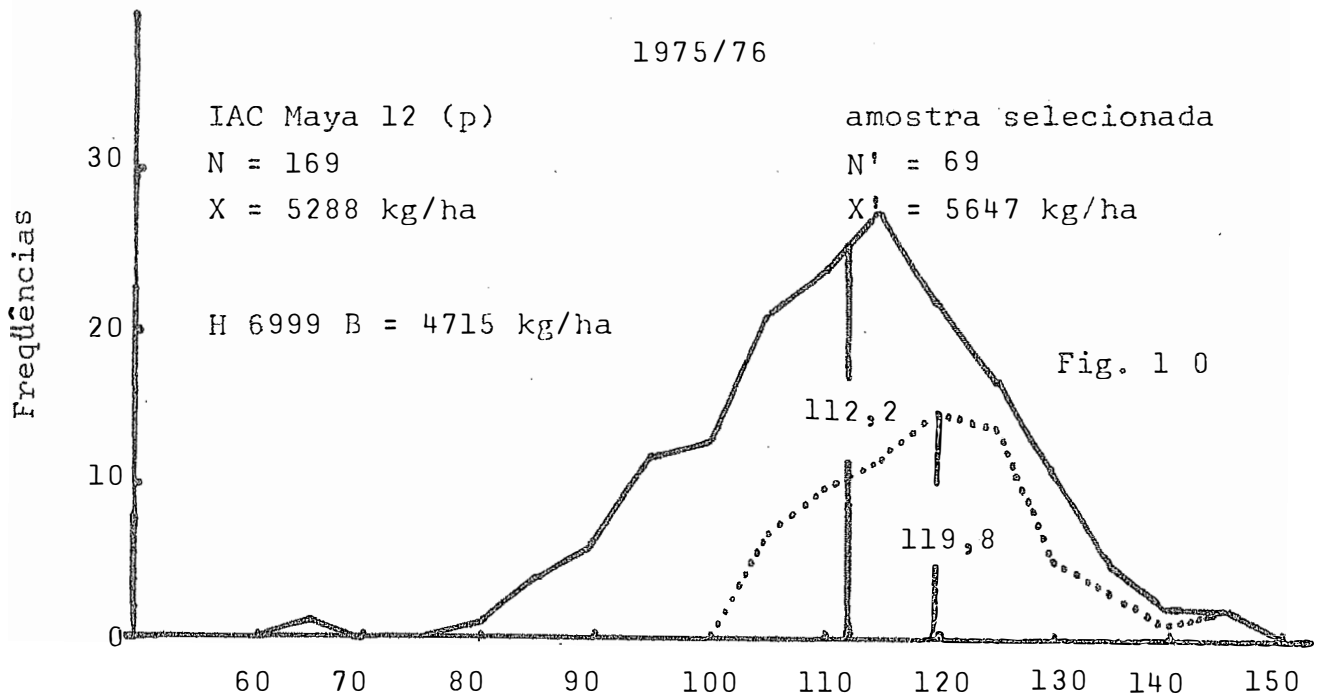
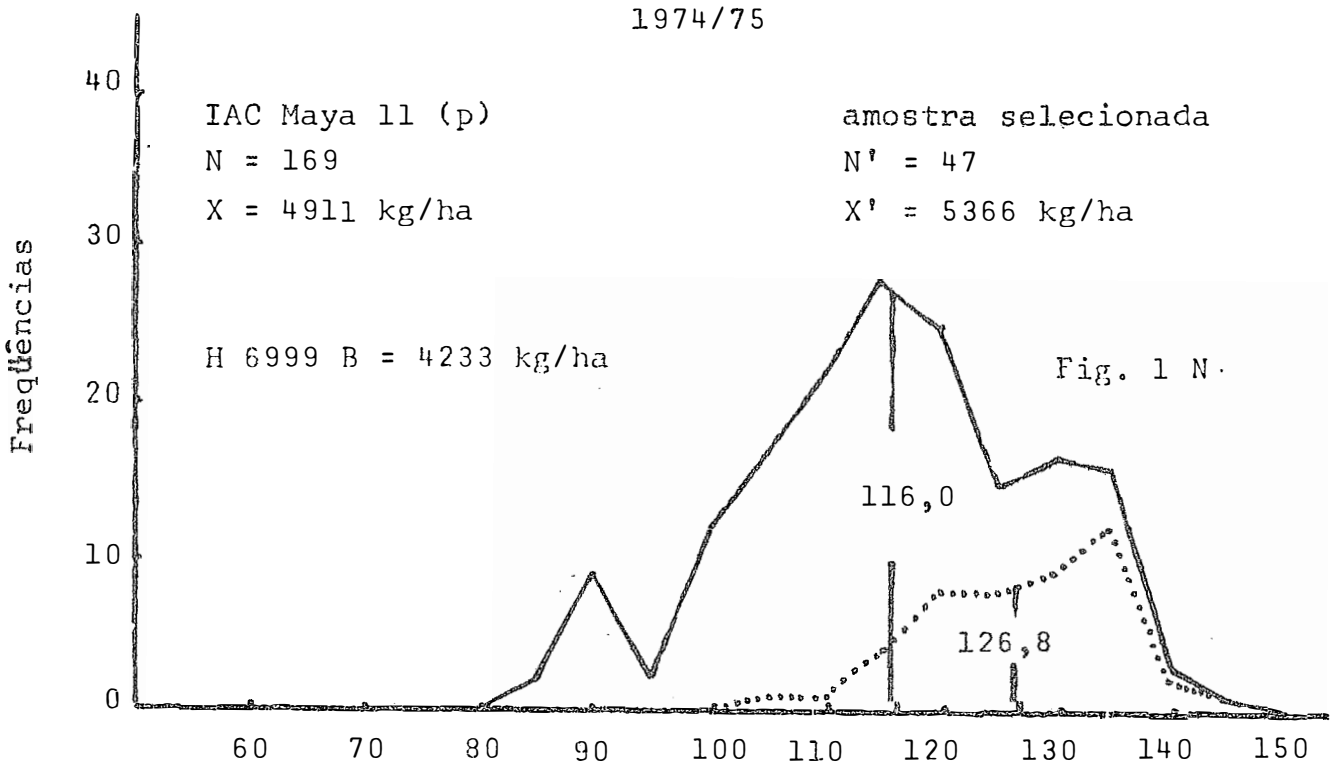




Produção em porcentagem do Hmd 6999 B







1976/77

IAC Maya 13 (p)

N = 168

X = 3450 kg/ha

amostra selecionada

N' = 26

X' = 4188 kg/ha

H 6999 B = 2681 kg/ha

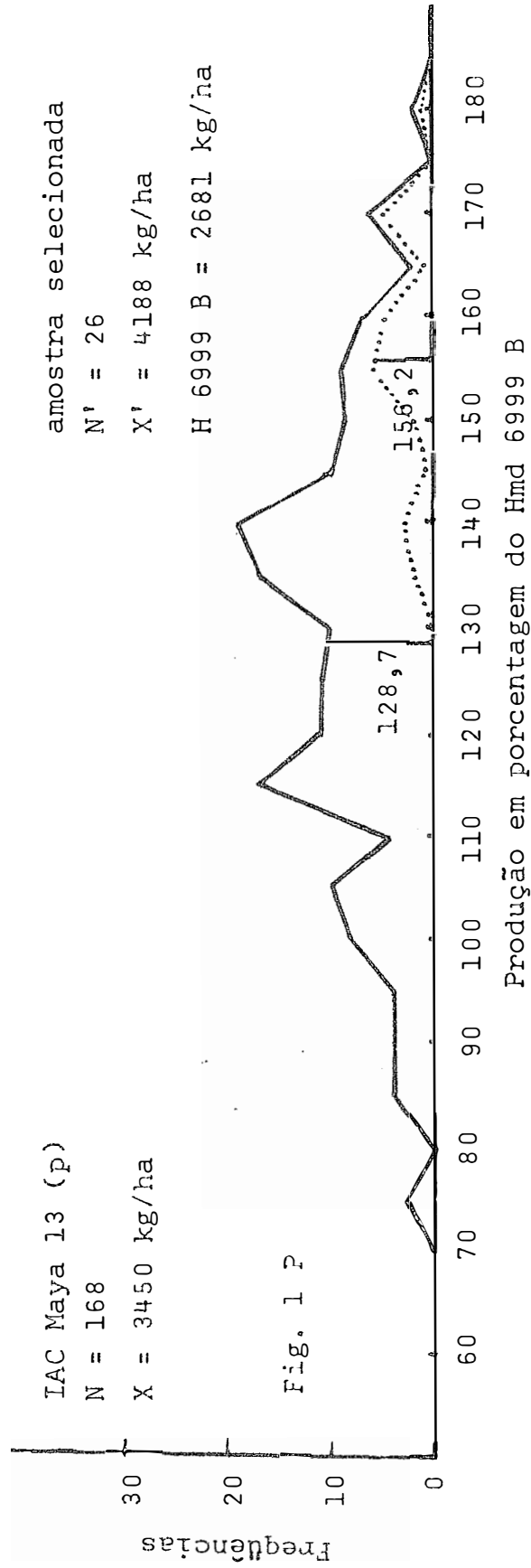


Figura 1. (A, B, C, D, E, F, G, H, I, J, L, M, N, O, P). Distribuição das frequências das produções (em porcentagem do Hmd 6999 B) das famílias de meios irmãos testadas e selecionadas nas populações do IAC Maya

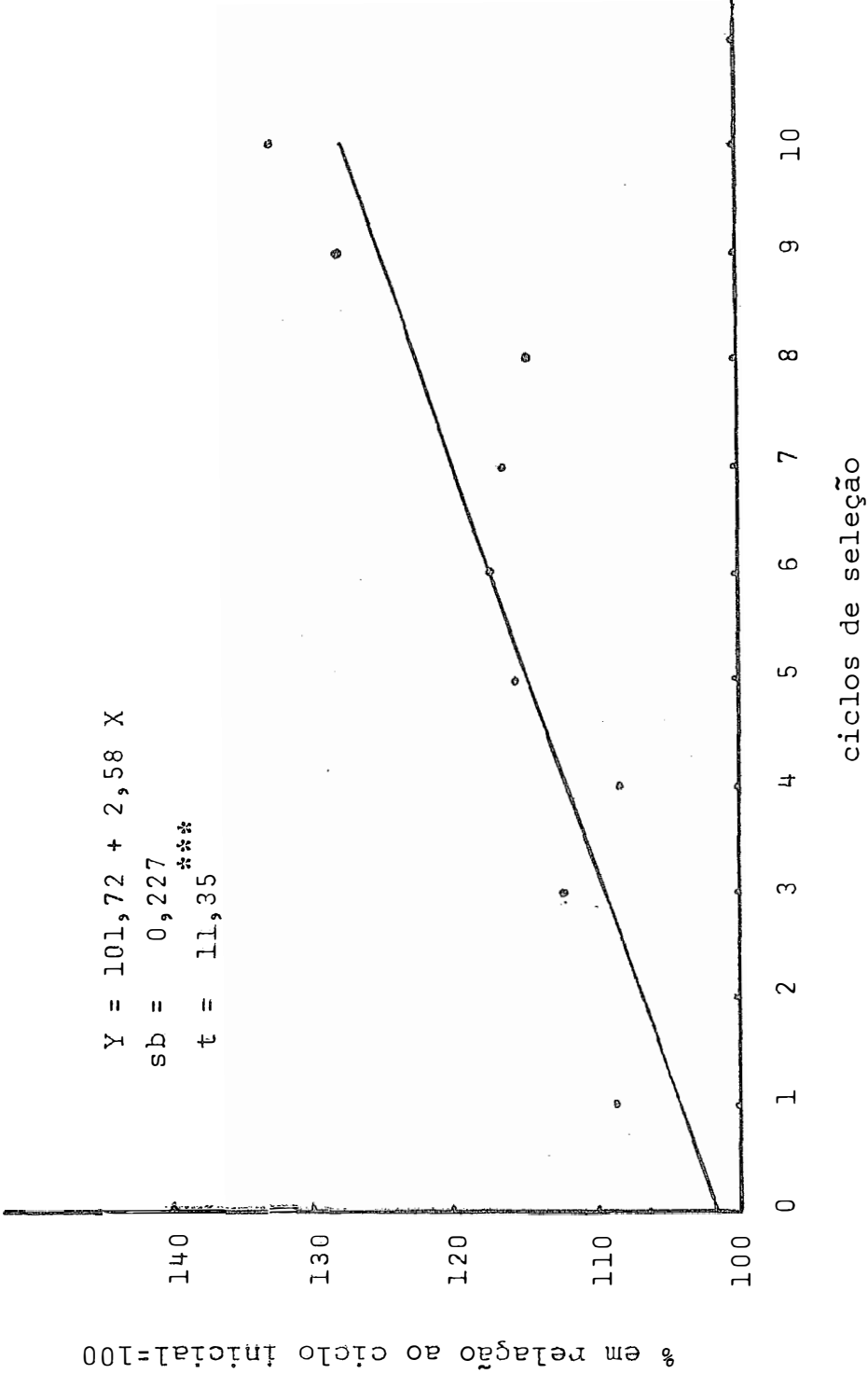


Figura 2 A. Regressão da produtividade de milho em relação ao ciclo original (=100), em função dos 10 ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos do IAC Maya

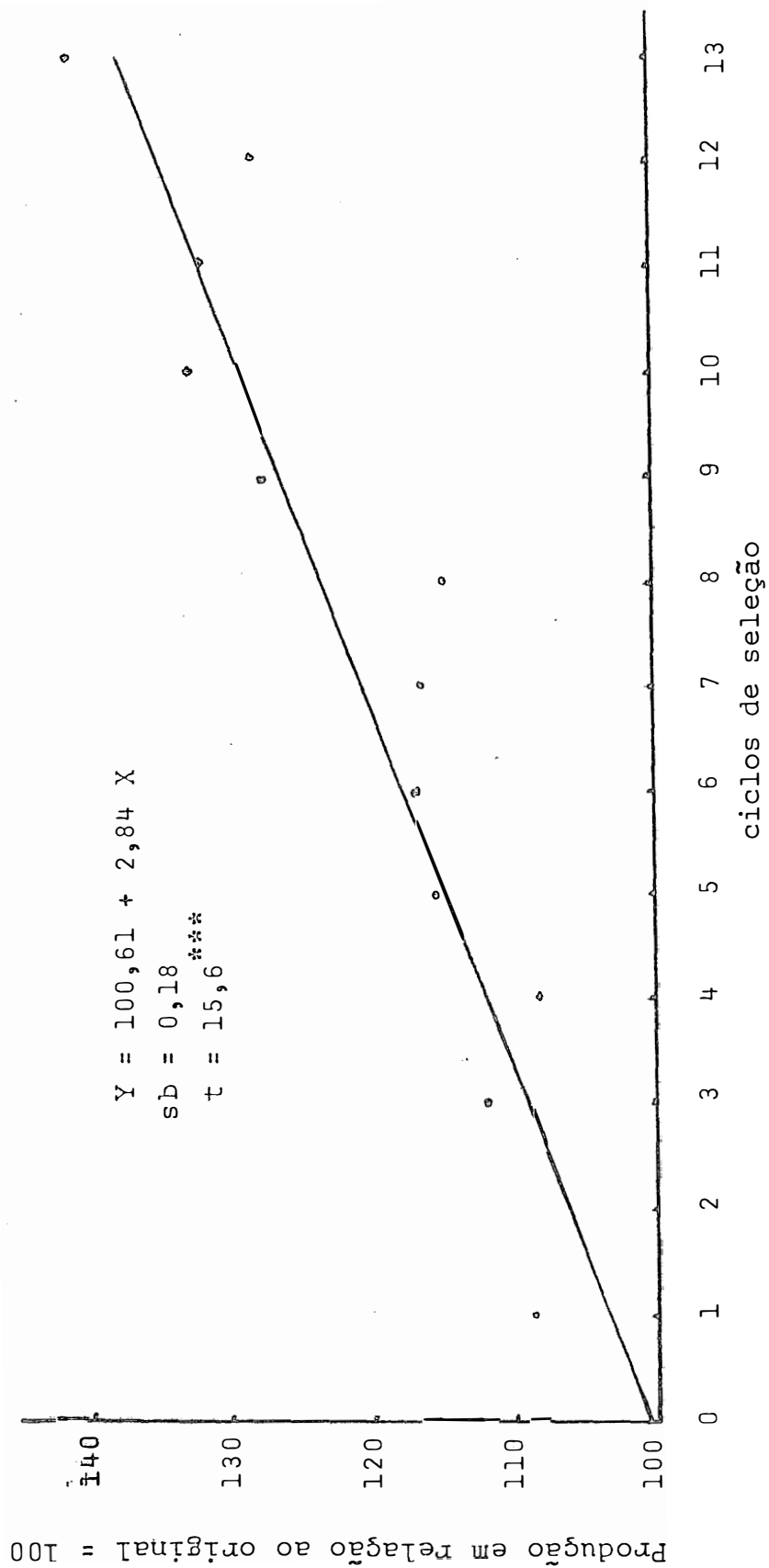


Figura 2 B. Regressão da produtividade de milho em relação ao ciclo original (=100), em função dos 13 ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos do IAC Maya

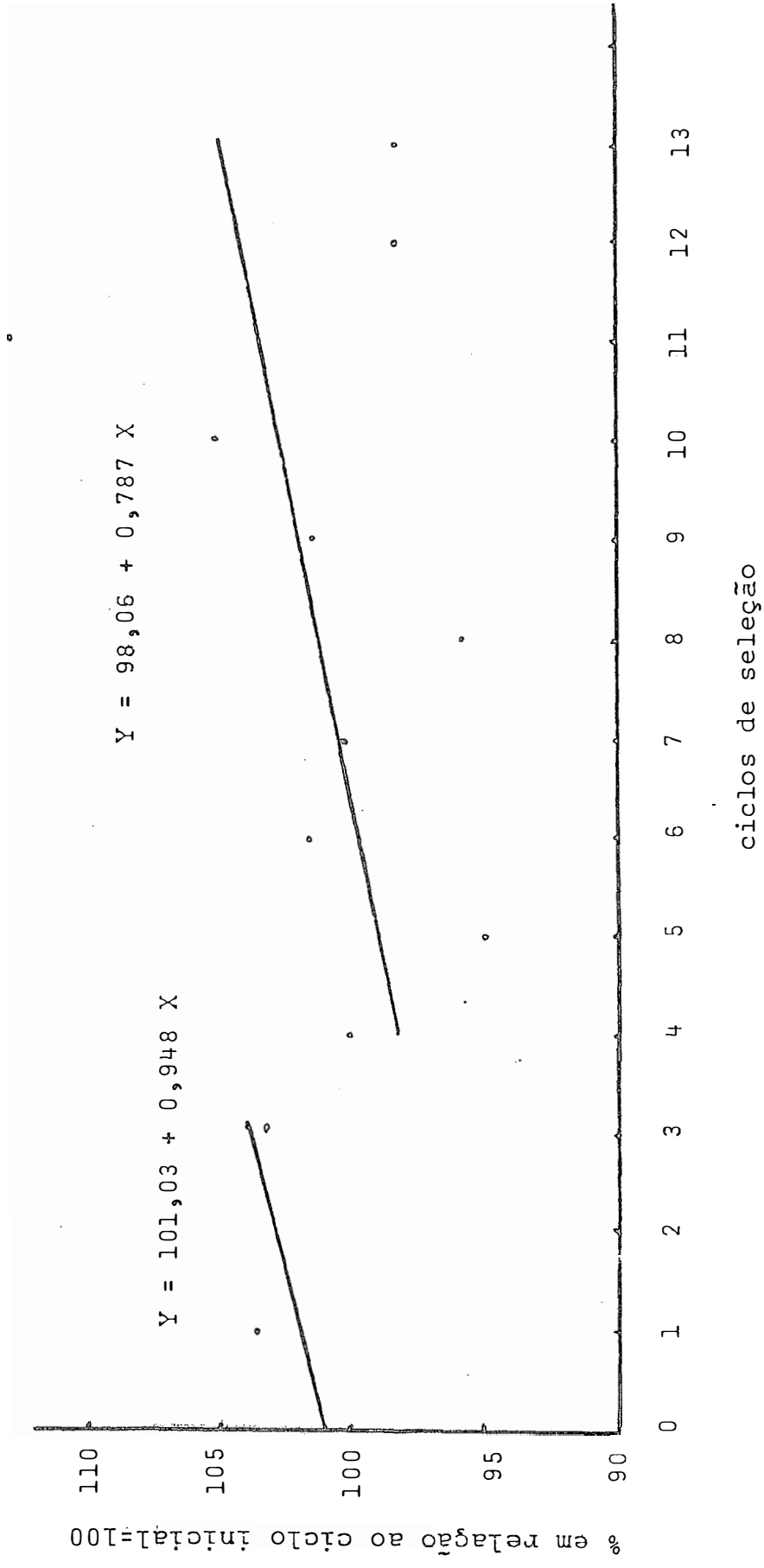


Figura 3. Regressão do índice de espiga em relação aos ciclos original e 4 (=100), em função dos ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos do IAC Maya

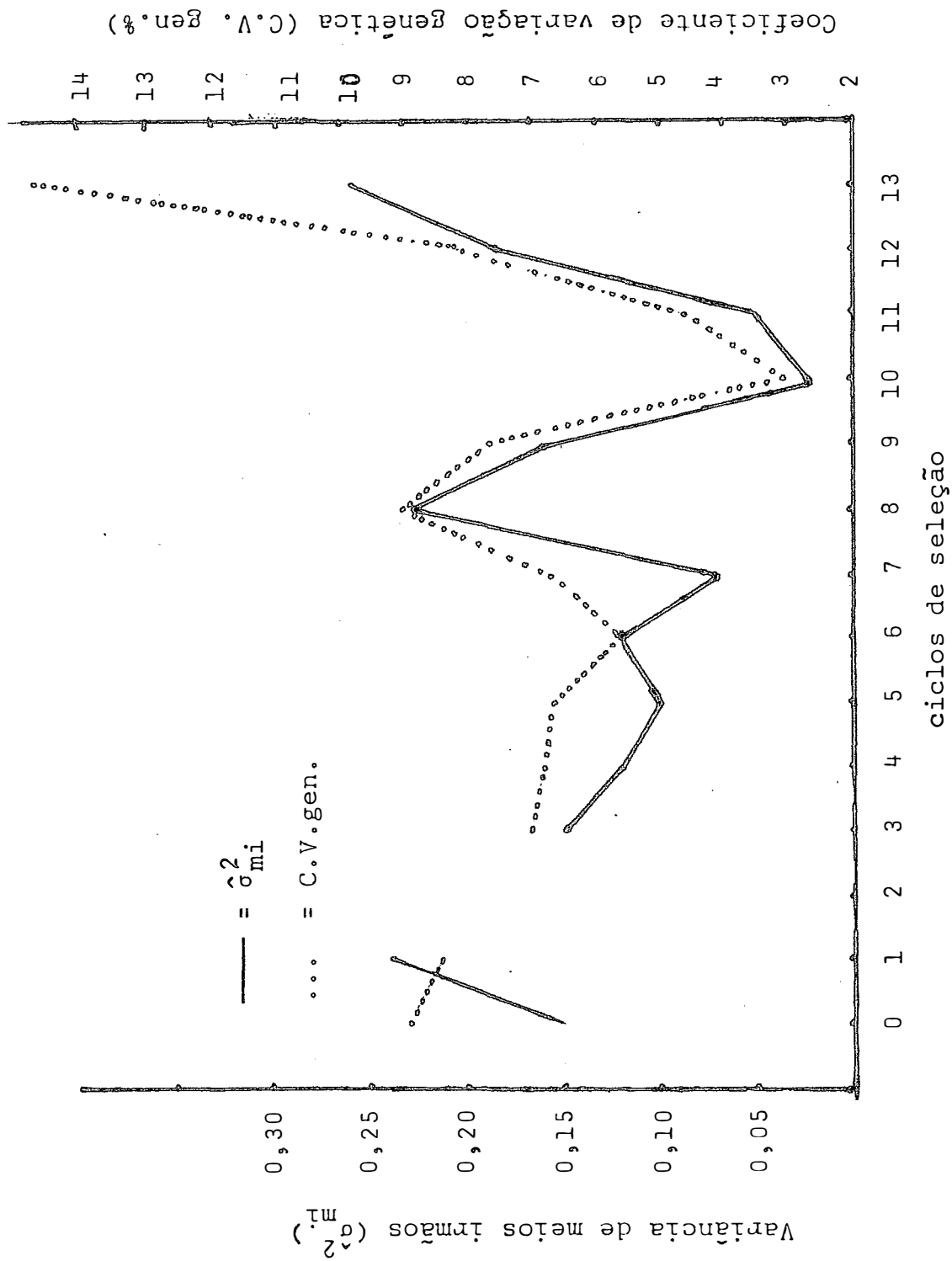


Figura 4. Variabilidade genética para produção de grãos entre as pro-
 gênies de meios irmãos, referentes aos ciclos do IAC Maya,
 expressa em σ_{mi}^2 e correspondente coeficiente de variação ge-
 nética em relação a média da população

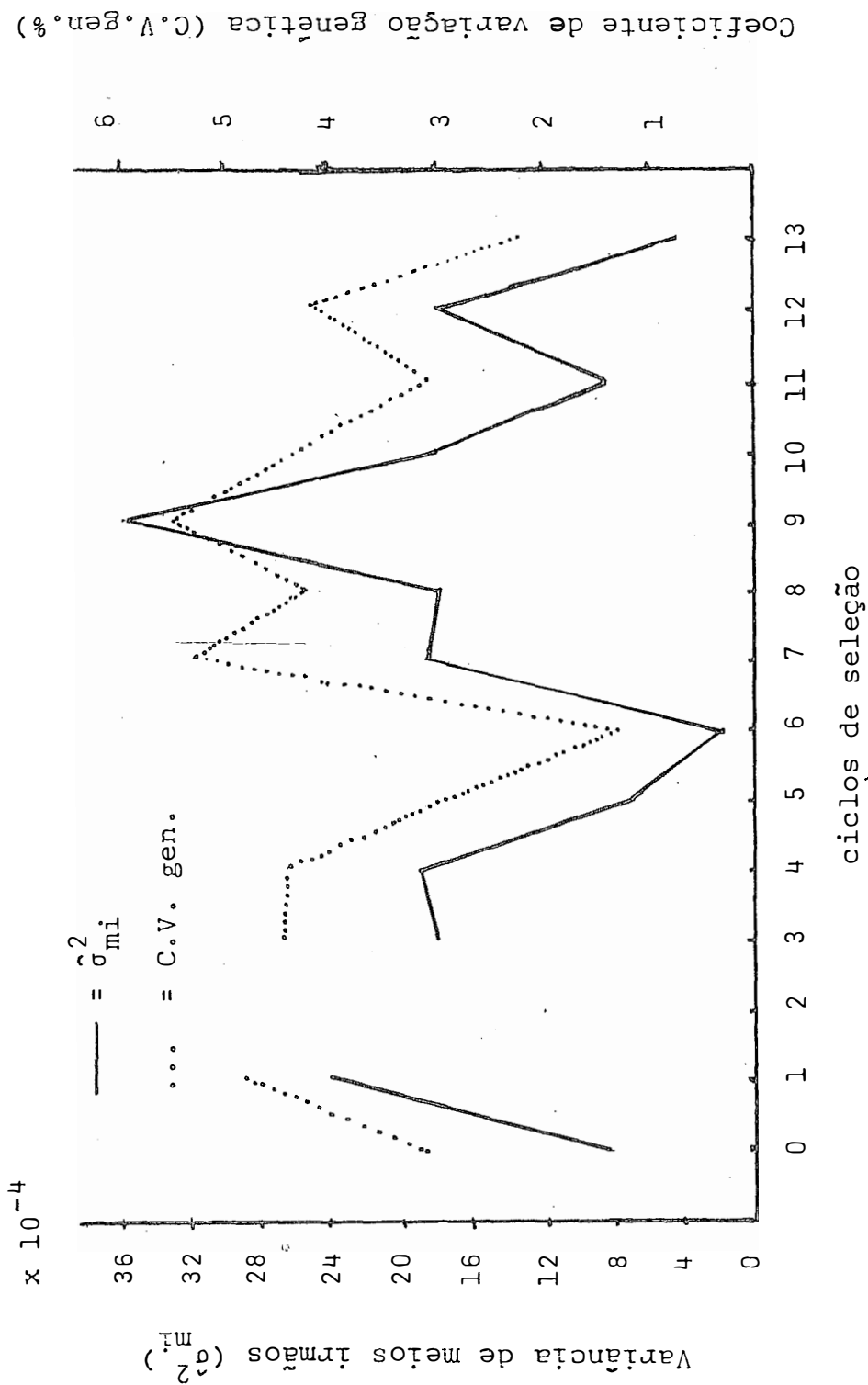


Figura 5. Variabilidade genética para o índice de espiga entre as famílias de meios irmãos dos ciclos referentes ao milho IAC Maya, expressa em σ^2_{mi} e correspondente coeficiente de variação genética em relação a média da população