

AVALIAÇÃO QUANTITATIVA DA ESTRUTURA GENÉTICA
DE UMA POPULAÇÃO DE MILHO PIPOCA

AMADEU REGITANO NETO
Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho

Dissertação apresentada à
Escola Superior de Agricultura
"Luiz de Queiroz", da Univer-
sidade de São Paulo, para
obtenção do título de Mestre
em Agronomia, Área de Concen-
tração: Genética e Melhora-
mento de Plantas.

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Junho de 1993

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

Regitano Neto, Amadeu
R337a Avaliação quantitativa da estrutura genética de
uma população de milho pipoca. Piracicaba, 1993.
115p.

Diss.(Mestre) - ESALQ
Bibliografia.

1. Milho pipoca - Melhoramento 2. Milho pipoca -
Parâmetro genético 3. Milho pipoca - População
I. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz,
Piracicaba

CDD 633.15

AVALIAÇÃO QUANTITATIVA DA ESTRUTURA GENÉTICA
DE UMA POPULAÇÃO DE MILHO PIPOCA

AMADEU REGITANO NETO

Aprovada em 30.06.1993

Comissão julgadora:

Prof. Dr. Eric Balmer

ESALQ/USP

Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho

ESALQ/USP

Prof. Dr. Natal Antonio Vello

ESALQ/USP


Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho

Orientador

À Luciana pelo amor

e amizade,

OFEREÇO

Aos nossos filhos

André e

Henrique

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A todos aqueles que contribuíram direta ou indiretamente para a realização do presente trabalho, especialmente:

Ao Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho pela valiosa orientação e amizade.

À Médica Veterinária Luciana Correia de Almeida Regitano pela dedicação e incentivo.

Ao Dr. Jandir Antonio Frosi (*in memoriam*) pela indispensável colaboração.

Aos pesquisadores Dr. Pedro Furlani e Dra. Marlene Lima pelo apoio na condução dos experimentos em solução nutritiva.

Aos docentes do Departamento de Genética da ESALQ/USP pelos ensinamentos e aos seus funcionários pela colaboração.

Aos funcionários Antônio Miotto e Marcos Cella pelo auxílio indispensável na condução dos experimentos.

Aos meus pais pelo amor, compreensão e constante incentivo

INDICE

	Página
RESUMO.....	iv
SUMMARY.....	vi
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	4
2.1. Milho tipo pipoca.....	4
2.2. Variabilidade genética.....	5
2.2.1. Produção.....	7
2.2.2. Caracteres da planta.....	8
2.2.3. Caracteres da espiga.....	9
2.3. Tolerância ao alumínio.....	10
2.3.1. Acidez nos solos e efeitos tóxicos do alumínio.....	10
2.3.2. Controle genético da tolerância ao alumínio tóxico em milho.....	14
2.3.3. Variabilidade genética para tolerân cia ao alumínio tóxico em milho.....	15
2.4. <i>Exserohilum turcicum</i> (Pass.) Leonard & Suggs	17
2.4.1. Histórico e importância econômica...	17
2.4.2. Raças do patógeno e controle genéti co da resistência.....	18
2.5. Efeitos da endogamia.....	20
3. MATERIAIS E MÉTODOS.....	23
3.1. Materiais.....	23
3.1.1. População de milho pipoca.....	23
3.1.2. Testemunhas.....	23
3.2. Métodos.....	24
3.2.1. Obtenção das progênies do delinea mento I, de autofecundação e de irmãos germanos.....	24
3.2.2. Execução experimental.....	24

	Página
3.2.2.1. Experimentos para avaliação de caracteres agrônomicos....	24
3.2.2.2. Experimentos para avaliação do comprimento de radícula (CR) em presença de alumínio.	27
3.2.2.3. Experimentos para avaliação do nível de resistência a helmintosporiose.....	29
3.2.3. Análises estatístico genéticas.....	30
3.2.3.1. Caracteres agrônomicos.....	30
3.2.3.2. Comprimento de radícula em presença de alumínio.....	33
3.2.3.3. Resistência a helmintopori - riose.....	34
3.2.3.4. Análise agrupada dos experimentos.....	37
3.2.4. Estimativas de parâmetros genéticos.....	38
3.2.4.1. Caracteres agrônomicos e CR em presença de alumínio.....	38
3.2.4.2. Resistência à helmintosporiose.....	42
3.2.4.3. Depressão por endogamia e coeficientes de variação.....	44
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	46
4.1. Médias populacionais.....	46
4.1.1. Médias populacionais para produção e caracteres de espiga.....	46
4.1.2. Médias populacionais para caracteres vegetativos.....	48

	Página
4.1.3. Médias populacionais para comprimento de radícula em presença de alumínio.....	49
4.1.4. Médias populacionais para resistência a helmintosporiose.....	50
4.2. Depressão por endogamia.....	50
4.3. Coeficientes de variação experimental (CVe%), genética (CVg%) e índice de variação genética (b).....	53
4.4. Análise de variância e estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos.....	56
4.4.1. Quadrados médios e testes F.....	56
4.4.2. Estimativas para caracteres de produção, da planta e da espiga.....	58
4.4.3. Estimativas para comprimento da radícula (CR) em presença de alumínio.....	64
4.4.4. Estimativas para resistência à helmintosporiose.....	66
5. CONCLUSÕES.....	68
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	71
TABELAS.....	89
FIGURAS.....	107

AVALIAÇÃO QUANTITATIVA DA ESTRUTURA GENÉTICA
DE UMA POPULAÇÃO DE MILHO PIPOCA

Autor: Amadeu Regitano Neto

Orientador: Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho

RESUMO

O presente trabalho teve por objetivo avaliar a estrutura genética da população de milho pipoca Santa Rosa para sete caracteres quantitativos. As 374 progênies obtidas foram assim distribuídas: 128 de irmãos germanos (IG), 79 de autofecundação (S₁) e 167 progênies do delineamento I (DI). Todas as progênies foram avaliadas em experimentos em blocos casualizados com três repetições para os caracteres agrônômicos: peso de espiga (PE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), diâmetro de espiga (DE) e comprimento de espiga (CE). O comprimento de radícula (CR) em presença de 4,5mg/l de alumínio, em solução nutritiva, mediu a reação ao Al em experimentos em blocos casualizados com três repetições e envolveu 84 progênies S₁ e 84 progênies IG. A reação à helmintosporiose (Ht), causada por *Exserohilum turcicum*, foi avaliada em experimentos em blocos casualizados com uma repetição, envolvendo 128 progênies DI e 79 progênies S₁. Além das médias foram obtidas as estimativas dos parâmetros genéticos a partir dos componentes da ANAVA para todos os experimentos. Foram incluídos, para todos os caracteres, avaliação da depressão por endogamia e histogramas com a distribuição de médias de progênies.

A produção de grãos foi da ordem de 4,0, 3,3 e 4,3t/ha, respectivamente para progênes DI, S₁ e IG. As estimativas da variância entre progênes IG foi superior àquela entre progênes S₁ para PE, CR e Ht, provavelmente devido ao desvio D₁ associado às variâncias entre progênes S₁. Estimativas da variância genética aditiva estiveram no intervalo de: 3,5 a 62,1(g/pl)² para PE; 91,5 a 325,1cm² para AP; 81,9a 319,0cm² para AE; 2,3 a 4,3mm² para DE; 16,4 a 231,7mm² para CE; 8,9 a 64,2cm² para CR; e 163,5 a 367,7x10⁻⁴ para Ht, considerando-se todos os tipos de progênes e as hipóteses $\sigma^2D=0$ e $\sigma^2A=\sigma^2D$. Os efeitos de dominância foram avaliados nos experimentos com progênes DI e com exceção de PE e Ht foram considerados de menor importância. Os coeficientes de herdabilidade (%) foram estimados ao nível de médias de progênes e estiveram entre os valores de: 6,0 a 62,4 (PE); 43,0 a 79,2 (AP); 47,8 a 93,9 (AE); 16,1 a 46,0 (DE); 4,2 a 49,4 (CE); 59,5 a 89,2 (CR); 62,0 a 93,3 (Ht), considerando-se as hipóteses de dominância. A depressão por endogamia ($\bar{S}_1 - \bar{S}_0$) estimada em porcentagem de \bar{S}_0 foi: 20,1 (PE); 20,8 (AP); 21,9 (AE); 18,5 (DE); 20,9(CE); 2,0 (CR); e 17,3 (Ht). Também foram incluídas as estimativas das contribuições relativas aos homozigotos ($\hat{\mu}+a$) e heterozigotos (\hat{d}).

De modo geral a população apresentou bons níveis de variabilidade para todos os caracteres estudados.

QUANTITATIVE EVALUATION OF THE GENETIC STRUCTURE
OF A POPCORN POPULATION

Author: Amadeu Regitano Neto

Adviser: Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho

SUMMARY

This study was carried out in order to evaluate the genetic structure of Santa Rosa popcorn population for seven quantitative traits. The 374 progenies used herein comprised: 128 full sib families, 79 selfed (S₁) and 167 progenies from design I (DI). All progenies were evaluated independently in a completely randomized blocks experiment with three replications for the agronomic traits: ear yield (PE), plant height (AP), ear height (AE), ear diameter (DE) and ear length (CE). Radicle length (CR) in presence of 4.5mg/l of aluminum (Al) was used to access Al reaction, also evaluated in a completely randomized blocks design with three replications; in these experiments 84 S₁ and 84 FS progenies were involved. Northern corn leaf blight (Ht) (caused by *Exserohilum turcicum*) reaction was evaluated in a completely randomized block experiment with one replication; all DI and S₁ progenies were involved. Besides the means, genetic parameters estimates were taken from the ANOVA components. The inbreeding depression was calculated for all the studied traits. The distributions of progeny means are shown in histograms.

Grain yield was of the order of 4.0 , 3.3 , 4.3t/ha for DI, S₁ and FS progenies, respectively. The estimates of genetic variance among FS progenies were higher than those among S₁ progenies for EY, RL and LB, probably due to D₁ deviation associated to these S₁ estimates. Additive variance estimates ranged from: 3.5 to 62.1(g/pl)² for PE 91.5 to 325.1cm² for AP, 81.9 to 319.0cm² for AE, 2.3 to 4.3mm² for DE, 16.4 to 231.7mm² for CE, 8.9 to 64.2cm² for CR and 163.5x10⁻⁴ to 367.7x10⁻⁴ for Ht, considering all progenies and the hypothesis $\sigma^2D=0$ and $\sigma^2A=\sigma^2D$. Dominance effects from experiments involving DI progenies, except for the traits PE and Ht were of minor importance. Heritability coefficients (%) at progeny mean basis ranged from: 6.0 to 62.4 (PE), 43.1 to 79.2 (AP), 47.8 to 93.9 (AE), 16.1 to 46.0 (DE), 4.2 to 49.4 (CE), 59.5 to 89.2 (CR), 62.0 to 93.3 (Ht), considering the two dominance hypothesis. Inbreeding depression ($\bar{S}_1 - \bar{S}_0$) expressed in percent of \bar{S}_0 were: 20,1 (PE), 20,8 (AP), 21,9 (AE), 18,5 (DE), 20,9(CE), 2,0 (CR) e 17,3 (Ht). The estimates of the contribution due to homozygotes ($\hat{\mu}+a$) and heterozygotes (\hat{d}) were also included.

Under a breeding viewpoint the Santa Rosa popcorn population showed acceptable levels of variability for all studied traits.

1. INTRODUÇÃO

A mais remota evidência da origem do milho data de 2500 AC (MANGELSDORF & SMITH, 1949). Esse primitivo exemplar do milho era do tipo pipoca. Evidências arqueológicas mostram que o uso do milho pipoca era conhecido das tribos indígenas, principalmente da América do Sul e Central.

De maneira geral, o germoplasma de milho pipoca caracteriza-se por apresentar plantas mais delicadas que as do milho comum: as plantas são menores, de colmo mais fino, possuindo menor número de folhas e são geralmente prolíficas. A quantidade de informação sobre o milho pipoca, relativa tanto a aspectos genéticos quanto agronômicos, é escassa na literatura. Assim o estudo de aspectos relacionados à variabilidade genética, efeitos de heterose e de endogamia, bem como sobre os tipos de ação gênica predominantes são de fundamental importância para o melhoramento genético deste tipo especial de milho.

O milho pipoca, como todos os outros tipos de milho, é afetado por uma série de doenças entre as quais se destaca a helmintosporiose causada por *Exserohilum turcicum* (Pass) Leonard & Suggs.

A resistência de plantas de milho ao ataque de *E. turcicum*, é bem descrita na literatura. São conhecidas fontes de resistência ao patógeno tanto oligogênica como poligênica, sendo que a forma poligênica

não é raça-específica, oferecendo proteção contra as três raças já descritas de *E. turcicum*. O controle da mancha das folhas causada por *E. turcicum* deve ser através da exploração da resistência genética, uma vez que a aplicação de fungicidas somente se justifica, economicamente, em campos de alto valor comercial. A ocorrência da doença ocasiona redução na produção e qualidade de grãos, com prejuízos variáveis, podendo ser da ordem de 70% .

Um outro problema da cultura do milho, particularmente do milho pipoca, refere-se à sensibilidade à acidez e ao alumínio tóxico no solo. A ocorrência de solos ácidos nos trópicos é bastante comum, estando a acidez associada, em muitos casos, à baixa fertilidade desses solos. No Brasil, o problema ocorre em grandes áreas do seu território, principalmente naqueles sob vegetação de cerrado. Os solos predominantes são latossolos, fortemente ácidos, com baixos valores de CTC efetiva, alta saturação de alumínio e reduzida disponibilidade de fósforo (LOPES & COX, 1977). A utilização de corretivos da acidez do solo nem sempre é técnica viável sob o ponto de vista prático e econômico. Levando-se em conta os crescentes custos dos processos de obtenção, transporte e aplicação desse insumo. A adaptação de plantas para a condição de elevada acidez oferece uma solução mais satisfatória e econômica que a modificação do solo.

A tolerância ao alumínio tóxico medida através do comprimento da radícula de plântulas crescidas em presença de Al é caráter quantitativo controlado por genes com baixos níveis de dominância (LIMA *et alii*, 1992).

O uso de métodos mais rápidos para a avaliação de plantas de milho pipoca tolerantes ao Al, assume significativa importância na pronta identificação

de materiais tolerantes com conseqüente aceleração dos programas de melhoramento.

O presente trabalho teve por objetivo a avaliação de parâmetros genéticos da população 'Santa Rosa' de milho pipoca, quanto a caracteres agronômicos, resistência a *E. turcicum* e ao tolerância a alumínio tóxico, incluindo uma avaliação de depressão por endogamia para os caracteres estudados.

2. REVISÃO DE LITERATURA

Deve-se salientar, inicialmente, que a maior parte das informações apresentadas nesta revisão, referem-se a materiais de milho 'normais', visto a escassa disponibilidade, na literatura, de dados referentes a materiais do tipo 'pipoca'.

2.1. Milho tipo pipoca

Tão remota quanto a própria domesticação do milho, o milho tipo pipoca teve importante papel no desenvolvimento pré-histórico do milho.

BRIEGER (1949) apresenta o milho pipoca pontudo, cultivado por índios Tupi-Guarani e Caingang na região de Pilcomayo-Paraguai-Paraná, e considera esse tipo como verdadeiramente primitivo, onde espigas tripsacóides não são raras.

KULESHOV (1933) classifica o milho tipo pipoca como *Zea mays everta*, distinguindo-o dos outros tipos de milho pela sua capacidade de estourar resultante de uma abrupta expansão do tecido do endosperma causada pela ação do calor, aliado ao óleo e umidade presentes no grão. Esta característica é de herança poligênica, com alta herdabilidade e baixa influência ambiental (ALEXANDER & CREECH, 1977).

Em tempos atuais a popularidade tanto no

meio rural quanto no urbano, a organização do sistema de produção, industrialização e comercialização são reflexos da sua importância no hábito alimentar no Brasil e em outras regiões.

2.2. Variabilidade genética.

A possibilidade de se estimar os componentes da variação genética, conforme partição teórica apresentada por FISHER (1918), foi uma das mais importantes contribuições da genética quantitativa para o melhoramento das plantas, pois tais conhecimentos auxiliam na escolha da população básica e do método de seleção, (CANTON, 1988; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

Várias metodologias têm sido empregadas na obtenção das estimativas dos componentes de variância. Os trabalhos de COMSTOCK & ROBINSON (1948, 1952) são de particular significado, pois foram os que primeiramente, através dos delineamentos I, II e III, permitiram as estimativas dos componentes da variação genética em populações de milho. Esses delineamentos envolvem diversos tipos de progênies e mostram, baseando-se na covariância entre indivíduos aparentados, como os componentes da variância são estimados a partir das variâncias entre progênies.

Dentre os diversos esquemas, o delineamento I (COMSTOCK & ROBINSON, 1948) tem sido bastante utilizado. Segue um modelo de classificação hierárquica, através do envolvimento de cruzamentos de plantas So, tomadas como machos, com uma série de outras plantas escolhidas como fêmeas (receptoras de pólen). Essas são diferentes daquelas doadoras de pólen, sendo que cada planta usada como macho é cruzada com um diferente conjunto de fêmeas,

isto é, m machos são cruzados com f fêmeas de modo a produzirem mf progênes para avaliação (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

Ao nível intrapopulacional, tais delineamentos foram extensivamente aplicados em diversos tipos de populações de milho (ROBINSON *et alii*, 1949; GOODMAN, 1965; SUBANDI & COMPTON, 1974; SILVA & HALLAUER, 1975; entre muitos outros). As estimativas obtidas para diversos caracteres indicaram preponderância da variância genética aditiva, seguida da variância genética dominante e das variâncias epistáticas, sendo esta última considerada desprezível. Quando o estudo é baseado em populações F₂ pode-se também estimar o grau médio de dominância, o que permite inferências sobre o tipo de ação gênica envolvida no controle de caracteres. Outros esquemas de obtenção de progênes também são utilizados para a estimação de componentes de variância genética. No Brasil, as famílias de meios irmãos têm sido amplamente utilizadas para esse fim (VENCOVSKY *et alii*, 1988). Em alguns casos também têm sido utilizadas famílias endogâmicas com uma ou mais gerações de autofecundação (VALOIS, 1982; MARQUES, 1988; NASS, 1992).

Dentre as várias metodologias utilizadas no melhoramento de populações (SPRAGUE & EBERHART, 1977; HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988), o esquema de seleção com famílias endogâmicas tem sido recomendado principalmente para caracteres de baixa herdabilidade (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1987). O que se justifica pelo fato da endogamia promover um aumento na variância genética entre progênes, e também no progresso esperado por seleção. Além disso, a possibilidade de seleção contra genes letais ou deletérios (HALLAUER, 1980) leva a uma diminuição do efeito de depressão por endogamia em populações melhoradas submetidas a autofecundações.

Resultados extraídos de HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) para as estimativas de variância genética aditiva, para produção de grãos, em progênieis endogâmicas são da ordem de $302,5 (g/pl)^2$ em progênieis S_2 da população BSSK 13 e $241,2 (g/pl)^2$ em progênieis S_1 da população BSK.

2.2.1. Produção

O aumento da produção do milho tem se constituído meta prioritária dentro de programas de melhoramento de populações. A existência de suficiente variabilidade genética para o caráter na população trabalhada é ponto fundamental para que esse objetivo seja alcançado com êxito.

ROBINSON *et alii* (1955) utilizando o delineamento I (COMSTOCK & ROBINSON, 1948), apresentaram resultados onde se evidenciou a existência de suficiente variabilidade genética aditiva, passível de ser explorada mesmo com o uso de seleção massal, método este, conhecido por sua simplicidade de condução.

A presença de variabilidade genética aditiva tem sido confirmada em diversas populações de milho. HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) e VENCOVSKY *et alii* (1988) promoveram amplo levantamento das estimativas das variâncias genéticas aditivas de populações de milho americanas e brasileiras, respectivamente, demonstrando claramente a existência de suficiente variabilidade genética aditiva para produção. Algumas estimativas recentes desta variância para o caráter produção, são apresentadas na Tabela 01. No Brasil, a perspectiva de seleção em função da variabilidade genética em populações tem sido evidenciada por diversos autores (CRISÓSTOMO, 1978; LORDELO, 1982; SOUZA JÚNIOR, 1983; SANTOS, 1985;

BENITEZ TORRES, 1986; BIGOTO, 1988; MARQUES, 1988; SILVA, 1990; MAMEDE, 1991; NASS, 1992).

Tabela 01. Estimativas da variância genética aditiva para produção (g/planta)², em populações de milho.

POPULAÇÃO	VARIÂNCIA ADITIVA	REFERÊNCIAS
ESALQ PB-1	218,80	BIGOTO (1988)
SUWAN DMR	316,00	CANTON (1988)
ESALQ PB-2	219,20 ^a	MARQUES (1988)
ESALQ PB-3	234,40 ^a	MARQUES (1988)
ESALQ PB-2	246,60 ^b	MARQUES (1988)
ESALQ PB-3	263,70 ^b	MARQUES (1988)
PIRANÇO VD-2	128,59	SILVA (1990)
PIRANÇO VF-1	290,43	SILVA (1990)
ESALQ PB-1	302,49	ARAÚJO (1992)
ESALQ PB-1×ENTRELAÇADO 1	406,24 ^a	NASS (1992)
ESALQ PB-1×CRAVO 4	235,54 ^a	NASS (1992)
Pops. brasileiras [#]	306,10	MIRANDA FILHO (1985)
Pops. brasileiras	309,00	VENCOVSKY <i>et alii</i> (1988)
Pops. americanas	469,10	HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988)

(a) Hipótese $\sigma^2A = \sigma^2D$; (b) Hipótese $\sigma^2D = 0$

(#) médias de 45, 58 e 99 estimativas, respectivamente.

2.2.2. Caracteres da planta

De acordo com LIMA & PATERNIANI (1977) além da produção, os caracteres: altura de inserção da espiga e acamamento devem ser considerados como os principais dentro das prioridades estabelecidas para o melhoramento do milho. Os estudos sobre componentes de variação genética conduzidos por GARDNER *et alii* (1953), ROBINSON

et alii (1955) e HALLAUER (1971) mostraram que esses caracteres são controlados predominantemente por genes com efeitos aditivos e com dominância parcial (COMSTOCK & ROBINSON, 1948; ROBINSON *et alii* 1951).

BENITEZ-TORRES (1986) avaliando progênies de irmãos germanos obtidas por cruzamentos em cadeia das populações ESALQ PB-4 e ESALQ PB-5 obteve estimativas da variância genética aditiva para altura de planta e altura de espiga da ordem de 289,11 e 149,38 para ESALQ PB-4 e 180,31 e 96,58 (cm/pl)² para ESALQ PB-5, respectivamente.

HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) encontraram para altura de planta e altura de espiga, num levantamento de 45 e 52 trabalhos, respectivamente, valores de 212,90 e 152,70 (cm/pl)² para médias de estimativas de variância genética aditiva.

NASS (1992) estudando populações semi-exóticas de milho apresentou valores de 235,32 e 224,22 para o cruzamento ESALQ PB-1 x Entrelaçado-1 e de 285,90 e 245,30 (cm/planta)² para o material ESALQ PB-1 x Cravo-4 para variância aditiva média para os caracteres altura de planta e altura de espiga, respectivamente.

2.2.3. Caracteres da espiga

Dentre os vários caracteres de espiga que contribuem para a produção, somente o comprimento e diâmetro da espiga fizeram parte deste trabalho. Para esses caracteres têm sido evidenciada suficiente variabilidade genética aditiva desde os trabalhos básicos iniciais de ROBINSON *et alii* (1951, 1955) até recentemente com MARQUES (1988) e NASS (1992), entre outros. A Tabela 02 apresenta esses dados, bem como outras estimativas de interesse.

Tabela 02. Estimativas da variância genética aditiva para comprimento de espiga e diâmetro de espiga em populações de milho.

POPULAÇÕES	σ^2_A #		REFERÊNCIAS
	CE	DE	
Populações F ₃	91,09	2,89	ROBINSON <i>et alii</i> (1951)
Jarvis	102,20	3,00	ROBINSON <i>et alii</i> (1955)
Indian Chief	200,80	4,64	ROBINSON <i>et alii</i> (1955)
Iowa Stiff Stalk			
Synthetic Co	145,00	3,43	HALLAUER (1971)
C ₄	111,00	3,06	HALLAUER (1971)
Corn Borer			
Synthetic CB ₀	90,00	1,81	HALLAUER (1971)
CB ₄	143,00	1,88	HALLAUER (1971)
ESALQ PB-2 (S ₂)	83,04	4,46	MARQUES (1988)
ESALQ PB-3 (S ₂)	99,46	4,73	MARQUES (1988)
EPB1 x ENTRELAÇADO1	346,08*	17,78*	NASS (1992)
ESALQ PB-1 x CRAVO4	157,36*	5,71*	NASS (1992)

(#) estimativas expressas em (cm/pl)² multiplicadas por 10².

(*) valores estimados considerando ausência de dominância.

2.3. Tolerância ao alumínio

2.3.1. Acidez nos solos e efeitos tóxicos do alumínio

O alumínio é o mais abundante metal e o terceiro elemento mais comum na crosta terrestre (WILLS, 1990). Nos dias de hoje, evidências já demonstraram que o alumínio trocável (Al) é o cátion dominante em solos ácidos com pH igual ou inferior a 5,0 (COLEMAN & THOMAS, 1967). Acidez geralmente é resultante da hidrólise do Al

na solução do solo e conseqüente produção de íons hidrogênio (H^+) (KAMPRATH, 1972).

Em regiões com alta precipitação, os solos sofrem intensa lixiviação de bases e conseqüente aumento da acidez é observado. Essa condição determina a presença de alumínio, manganês e outros elementos trocáveis a níveis tóxicos, para as plantas, na solução do solo ou em concentração suficiente para influenciar significativamente a retenção e disponibilidade de cationes e anions fertilizantes (SILVA, 1976).

Solos de cerrado, no Brasil, ocupam cerca de 1,8 milhões de km^2 . Avaliando esses solos numa área de 600.000 km^2 , no Brasil Central, LOPES & COX (1977) coletaram 518 amostras da camada superficial desses solos. A distribuição de frequências desses dados mostrou que o pH médio (em H_2O) foi de 5,0 com 48% das amostras variando de 4,3 a 5,0, determinando solos fortemente ácidos com baixa capacidade de troca catiônica e elevado grau de saturação de Al (média de 59%).

KAMPRATH (1972) demonstrou que índices de saturação de Al devem ser menores que 45% para máximo desenvolvimento de plantas de milho. Enquanto OLMOS & CAMARGO (1976) relataram índices de 25% reduzindo a produção do milho.

A utilização de corretivos para neutralizar o Al é prática normalmente adotada, mas devido ao seu sistema de incorporação superficial, o Al permanece solúvel no subsolo, restringindo o sistema radicular à camada arável (15 a 30 cm). Essa condição contribui para a pequena resistência das plantas a veranicos, devido a incapacidade de absorver a água ainda presente em horizontes mais profundos, além da maior facilidade de acamamento das plantas pela deficiente sustentação conferida pelo sistema radicular restrito e superficial.

Desta forma, a utilização de genótipos tolerantes ao Al se apresenta como alternativa, diante dessa condição de estresse, contribuindo de maneira eficaz para o aumento da produtividade e estabilidade da produção do milho pipoca em terras de cerrado no Brasil.

O efeito tóxico do Al em sistemas biológicos tem sido amplamente divulgado e descrito (PETTERSSON *et alii*, 1985; CHEN *et alii*, 1991). Os efeitos fisiológicos propostos incluem: interação Al-DNA (KARLIK *et alii*, 1980); distúrbio do metabolismo do fosfato (VIOLA *et alii*, 1980); interação com paredes e membranas celulares (HAUG, 1984).

Os sintomas gerais da toxidez do Al em plantas foram descritos por FOY *et alii* (1978), onde os sintomas foliares assemelham-se àqueles de deficiência de fósforo e as raízes danificadas pelo Al tornam-se curtas, compactas e frágeis. O sistema radicular como um todo torna-se deficiente em ramificações e ineficientes na absorção de água e nutrientes.

Muitos pesquisadores têm demonstrado que a toxidez de Al afeta a absorção, translocação e utilização de vários nutrientes, entre eles Ca, P, K e Mg (FOY, 1984; EDWARDS *et alii*, 1976; FOY *et alii*, 1978; CLARK *et alii*, 1981; FURLANI & CLARK, 1981).

Os efeitos nocivos do Al tóxico em plantas de milho, bem como a avaliação e seleção de materiais em presença de Al, têm sido relatados a partir de experimentos em campo, em solos com alta saturação de alumínio (NASPOLINI FILHO *et alii*, 1981); de experimentos em casa de vegetação utilizando-se vasos com solos ácidos e de experimentos em solução nutritiva com adição de alumínio (MAGNAVACA, 1982; FURLANI & HANNA, 1984; MAGNAVACA *et alii*, 1986; LOPES *et alii*, 1987b; LIMA *et alii*, 1992).

Experimentos em solução nutritiva permitem visualizar e quantificar o efeito tóxico do Al em plantas. Usando essa técnica LIGNON & PIERRE (1932), primeiramente, determinaram que injúrias nas raízes de plantas de milho ocorreram após três dias em solução com 37mM de Al e que tanto maior foi o dano quanto maior foi a concentração de Al na solução.

BAHIA FILHO *et alii* (1978), avaliando 363 linhagens de milho em solos bem adubados, sem a aplicação de calcáreo e com alta saturação de Al (55%) observaram o definhamento e morte das linhagens aos 15 e 60 dias do plantio de 19% e 70%, respectivamente. Ficou evidenciado, desta forma, a grande sensibilidade das linhagens avaliadas à acidez do solo e sua conseqüente alta saturação em Al. Tais resultados sugerem que a adaptação de materiais aos solos de cerrado deve iniciar-se, prioritariamente, com o melhoramento das populações para as condições de estresses presentes nesse tipo de solo.

LIMA *et alii* (1992) estudando linhagens divergentes (P₁ e P₂) e geração F₁ derivadas da população IAC-Taiúba em solos fortemente ácidos com 62% de saturação de Al e 12% de saturação de bases, observaram que a seleção para genes controlando a tolerância a Al afetou indiretamente a produção de grãos e concluíram que a seleção divergente para esse caráter deve resultar em diminuição ou promoção de certos processos fisiológicos que limitam a produção de grãos.

MAGNAVACA (1982) relaciona vários aspectos fisiológicos envolvidos na tolerância de plantas ao Al: a interferência do Al na nutrição de fósforo (FOY *et alii*, 1978; BAHIA FILHO *et alii*, 1979); a capacidade da planta em barrar a entrada de Al ou a sua translocação (RASMUSEN, 1968); a propriedade da planta de alterar o pH da solução nutritiva ou do solo (CLARK & BROWN, 1974;

EMBRAPA, 1980); a capacidade da planta em utilizar nitrogênio em presença de Al (CUNHA FILHO, 1980); a concentração de ácidos orgânicos na raiz, sua reconhecida ação quelante protege a planta dos efeitos tóxicos do Al (FOY & BROWN, 1964; SUHAYDA & HAUG, 1986); a interferência do Al na absorção de Ca, Fe, Mg, K e outros minerais (FOY, 1974; CLARK, 1977); a capacidade de troca catiônica das raízes (VOSE & RANDALL, 1962); a atividade da fosfatase de raiz em presença de Al (CLARK, 1975; FURLANI, 1981).

2.3.2. Controle genético da tolerância ao alumínio tóxico em milho

STOCKMEYER *et alii* (1978) e RHUE (1979) trabalhando com linhagens americanas de milho verificaram que a tolerância era determinada por um único loco com múltiplos alelos. Enquanto GARCIA & SILVA (1979) e SILVA (1979) utilizando linhagens brasileiras, concluíram que o caráter tolerância ao Al é controlado por um único gene dominante com possíveis alterações por genes modificadores.

MAGNAVACA (1982), avaliando a tolerância em 6 gerações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁, RC₂) derivadas de cruzamentos entre linhagens de milho tolerantes e sensíveis, observou que os efeitos genéticos aditivos explicaram melhor a variação genética que os efeitos de dominância, embora estes tenham sido estatisticamente significantes. Os efeitos epistáticos foram pequenos quando comparados a outros efeitos genéticos. Em cruzamentos entre linhagens não tolerantes, os efeitos gênicos de dominância foram os mais importantes seguidos pelos efeitos epistáticos e aditivos, respectivamente. A distribuição de frequências entre plantas da geração F₂

foi contínua, unimodal e típica de herança poligênica, com tendência geral para sensibilidade ser dominante sobre tolerância.

LOPES *et alii* (1987a) evidenciaram entre outros resultados, a ausência de herança materna na tolerância genética do milho ao Al, indicando que genes citoplasmáticos não têm participação direta na herança do caráter.

LIMA *et alii* (1992) sugeriram, baseados na distribuição fenotípica das gerações estudadas, que o caráter comprimento de radícula em presença de alumínio é de herança quantitativa, e pelo estudo do padrão de variação entre as gerações, que esse caráter é controlado por genes com baixos níveis de dominância.

2.3.3. Variabilidade genética para tolerância ao alumínio em milho

Variabilidade genética entre linhagens, híbridos e populações de milho para tolerância ao Al tem sido evidenciada por muitos autores (CLARK & BROWN, 1974; RHUE & GROGAN, 1977; BAHIA FILHO *et alii*, 1978; STOCKMEYER *et alii*, 1978; BAHIA FILHO *et alii*, 1979; GARCIA *et alii*, 1979; EMBRAPA, 1980; BERNARDI *et alii*, 1981).

RHUE & GROGAN (1976) estabeleceram procedimento para classificação de materiais de milho em solução nutritiva, onde as plantas são avaliadas pelo aspecto fenotípico do sistema radicular. RHUE & GROGAN (1977) observaram que cerca de 50% das 150 linhagens estudadas se mostraram tolerantes ao Al em solução nutritiva. Verificando ampla variação para níveis de dominância dentro de grupos de materiais de mesma origem.

STOCKMEYER *et alii* (1978) verificaram variabilidade para tolerância ao Al em um composto de clima temperado ("Supermix"); as plantas foram selecionadas pelo método da solução nutritiva proposto por RHUE & GROGAN (1976), e transplantadas para campo onde foram recombinadas aleatoriamente. A comprovação da efetividade da seleção se estabeleceu pela avaliação da população original comparada com a população melhorada.

GARCIA *et alii* (1979) relataram o uso de potes com areia irrigados com solução nutritiva contendo Al. Em condições de câmara de crescimento com iluminação fluorescente, 66 linhagens endogâmicas foram avaliadas, e valores relativos foram obtidos pelo quociente das mensurações de plantas crescidas em presença de Al pelas mesmas plantas crescidas em solução nutritiva sem Al. A visualização dos sintomas e os parâmetros relativos obtidos foram considerados as melhores características para a determinação da tolerância ao efeito tóxico do Al em plantas de milho.

LIMA *et alii* (1992) utilizando dados de comprimento de radícula das gerações parentais (P₁ e P₂) e seus cruzamentos (F₁, F₂, B₁ e B₂) no estudo da tolerância ao alumínio tóxico da população IAC-Taiúba de milho, estimaram a herdabilidade no sentido amplo, média para os cruzamentos (F₁, F₂, B₁ e B₂) em 52,6%, variando de 36,0% em B₁ a 70,4% em F₂. A alta resposta à seleção divergente para o comprimento de radícula em presença de alumínio (média de 26,1% após 2 ciclos de seleção) foi interpretada pelos autores como uma indicação para a alta herdabilidade do caráter associado a ampla variabilidade genética aditiva.

2.4. *Exserohilum turcicum* (Pass.) Leonard & Suggs

2.4.1. Histórico e importância econômica

Conhecida no Brasil como queima das folhas do milho, mancha foliar ou helmintosporiose, a doença causada pelo *Exserohilum turcicum* (Pass) Leonard & Suggs é uma das mais importantes doenças foliares do milho pipoca.

De ocorrência generalizada em muitas regiões do Brasil esta espécie apresenta sinônimos como: *Helminthosporium turcicum* Pass.; *Bipolaris turcica* (Pass.) Shoemaker; *Drechslera turcica* (Pass.) Subramanian & Jain; fase perfeita, *Setosphaeria turcica* (Luttrell) Leonard & Suggs.

A queima das folhas do milho ganhou importância a partir da ocorrência de surtos epidêmicos entre 1939 a 1943 em vários locais dos Estados Unidos entre o Estado de Indiana e a costa Atlântica. Favorecida pelas condições climáticas durante o ciclo da cultura (ULLSTRUP, 1970), a rápida disseminação da doença se deu pela alta suscetibilidade dos híbridos cultivados (ELLIOT & JENKINS, 1946).

No Brasil, a ocorrência desta doença foi descrita por Costa em 1935 (VIEGAS, 1946), sendo de ocorrência comum, com severidade variável, em estados do Centro Sul do país. Sob severa infestação, aliada a alta umidade e temperaturas amenas, perdas diretas podem ocorrer (SMITH & WHITE, 1988). FAJEMISIN & HOOKER (1974) e RAYMONDO & HOOKER (1981) descreveram perdas resultantes da predisposição das plantas, com moderados níveis de infecção, ao ataque de patógenos causadores de podridão do colmo.

2.4.2. Raças do patógeno e controle genético da resistência

ULLSTRUP & MILES (1957) e ULLSTRUP (1977) demonstraram que híbridos resistentes produziram significativamente mais que híbridos suscetíveis, em condições epidêmicas e após inoculação. RODRIGUES & ULLSTRUP (1962) determinaram a existência de raças hospedeiro-específicas do fungo pela obtenção de ascósporos únicos recombinantes de isolados do fungo que poderiam atacar milho, sorgo, sudangrass, johnsongrass, e re-inoculação em conjunto diferenciais de hospedeiros.

Até 1974, uma única raça fisiológica era conhecida. Neste ano, BERGQUIST & MASIAS (1974) identificaram o que se chamou de raça 2, em culturas no Havaí. O aparecimento da raça 2 nos Estados Unidos foi relatado seis anos após sua identificação por TURNER & JOHNSON (1980). Desde essa data a disseminação da raça 2 teve grande aumento nos Estados Unidos (JORDAN *et alii*, 1983; SMITH, 1984). A raça 3 de *E. turcicum* foi descrita por SMITH & KINSEY (1980) a partir de amostras coletadas no ano de 1976 durante o ciclo de plantio. LIM *et alii* (1974) determinaram que a virulência da raça 2 é controlada por um único gene no patógeno. Formas oligogênicas e poligênicas de resistência já foram identificadas e têm sido amplamente utilizadas em programas de melhoramento de milho para resistência à helmintosporiose.

A resistência oligogênica envolve vários tipos de resistência com a presença de lesões cloróticas (HOOKER, 1961, 1977; HOOKER *et alii*, 1964; ULLSTRUP, 1963), e um tipo de resistência sem o aparecimento de lesão nas folhas do milho (GEVERS, 1975; RAYMONDO & HOOKER 1981).

As resistências com lesão clorótica identificadas são herdadas por um único gene dominante (HOOKER, 1975). São descritos três genes responsáveis pela resistência monogênica com lesão clorótica nas folhas do milho (SMITH & WHITE, 1988). HOOKER (1963) identificou na variedade "Lady finger" de milho pipoca o loco Ht₁ como fonte desse tipo de resistência. Um segundo loco, Ht₂, independente do primeiro foi descrito por HOOKER (1977). E o gene Ht₃ independente de Ht₁ e de Ht₂ foi descrito por SIMONE (1978).

Ht_n é a designação proposta por GEVERS (1975) para o gene dominante que determina a resistência sem lesão nas plantas de milho até a fase pouco posterior à polinização.

No tipo de resistência com lesão clorótica temos que: para a raça 1 do patógeno todos os três genes descritos (Ht₁, Ht₂ e Ht₃) oferecem resistência; enquanto os genes Ht₂ e Ht₃ conferem resistência contra a raça 2 do patógeno e o gene Ht₁ determina resistência contra a raça 3 de *E. turcicum*.

A herança poligênica é expressa pela redução do número e do tamanho das lesões (HUGUES & HOOKER, 1971). Esse tipo de resistência é efetivo para o controle de helmintosporiose em milho (ULLSTRUP, 1970), independente da raça fisiológica do patógeno presente.

JENKINS *et alii* (1952) e JENKINS & ROBERT (1952) estudando as reações em linhagens e progênies resultantes do cruzamento entre linhagens resistentes e suscetíveis, observaram que a resistência é controlada por um grande número de genes, devido à variação na capacidade de transferência entre as linhagens resistentes.

ELLIOTT & JENKINS (1946) utilizaram na avaliação de plantas atacadas uma escala de seis níveis,

com base na porcentagem de tecido atacado. Concluíram ser possível a diferenciação de materiais resistentes e suscetíveis através do uso desse sistema de notas.

Um eficiente programa de melhoramento deve incluir pelo menos uma avaliação das plantas antes do florescimento e somente materiais com um bom nível de resistência devem ser usados nas polinizações controladas. Desta forma, o conhecimento da doença na fase inicial da cultura e a severidade do ataque no início do florescimento podem auxiliar os programas de melhoramento para resistência à queima das folhas do milho (LEATH & PEDERSON, 1990).

2.5. Efeitos da endogamia

A mais notável consequência observada da endogamia é a redução do valor fenotípico, mostrado pelos caracteres relacionados com a capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica (FALCONER, 1960).

Em milho, o uso de progênies endogâmicas, obtidas através de autofecundações sucessivas, tem sido recomendado para caracteres de baixa herdabilidade (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1987). Nesse processo, os caracteres são fixados nas diferentes progênies autofecundadas. Os caracteres indesejáveis, não sendo adaptativos, contribuem para a redução do potencial de produção, enquanto que os favoráveis tendem a ser preservados (JENKINS, 1936; STEBBINS, 1957).

Estudos no sentido de avaliar a depressão por endogamia, em populações brasileiras, têm sido conduzidos, visto que materiais atualmente disponíveis apresentam acentuada carga genética (MARQUES, 1988).

LIMA *et alii* (1984) reportaram, para 32 populações brasileiras, que a depressão por endogamia após uma geração de autofecundação variou de 27,0 a 59,9% para produção de grãos, de 6,6 a 20,3% para altura de planta e de 6,9 a 27,4% para altura de espiga. Verificaram também que as populações derivadas de linhagens endogâmicas apresentaram valor médio de 34,0% de depressão, enquanto que nos compostos e variedades de polinização livre a média foi de 41,3%.

HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) apresentaram levantamento de estimativas da depressão por endogamia ao nível de 50% de homozigose (Tabela 03).

Tabela 03. Depressão por endogamia apresentada por diversas populações ao nível de 50% de homozigose.

CARACTERES	INTERVALO DE VARIACÃO
Produção	42,2 a 72,1 (g/planta)
Altura da planta	7,8 a 33,4 (cm)
Altura da Espiga	9,0 a 29,6 (cm)
Diâmetro da Espiga	4,3 a 5,7 (mm)
Comprimento da Espiga	7,5 a 22,0 (mm)

MARQUES (1988) apresentou resultados para depressão por endogamia em progênies S₁ do segundo ciclo de seleção da ordem de 42,5 e 43,8% para peso de campo e de 43,7 e 49,2% para peso de grãos nas populações ESALQ PB-2 e ESALQ PB-3, respectivamente, evidenciando a elevada carga genética nessas populações.

NASS (1992) obteve valores médios de depressão por endogamia em progênies S₁ das populações semi-exóticas de milho ESALQ PB-1xEntrelaçado 1 e ESALQ

PB-1xCravo 4, que foram respectivamente: 44,8 e 45,0% para peso de espiga; 13,7 e 12,8% para altura de planta; 15,9 e 14,2% para altura de espiga; 17,1 e 12,4% para diâmetro de espiga; 18,7 e 15,8% para comprimento de espiga.

3. MATERIAIS E MÉTODOS

3.1. Materiais

3.1.1. População de milho pipoca

A população de milho pipoca denominada 'Santa Rosa' foi obtida por seleção massal a partir de uma população híbrida segregante, cultivada por agricultores da região de Piracicaba. Trata-se de uma população do tipo americano (grãos amarelos e redondos) de porte intermediário e boa produtividade de grãos. Nos ciclos de seleção massal praticados, foi observado variabilidade para produção e outras características de interesse, tais como: altura de planta, altura de espiga, comprimento e diâmetro da espiga, tipo e tamanho de grão, resistência ao acamamento, resistência a pragas e doenças. Além disso, por se tratar de material cultivado comercialmente, apresenta boas características quanto à capacidade de expansão e textura do floco.

3.1.2. Testemunhas

Como testemunhas, nos experimentos em solução nutritiva, foram utilizados os híbridos simples H-1227 e H-7777, de milho comum, reconhecidamente tolerante e sensível, respectivamente, à toxidez de alumínio.

3.2. Métodos

3.2.1. Obtenção das progênies do delineamento I, de autofecundação e de irmãos germanos

No ano agrícola de 1989/90, no campo experimental do Departamento de Genética (campus) da ESALQ-USP foi plantada a população de milho pipoca Santa Rosa, onde se efetuaram os cruzamentos dirigidos em três áreas adjacentes.

As progênies do Delineamento I (COMSTOCK & ROBINSON 1948) foram obtidas cruzando-se uma planta macho (doadora de pólen) com 3 a 4 plantas fêmeas (receptoras de pólen) resultando parentesco de irmãos germanos nas progênies de cruzamento planta a planta e de meios irmãos entre progênies derivadas de um mesmo macho. As progênies de autofecundação e de irmãos germanos foram obtidas nas áreas adjacentes através de polinização manual, totalizando: 167 progênies do Delineamento I, sendo 87 resultantes do cruzamento de 3 fêmeas com 1 macho (3:1); 80 provenientes do cruzamento de 2 fêmeas com 1 macho (2:1); 85 progênies de autofecundação (S₁); e 128 progênies de irmãos germanos (IG).

3.2.2. Execução Experimental

3.2.2.1. Experimentos para avaliação de caracteres agronômicos

As 380 progênies foram avaliadas no município de Piracicaba, no campo experimental do Departamento de Genética (ESALQ-USP), no ano agrícola de 1990/91.

As progênies foram distribuídas em cinco experimentos em blocos casualizados com três repetições em parcelas de dois metros quadrados contendo 10 plantas por parcela. Os cinco experimentos foram assim identificados:

Experimento 01: 87 progênies do delineamento I (1 macho: 3 fêmeas);

Experimento 02: 80 progênies do delineamento I (1 macho: 2 fêmeas);

Experimento 03: 79 progênies de autofecundação;

Experimento 04: 64 progênies de irmãos germanos;

Experimento 05: 64 progênies de irmãos germanos.

Em cada experimento foram avaliados os seguintes caracteres agronômicos, conforme descrição que se segue:

Altura de Planta (AP): distância em centímetros entre a superfície do solo, contígua ao colo da planta, e a última inserção de folha, determinada através de régua dividida em unidades de cinco centímetros. Essa medida foi feita em cinco plantas competitivas, tomadas ao acaso dentro da parcela.

Altura de espiga (AE): a medida de AE foi obtida nas mesmas plantas e com a mesma régua que se mediu a AP e corresponde à distância em centímetros, entre a superfície do solo, contígua ao colo da planta, e a inserção da primeira espiga.

Comprimento de espiga (CE): amostras ao acaso, da primeira espiga, foram retiradas de uma a cinco plantas competitivas dentro da parcela. O comprimento total das espigas foi tomado utilizando-se uma régua com cursor e

escala milimétrica, especialmente confeccionada para esse fim. Considerou-se como CE o valor médio obtido da medição de toda a extensão dos sabugos, independente da presença ou não de grãos na base ou extremidade.

Diâmetro de espiga (DE): logo após a determinação de CE mediu-se o diâmetro das espigas usando a régua já descrita. Em função da conicidade das espigas, considerou-se DE o valor médio obtido da medição conjunta das espigas na sua parte mediana.

Peso de espiga (PE): foi efetuado com as espigas despalhadas, utilizando-se todas as espigas colhidas na parcela. O PE foi obtido através de uma balança marca Toledo, com capacidade máxima de 5kg e sensibilidade ao nível de gramas. Considerou-se PE o peso médio obtido para cada parcela.

Foi realizada correção no caráter PE para o estande ideal de 10 plantas, através da metodologia de correção por covariância modificada por Miranda Filho (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992). A partir das análises de variância e covariância para estande e produção, em blocos casualizados, estimou-se o coeficiente de regressão linear (b), obtido por: $b = SP_{xy} / SQ_x$, sendo x o estande e y a produção; SP_{xy} a soma de produtos residual da análise de covariância estande x produção; SQ_x a soma de quadrados residual da análise de variância para estande.

⁴. MIRANDA FILHO, J.B. (Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/ USP, Piracicaba, SP) Comunicação Pessoal.

A correção foi efetuada ao nível de total de parcelas, e o peso de campo corrigido (Pc) foi obtido como se segue:

$$Pc = P - b(x - 10), \text{ onde,}$$

- Pc : peso corrigido de espigas;
 P : peso observado de espigas;
 b : coeficiente de regressão linear do peso de espiga em relação às variações de estande;
 x : estande observado.

3.2.2.2. Experimentos para avaliação do comprimento de radícula (CR) em presença de alumínio

Foram instalados oito ensaios para avaliação do CR de 84 progênies S₁ e 84 progênies IG. Cada ensaio consistiu na avaliação de 21 progênies com a presença de testemunhas tolerante e sensível ao alumínio conforme descrição que se segue:

Experimento 06, 07, 08, 09: progênies S₁;

Experimento 10, 11, 12, 13: progênies IG.

O delineamento experimental foi de blocos casualizados com três repetições, onde cada parcela foi constituída de seis plântulas de cada progênie avaliada. O número de plântulas nas testemunhas foi de quatro e estiveram presentes em todos os ensaios.

Esses ensaios foram realizados em casa de vegetação do Instituto Agrônomo de Campinas, segundo procedimento de FURLANI & HANNA (1984). A variável CR das plântulas foi avaliada em solução nutritiva contendo 4,5mg de alumínio por litro de solução, após dez dias de tratamento.

A composição das soluções estoques e da solução nutritiva usadas na avaliação do CR no presente trabalho são apresentadas na Tabela 04.

TABELA 04. Composição das soluções estoques e da solução nutritiva utilizadas para cultivar plantas jovens de milho em condição de estresse de alumínio (4,5mg Al/litro).

SOLUÇÃO ESTOQUE			ESTOQUE/SOLUÇÃO		CONC. FINAL NA SOL. NUTRITIVA	
Nº.	COMPONENTES	g/l	ml/l	NUTRIENTE mg/l		
1	Mg(NO ₃) ₂ · 6H ₂ O	142,4	1,4	Ca	150,0	
2	KH ₂ PO ₄	17,6	0,25	K	90,0	
3	Ca(NO ₃) ₂ · 4H ₂ O	270,0	3,3	Mg	19,0	
	NH ₄ NO ₃	33,8		N-NO ₃ ⁻	155,0	
4	FeSO ₄ · 7H ₂ O	24,9	0,33	N-NH ₄ ⁺	20,0	
	Na ₂ EDTA	29,6		P	1,0	
5	KCl	18,6	2,3	B	0,05	
	KNO ₃	24,6		Fe	0,5	
	K ₂ SO ₄	44,0		Mn	0,1	
6	MnCl ₂ · 4H ₂ O	2,34	0,33	Mo	0,02	
	H ₃ BO ₃	2,04		Zn	0,03	
	CUSO ₄ · 5H ₂ O	0,20		Cu	0,01	
	ZnSO ₄ · H ₂ O	0,88				
	Na ₂ MoO ₄ · 2H ₂ O	0,26				

Adaptado de FURLANI & HANNA (1984).

3.2.2.3. Experimentos para avaliação do nível de resistência a helmintosporiose

Com o objetivo de avaliar o potencial genético dessa população de milho pipoca quanto a resistência à queima das folhas do milho (Helmintosporiose) foram instalados na área experimental do Departamento de Genética (ESALQ-USP) três ensaios envolvendo:

Experimento 14: 87 progênies do delineamento I (3:1);

Experimento 15: 80 progênies do delineamento I (2:1);

Experimento 16: 85 progênies S₁.

Os ensaios foram casualizados com uma repetição, o espaçamento utilizado foi de 1,00m entre linhas e 0,20m entre plantas, onde cada parcela foi constituída de dez plantas.

O inóculo foi obtido a partir de folhas com sintomas característicos de suscetibilidade ao patógeno ocorrendo naturalmente no campo do Departamento de Genética da ESALQ-USP. O tecido lesionado foi desinfectado, lavado e transferido para placa de Petri, onde foram incubados, com fonte de umidade, na ausência de luz, a 26°C. Após a esporulação do patógeno, os conídios foram transferidos para placas de Petri com meio de Lactose caseína hidrolisada e incubados por oito dias a 26°C na ausência de luz.

O inóculo foi preparado utilizando-se sementes de sorgo granífero, devidamente umedecidas e autoclavadas, colocadas em contato com esporos do patógeno isolado, seguida de incubação a 26°C, em ausência de luz, por dez dias. Procedeu-se à homogeneização das sementes periodicamente.

As plantas foram inoculadas no estágio de quatro a cinco folhas, usando-se duas a três sementes de sorgo, colonizadas pelo patógeno, colocadas no cartucho de cada planta. A avaliação ocorreu após 20 dias da inoculação e antes do início do florescimento, segundo um sistema de notas, com seis níveis, que variaram de zero a cinco com base na severidade da doença, seguindo critério semelhante ao proposto por ELLIOT & JENKINS (1946) e procedendo-se as devidas adaptações para o estágio de desenvolvimento no qual se achavam as plantas por ocasião da avaliação.

3.2.3. Análises estatístico-genéticas

3.2.3.1. Caracteres agronômicos

As análises de variância dos dados relativos a PE, DE, CE, AP e AE foram efetuadas com base nas médias de progênies, de acordo com o delineamento experimental de blocos casualizados, atendendo ao seguinte modelo matemático:

$$Y_{ij} = \mu + p_i + b_j + e_{ij}, \quad \text{sendo:}$$

- Y_{ij} = observação relativa à progênie i , no bloco j ;
 μ = média geral das progênies no experimento;
 p_i = efeito da progênie i ($i = 1, 2, \dots, r$); $E(p_i) = 0$;
 $E(p_i^2) = \sigma^2_p$;
 b_j = efeito do bloco j ($j = 1, 2, \dots, r$); $E(b_j) = 0$;
 $E(b_j^2) = \sigma^2_b$;
 e_{ij} = erro experimental associado à progênie i no bloco j , $e_{ij} \cap N(0, \sigma^2)$.

Com exceção da média geral, todos os efeitos foram considerados como aleatórios, encontrando-se suas esperanças matemáticas na Tabela 05.

Tabela 05. Esperanças matemáticas dos quadrados médios das análises de variâncias dos experimentos em blocos casualizados com progênie de auto fecundação (S₁), de irmãos germanos (IG) e do delineamento I (DI).

F. V.	G. L	Q. M.	EC(Q. M.) *
Blocos	-	-	
Progênie	GL ₁	QM ₁	$\sigma^2 + r \sigma_p^2$
Erro	GL ₂	QM ₂	σ^2

* σ_p^2 refere-se ao tipo de progênie, no caso: $\sigma_{S_1}^2$, σ_{IG}^2 e σ_{DI}^2

De onde serão estimados:

$$\hat{\sigma}_p^2 = (QM_1 - QM_2) / r$$

$$\hat{\sigma}^2 = QM_2$$

As somas de quadrados de progênie foram posteriormente desdobradas de acordo com o delineamento I (COMSTOCK & ROBINSON, 1948). Nessas análises de variância empregou-se o seguinte modelo matemático:

$$Y_{tuj} = \mu + m_t + f_{u(t)} + b_j + e_{tuj} ,$$

onde se tem, além dos efeitos já definidos no modelo anterior:

$Y_{t u j} = Y_{i j}$ = observação relativa ao cruzamento do macho t com a fêmea u , no bloco j ;

m_t = efeito do macho t ($t = 1, 2, \dots, r$); $E(m_t) = 0$;
 $E(m_t^2) = \sigma_m^2$

$f_{u(t)}$ = efeito da fêmea u , no macho t ($u = 1, 2, \dots, f$);
 $E(f_{u(t)}) = 0$; $E(f_{u(t)}^2) = \sigma_{f/m}^2$

Na Tabela 06, encontram-se as esperanças matemáticas dos experimentos 01 e 02.

TABELA 06. Esperanças matemáticas dos quadrados médios das análises de variâncias segundo o Delineamento I de COMSTOCK & ROBINSON (1948).

Fontes de Variação	G. L.	Q. M.	$E(Q. M.)$
Blocos	-	-	
Progênes	GL ₁	QM ₁	$\sigma^2 + r \sigma_p^2$
Machos	GL _{1.1}	QM _{1.1}	$\sigma^2 + r \cdot \sigma_{f/m}^2 + r \cdot f \cdot \sigma_m^2$
Fêmeas/macho	GL _{1.2}	QM _{1.2}	$\sigma^2 + r \cdot \sigma_{f/m}^2$
Erro	GL ₂	QM ₂	σ^2

Da Tabela 06 são estimados:

Variância de machos:

$$\hat{\sigma}_m^2 = (QM_{1.1} - QM_{1.2}) / r \cdot f$$

Variância de fêmeas dentro de macho:

$$\hat{\sigma}_{f/m}^2 = (QM_{1.2} - QM_2) / r$$

3.2.3.2. Comprimento da radícula em presença de alumínio

As análises de variância desses experimentos foram efetuadas com base nas médias dos CR de progênies de acordo com o delineamento experimental de blocos casualizados. As testemunhas tolerante e sensível à toxidez de Al não foram consideradas na análise.

O delineamento experimental de blocos casualizados, atendeu ao seguinte modelo matemático:

$$Y_{ijk} = \mu + p_i + b_j + e_{ij} + d_{ijk} \quad , \text{ sendo:}$$

Y_{ijk} = observação relativa ao indivíduo k , da progênie i no bloco j ;

μ = média geral das progênies no experimento;

p_i = efeito da progênie i ($i = 1, 2, \dots, r$); $E(p_i) = 0$;
 $E(p_i^2) = \sigma^2_p$

b_j = efeito do bloco j ($j = 1, 2, \dots, r$); $E(b_j) = 0$;
 $E(b_j^2) = \sigma^2_b$

e_{ij} = erro experimental associado à progênie i no bloco j , $e_{ij} \cap N(0, \sigma^2)$;

$d_{k(ij)}$ = efeito relativo ao indivíduo k da parcela ij ,
 ($k = 1, 2, \dots, k$); $E(d_{k(ij)}) = 0$; $E(d_{k(ij)}^2) = \sigma^2_d$.

Considerando-se o modelo aleatório, isto é, todos os efeitos, com exceção da média geral, como sendo aleatórios, têm-se as esperanças matemáticas apresentadas na Tabela 07.

Tabela 07. Esperanças matemáticas dos quadrados médios das análises de variâncias dos experimentos para médias de CR em presença de alumínio.

Fontes de Variação	G. L.	Q. M.	EC(Q. M.)
Blocos	-	-	
Progênes	GL ₁	QM ₁	$\sigma_d^2/k + \sigma_e^2 + r \cdot \sigma_p^2$
Erro	GL ₂	QM ₂	$\sigma_d^2/k + \sigma_e^2$
Dentro	GL ₃	QM ₃	σ_d^2

De acordo com esta tabela, tem-se as estimativas das variâncias fenotípicas entre plantas dentro de progênes ($\hat{\sigma}_d^2$), variância do erro ambiental ao nível de progênes ($\hat{\sigma}_e^2$) e variâncias genéticas entre progênes ($\hat{\sigma}_p^2$) que foram obtidas pelas seguintes relações:

$$\hat{\sigma}_d^2 = QM_3$$

$$\hat{\sigma}_e^2 = QM_2 - (QM_3 / k)$$

$$\hat{\sigma}_p^2 = (QM_1 - QM_2) / r$$

3.2.3.3. Resistência a helmintosporiose

Devido à presença de observações de valor igual a zero procedeu-se à transformação das notas (x = 0 a 5) pela fórmula:

$$z = (x + 0,5)^{(1/2)}$$

Esses experimentos atenderam ao seguinte modelo matemático:

$$Y_{ik} = \mu + p_i + d_{k(i)}, \text{ sendo:}$$

- Y_{ik} = observação relativa ao indivíduo k da progênie i ;
- μ = média geral das progênies no experimento;
- p_i = efeito da progênie i ($i = 1, 2, \dots, I$); $E(p_i) = 0$
 $E(p_i^2) = \sigma_p^2$
- $d_{k(i)}$ = efeito devido ao indivíduo k da progênie i ($k = 1, 2, \dots, K$); $E(d_{k(i)}) = 0$,
 $E(d_{k(i)}^2) = \sigma_d^2$.

A Tabela 08 apresenta o esquema da análise de variância para o experimento 16, com progênies S_1 , enquanto a Tabela 09 refere-se aos experimentos 14 e 15, com progênies do delineamento I, com base nas médias das notas transformadas.

Tabela 08. Esperanças matemáticas dos quadrados médios da análise de variância do experimento 16, com observações dentro.

Fontes de Variação	G. L.	Q. M.	$E(Q. M.)$
Entre progênies S_1	GL_1	QM_1	$\sigma_d^2/n_h + \sigma_p^2$
Dentro de progênies	GL_3	QM_3	σ_d^2

onde:

σ_p^2 = variância genética entre progênies;

σ_d^2 = variância fenotípica entre plantas dentro de progênies;

n_h = média harmônica do número de plantas avaliadas por parcela.

Os quadrados médios entre plantas dentro de progênies foram obtidos independentemente, através de médias ponderadas pelos graus de liberdade, das estimativas das variâncias entre plantas dentro de cada progênie, obtidas individualmente,

$$QM_2 = \hat{\sigma}_d^2 = \frac{\sum_t (SQD)_i}{\sum_t (GL)_i}$$

A variância entre progênies, neste experimento foi estimada pela relação:

$$\hat{\sigma}_p^2 = QM_1 - (QM_3/n_h)$$

TABELA 09. Esperanças matemáticas dos quadrados médios das análises de variâncias dos experimentos 14 e 15, com observações dentro.

Fontes de Variação	G. L.	Q. M.	E(C. M.)
Entre progênies	-	-	
Machos	GL _{1.1}	QM _{1.1}	$\sigma_d^2/n_h + \sigma_{f/m}^2 + f \cdot \sigma_m^2$
Fêmeas/macho	GL _{1.2}	QM _{1.2}	$\sigma_d^2/n_h + \sigma_{f/m}^2$
Dentro de progênies	GL ₃	QM ₃	σ_d^2

Da Tabela 09 são estimados:

Variância de machos:

$$\hat{\sigma}_m^2 = (QM_{1.1} - QM_{1.2}) / f$$

Variância de fêmeas dentro de machos:

$$\hat{\sigma}_{f/m}^2 = Q_{1.2} - (QM_3/n_h)$$

3.2.3.4. Análise agrupada dos experimentos

Com o objetivo de superar estimativas de variâncias genéticas negativas, procedeu-se a uma análise agrupada dos experimentos 01 e 02; onde os quadrados médios referentes às diversas fontes de variação são médias ponderadas, pelos respectivos graus de liberdade, dos quadrados médios de cada experimento.

Desta forma obtiveram-se os coeficientes da esperança dos quadrados médios de progênes do delineamento I, bem como aqueles referentes à análise agrupada. A Tabela 10 apresenta essas esperanças.

Tabela 10 . Esperanças dos quadrados médios dos experimentos 01, 02 e da análise agrupada.

FONTES DE VARIACÃO	EXPER. 01	EXPER. 02	ANÁLISE AGRUPADA
Progênes	$\sigma^2 + r\sigma_{f/m}^2 + k_1\sigma_m^2$	$\sigma^2 + r\sigma_{f/m}^2 + k_1\sigma_m^2$	$\sigma^2 + r\sigma_{f/m}^2 + k_3\sigma_m^2$
Machos(m)	$\sigma^2 + r\sigma_{f/m}^2 + rf_1\sigma_m^2$	$\sigma^2 + r\sigma_{f/m}^2 + rf_2\sigma_m^2$	$\sigma^2 + r\sigma_{f/m}^2 + k_2\sigma_m^2$
Fêmeas/m	$\sigma^2 + r.\sigma_{f/m}^2$	$\sigma^2 + r.\sigma_{f/m}^2$	$\sigma^2 + r.\sigma_{f/m}^2$
Erro	σ^2	σ^2	σ^2

onde:

$$K_1 = rf(m-1)/(mf-1)$$

$$K_2 = [rf_1(m_1-1)+rf_2(m_2-1)]/(m_1+m_2-2)$$

$$K_3 = [rf_1(m_1-1)+rf_2(m_2-1)]/(m_1f_1-m_2f_2)$$

O mesmo procedimento envolveu a análise agrupada dos experimentos 14 e 15.

Visando obter uma estimativa média da variância entre progênies obtidas nos experimentos 04 (IG) e 05 (IG); nos experimentos 06, 07, 08 e 09 (progênies S₁) e nos experimentos 10, 11, 12 e 13 (progênies IG) conduziu-se a análise agrupada desses experimentos.

3.2.4. Estimativas de parâmetros genéticos

3.2.4.1. Caracteres agronômicos e CR em presença de alumínio

Esses experimentos observaram o delineamento experimental em blocos casualizados com três repetições, sendo que observações dentro foram tomadas nos experimentos com CR em presença de alumínio.

Desta forma, a interpretação genética da variância entre progênies de irmãos germanos (σ_{IG}^2) é:

$$\sigma_{IG}^2 = (1/2) \sigma_A^2 + (1/4) \sigma_D^2, \text{ enquanto que para progênies}$$

de autofecundação ($\sigma_{S_1}^2$), se obtém:

$$\sigma_{S_1}^2 = \sigma_A^2 + (1/4) \sigma_D^2 + D_1 + (1/8) D_2, \text{ onde:}$$

σ_A^2 = variância genética aditiva;

σ_D^2 = variância genética dominante;

D_1 = covariância entre os efeitos aditivos e dominantes nos homozigotos, podendo ser positiva ou negativa;

D_2 = variância dos efeitos de dominância nos homozigotos.

Os desvios D_1 e D_2 correspondem aos desvios da variância entre progênies S₁ devidos à endogamia (COCKERHAM, 1983).

Na estimativa da variância genética aditiva foram consideradas as hipóteses: $\sigma_A^2 = \sigma_D^2$ e $\sigma_D^2 = 0$, desta forma, para $\sigma_A^2 = \sigma_D^2$ tem-se:

$$\sigma_{A(IG)}^2 = (4/3) \sigma_{IG}^2 \quad ; \quad e, \quad \sigma_{A(S1)}^2 = (4/5) \sigma_{S1}^2 - (4/5) D,$$

enquanto, para $\sigma_D^2 = 0$, tem-se:

$$\sigma_{A(IG)}^2 = 2 \sigma_{IG}^2 \quad ; \quad e, \quad \sigma_{A(S1)}^2 = \sigma_{S1}^2 - D, \quad \text{sendo:}$$

$D = D_1 + (1/8)D_2$, estimado por:

$$\hat{D} = \hat{\sigma}_{S1}^2 - (5/3) \hat{\sigma}_{IG}^2, \quad \text{onde:}$$

$\hat{\sigma}_{IG}^2$ refere-se à variância entre progênies IG estimada pela análise de variância agrupada.

Os erros associados às estimativas das variâncias genéticas aditivas foram obtidos utilizando-se os erros associados às estimativas das variâncias genéticas entre progênies, considerando-se as hipóteses $\sigma_A^2 = \sigma_D^2$ e $\sigma_D^2 = 0$, ou seja, para:

$$(I) \quad \sigma_A^2 = \sigma_D^2, \quad \text{tem-se:} \quad V(\sigma_{AIG}^2) = (16/9) V(\sigma_{IG}^2), \quad e:$$

$$V(\sigma_{AS1}^2) = (16/25) V(\sigma_{S1}^2), \quad \text{em}$$

$$(II) \quad \sigma_D^2 = 0, \quad \text{tem se:} \quad V(\sigma_{AIG}^2) = 4 V(\sigma_{IG}^2), \quad e:$$

$$V(\sigma_{AS1}^2) = V(\sigma_{S1}^2).$$

Nos experimentos 01 e 02, que envolvem progênies do delineamento I, foram estimadas as variâncias genéticas aditivas e dominantes segundo HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) como se segue:

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4 \hat{\sigma}_m^2$$

$$\hat{\sigma}_D^2 = 4 (\hat{\sigma}_{f/m}^2 - \hat{\sigma}_m^2)$$

Foram estimados para os caracteres estudados os coeficientes de herdabilidade ao nível de médias de progênes e seus erros associados segundo VELLO & VENCOVSKY (1974) E VENCOVSKY & BARRIGA (1992), que para progênes IG foram:

$$\hat{h}_m^2 = \frac{(1/2) \hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_p^2 + (\hat{\sigma}^2/r)}, \text{ para progênes IG}$$

$$V(\hat{h}_m^2) = (1 - \hat{h}_m^2)^2 \left[\frac{2}{GL_1 + 2} + \frac{2}{GL_2 + 2} \right]$$

$$\text{sendo: } \Delta(\hat{h}_m^2) = \sqrt{V(\hat{h}_m^2)}$$

Da forma similar este coeficiente foi estimado para os outros tipos de progênes (S₁ e DI).

Para experimentos com progênes do delineamento I a estimativa do coeficiente de herdabilidade baseada em médias de progênes IG (MIRANDA FILHO, 1993)¹ foi obtida conforme segue:

$$\hat{h}_{IG}^2 = \frac{2 \sigma_m^2}{(\sigma^2/r) + \sigma_{f/m}^2 + \sigma_m^2}$$

¹. MIRANDA FILHO, J.B. (Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP, Piracicaba, SP) Comunicação Pessoal. 1993.

A precisão das estimativas das variâncias genéticas entre progênies, da variância residual ou do erro, e da variância dentro foi dada pela raiz quadrada de:

$$V(\hat{\sigma}_p^2) = \frac{2}{r^2} \left[\frac{QM_1^2}{GL_1 + 2} + \frac{QM_2^2}{GL_2 + 2} \right] , e;$$

$$V(\hat{\sigma}^2) = \frac{2 QM_2^2}{GL_2 + 2} , \text{ para os experimentos } 01, 02, 03, 04 \text{ e } 05, e;$$

$$V(\hat{\sigma}_p^2) = \frac{2}{k^2 r^2} \left[\frac{QM_1^2}{GL_1 + 2} + \frac{QM_2^2}{GL_2 + 2} \right] ;$$

$$V(\hat{\sigma}_e^2) = \frac{2}{k^2} \left[\frac{QM_2^2}{GL_2 + 2} + \frac{QM_3^2}{GL_3 + 2} \right] , e;$$

$$V(\hat{\sigma}_d^2) = \frac{2 QM_3^2}{GL_3 + 2}$$

para os experimentos 06, 07, 08, 09, 10, 11, 12 e 13.

A estimativa dos erros associados às variâncias de machos, de fêmeas dentro de machos, aditivas e dominantes foram calculadas conforme metodologia de VELLO & VENCOSKY (1974) e HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) através das seguintes relações:

$$V(\sigma_m^2) = \frac{2}{r^2 f^2} \left[\frac{QM_{1.1}^2}{GL_{1.1} + 2} + \frac{QM_{1.2}^2}{GL_{1.2} + 2} \right] ;$$

$$V(\sigma_{f/m}^2) = \frac{2}{r^2} \left[\frac{QM_{1.2}^2}{GL_{1.2} + 2} + \frac{QM_2^2}{GL_2 + 2} \right];$$

$$V(\sigma_A^2) = \frac{16 \times 2}{r^2 f^2} \left[\frac{QM_{1.1}^2}{GL_{1.1} + 2} + \frac{QM_{1.2}^2}{GL_{1.2} + 2} \right];$$

$$V(\sigma_D^2) = \frac{16 \times 2}{r^2 f^2} \left[\frac{QM_{1.1}^2}{GL_{1.1} + 2} + \frac{QM_{1.2}^2}{GL_{1.2} + 2} + \frac{f^2 QM_2^2}{GL_2 + 2} \right]$$

3.2.4.2. Resistência à helmintosporiose

Para esses experimentos foram calculados os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo ao nível de médias das notas transformadas da seguinte forma:

$$\hat{h}_m^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_p^2 + \left(\sigma_d^2 / n_h \right)}$$

A variância genética aditiva estimada para o experimento envolvendo progênies S₁ foi obtida através

da relação: $\hat{\sigma}_{S_1}^2 = \hat{\sigma}_A^2 + (1/4) \hat{\sigma}_D^2$, com

as hipóteses (I) $\sigma_D^2 = 0$ e (II) $\sigma_A^2 = \sigma_D^2$, resultando

em (I) $\hat{\sigma}_A^2 = \hat{\sigma}_{S_1}^2$; e em (II) $\hat{\sigma}_A^2 = (4/5) \hat{\sigma}_{S_1}^2$, onde:

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

$\hat{\sigma}_D^2$ = estimativa da variância genética dominante;

$\hat{\sigma}_{S_1}^2$ = estimativa da variância entre progênies S_1 .

Para as avaliações conduzidas com progênies do delineamento I, segundo as interpretações genéticas dos componentes de variância dadas por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988), foram estimadas as variâncias genéticas aditiva e dominante, como anteriormente mencionado.

A precisão das estimativas obtidas nas análises de variância dos experimentos para avaliação da resistência à helmintosporiose foram estimadas pela raiz quadrada de:

$$V(\hat{\sigma}_p^2) = \frac{2}{n_h^2} \left[\frac{QM_1^2}{GL_1 + 2} + \frac{QM_3^2}{GL_3 + 2} \right];$$

$$V(\hat{\sigma}_d^2) = \frac{2 QM_3^2}{GL_3 + 2};$$

$$V(\hat{\sigma}_m^2) = \frac{2}{f^2} \left[\frac{QM_{1.1}^2}{GL_{1.1} + 2} + \frac{QM_{1.2}^2}{GL_{1.2} + 2} \right];$$

$$V(\hat{\sigma}_{f/m}^2) = \frac{2}{n_h^2} \left[\frac{QM_{1.2}^2}{GL_{1.2} + 2} + \frac{QM_3^2}{GL_3 + 2} \right] ;$$

$$V(\hat{\sigma}_A^2) = \frac{2 \times 16}{f^2} \left[\frac{QM_{1.1}^2}{GL_{1.1} + 2} + \frac{QM_{1.2}^2}{GL_{1.2} + 2} \right] ;$$

$$V(\hat{\sigma}_D^2) = \frac{2 \times 16}{n_h^2 f^2} \left[\frac{n_h^2 QM_{1.1}^2}{GL_{1.1} + 2} + \frac{n_h^2 (f + 1)^2 QM_{1.2}^2}{GL_{1.2} + 2} + \frac{f^2 QM_3}{GL_3 + 2} \right]$$

3.2.4.3 Depressão por endogamia e coeficientes de variação

A depressão por endogamia para os caracteres estudados foi avaliada como se segue:

$$I = m_{S_1} - m_{S_0}$$

$$I\% = 100(m_{S_1} - m_{S_0})/m_{S_0} \quad , \text{ onde:}$$

m_{S_1} e m_{S_0} referem-se às médias das progênes S_1 e S_0 , respectivamente. Como médias S_0 foram tomadas as médias obtidas em experimentos com progênes IG, exceção feita ao caráter resistência a helmintosporiose onde foram utilizadas as médias obtidas com progênes DI.

A estimativa da depressão por endogamia devido ao aumento de 1% no coeficiente de endogamia foi calculada através da relação:

$$I_{1\%} = I/50 \quad .$$

As estimativas das contribuições relativas aos homozigotos ($\hat{\mu+a}$) e aos heterozigotos (\hat{d}) foram calculadas por:

$$\hat{\mu+a} = 2m_{s1} - m_{s0}$$

$$\hat{d} = 2I$$

Os coeficientes de variação genética (CVg%) e experimental (CVe%), bem como o índice de variação (b), foram estimados conforme procedimento descrito por VENCOSKY (1987), a saber:

$$CVg\% = \left(\hat{\sigma}_p / \bar{x} \right) . 100 \quad ;$$

$$CVe\% = \left(\hat{\sigma}_e / \bar{x} \right) . 100 \quad ;$$

$$b = CVg\% / CVe\% ,$$

onde \bar{x} refere-se à estimativa da média do carácter no experimento.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Médias populacionais

4.1.1. Médias populacionais para produção e caracteres da espiga

Os valores médios dos caracteres peso das espigas despalhadas (PE), comprimento da espiga (CE) e diâmetro da espiga (DE) obtidos em experimentos com progênes de irmãos germanos (IG), progênes de autofecundação (S₁) e progênes (DI) obtidas de acordo com o delineamento I (COMSTOCK & ROBINSON, 1948) são apresentados na Tabela 11; as médias são expressas ao nível de indivíduos (plantas ou espigas).

Em progênes S₀, de modo geral para esses caracteres, as maiores médias foram obtidas nos experimentos com progênes IG (experimentos 04 e 05). Ligeiramente inferiores foram as médias obtidas nos experimentos com progênes S₀ do delineamento I (experimentos 01 e 02), devido principalmente a diferenças ambientais e maior ocorrência de doenças, as quais não foram avaliadas nesses experimentos. As progênes S₁ apresentaram as menores médias experimentais em virtude da depressão por endogamia presente, que é avaliada posteriormente neste trabalho.

Para o caráter PE, as médias foram de 80,5g/pl para progênes DI, 85,6g/pl para progênes IG, e de 66,8g/pl para progênes S₁.

Em se tratando de médias apresentadas por milho do tipo pipoca, estas se encontram bastante aquém das médias observadas em milhos normais, o que concorda com o apresentado por ZINSLY & MACHADO (1987). Progênieis S_0 de populações semi-exóticas de milho apresentaram médias da ordem de 133,6 e 95,2g/pl, enquanto as médias dos híbridos duplos usados como testemunha, nesse experimento, foram de 170,5 e 179,3g/pl (NASS,1992). Devido à maior depressão endogâmica apresentada pelos materiais semi-exóticos, as médias das gerações S_1 (73,6 e 52,5g/pl) não se mostraram muito distintas das apresentadas para os mesmos tipos de progênieis neste trabalho.

Considerando uma densidade de 50.000 plantas/ha, as médias apresentadas equivalem a produções de 4,0 , 3,4 e 4,3 t/ha para progênieis DI, S_1 e IG, respectivamente.

A distribuição de médias de PE nos diferentes conjuntos de progênieis são apresentadas na Figura 01 e evidenciam a presença de genótipos superiores na população.

Os valores médios para diâmetro da espiga (DE) e comprimento da espiga (CE) são também apresentados na Tabela 11.

As médias obtidas para DE da ordem de 30,9mm para progênieis DI, de 25,8mm para progênieis S_1 , e de 31,7mm para progênieis IG mostraram-se inferiores aos valores apresentados em literatura para milhos semi-exóticos citados por SANTOS (1985) e NASS (1992), e variedades braquíticas citadas por SOARES FILHO (1987) e SILVA (1990), valores esses próximos de 45mm em gerações S_0 .

A distribuição de médias para o caráter mostrou variabilidade genética para a prática de seleção visando o aumento de DE (Figura 02).

Para o caráter comprimento da espiga (CE) os experimentos mostraram valores de: 159,8 , 130,3 e 164,6mm para progênies DI, S₁ e IG respectivamente. Esses resultados se aproximam bastante do valor médio apresentado por PATERNIANI & GOODMAN (1977) para a raça Cravo de milho, da ordem de 155mm, embora o milho pipoca não apresente elevado diâmetro da espiga como essa raça.

A Figura 03 apresenta a distribuição de frequências para CE obtidas nesses experimentos.

4.1.2. Médias populacionais para caracteres vegetativos

As médias dos caracteres altura da planta (AP) e altura da espiga (AE) são apresentadas na Tabela 11.

Para AP as médias encontradas foram de 152, 128 e 162cm, enquanto para AE foram de 74, 65 e 84cm para progênies DI, S₁ e IG, respectivamente. A posição relativa da espiga (PRE) observada foi de 0,49 , 0,51 , e 0,52 , na mesma ordem, valores que podem ser comparados àqueles obtidos com materiais de origem temperada.

Por se tratar de milho pipoca esses dados só encontram similaridade com valores obtidos com variedades anãs de milho, como os citados por RISSI (1980) da ordem de 166cm para AP e 96 e 82cm para AE em duas subpopulações, A e B da variedade Piranão, respectivamente.

Dados obtidos com as populações CMS 42 e CMS 43 de milho pipoca apresentaram valores de 152 e 176cm para AP e 91 e 100cm para AE, respectivamente (EMBRAPA, 1992).

As Figuras 04 e 05 apresentam a distribuição das médias obtidas para os caracteres AP e AE, respectivamente. Esses resultados mostraram a potencialidade genética para alteração da arquitetura da planta através de seleção.

4.1.3. Médias populacionais para comprimento de radícula em presença de alumínio

As médias obtidas nos experimentos 06 a 13 são apresentadas na Tabela 12.

A média dos experimentos agrupados envolvendo progêneses S₁ (exps. 06, 07, 08 e 09) da ordem de 27,6cm representa 69,5% do comprimento de radícula obtido pela média das testemunhas tolerantes (39,7cm) presentes nesses experimentos. Enquanto a média agrupada dos experimentos com progêneses IG (exps. 10, 11, 12 e 13) de 28,2cm representa 68,0% daquela obtida pela médias das testemunhas tolerantes (41,4cm) presentes nesses experimentos.

LIMA *et alii* (1992) apresentaram médias de CR de parentais divergentes (P₁ e P₂) obtidos da população IAC-Taiuba e suas gerações derivadas (F₁, F₂, B₁ e B₂) que representaram 59,3 , 99,6, 82,7 , 83,5 , 71,4 , 95,6%, respectivamente, da média apresentada pela testemunha tolerante (HS 1227). Deve-se ressaltar que esses resultados foram obtidos através do mesmo procedimento experimental que o presente trabalho, inclusive com a utilização dos mesmos materiais como testemunhas. Entretanto, essas médias não são comparáveis devido ao efeito de épocas de avaliações.

Os resultados apresentados evidenciam a grande sensibilidade da população em estudo quando comparada a materiais de milho comum sabidamente tolerantes ao Al. Entretanto, como pode ser visualizado na distribuição de médias de CR (Figuras 06 e 07), a ocorrência de progêneses com relativa tolerância e sensibilidade ao Al é indicativo do potencial que esse material apresenta para o melhoramento dessa característica. A possibilidade de utilização desse

comportamento diferencial na identificação precoce de progênies tolerantes assume grande importância em programa de seleção visando a tolerância ao alumínio tóxico.

4.1.4. Médias populacionais para resistência a helmintosporiose

Conforme o critério de notas utilizado neste trabalho, as maiores notas se referem as maiores porcentagens de dano foliar e conseqüentemente a materiais mais susceptíveis ao ataque de *E. turcicum* (Tabela 13).

As médias de progênies obtidas foram de 1,27 (DI) e 1,49 (S₁), e revelam o bom comportamento das progênies frente à infestação do patógeno.

A figura 08 apresenta a distribuição das médias de notas transformadas observadas nesses experimentos.

4.2. Depressão por endogamia

Na Tabela 14 são apresentados os valores de depressão por endogamia (I), porcentagem em relação à população não endógama (I%), depressão na média fenotípica pelo aumento de 1% no coeficiente de endogamia (I₁%), contribuição relativa aos homozigotos ($\mu+a$) e dos heterozigotos (d), para os sete caracteres em estudo neste trabalho.

Para o caráter PE a depressão por endogamia de 20% em relação à progênies não endógamas, revela a baixa frequência de genes deletérios na população, uma vez

que esse resultado está aquém das estimativas obtidas por outros autores. Estimativas apresentadas por LIMA *et alii* (1984) mostraram valores variando de 27,0 a 59,9% para depressão por endogamia em relação à população não endógama, para o caráter produção de grãos.

A depressão com o aumento de 1% no coeficiente de endogamia para PE foi de 0,4g, estimativa bastante distinta do valor médio (1,2g) apresentado no levantamento conduzido por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988). NASS (1992) apresentou decréscimos de 0,8 e 1,2g para o aumento de 1% na homozigose para PE nas populações semi-exóticas de milho ESALQ-PB1 x Entrelaçado 1 e ESALQ-PB1 x Cravo 4, respectivamente.

A contribuição relativa aos homozigotos foi superior àquela relativa aos heterozigotos, indicando o potencial desta população como fonte de linhagens de alta produção. LIMA *et alii* (1984) ressaltaram que um modelo simples, sem epistasia, onde a contribuição de ambos os homozigotos para a média é positiva, espera-se que os valores de ' $\mu+a$ ' sejam superiores aos valores de ' d ' para dominância parcial ou completa, independente da frequência gênica.

As depressões por endogamia para os caracteres AP e AE foram de 20,8% e 21,90% respectivamente. Esses valores revelaram a alta depressão devido à endogamia nessa população. LIMA *et alii* (1984) estudando 32 populações brasileiras apresentaram estimativas variando de 6,6 a 20,3% para AP e de 6,9 a 27,4% para AE ao nível de 50% de homozigose.

Os valores de $I_{1\%}$ para AP e AE foram, respectivamente, 0,7 e 0,4cm; os quais foram superiores às médias das estimativas relatadas por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) de 0,4cm para AP e 0,3cm para AE. Entretanto

foram semelhantes as estimativas apresentadas por NASS (1992) para as populações EE1 e EC4 que foram: 0,7 e 0,7cm para AP e 0,5 e 0,5cm para AE, respectivamente.

Para AP e AE foram observadas as maiores contribuições dos homozigotos em relação aos heterozigotos na expressão dos caracteres. As estimativas de ' $\mu+a$ ' foram bastante inferiores às apresentadas por NASS (1992).

A depressão endogâmica para o caráter DE (18,5%) foi maior que os valores apresentados por NASS (1992) para EE1 (17,1%) e EC4 (12,4%), enquanto o valor de $I_{1\%}$ (0,01cm) foi de mesma grandeza dos obtidos por este autor e por GOOD & HALLAUER (1977). Com relação à contribuição dos homozigotos e dos heterozigotos, os primeiros ($\mu+a$) tiveram maior influência em DE.

Para o caráter CE a depressão por endogamia foi de 20,8% enquanto o aumento de 1% na endogamia reduz o caráter em 0,07cm. NASS (1992) apresentou valores de depressão por endogamia da ordem de 18,7% para EE1 e 15,8% para EC4, e valores de 0,06 e 0,05cm para $I_{1\%}$ nessas populações, respectivamente, que foram superiores às estimativas relacionadas por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988).

O efeito da autofecundação no caráter comprimento de radícula em presença de alumínio (CR), utilizado para quantificar a tolerância das progênies à toxidez causada por esse metal, apresentou valor bastante pequeno, da ordem de 2%, sendo que o aumento de 1% na endogamia resultou em decréscimo de 0,01cm no CR.

BERNARDI *et alii* (1981) apresentaram resultados indicando a não ocorrência de depressão por endogamia para os caracteres comprimento relativo da radícula (CRR) e comprimento relativo da parte aérea (CRP)

utilizados para avaliar a tolerância de progênies de IG em experimentos em vasos tratados com Al.

A contribuição dos homozigotos para o caráter foi predominante (27,0) quando comparada à dos heterozigotos (1,1), FALCONER (1960) sugere que valores mais baixos de depressão por endogamia correspondem a plantas possuindo, originalmente, mais genes em homozigose, as quais devem contribuir para um aumento de probabilidade de extração de linhagens superiores, nesse caso, com expressiva tolerância ao alumínio.

Na avaliação da reação ao ataque de *E. turcicum*, a depressão por endogamia foi da ordem de 17,3%. Na expressão desse caráter foi constatada maior influência dos homozigotos que dos heterozigotos.

4.3. Coeficientes de variação experimental (CVe%), genética (CVg%) e índice de variação genética (b)

As estimativas dos coeficientes de variação genética e ambiental para os caracteres da planta e espiga se encontram na Tabela 11. Essas estimativas se referem à quantidade de variabilidade genética (CVg%) e experimental (CVe%) presentes nos experimentos, bem como a sua razão (CVg% / CVe%), o índice de variação (b) que embora possa ser usado na comparação genética, apresenta como característica principal, apontada por VENCOSKY (1987), a propriedade de indicar se determinado material genético, numa dada fase de avaliação, se presta à seleção.

Como mencionado anteriormente, as menores médias observadas para os caracteres da planta e espiga nos experimentos com progênies DI quando comparadas às médias daqueles com progênies IG, foram atribuídas a

condições ambientais que interfeririam negativamente na expressão desses caracteres.

No caráter PE a já mencionada discrepância apresentada pelas médias das progêneses S_0 , foi acompanhada por uma diferença nas grandezas das estimativas dos CVg%, que foram de 3,8% em progêneses DI e 6,5% em progêneses IG. RAMALHO (1977) apresentou valores de CVg% obtidos em várias populações de milho normais entre 3,4 e 15,3%, com média de 7,3%.

O valor do CVg% obtido com progêneses S_1 (6,5%) está aquém daqueles mostrados por MARQUES (1988), também obtidos com progêneses S_1 das populações ESALQ-PB2 (13,4%) e ESALQ-PB3 (14,6%).

As estimativas do coeficiente de variação experimental para o caráter PE são inferiores àquelas obtidas por SILVA (1990) da ordem de 17,3 e 18,3% em populações braquíticas. O índice de variação apresentado 0,4 (DI), e 0,7 (IG), evidenciam a menor expressão da variabilidade genética apresentada pelos experimentos com progêneses do delineamento I para PE.

Os coeficientes de variação genética obtidos para AP variaram de 9,2% em progêneses S_1 a 5,1% em progêneses IG. Esse coeficientes obtidos para AE variaram de 15,5% em progêneses S_1 a 9,9% em progêneses IG. ZIMBACK (1985) apresentou resultados de CVg% para AP de 5,2 e 6,0% e para AE de 8,6 e 9,5% nas subpopulações A e B de milho dentado braquítico opaco, respectivamente.

Os valores de CVe% estimados para AP e AE de 6,6 a 8,7 e de 10,8 a 14,8, respectivamente, se apresentam dentro da faixa de variação apresentada no levantamento reportado por SILVA (1990) de 3,6 a 9,2% para AP e de 4,9 a 15,2% para AE.

Os intervalos de variação do índice de variação (b) foram de 0,8 a 1,1 e de 0,9 a 1,4 para AP e AE respectivamente. Esses índices obtidos por ZIMBACK (1985) foram de 0,7 e 0,9 para AP e de 0,7 e 0,9 para AE nas subpopulações braquíticas estudadas.

Para os caracteres DE e CE, as maiores estimativas de CVg% foram observadas nos experimentos com progênies S₁ (7,5 e 11,7%, respectivamente), evidenciando o aumento da variabilidade genética produzida pela endogamia.

Os coeficientes de variação experimental para DE e CE apresentaram a mesma tendência que o CVg%, ou seja, os valores observados em experimentos com progênies S₁ (25,8 e 23,8 respectivamente) foram bastante superiores aos valores observados em experimentos com as demais progênies. O levantamento citado por SILVA (1990) apresenta valores de CVes% entre 3,2 e 7,9 e entre 5,6 e 11,9 para DE e CE, respectivamente. As estimativas observadas nos experimentos com progênies DI e IG para esses caracteres foram superiores ao limite máximo do intervalo citado, com exceção das progênies IG para o caráter CE (9,0).

Para o caráter DE, as estimativas para o índice de variação apresentaram um intervalo de variação de 0,3 a 0,5, obtidas com progênies S₁ e IG respectivamente. A variação observada para essa estimativa no caráter CE foi de 0,2 a 0,7, com progênies DI e IG, respectivamente.

As estimativas dos coeficientes de variação ambiental e genético e do índice 'b' para o caráter comprimento de radícula (CR) em presença de alumínio são apresentados na Tabela 12. Esses experimentos foram conduzidos em casa de vegetação, em condições de variação ambiental bastante estreita.

Os CVg% apresentados pelos experimentos 06 a 13 foram bastante consistentes dentro dos grupos de experimentos envolvendo o mesmo tipo de progênie.

Os valores máximos, mínimos e médios para CVg% foram respectivamente: 13,6 , 10,5 e 12,1 para experimentos com progênie S₁, e, 16,6 , 24,3 e 20,1 para experimentos com progênie IG.

Os CVe% estimados desses experimentos são em média da ordem de 4,0 e 6,6 para experimentos com progênie S₁ e IG respectivamente. Esses valores levaram à estimação de índices de variação genética da ordem de 1,8 a 8,1 nos experimentos 06 a 08 e de 2,3 a 9,3 nos experimentos 10 a 13, respectivamente, com médias de 3,0 e 3,1. De acordo com VENCOVSKY (1987) uma situação favorável para seleção de progênie de milho é quando 'b' apresenta valor próximo ou superior a 1,0.

4.4. Análise de variância e estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

4.4.1. Quadrados médios e testes F

Os quadrados médios obtidos nas análises de variância dos experimentos em blocos casualizados para os caracteres PE, AP, AE, DE e CE são apresentados nas Tabelas 15 e 16. Observa-se que todos os caracteres apresentaram significância no teste F (SNEDECOR & COCHRAN, 1967) a 1% de probabilidade para pelo menos dois tipos de progênie estudados. O teste aplicado aos quadrados médios agrupados de progênie DI e IG apresentaram significância para $P < 0,01$, exceção feita a CE para progênie DI, onde esta não foi detectada (Tabela 16).

Do desdobramento dos efeitos de progênies DI foram obtidos os quadrados médios de Machos(m) e Fêmeas/m (Tabela 17).

Não foram detectadas significâncias para diferenças entre Machos (QM_m/QM_{f/m}) para os caracteres PE, DE e CE nos experimentos O1, O2 e sua análise agrupada. As significâncias apresentadas para diferenças entre Fêmeas/m (QM_{f/m}/QMe) para o caráter PE foram $P < 0,05$, enquanto para os caracteres DE e CE não foram observadas significâncias nesse mesmo nível de probabilidade.

SILVA (1990) ressaltou que a não detecção de significância nos testes F aplicados aos quadrados médios de Machos constitui indicação de que esses valores são baixos e indicam a obtenção de estimativas de variâncias genéticas aditivas também baixas.

Foram detectadas diferenças altamente significativas em todos os casos de testes F aplicados aos caracteres AP e AE, evidenciando a grande variabilidade para o melhoramento desta população quanto à arquitetura da planta.

Os quadrados médios calculados em experimentos para estudo da tolerância ao alumínio (Al) são apresentados na Tabela 18, onde são encontrados valores para o teste F altamente significativos, condição bastante favorável para o desenvolvimento de programa de seleção recorrente para esse caráter.

Os quadrados médios obtidos nos experimentos de avaliação da reação a helmintosporiose são apresentados na Tabela 13. Nesses experimentos foram conduzidos testes F utilizando-se o quadrado médio obtido dentro de progênies como divisor da fração. Estatisticamente correto, esse procedimento apresenta

resultados questionáveis em sua interpretação genética, visto que as fontes de variação de progênes e do erro se encontram confundidas pela inexistência de repetições. De qualquer forma, diferenças altamente significativas foram observadas entre médias de progênes e Fêmeas/m, enquanto que diferenças entre Machos não apresentaram significância nos experimentos com progênes DI. Significância de $P < 0,05$ foram detectadas entre progênes S₁.

4.4.2. Estimativas para caracteres de produção, da planta e da espiga

Dentre as quinze estimativas de variâncias dominantes obtidas a partir dos experimentos com progênes DI (O1, O2 e análise agrupada) ocorreram nove com valores negativos e envolveram todos os caracteres estudados com exceção a PE, onde os efeitos de dominância foram significativos (Tabela 21).

Estimativas de variâncias dominantes negativas têm sido relatadas para todos os caracteres da planta (LINDSEY *et alii*, 1962; GOODMAN, 1965; WILLIAMS *et alii*, 1965; EBERHART *et alii*, 1966; HALLAUER & WRIGHT, 1967; BRIDGES & KNAPP, 1987; SILVA, 1990, entre outros). Segundo esses autores, a ocorrência de estimativas de variância genética dominante negativa é mais freqüente que estimativas de variância genética aditiva negativa, que não ocorre em todos os caracteres e somente foi observada neste trabalho para CE no experimento O1.

HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) relacionaram como possíveis causas de estimativas negativas: o uso inadequado do delineamento experimental; amostragem

inadequada da população; e o uso de técnicas experimentais impróprias (competição entre progênes). Outros autores incluem nessa relação outras causas, como: ordenação de cruzamentos e reduzido número de fêmeas por macho (LINDSEY *et alii*, 1962; MARQUEZ SANCHES & HALLAUER, 1970).

No presente trabalho a obtenção de variâncias negativas se deve provavelmente a: que os verdadeiros valores dessas estimativas sejam bastante pequenos, algo próximo a zero; que o número de Fêmeas/m foi inadequado, haja visto aqueles recomendados por MARQUEZ SANCHES & HALLAUER (1970) de 6 e 4 Fêmeas/m para AE e DE, nessa ordem.

As estimativas das variâncias entre progênes ($\hat{\sigma}^2_p$), do erro ($\hat{\sigma}^2_e$), de Machos ($\hat{\sigma}^2_m$) e Fêmeas/m ($\hat{\sigma}^2_{f/m}$) referentes aos experimentos com progênes DI são apresentadas na Tabela 19. As estimativas das variâncias entre progênes, S₁ e IG, e do erro para os caracteres de produção, da planta e da espiga são apresentados na Tabela 20.

Dentre as progênes S₀ (DI e IG) estudadas, as IG apresentaram $\hat{\sigma}^2_p$ superiores para os caracteres PE, DE e CE, enquanto às progênes DI couberam estimativas superiores para os caracteres AP e AE. Essas estimativas obtidas com progênes S₁ foram superiores àquelas obtidas com progênes S₀ para esses caracteres, com exceção a PE e AE, avaliados em progênes IG e DI, respectivamente.

A superioridade dessas estimativas obtidas com progênes S₁ era esperada, uma vez que a endogamia conduz a um aumento da variância genética entre progênes (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1987; MARQUES, 1988).

Para o caso de famílias endogâmicas (S₁) a variância entre progênes (σ^2_p) expressa $\sigma^2_A + (1/4)\sigma^2_D$

quando as frequências alélicas são iguais a 0,5 para os locos segregantes. De outro modo, existe um desvio (D) que equivale a $D_1 + (1/8)D_2$, sendo D_1 a covariância entre efeitos aditivos e dominantes nos homozigotos e D_2 a variância dos efeitos de dominância nos homozigotos (COCKERHAM, 1983). Tanto D_1 como D_2 são função dos efeitos de dominância e, portanto, tendem a valores baixos para os caracteres com baixo nível de dominância. O componente D_1 por ser uma covariância, pode apresentar valor negativo e, para os caracteres com expressiva dominância, pode resultar em valores mais baixos para a variância entre progênies S_1 do que para progênies não endógamas.

As variâncias genéticas aditiva ($\hat{\sigma}^2A$) e dominante ($\hat{\sigma}^2D$) estimadas pela interpretação genética de parâmetros obtidos através do Delineamento I são apresentadas na Tabela 21.

A ocorrência de $\hat{\sigma}^2D$ negativa é comum no Delineamento I, HALLAUER & WRIGHT (1967) apresentaram esse tipo de estimativas para os caracteres AP, AE, CE e DE na população de milho Iowa Ideal. Esses resultados corroboram com os observados neste trabalho com milho pipoca.

O valor apresentado pela $\hat{\sigma}^2D$ para PE foi positivo e expressivo, uma vez que a relação de dominância ($d = \hat{\sigma}^2D / \hat{\sigma}^2A$) estimada foi de 8,20, bastante superior aos apresentados por BENITEZ TORREZ (1986) de 0,78 e 1,14, nas populações ESALQ PB-4 e ESALQ PB-5, respectivamente. SILVA (1990) estimou essa relação (d) em 1,27 e 0,45, para as populações Piranão VD-2 e Piranão VF-1, nessa ordem, ressaltando a significativa expressão dos efeitos de dominância para o caráter.

Para PE, as estimativas de $\hat{\sigma}^2A$ obtidas com progênies DI foram considerados baixos, demonstrando baixa variabilidade genética fato que contraria observações

anteriores tomadas desta população. Admitiu-se que nos experimentos com progênies DI a menor média de produção e o maior coeficiente de variação, em relação aos experimentos com progênies IG, contribuíram para uma menor estimativa da variância genética aditiva. Além disso, problemas inerentes ao próprio delineamento genético não podem ser ignorados. Também pode ser possível que a menor média observada para DI tenha sido em função de maior incidência de doenças nesses experimentos, com reflexo na expressão da variabilidade genética.

As estimativas de σ^2A para PE obtidas com progênies IG se situaram entre os limites de 62,1 e $41,4(g/pl)^2$ sob as hipóteses $\sigma^2D=0$ e $\sigma^2D=\sigma^2A$, respectivamente (Tabela 22). Essas estimativas se encontram bastante aquém daquelas observadas em outras populações de milho. MIRANDA FILHO (1985) apresenta valor médio de 45 estimativas da $\hat{\sigma}^2A$ para produção, obtidas com populações brasileiras, da ordem de $306,1(g/pl)^2$. NASS (1992) obteve 559,4 e $333,1(g/pl)^2$ para estimativas de variância aditiva considerando a hipótese $\sigma^2D=\sigma^2A$, em progênies IG nas populações semi-exóticas de milho EE1 e EC4, respectivamente.

Os baixos valores para as estimativas obtidas eram esperadas, uma vez que a produção do milho pipoca é menor que a de milhos comuns. Considerando uma medida relativa de variabilidade, verificou-se que: se a produção da população Santa Rosa equivale à metade da produção de milhos normais, temos que a variância apresentada por estes equivale a quatro vezes aquela apresentada pela população de milho pipoca. Esquemáticamente: se, $Y=(1/2)X$ $\therefore V(Y)=(1/4)V(X)$. Nesse caso, uma variância aditiva $\sigma^2A=60$ estimada para a população Santa Rosa equivale relativamente à uma $\sigma^2A=240$ em milhos normais.

As estimativas do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênes IG (Tabela 22) para PE obtidos a partir de progênes IG agrupadas foram de 62,4 e 41,6%, em função dos dois graus de dominância considerados. SOARES FILHO (1987) apresentou esses coeficientes ao nível de médias de progênes de meios irmãos para PE variando de 20,9 a 45,4% e 21,7 a 55,4% em quatro grupos experimentais para as populações Piranão VD-2B e Piranão VF-1B, respectivamente.

Utilizando-se os parâmetros da análise agrupada dos experimentos progênes IG para PE e supondo uma intensidade de seleção de 20% obteve-se uma predição de progresso entre 7,2 e 4,8%, considerando-se as hipóteses de dominância.

Para o caráter AP e AE as $\hat{\sigma}^2$ As apresentadas por progênes IG considerando as hipóteses $\sigma^2D=0$ e $\sigma^2D=\sigma^2A$ foram de 137,3 e 91,5(cm/pl)² para AP e de 136,1 e 90,8(cm/pl)² para AE. De maior magnitude estão as estimativas obtidas com progênes DI com parâmetros estimados pelo Delineamento I, da ordem de 242,8(cm/pl)² (AP) e 319,0 (cm/pl)² (AE). A partir de progênes S₁ foram obtidas estimativas de 139,0 e 111,2(cm/pl)² para AP e, 102,3 e 81,9(cm/pl)² para AE, considerando as hipóteses $\sigma^2D=0$ e $\sigma^2D=\sigma^2A$, nessa ordem. Estimativas apresentadas por BENITEZ TORREZ (1986) em (cm/pl)² são da ordem de 289,1 (AP) e 149,4 (AE) para a população ESALQ PB-4 e de 180,3 (AP) e 96,6 (AE) para ESALQ PB-5. O levantamento realizado por SANTOS (1985) envolvendo 16 trabalhos, constatou um intervalo de variação entre 176,6 a 668,0(cm/pl)² para AP e 46,1 a 548,0(cm/pl)² para AE. As estimativas apresentadas para AP estão abaixo do limite inferior citado, enquanto as estimativas obtidas para AE se encontram dentro do referido intervalo.

As estimativas dos desvios associados à variância entre progênies S_1 foram de 24,6 (AP) e -11,1 (AE) e se revelaram pequenos frente às estimativas de σ^2A , indicando os baixos efeitos de dominância para esses caracteres.

Os coeficientes de herdabilidade estimados para AP e AE ao nível de médias de progênies IG (Tabela 22) foram de 64,6 a 43,1% para $\sigma^2D=\sigma^2A$. Valores médios destes coeficientes obtidos na população ESALQ PB-1 por ARAÚJO (1992) foram de 71,8% para AP e de 72,4% para AE.

A estimativa do ganho esperado por seleção de 20% das melhores progênies IG, foi de 5,8 e 3,8% para AP e 11,7 e 7,8% para AE, considerando as hipóteses $\sigma^2D=0$ e $\sigma^2D=\sigma^2A$ respectivamente.

O caráter DE avaliado em progênies DI apresentou estimativas de σ^2A de $3,2\text{mm}^2$. Em progênies S_1 e IG, considerando os diferentes níveis de dominância, as estimativas foram de 3,7 e 3,0 e em média de 4,3 e $2,9\text{mm}^2$ para S_1 e IG, respectivamente. MARQUES (1988) utilizando as mesmas hipóteses em progênies S_2 estimou σ^2A para DE entre 5,0 e 4,5 para ESALQ PB-2 e entre 5,3 e $4,7\text{mm}^2$ para a população ESALQ PB-3.

O coeficiente de herdabilidade ao nível de progênies IG foi estimado em 46,0 e 30,7% para os dois níveis de dominância considerados. A predição de progresso através de seleção de 20% das espigas com maior diâmetro foi estimada em 4,4 e 2,9% considerando as mesmas hipóteses.

Para o caráter CE, as estimativas das variâncias genéticas aditivas nas diferentes progênies estudadas foram ao nível individual: $157,6\text{mm}^2$ para σ^2A obtida através da interpretação genética dos parâmetros do

delineamento I. Por outro lado, considerando as hipóteses $\sigma^2D=0$ e $\sigma^2D=\sigma^2A$, foram obtidas estimativas de σ^2A de 24,7 a 16,4 para progênies DI; 231,7 e 185,4 para progênies S₁, e; 207,6 e 138,4mm² para progênies IG.

Essas estimativas obtidas com progênies S₁ e IG evidenciam a presença de variabilidade genética para CE. A média de 36 estimativas de σ^2A para CE apresentada por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988) foi de 152,4mm². NASS (1992) apresentou estimativas de σ^2A obtidas nas populações semi-exóticas de milho EE1 e EC4 para CE considerando $\sigma^2D=0$ da ordem de: 259,7 (S₁) e 415,13 (IG) e, 214,47 (S₁) e 142,58mm²(IG) para as duas populações, respectivamente.

Os coeficientes de herdabilidade estimados ao nível de médias de progênies IG (58,6 e 39,1%) estão abaixo daqueles reportados por MARQUES (1988) e são superiores à média das estimativas ao nível de parcelas (38,1%) apresentadas por HALLAUER & MIRANDA FILHO (1988).

Estimativas obtidas de ganho de seleção com o uso de seleção truncada a 20% em progênies IG agrupadas foram de 6,6 e 4,4% para $\sigma^2D=0$ e $\sigma^2D=\sigma^2A$, respectivamente.

4.4.3. Estimativas para comprimento de radícula (CR) em presença de alumínio

Essas avaliações envolveram quatro experimentos com progênies S₁ e quatro experimentos com progênies IG, conforme descrito no item 3.2.2.2. As comparações aqui discutidas se referem às estimativas obtidas a partir das análises agrupadas por tipo de progênie desses experimentos (Tabelas 25 e 26). Uma vez que com o uso dessas progênies (S₁ e IG) não se obtém uma estimativa da σ^2A independente da σ^2D , foram consideradas

duas hipóteses envolvendo (I) ausência de dominância ou $\sigma^2_D=0$, e (II) $\sigma^2_D=\sigma^2_A$.

As estimativas de variâncias obtidas a partir de progênies IG de modo geral foram superiores àquelas apresentadas por progênies S₁. Contrariando, desta forma, o relatado por PATERNIANI & MIRANDA FILHO (1987) que relaciona a utilização de progênies endogâmicas a um aumento na variância genética entre progênies. Como mencionado anteriormente, a diferença entre as σ^2_p de progênies S₁ e IG é atribuída à relevância do desvio D₁ associado aos componentes de variância entre progênies S₁ (COCKERHAM, 1983). As variâncias genéticas aditivas foram estimadas em 11,0 e 8,9cm² (S₁) e em 64,2 e 42,8cm² (IG), considerando as hipóteses de dominância. Esses parâmetros não encontram similaridade na literatura, uma vez que a grande parte dos trabalhos disponíveis discorrem sobre a ação gênica predominante através de resultados obtidos em experimentos envolvendo populações e seus cruzamentos ou linhagens e suas gerações. LIMA *et alii*, 1992; LOPES *et alii*, 1987b; SAWASAKI & FURLANI, 1987; MAGNAVACA, 1982, entre outros, concluíram que a tolerância ao Al é caráter controlado por genes de ação predominantemente aditiva e que os efeitos de dominância não se mostraram significativos, além de ressaltarem a alta herdabilidade para o caráter.

Desta forma, as estimativas dos coeficientes de herdabilidades obtidos a nível de médias de progênies, da ordem de 88,7 e 71,0% (S₁) e 89,2 e 59,5% (IG), estão de acordo com esses autores, principalmente tomando-se somente as estimativas obtidas considerando ausência de dominância. Nesse caso, com uma pressão de seleção de 20% seria observado um progresso da ordem de 26,7% no caráter por ciclo de seleção. LIMA *et alii* (1992), obtiveram ganhos da ordem de 26,1% em média nos

dois sentidos em seleção divergente para tolerância e sensibilidade ao Al, em dois ciclos de seleção na população IAC-Taiúba de milho.

4.4.4. Estimativas para resistência a helmintosporiose

Os parâmetros genéticos estimados a partir desses experimentos são apresentados na Tabela 27.

Esses experimentos contaram com apenas uma repetição, visto que a variação ao nível de inóculo inicial da doença praticamente inexistiu, uma vez que cada planta foi inoculada artificial e individualmente com grãos de sorgo colonizados com o mesmo isolado do fungo. Diante disto, considerou-se que a ausência de repetições nesses experimentos não constituiu impedimento para a interpretação genética das estimativas obtidas.

As variâncias estimadas entre progênes DI agrupadas foram de maior magnitude daquelas estimadas entre progênes S₁. Essa inferioridade se deve, provavelmente à elevada, embora negativa, grandeza do desvio D₁ associado às variâncias entre progênes S₁ (COCKERHAM, 1983). Nesse caso uma estimativa razoável de D, pode ser obtida substituindo-se a estimativa de σ^2_{Ia} por σ^2_{DI} na relação $\hat{D} = \sigma^2_{S1} - (5/3)\sigma^2_{Ia}$. Desta forma, estimou-se $\hat{D} = -979,6 \times 10^{-4}$, que subtraído da estimativa da variância entre progênes S₁ superou aquela obtida entre progênes DI. Em ambas as progênes estudadas as variâncias dentro de progênes apresentaram praticamente os mesmos valores.

A estimativa da σ^2_A obtida através da interpretação genética dos parâmetros do delineamento I ($367,72 \cdot 10^{-4}$) se mostrou maior que aquela obtida a partir

de progênies S_1 , da ordem de: $204,42 \times 10^{-4}$ para $\sigma^2 D=0$ e $163,54 \times 10^{-4}$ para $\sigma^2 D=\sigma^2 A$. À essas estimativas devem ser subtraídos os valores de D e $(4/5)D$, respectivamente.

HUGHES & HOOKER (1971) concluíram que a resistência a helmintosporiose é condicionada por um número pequeno de genes principalmente de efeitos aditivos.

Da mesma forma foi estimada a $\sigma^2 D$ em experimentos com progênies DI, que na sua análise agrupada foi de $2112,8 \times 10^{-4}$. De elevada magnitude, esta estimativa não é coerente com os níveis de dominância normalmente observados em outros caracteres de milho, e foi atribuída à problemas inerentes ao delineamento I. A dominância para resistência a *E. turcicum* existe ao nível monogênico (Ht_1 , Ht_2 , Ht_3 e Htn). Do mesmo modo a dominância parcial tem sido verificada para resistência ao nível poligênico (resistência horizontal) (RENFRO, 1985).

O coeficiente de herdabilidade estimado ao nível de médias de progênies DI apresentou os valores de 93,3 e 62,0%, considerando-se os dois níveis de dominância. Estimativas desse coeficiente no sentido amplo ao nível de médias de progênies foram de 93,3 e 82,3% para progênies DI e S_1 , nessa ordem. Resultados obtidos por CEBALLOS *et alii* (1991) sugerem que a resistência poligênica à helmintosporiose apresenta alta herdabilidade. Esses autores reportaram ganhos de seleção entre 16,5 a 21,5% por ciclo através de seleção recorrente em oito populações sub-tropicais de milho. MILES *et alii* (1980) relataram que a seleção massal da plantas mais resistentes antes do florescimento com a recombinação das progênies S_1 obtidas da autofecundações dessas plantas, produziu ganhos satisfatórios com 1 ciclo por ano.

5. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos por esse trabalho permitiram relacionar as seguintes conclusões com respeito aos tipos de progênies utilizados, aos caracteres avaliados e à população estudada, nessa ordem:

1. O uso de diferentes progênies foi importante, pois permitiu a comparação das estimativas obtidas entre elas. Estimativas obtidas a partir de experimentos com progênies IG foram consideradas mais confiáveis, apesar da necessidade de se considerar hipóteses quanto ao grau de dominância, enquanto aquelas obtidas através da interpretação genética do delineamento I foram prejudicadas por variações ambientais nos experimentos para caracteres agronômicos. Essas últimas revelaram também problemas inerentes ao próprio delineamento, principalmente devido ao número de fêmeas utilizadas por macho e à inevitável ordenação dos cruzamentos, devido ao sincronismo no florescimento e da amostragem irregular, visto que somente machos que produzam quantidade suficiente de pólen podem ser utilizados em cruzamentos com mais de duas fêmeas. Com respeito às estimativas obtidas de progênies S₁, estas foram relevantes no sentido de permitir a avaliação da depressão devida à endogamia

nos caracteres, visto que a obtenção de estimativas (σ^2A , h^2) não considera os desvios associados à variância entre essas progênies, e que a estimação desses desvios é conduzida considerando alto grau de dominância ($\sigma^2D = \sigma^2A$), incomum em populações de milho.

A produção nacional de milho pipoca tem observado uma desvantagem comparativa aos milhos pipoca importados, recentemente introduzidos no mercado, pela maior uniformidade e tamanho deste material, visto que são geralmente híbridos. Com o estabelecimento de regiões de plantio ao norte do país, onde as condições de umidade durante o desenvolvimento da cultura são altas, predisponentes ao ataque de *E. turcicum*, e os solos geralmente apresentam alto índice de saturação de Al, o desenvolvimento de materiais geneticamente melhorados deve ter como finalidade a boa adaptabilidade desses a essas condições ambientais. Frente a esses fatos, a realidade aponta para a viabilização da utilização de híbridos, onde os materiais geneticamente melhorados devem constituir fontes de linhagens superiores para produção nessas condições. Nesse sentido, avaliações da variabilidade genética para caracteres agronômicos aliado à tolerância ao Al e resistência ao ataque de *E. turcicum* foram considerados fundamentais para o estabelecimento de programa de seleção visando o melhoramento da população para produção e adaptação às condições de estresses ambientais citadas.

. A população de milho Santa Rosa apresentou níveis de produção bastante aceitáveis para milho tipo pipoca; também mostrou variabilidade para todos os caracteres estudados; os parâmetros estimados observaram as mesmas tendências que apresentam milhos normais. Essa população se presta, pois, ao melhoramento, e o estabelecimento de subpopulações melhoradas para características específicas através de seleção recorrente deve constituir objetivo da continuidade do presente trabalho.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALEXANDER, D. E. & CREECH, R. G. Popcorn. In: SPRAGUE, G. F., ed. *Corn and Corn improvement*. 2a ed. Madison, American Society of Agronomy Inc., 1977, p. 385-90.
- ARAÚJO, P.M. Variabilidade genética em subpopulações de milho (*Zea mays* L.) obtidas por seleção divergente. Piracicaba, 1992. 153p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- BAHIA FILHO, A.F.C.; FRANÇA, G.E.; PITTA, G.V.E.; MAGNAVACA, R.; MENDES, J.F.; BAHIA, F.G.F.T.C.; PEREIRA, P. Avaliação de linhagens e populações de milho em condições de elevada acidez. In: REUNIÃO BRASILEIRA DE MILHO E SORGO, 11., Piracicaba, 1978. *Anais*, Piracicaba, 1978. p.51-8.
- BAHIA FILHO, A.F.C.; MAGNAVACA, R.; VASCONCELLOS, C.A.; BAHIA, F.G.F.T.C.; PITTA, G.V.E.; NASPOLINI FILHO, V. Caracterização da curva de resposta de híbridos a calagens e ao fósforo em um solo de elevada acidez. In: REUNIÃO BRASILEIRA DE MILHO E SORGO, 12., Goiânia, 1979. *Anais*. Goiânia, 1979. p.86.
- BENITEZ-TORRES, L. Avaliação de progênies de irmãos germanos obtidas por cruzamento em cadeia em duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1986. 102p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

- BERGQUIST, R.R. & MASIAS, O.R. Physiologic specialization in *Trichometasphaeria turcica* f.sp. *zcae* and *T. turcica* f.sp. *sorgui* in Hawaii. *Phytopathology*, St. Paul, 64: 645-9, 1974.
- BERNARDI, J.; GERALDI, I.O.; MIRANDA FILHO, J.B. Avaliação de progênies de irmãos germanos (So x So) quanto à tolerância a alumínio. Relatório Científico do Departamento de Genética, ESALQ/USP, 15: 20-8, 1981.
- BIGOTO, C. A. Estudo da população ESALQ-PB1 de milho (*Zea mays* L.) em cinco ciclos de seleção recorrente. Piracicaba, 1988. 124p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz").
- BRIDGES, J.R. & KNAPP, S.J. Probabilities of negative estimates of genetic variances. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, 24: 269-74, 1987.
- BRIEGER, F.G. Origem e centros de domesticação do milho. II. Centros de domesticação. Melhoramento. *Ciência e Cultura*, São Paulo, 1: 191-201, 1949.
- CANTON, T. Avaliação de oito ciclos de seleção recorrente na população de milho (*Zea mays* L.) Suwan DMR. Piracicaba, 1988. 112p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- CEBALLOS, H.; DEUTSCH, J.A; GUTIÉRREZ, H. Recurrent selection for resistance to *Exserohilum turcicum* in eight subtropical maize populations. *Crop Science*, Madison, 31: 964-71, 1991.

- CHEN, J.; SUCOFF, E.I.; STADELMANN, E.J. Aluminum and temperature alteration on cell membrane permeability of *Quercus rubra*. *Plant Physiology*, Rockville, 96, 644-9, 1991.
- CLARK, R.B. Characterization of phosphatase in intact maize roots. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, Washington, 23: 458-60, 1975.
- CLARK, R.B. Effect of aluminum on growth and mineral elements of Al-tolerant and Al-intolerant corn. *Plant and Soil*, Dordrecht, 47: 653-62, 1977.
- CLARK, R.B. & BROWN, J.C. Differential phosphorus uptake by phosphorus-stressed corn inbreds. *Crop Science*, Madison, 14: 505-8, 1974.
- CLARK, R. B.; PIER, P.A.; KNUDSEN, D.; MARAN VILLE, J.W. Effects of trace element deficiencies and excesses on mineral nutrients in sorghum. *Journal of Plant Nutrition*, New York, 3: 357-74, 1981.
- COCKERHAM, C.C. Covariances of relatives from self-fertilization. *Crop Science*, Madison, 23: 1177-80, 1983.
- COLEMAN, N.T. & THOMAS, G.W. The basic chemistry of soil acidity. In: PEARSON, R.W. & ADAMS, F., ed. *Soil acidity and liming*. Madison, American Society of Agronomy, 1967, p.1-41.
- COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics*, Washington, 4: 254-66, 1948.

- COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. Estimation of average dominance of genes. In: GOWEN, J.W. *Heterosis*. Ames. Iowa State College Press, 1952. p.494-516.
- CRISÓSTOMO, J.R. Estimação de parâmetros genéticos em duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1978, 71p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz").
- CUNHA FILHO, E. Pesquisa de mecanismo de tolerância à toxidez de Al em milho. 1. Modificações provocadas pela planta no pH da solução nutritiva em função da fonte de N. In: REUNIÃO BRASILEIRA DE MILHO E SORGO, 13, Anais. Londrina, 1980. p.113
- EBERHART, S.A.; MOLL, R.H.; ROBINSON, H.F.; COCKERHAM, C.C. Epistatic and other variances in two varieties of maize. *Crop Science*, Madison, 6: 275-80, 1966.
- EDWARDS, T.H.; HORTON, B.D.; KIRPATRICK, H.C. Aluminum toxicity symptoms in peach seedlings. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, Michigan, 101: 133-42, 1976.
- ELLIOT, C. & JENKINS, M.T. *Helminthosporium turcicum* leaf blight of corn. *Phytopathology*, St. Paul, 36: 660-6, 1946.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA (EMBRAPA) - Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo. Relatório Técnico Anual 1979, Brasília, DF. 1980.

- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA (EMBRAPA) -
 Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo.
 Relatório Técnico Anual 1988-1991, Sete Lagoas, MG.
 1992. 247p.
- FAJEMISIN, J.M. & HOOKER, A. L. Predisposition to
 diplodia stalk rot in corn affected by three
 Helminthosporium leaf blights. *Phytopathology*, St.
 Paul, 64: 1496-99, 1974.
- FALCONER, D.S. *Introduction to quantitative genetics*.
 New York, Ronald Press, 1960. 430p.
- FISHER, R.A. The correlation between relatives on the
 supposition of Mendelian inheritance. *Trans. Roy.
 Soc., Edimburgh*, 52: 399-443, 1918.
- FOY, C.D. Effects of aluminum on plant growth. In
 CARSON, E.W., ed. *The plant root and its environment*.
 Charlottesville, University Press of Virginia, 1974.
 p. 601-42.
- FOY, C.D. Physiological effects of hydrogen, aluminum
 and manganese toxicities in acid soil. Invitational
 contribution of the Plant Stress Laboratory, Plant
 Physiology Institute. *Agronomy Monograph*, no12,
 2ed., Madison, 1984.
- FOY, C.D. & BROWN, J.C. Toxic factors in acid soil. II.
 Differential aluminum tolerance of plant species. *Soil
 Science Society of America Proceedings*, Madison, 28:
 27-32, 1964.
- FOY, C. D.; CHANEY, R. L.; WHITE, M. C. The physiology
 of metal toxicity in plants. *Annual Review of Plant
 Physiology*, Stanford, 29: 511-66, 1978.

- FURLANI, P.R. Effects of aluminum on growth and mineral nutrition of sorghum genotypes. Lincoln, 1981. (Doutorado - Ph.D. Graduate College in the University of Nebraska). 136p.
- FURLANI, P.R. & CLARK, R. B. Screening sorghum for aluminum tolerance in nutrient solution. *Agronomy Journal*, Madison, 73: 587-94, 1981.
- FURLANI, P.R. & HANNA, L.G. Avaliação da tolerância de plantas de arroz e milho ao alumínio em solução nutritiva. *Revista Brasileira de Ciência do Solo*, Campinas, 8: 205-8, 1984.
- GARCIA JÚNIOR, O. & SILVA, W.J. Análise genética da tolerância ao alumínio em milho. *Ciência e Cultura*, São Paulo, 31: 585, 1979.
- GARCIA JÚNIOR, O.; SILVA, W.J.; MASSEI, M.A.S. An efficient method for screening maize inbreds for aluminum tolerance. *Maydica*, Bergamo, 24: 75-82, 1979.
- GARDNER, C.O.; HARVEY, P.H.; COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F. Dominance of genes controlling quantitative characters in maize. *Agronomy Journal*, Madison, 45: 186-91, 1953.
- GEVERS, H.O. A new major gene for resistance to *Helminthosporium turcicum* leaf blight of maize. *Plant Disease Reporter*, St. Paul, 59: 296-99, 1975.
- GOOD, R.L. & HALLAUER, A.R. Inbreeding depression in maize by selfing and full-sibbing. *Crop Science*, Madison, 17: 933-40, 1977.

- GOODMAN, M.M. Estimates of genetic variance in adapted and exotic populations of maize. *Crop Science*, Madison, 5: 87-90, 1965.
- HALLAUER, A.R. Change in genetic variance for seven plant and ear traits after four cycles of reciprocal recurrent selection for yield in maize. *Iowa State Journal of Science*, Ames, 45: 575-93, 1971.
- HALLAUER, A.R. Relation of quantitative genetics to applied maize breeding. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 3: 207-33, 1980.
- HALLAUER, A.R. & WRIGHT, J.A. Genetic variance in the open-pollinated variety of maize, Iowa Ideal. *Der Zuchter*, Berlin, 37: 178-85, 1967.
- HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames, Iowa State University Press, 1988. 468p.
- HAUG, A. Molecular aspects of aluminium toxicity. *Critical Reviews in Plant Science*, Boca Raton, 1: 345-73, 1984.
- HOOKE, A.L. A new type of resistance in corn to *Helminthosporium turcicum*. *Plant Disease Reporter*, St. Paul, 45: 780-1, 1961.
- HOOKE, A.L. Inheritance of chlorotic lesion resistance to *Helminthosporium turcicum* in seedling corn. *Phytopathology*, St. Paul, 53: 660-2, 1963.
- HOOKE, A.L. *Helminthosporium turcicum* as a pathogen of corn. *Rep Tottori Mycol. Inst.*, Tottori (Jpn.), 12: 115-25, 1975.

- HOOKEE, A.L. A second major gene locus in corn for chlorotic-lesion resistance to *Helminthosporium turcicum*. *Crop Science*, Madison, 17: 132-5, 1977.
- HOOKEE, A.L.; HILU, H.M.; WILKINSON, D.R.; VAN DYKE, C.G. Additional sources of chlorotic-lesion resistance to *Helminthosporium turcicum* in corn. *Plant Disease Reporter*, St. Paul, 48: 777-80, 1964.
- HUGUES, G.R. & HOOKEE, A.L. Gene action conditioning resistance to northern leaf blight in maize. *Crop Science*, Madison, 11: 180-4, 1971.
- JENKINS, M.T. *Corn improvement*. Washington, USDA, 1936. p.455-522. (Yearbook of Agriculture).
- JENKINS, M.T. & ROBERT, A.L. Inheritance of resistance to the leaf blight of corn caused by *Helminthosporium turcicum*. *Agronomy Journal*, Madison, 44: 136-40, 1952.
- JENKINS, M.T.; ROBERT, A.L.; FINDLEY JR., W.R. Inheritance of resistance to *Helminthosporium* leaf blight in populations of F₃ progenies. *Agronomy Journal*, Madison, 44: 438-42, 1952.
- JORDAN, E.G.; PERKINS, J.M.; SCHALL, R.A.; PEDERSON, W.L. Occurrence of race 2 of *Exserohilum turcicum* on corn in the central and eastern United States. *Plant Disease*, Beltsville, 67: 1163-5, 1983.
- KAMPRATH, E.J. Soil acidity and liming. In: COMMITTEE ON TROPICAL SOILS. *Soils of the humid tropics*. Washington, 1972. p.136-149.

- KARLIK, S.J.; EICHORN, G.L.; CRAPPER McLACHLAN, D.R.
Molecular interactions of aluminium with DNA.
Neurotoxicology, Little Rock, 1: 83-8, 1980.
- KULESHOV, N. World's diversity of phenotypes of maize.
Journal of the American Society of Agronomy, 25:
Washington, 688-700, 1933.
- LEATH, S. & PEDERSON, W.L. The relationship between
early leaf blight of maize. *Canadian Journal of Plant
Pathology*, Ottawa, 80: 196-200, 1990.
- LIGNON, W.S. & PIERRE, W. H. Soluble aluminum studies.
II. Minimum concentrations of aluminum found to be
toxic to corn, sorghum and barley in culture solutions.
Soil Science, Baltimore, 34: 307-17, 1932.
- LIM, S.M.; KINSEY, J.G.; HOOKER, A.L. Inheritance of
virulence in *Helminthosporium turcicum* to monogenic
resistant corn. *Phytopathology*, St. Paul, 64:
1150-1, 1974.
- LIMA, M. & PATERNIANI, E. Estimativas de parâmetros
genéticos e fenotípicos em progênies de meios irmãos de
milho (*Zea mays* L.) ESALQ-VD2 MI-HSIII e suas
implicações no melhoramento. *Relatório Científico
do Departamento de Genética*, Piracicaba, 11: 84-9, 1977.
- LIMA, M.; MIRANDA FILHO, J.B.; GALLO, P.B. Inbreeding
depression in Brazilian populations of maize (*Zea mays*
L.). *Maydica*, Bergamo, 29: 203-15, 1984.
- LIMA, M.; FURLANI, P.R.; MIRANDA FILHO, J.B.
Divergent selection for aluminum tolerance in a maize
(*Zea mays* L.) population. *Maydica*, Bergamo, 37:
123-32, 1992.

- LINDSEY, M.D.; LONNQUIST, J.H.; GARDNER, C.O. Estimates of genetic variance in open-pollinated varieties of corn-belt corn. *Crop Science*, Madison, 2: 105-8, 1962.
- LOPES, A. S. & COX, F. R. A survey of the fertility status of surface soils under "Cerrado" vegetation in Brazil. *Soil Science Society of America Journal*, Madison, 41: 742-7, 1977.
- LOPES, U.V.; GALVÃO, J.D.; GOMES, J.J.L.; MUCHOVEV, J.J. Correlações genética, fenotípica e de ambiente entre o tamanho e número de lesões de *Helminthosporium turcicum* em milho. *Fitopatologia Brasileira*, Brasília, 12: 157, 1987a.
- LOPES, M.A.; MAGNAVACA, R.; BAHIA FILHO, A.F.C.; GAMA, E.E.G. Avaliação de populações de milho e seus cruzamentos para tolerância à toxidez de alumínio em solução nutritiva. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 22: 257-63, 1987b.
- LORDELO, J.A.C. Parâmetros genéticos das populações de milho Piranão VD-2 e Piranão VF-1. Piracicaba, 1982, 63p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MAGNAVACA, R. Genetic variability and the inheritance of aluminum tolerance in maize (*Zea mays* L.). Lincoln, 1982. 135p. (Doutorado - Ph.D. Graduate College in the University of Nebraska).
- MAGNAVACA, R.; GARDNER, C.O.; CLARK, R.B. Evaluation of inbred lines for aluminum tolerance in nutrient solution. In: GABELMAN, H.W. & LOUGHMAN, B.C., ed. *Genetics aspects of plant mineral nutrition*. Martinus Nijhoff Publishers, 1986. p.255-65.

- MAMEDE, F.B.F. Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em duas populações de milho (*Zea mays* L.) opaco. Piracicaba, 1991. 183p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MANGELSDORF P. C. & SMITH Jr., C. E. New archaeological evidence on evolution in maize **Bot. Mus. Leafl. Harvard University, Cambridge, 13: 213-47, 1949.**
- MARQUES, J.R.B. Seleção recorrente com endogamia em duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1988. 145p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MARQUEZ-SANCHEZ, F. & HALLAUER, A.R. Influence of sample size on the estimation of genetic variance in a synthetic variety of maize. II. Plant and ear characters. **Iowa State Journal of Sciences, Ames, 44: 423-36, 1970.**
- MILES, J.W.; DUDLEY, J.W.; WHITE, D.G.; LAMBERT, R.J. Improving corn population for grain yield and resistance to leaf blight and stalk rot. **Crop Science, Madison, 20: 247-51, 1980.**
- MIRANDA FILHO, J.B. Breeding methodologies for tropical maize. In: BRANDOLINI, A. & SALAMINI, F., ed. **Breeding strategies for maize production improvement in the tropics. Florence, FAO, 1985. p.177-206.**
- NASPOLINI FILHO, V.; BAHIA FILHO, A.F.C.; VIANNA, R.T.; GAMA, E.E.G.; VASCONCELLOS, C.A.; MAGNAVACA, R. Comportamento de linhagens e de híbridos simples de milho (*Zea mays* L.) em solos sob vegetação de cerrado. **Ciência e Cultura, São Paulo, 33: 722-7, 1981.**

- NASS, L.L. Variabilidade genética de populações semi-exóticas de milho (*Zea mays* L.) Piracicaba, 1992. 141p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- OLMOS, I. L. & CAMARGO, M.N. Incidence of aluminum toxicity in Brazilian soils: its characterization and distribution. *Ciência e Cultura*, São Paulo, 28: 171-80, 1976.
- PATERNIANI, E. & GOODMAN, M.M. Races of maize in Brazil and adjacent areas. In: INTERNATIONAL MAIZE AND WHEAT IMPROVEMENT. Mexico, 1977. 95p.
- PATERNIANI, E. & MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E. & VIÉGAS, G.P., ed. **Melhoramento e produção de milho**. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1, p.217-74.
- PETTERSSON, A.; HÄLLBOM, L.; BERGMAN, B. Physiological and structural responses of the cyanobacterium *Anabaena cylindrica* to aluminum. *Physiologia Plantarum*, Copenhagen, 63: 153-8, 1985.
- RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. Piracicaba, 1977. 122p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- RASMUSEN, H.P. The mode of entry and distribution of aluminum in *Zea mays* : Electron microprobe x-ray analysis. *Planta*, New York, 81: 28-37, 1968.

- RAYMONDO, A.D. & HOOKER, A.L. Measuring the relationship between northern corn leaf blight and yield losses. *Plant Disease*, St. Paul, 65: 325-7, 1981.
- RENFRO, B.L. Breeding for disease resistance in tropical maize and its genetic control. In: BRANDOLINI, A & SALAMINI, F., ed. *Breeding strategies for maize production improvement in the tropics*. Florence, FAO, 1985. p.341-365.
- RHUE, R.D. Differential aluminum tolerance in crop plants. In: MUSSEL, H. & STAPLES, R.C., eds. *Stress physiology in crop plants*. John Willey & Sons, New York, 1979. p.61-80.
- RHUE, R.D. & GROGAN, C.O. Screening corn to aluminum tolerance. In: WRIGHT, M.J. ed. *Plant adaptation to mineral stress in problem soils*. Cornell University Agriculture Experimental Station., Ithaca, NY. 1976. p.297-310.
- RHUE, R. D. & GROGAN, C. O. Screening corn for aluminum tolerance using different Ca and Mg concentrations. *Agronomy Journal*, Madison, 69: 755-60, 1977.
- RISSI, R. Estimaco de parmetros genticos em duas subpopulaes da variedade de milho (*Zea mays* L.) Pirano. Piracicaba, 1980. 87p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Estimates of heritability and degree of dominance in corn. *Agronomy Journal*, Madison, 41: 353-9, 1949.

- ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Genotypic and phenotypic correlations in corn and their implications in selection. *Agronomy Journal*, Madison, 43: 282-7, 1951.
- ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Genetic variances in open-pollinated varieties of corn. *Genetics*, Princeton, 40: 45-60, 1955.
- RODRIGUEZ, A.E. & ULLSTRUP, A.J. Pathogenicity of monoascosporic progenies of *Trichometasphaeria turcica*. *Phytopathology*, St. Paul, 52: 599-601, 1962.
- SANTOS, M.X. Estudo do potencial genético de duas raças brasileiras de milho (*Zea mays* L.) para fins de melhoramento. Piracicaba, 1985. 186p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SAWASAKI, E. & FURLANI, P.R. Genética da tolerância ao alumínio em milho cateto. *Bragantia*, Campinas, 46: 269-78, 1987.
- SILVA, A.R. Application of the plant genetic approach to wheat culture in Brazil. In: Wright, M.J. ed. *Plant adaptation on mineral stress in problem soils*. Cornell University Agriculture Experimental Station., Ithaca, NY. 1976. p.223-31.
- SILVA, W.J. Seleção de milho tolerante ao alumínio. In: XII REUNIÃO DA SOCIEDADE DE GENÉTICA, *Anais*, Jaboticabal, SP., 1979. p.107-13.
- SILVA, J.C. & HALLAUER, A.R. Estimation of epistatic variance in Iowa Stiff Stalk Synthetic maize. *The Journal of Heredity*, Washington, 66: 290-6, 1975.

- SILVA, S.O. Estimativas de parâmetros genéticos em populações de milho braquítico, pelo delineamento I de Comstock e Robinson. Piracicaba, 1990. 138p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SIMONE, G.W. Inheritance of resistance in fifteen corn selections to *Helminthosporium turcicum*. Urbana, 1978 (Doutorado - Ph.D dissertation, University of Illinois).
- SMITH, D.R. Monitoring corn pathogens nationally. In: ALEXANDER, D.E. ed. Proc. 20 Annu. Illinois Corn Breeders School, Univ. of Illinois, Champaign, 6-8 March. p.101-36. 1984. University of Illinois, Champaign.
- SMITH, D.R. & KINSEY, J.G. Further physiologic specialization in *Helminthosporium turcicum*. **Plant Disease**, St. Paul, 779-81, 1980.
- SMITH, D.R. & WHITE, D.G. Diseases of corn. In: SPRAGUE, G.F. & DUDLEY, J.W., eds. **Corn and corn improvement**. Madison, American Society of Agronomy, 1988. p.704-6.
- SNEDECOR, G.W. & COCHRAN, W.G. **Statistical Methods**. Iowa State College Press. Ames, Iowa. 1967.
- SOARES FILHO, W.S. Características fenotípicas e genéticas das populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico Piranão-VD2B e Piranão-VF1B. Piracicaba, 1987. 185p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

- SOUZA JUNIOR, C.L. Variabilidade genética em milho (*Zea mays* L.) e relações com seleção recorrente intra e interpopulacional. Piracicaba, 1983. 151p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SPRAGUE, G.F. & EBERHART, S.A. Corn Breeding. In: SPRAGUE, G.F. ed. Corn and Corn Improvement. Madison, American Society of Agronomy, 1977. p. 305-62.
- STEBBINS, G.L. Self-fertilization and population variability in the higher plants. *American Naturalist*, Lancaster, 91: 337-54, 1957.
- STOCKMEYER, E.W.; EVERETT, H.L.; RHUE, R.H. Aluminum tolerance in maize seedlings as measured by primary root length in nutrient solutions. *Maize Genetics Cooperation Newsletter*, Urbana, 52: 15-6, 1978.
- SUBANDI, W. & COMPTON, W.A. Genetic studies in an exotic population of corn (*Zea mays* L.) grown under two plant densities. I. Estimates of genetic parameters. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlim, 44: 153-9, 1974.
- SUHAYDA, C.C. & HAUG, A. Organic acids reduce aluminum toxicity in maize root membranes. *Physiologia Plantarum*, Copenhagen, 68: 189-95, 1986.
- TURNER, M.T. & JOHNSON, E.R. Race of *Helminthosporium turcicum* not controlled by *Ht* genetic resistance in corn in the American Corn Belt. *Plant Disease*, St. Paul, 64: 216-7, 1980.

- ULLSTRUP, A. J. Sources of resistance to northern corn leaf blight. *Plant Disease Reporter*, St. Paul 47: 107-8, 1963.
- ULLSTRUP, A. J. A comparison of monogenic and polygenic resistance to *Helminthosporium turcicum* in corn. *Phytopathology*, St. Paul, 60 :1597-9, 1970.
- ULLSTRUP, A. J. Diseases of corn. In: SPRAGUE, G. F., ed. *Corn and Corn Improvement*. Madison, American Society of Agronomy, 1977. p. 391.
- ULLSTRUP, A. J. & MILES, S. R. The effects of some leaf blights of corn on grain yield. *Phytopathology*, St. Paul, 47 : 331-6, 1957.
- VALOIS, A. C. C. Eficiência comparativa de quatro métodos de seleção em uma população melhorada de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1982. 119p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- VELLO, N. A. & VENCOVSKY, R. Variâncias associadas às estimativas de variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade. *Relatório Científico do Departamento de Genética*, Piracicaba, 8: 238-48, 1974.
- VENCOVSKY, R. Herança Quantitativa. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G. P., eds. *Melhoramento e produção do milho*. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1. p.137-214.
- VENCOVSKY, R. & BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto, *Revista Brasileira de Genética*, 1992. 486p.

- VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J.B.; SOUZA JUNIOR, C.L. Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., Raleigh, 1987. *Proceedings*. Sunderland, Sinauer, 1988. p. 465-77.
- VIEGAS, G.P. Alguns fungos do Brasil. *Bragantia*, Campinas, 6 : 353-444, 1946.
- VIOLA, R.E.; MORRISON, J.F.; CLELAND, W.W. Interactions of metal(III)-adenosine 5'-triphosphate complexes with yeast hexokinase. *Biochemistry*, Washington, 19: 3131-7, 1980.
- VOSE, P.B. & RANDAL, T.J. Resistance to aluminum and manganese toxicity in plant related to variety and cation-exchange capacity. *Nature*, London, 196: 85-6. 1962.
- WILLIAMS, J.C.; PENNY, L.H.; SPRAGUE, G.F. Full-sib and half-sib estimates of genetic variance in an open-pollinated variety of corn *Zea mays* L. *Crop Science*, Madison, 5: 125-9, 1965.
- WILLS, M.R. Aluminum toxicity in chronic renal failure, *Saudi Medical Journal*, 11: 174-80, 1990.
- ZIMBACK, L. Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos em uma variedade de milho dentado braquítico opaco (*Zea mays* L). Piracicaba, 1985. 169p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- ZINSLY, J. R. & MACHADO, J. A. Milho pipoca. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G. P. *Melhoramento e produção de milho*. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.2, p.413-421.

T A B E L A S

Tabela 11. Estimativa dos coeficientes de variação genética (CVg%), coeficientes de variação experimental (CVe%) e do índice de variação genética (b) para peso de espiga (PE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), diâmetro de espiga (DE) e comprimento de espiga (CE) em cinco experimentos. Piracicaba-SP, plantio em 15.10.1990.

CARACTERES	EXPERIMENTOS	MÉDIAS	CVg%	CVe%	"b"
PE (g/pl)	01	80,00	3,35	9,63	0,35
	02	80,95	4,09	9,79	0,42
	Agr. 01 e 02	80,46	3,77	9,71	0,39
	03	66,75	6,48	9,99	0,65
	04	85,79	7,47	9,55	0,78
	Agr. 04 e 05	85,64	6,51	8,75	0,74
AP (cm)	01	150,5	6,61	9,60	0,69
	02	152,6	6,94	7,51	0,92
	Agr. 01 e 02	151,5	6,83	8,65	0,79
	03	128,1	9,21	8,18	1,13
	04	160,5	5,49	6,12	0,90
	Agr. 04 e 05	161,9	5,12	6,56	0,78
AE (cm)	01	71,92	14,7	16,2	0,91
	02	77,08	15,7	13,3	1,18
	Agr. 01 e 02	74,39	15,4	14,8	1,04
	03	65,30	15,5	11,1	1,40
	04	84,56	11,0	7,38	1,48
	Agr. 04 e 05	82,50	8,60	13,4	0,64
DE (mm)	01	30,87	2,66	10,7	0,25
	02	30,82	5,38	10,8	0,50
	Agr. 01 e 02	30,85	4,23	10,7	0,39
	03	25,83	7,47	25,8	0,29
	04	32,00	4,97	6,83	0,73
	Agr. 04 e 05	31,40	4,21	10,2	0,41
CE (mm)	01	159,2	—	12,7	—
	02	160,5	4,09	13,5	0,30
	Agr. 01 e 02	159,8	2,19	13,1	0,17
	03	130,3	11,7	23,8	0,49
	04	165,2	7,30	7,55	0,97
	Agr. 04 e 05	164,1	4,81	10,3	0,47
		164,6	6,19	9,01	0,68

Tabela 12. Médias e estimativas dos coeficientes de variação genética (CVg%), experimental (CVe%) e do índice de variação (b) para comprimento de radícula em presença de alumínio. Campinas-SP, Fevereiro/1991.

PROGENIES	EXPERIMENTOS	MÉDIAS	CVg%	CVe%	b
S1	06	28,06	13,56	2,32	5,85
	07	26,93	10,49	5,91	1,77
	08	26,62	10,85	4,85	2,24
	09	28,62	12,83	1,59	8,06
	Agrupada	27,56	12,08	3,99	3,03
Test. *	S	12,79			
	T	39,66			
IG	10	28,25	19,16	6,48	2,96
	11	26,64	24,29	2,62	9,28
	12	28,82	16,58	6,55	2,53
	13	28,92	20,28	8,72	2,33
	Agrupada	28,16	20,12	6,59	3,06
Test. *	S	15,81			
	T	41,42			

* médias das testemunhas nos quatro experimentos envolvendo o mesmo tipo de progenies (S1 e IG).
S e T = sensível e tolerante, respectivamente.

Tabela 25. Quadrados médios[#] obtidos nas análises de variância de experimentos inteiramente casualizados, sem repetição, para avaliação da resistência à helmintosporiose. Piracicaba-SP, plantio em 15.10.1990.

EXPERI MENTOS	MÉDIAS	PROGENIES		MACHOS (M)		FEMEAS/M		DENTRO	
		GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
14	1,38	86	582,3**	28	713,6 ^{ns}	58	518,9**	566	330,5
15	1,15	79	957,2**	39	1023,2 ^{ns}	40	892,9**	552	410,7
Agrup.	1,27	165	761,8**	67	893,8 ^{ns}	98	671,5**	1118	370,1
16	1,49	80	248,3*					627	376,8

(#) valores multiplicados por 10^4

* : significativo a 5%

** : significativo a 1%

Tabela 14. Valores médios obtidos em progênies S₁ e S₀, depressão por endogamia (I) porcentagem em relação à população não endógama (I%), depressão devido ao aumento de 1% no coeficiente de endogamia (I1%), contribuição relativa aos homozigotos ($\mu+a$) e heterozigotos (d) para sete caracteres. 1990/91.

CARAC * TERES	m _{S1}	m _{S0}	I	I%	I1%	$\mu+a$	d
PE (g/pl)	68,65	85,96	-17,31	20,14	-0,35	51,34	34,62
AP (cm)	128,19	161,87	-33,68	20,80	-0,67	94,51	67,36
AE (cm)	65,25	83,49	-18,24	21,85	-0,36	47,01	36,48
DE (mm)	25,83	31,70	- 5,87	18,52	-0,12	19,96	11,74
CE (mm)	130,30	164,63	-34,33	20,85	-0,69	95,97	68,66
CR [#] (cm)	27,58	28,15	-0,57	2,02	-0,01	27,01	1,14
Ht [■]	1,49	1,27 [□]	0,22	17,32	0,004	1,71	0,44

(*) caracteres descritos no item 3.2.2.1

(#) Comprimento de radícula em presença de alumínio, descrito no item 3.2.2.2.

(■) Resistência a *E. turcicum*, descrito no item 3.2.2.3

(□) Média de progênies DI.

TABELA 15. Quadrados médios para peso de espiga (PE), altura da planta (AP), altura de espiga (AE), diâmetro de espiga (DE) e comprimento de espiga (CE) em cinco experimentos. Piracicaba-SP, 1990/91.

CARACTERES	EXPERIMENTOS	PROGÊNIES		ERRO	
		GL	QM	GL	QM
PE	01	86	81,0417 ^{ns}	172	59,3855
PE	02	79	95,6480 ^{**}	158	62,7448
PE	03	78	100,6397 ^{**}	156	44,4650
PE	04	63	190,2985 ^{**}	126	67,1224
PE	05	63	108,3381 ^{**}	126	45,1350
AP	01	86	507,8810 ^{**}	172	208,9000
AP	02	79	468,1100 ^{**}	158	131,2040
AP	03	78	526,7500 ^{**}	156	109,7300
AP	04	63	329,2800 ^{**}	126	96,5790
AP	05	63	308,4330 ^{**}	126	129,3590
AE	01	86	468,3730 ^{**}	172	135,7050
AE	02	79	544,1770 ^{**}	158	104,7110
AE	03	78	359,4210 ^{**}	156	52,4020
AE	04	63	296,2960 ^{**}	126	38,9800
AE	05	63	273,5120 ^{**}	126	122,4640
DE	01	86	12,8990 ^{ns}	172	10,8973
DE	02	79	19,2342 ^{**}	158	10,9970
DE	03	78	55,4723 ^{ns}	156	44,2901
DE	04	63	12,3563 ^{**}	126	4,7720
DE	05	63	15,5082 ^{ns}	126	10,2746
CE	01	86	361,4925 ^{ns}	172	411,0267
CE	02	79	601,5337 ^{ns}	158	472,4602
CE	03	78	1656,1380 ^{**}	156	960,9270
CE	04	63	591,0008 ^{**}	126	155,3370
CE	05	63	471,2267 ^{**}	126	284,3144

ns: não significativo; **: significativo a 1%

Tabela 16. Quadrados médios na análise de variância agrupadas para peso de espiga (PE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), diâmetro de espiga (DE) e comprimento de espiga (CE). Piracicaba-SP, 1990/91.

CARAC TERES	EXPERIMENTOS AGRUPADOS	$\hat{\mu}$ PROGENIES		$\hat{\sigma}^2$ ERRO	
		GL	QM	GL	QM
PE	01 e 02	165	77,6108**	330	60,9939
	04 e 05	126	149,3183**	252	56,1287
AP	01 e 02	165	487,0766**	330	171,7001
	04 e 05	126	318,8565**	252	112,9690
AE	01 e 02	165	505,5584**	330	120,8681
	04 e 05	126	284,9040**	252	80,7220
DE	01 e 02	165	15,9516**	330	10,9465
	04 e 05	126	13,9323**	252	7,5233
CE	01 e 02	165	476,4996 ^{ns}	330	440,4420
	04 e 05	126	531,1138**	252	219,8257

ns: não significativo; **: significativo a 1%

Tabela 17. Quadrados médios na análise de variância do delineamento I (COMSTOCK & ROBINSON, 1948) para peso de espiga (PE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), diâmetro de espiga (DE) e comprimento de espiga (CE). Piracicaba-SP, 1990/91.

CARACTERES	EXPERIMENTOS	MACHOS		FÊMEAS/MACHO		ERRO	
		GL	QM	GL	QM	GL	QM
PE	01	28	82,7730 ^{ns}	58	80,2060 [*]	172	59,3855
	02	39	98,3679 ^{ns}	40	92,9961 [*]	158	62,7448
	Agrupada	67	91,8506 ^{ns}	98	85,4264 [*]	330	60,9939
AP	01	28	796,8938 [*]	58	364,7510 ^{**}	172	208,9000
	02	39	713,9717 ^{**}	40	226,3542 ^{**}	158	131,2040
	Agrupada	67	748,6257 ^{**}	98	308,2625 ^{**}	330	171,7001
AE	01	28	865,5925 ^{**}	58	282,2797 ^{**}	172	135,7050
	02	39	637,3932 ^{**}	40	253,7500 ^{**}	158	104,7110
	Agrupada	67	732,7601 ^{**}	98	270,6349 ^{**}	330	120,8681
DE	01	28	15,5244 ^{ns}	58	11,6529 ^{ns}	172	10,8973
	02	39	22,1811 ^{ns}	40	16,4101 ^{ns}	158	10,9970
	Agrupada	67	19,3992 ^{ns}	98	13,5946 ^{ns}	330	10,9464
CE	01	28	403,3285 ^{ns}	58	341,4004 ^{ns}	172	411,0267
	02	39	620,6780 ^{ns}	40	388,0391 ^{ns}	158	472,4602
	Agrupada	67	529,8454 ^{ns}	98	360,4366 ^{ns}	330	440,4420

ns, *, **: não significativo, significativo a 5% e 1%, respectivamente.

Tabela 18. Quadrados médios obtidos nas análises de variâncias em blocos casualizados nos experimentos para avaliação do comprimento de radícula em presença de alumínio. Campinas-SP, Fevereiro/1991.

EXPERI MENTOS	$\hat{\text{PROGÊNIES}}$		$\hat{\text{ERRO}}$		DENTRO	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM
06	20	47,7060**	40	4,2383	315	22,8906
07	20	29,8557**	40	5,9300	315	20,3596
08	20	28,6053**	40	3,5751	315	11,4647
09	20	43,6073**	40	3,1227	315	17,4889
Agrupada	80	37,4436**	160	4,2165	1260	18,0510
10	20	96,8958**	40	8,9786	315	33,7631
11	20	132,4698**	40	6,7683	315	37,6926
12	20	80,7014**	40	12,1875	315	51,7580
13	20	119,5228**	40	16,3283	315	59,8152
Agrupada	80	107,3975**	160	11,0657	1260	45,7523

Experimentos 06 a 09 : Progenies $\hat{\text{S1}}$

Experimentos 10 a 13 : Progenies $\hat{\text{IG}}$

** : significativo a 1%

Tabela 19. Estimativas para variância de progênies ($\hat{\sigma}_p^2$) variâncias de machos ($\hat{\sigma}_m^2$), variâncias de fêmeas dentro de machos ($\hat{\sigma}_{f/m}^2$) e variância do erro ($\hat{\sigma}_e^2$) para peso de espiga (PE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), diâmetro de espiga (DE) e comprimento de espiga (CE) para cinco caracteres. Piracicaba-SP, 1990/91.

CARACTERES	EXPERIMENTOS	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_m^2$	$\hat{\sigma}_{f/m}^2$	$\hat{\sigma}_e^2$
PE	01	7,219 ±4,592	0,285 ±2,878	6,940 ±5,323	59,39 ±6,367
PE	02	10,97 ±5,529	0,895 ±4,955	10,08 ±7,157	62,74 ±7,015
PE	Agrupada	9,181 ±3,644	0,886 ±2,724	8,144 ±4,325	60,99 ±4,734
AP	01	98,85 ±26,47	48,02 ±24,03	51,95 ±23,52	208,9 ±22,40
AP	02	112,0 ±24,95	81,27 ±27,54	31,72 ±17,18	131,2 ±14,67
AP	Agrupada	107,1 ±18,65	60,71 ±18,57	45,52 ±15,20	171,7 ±13,33
AE	01	112,2 ±24,22	64,81 ±25,48	48,86 ±17,85	135,7 ±14,55
AE	02	145,7 ±28,65	97,27 ±32,18	49,68 ±18,87	104,7 ±11,71
AE	Agrupada	130,6 ±19,05	79,76 ±20,62	49,92 ±13,14	120,9 ±9,381
DE	01	0,672 ±0,757	0,430 ±0,504	0,252 ±0,809	10,90 ±1,168
DE	02	2,754 ±1,089	0,962 ±1,011	1,804 ±1,262	11,00 ±1,230
DE	Agrupada	1,699 ±0,659	0,800 ±0,527	0,883 ±0,701	10,95 ±0,850
CE	01	-16,51 ±23,36	6,881 ±13,49	-23,21 ±25,44	411,0 ±44,07
CE	02	43,05 ±36,10	72,11 ±33,34	-28,14 ±33,27	472,5 ±52,82
CE	Agrupada	12,24 ±21,17	39,40 ±16,71	-26,67 ±20,46	440,4 ±34,18

Tabela 20. Estimativa das variâncias genéticas entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$) e das variâncias do erro ($\hat{\sigma}_1^2$ e $\hat{\sigma}_0^2$), para peso de espiga (PE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), diâmetro de espiga (DE) e comprimento de espiga (CE). Piracicaba-SP, 1990/91.

CARAC TERES	EXP. 03 (S1)		EXP. 04 (IG)		EXP. 05 (IG)		AGRUP 04 e 05	
	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_1^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_0^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_0^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_0^2$
PE	18,72 ±5,56	44,47 ±5,00	41,06 ±11,47	67,12 ±8,39	21,07 ±6,61	45,14 ±5,64	31,06 ±6,44	56,13 ±4,98
AP	139,0 ±28,07	109,7 ±12,35	77,57 ±19,67	96,58 ±12,07	59,69 ±18,82	129,4 ±16,17	68,63 ±13,70	113,0 ±10,02
AE	102,3 ±19,04	52,40 ±5,90	85,77 ±17,40	38,98 ±4,87	50,35 ±16,79	122,5 ±15,31	68,06 ±12,11	80,72 ±7,16
DE	3,727 ±3,36	44,29 ±1,66	2,528 ±0,75	4,772 ±0,20	1,745 ±1,00	10,27 ±0,43	2,136 ±0,62	7,523 ±0,67
CE	231,7 ±94,43	960,9 ±108,1	145,2 ±35,16	155,3 ±19,42	62,30 ±29,99	284,3 ±35,54	103,8 ±23,07	219,8 ±19,51

$\hat{\sigma}_1^2$ e $\hat{\sigma}_0^2$, referem-se a progênies S1 e IG, respectivamente.

Tabela 21. Estimativas para variâncias aditivas ($\hat{\sigma}_A^2$), variâncias dominantes ($\hat{\sigma}_D^2$) e herdabilidades a nível de médias de progênies IG, em experimentos com progênies DI para peso de espiga (PE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), diâmetro de espiga (DE) e comprimento de espiga (CE). Piracicaba-SP, 1990/91.

CARACTERES	EXPERIMENTOS	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_D^2$	\hat{h}_{IG}^2 (%)
PE	01	1,141 ±11,51	26,62 ±28,98	2,111 ±21,31
PE	02	3,581 ±19,82	36,75 ±44,10	5,614 ±31,07
PE	Agrupada	3,543 ±10,90	29,03 ±25,15	6,033 ±18,56
AP	01	192,1 ±96,12	15,74 ±152,5	56,62 ±28,34
AP	02	325,1 ±110,1	-198,2 ±145,5	103,7 ±35,15
AP	Agrupada	242,8 ±74,28	-60,75 ±109,6	74,28 ±22,72
AE	01	259,3 ±101,9	-63,82 ±136,5	81,57 ±32,07
AE	02	389,1 ±128,7	-190,4 ±166,5	107,0 ±35,39
AE	Agrupada	319,0 ±82,47	-119,3 ±108,2	93,85 ±24,26
DE	01	1,721 ±2,02	-0,713 ±4,46	19,94 ±23,37
DE	02	3,847 ±4,05	3,370 ±8,04	29,91 ±31,45
DE	Agrupada	3,201 ±2,11	0,330 ±4,21	30,02 ±19,76
CE	01	27,52 ±53,94	-120,4 ±133,7	11,40 ±22,35
CE	02	288,4 ±133,4	-401,0 ±219,6	71,59 ±33,03
CE	Agrupada	157,6 ±66,87	-264,3 ±122,4	49,39 ±20,96

Tabela 22. Estimativas para variâncias aditivas ($\hat{\sigma}_{A(IG)}^2$) e herdabilidades ao nível de médias de progênies IG para peso de espiga (PE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), diâmetro de espiga (DE) e comprimento de espiga. Piracicaba-SP, 1990/91.

CARACTERES	EXPERIMENTOS	$\hat{\sigma}_{A(IG)}^2$ (#)	$\hat{\sigma}_{A(IG)}^2$ (*)	\hat{h}_{IG}^2 (%) (#)	\hat{h}_{IG}^2 (%) (*)
PE	04	82,12 ±22,94	54,74 ±15,30	64,73 ±10,74	43,15 ±5,06
	05	42,14 ±13,22	28,09 ±8,81	58,34 ±8,97	38,89 ±5,98
	Agrupada	62,13 ±12,88	41,42 ±8,59	62,41 ±5,76	41,61 ±3,84
AP	04	155,1 ±39,34	103,4 ±26,23	70,67 ±6,31	47,11 ±4,21
	05	119,4 ±37,64	79,59 ±25,10	58,06 ±9,02	38,71 ±6,02
	Agrupada	137,3 ±27,40	91,51 ±18,27	64,57 ±5,43	43,05 ±3,62
AE	04	171,5 ±34,80	114,4 ±23,20	86,84 ±2,84	57,89 ±1,89
	05	100,7 ±33,57	67,13 ±22,38	55,23 ±9,64	36,82 ±6,43
	Agrupada	136,1 ±24,22	90,75 ±16,15	71,67 ±4,34	47,78 ±2,89
DE	04	5,056 ±1,50	3,371 ±1,00	61,38 ±8,30	40,92 ±5,53
	05	3,489 ±2,00	2,326 ±1,34	33,75 ±14,27	22,50 ±9,51
	Agrupada	4,272 ±1,24	2,849 ±0,83	46,00 ±8,28	30,67 ±5,52
CE	04	290,4 ±70,31	193,6 ±46,88	73,72 ±5,66	49,15 ±3,77
	05	124,6 ±59,98	83,07 ±39,99	39,67 ±13,00	26,45 ±8,66
	Agrupada	207,5 ±46,14	138,4 ±30,76	58,61 ±6,34	39,07 ±4,23

(#) hipótese : $\sigma_D^2 = 0$; (*) hipótese : $\sigma_A^2 = \sigma_D^2$.

Tabela 23. Estimativas para variâncias aditivas ($\hat{\sigma}_A^2$) e herdabilidades ao nível de médias de progênies, em experimento com progênies DI para peso de espiga (PE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), diâmetro de espiga (DE) e comprimento de espiga (CE). Piracicaba-SP, 1990-91.

CARACTERES	EXPERIMENTOS	$\hat{\sigma}_A^2$ (#)	$\hat{\sigma}_A^2$ (*)	\hat{h}_{DI}^2 (#)	\hat{h}_{DI}^2 (*)
PE	01	14,61 ±9,29	9,700 ±6,17	26,72 ±13,56	17,74 ±9,00
PE	02	22,08 ±11,13	14,69 ±7,40	34,39 ±12,89	22,88 ±8,37
PE	Agrupada	18,53 ±7,36	12,32 ±4,89	31,11 ±9,24	20,68 ±6,14
AP	01	200,0 ±53,57	132,8 ±35,57	58,67 ±7,64	38,96 ±5,08
AP	02	225,3 ±50,21	149,9 ±33,41	71,90 ±5,42	47,83 ±3,60
AP	Agrupada	216,1 ±37,65	143,6 ±25,02	65,17 ±4,67	43,32 ±3,11
AE	01	227,1 ±49,01	150,7 ±32,54	71,26 ±5,32	47,32 ±3,53
AE	02	293,3 ±57,66	195,1 ±38,36	80,67 ±3,73	53,67 ±2,48
AE	Agrupada	263,6 ±38,45	175,2 ±25,56	76,43 ±3,16	50,80 ±2,10
DE	01	1,360 ±1,53	0,903 ±1,02	15,61 ±15,61	10,37 ±10,37
DE	02	5,543 ±2,19	3,688 ±1,46	42,90 ±11,01	28,54 ±7,32
DE	Agrupada	3,430 ±1,33	2,280 ±0,88	31,76 ±9,15	21,12 ±6,09
CE	01	-33,36 ±47,28	-22,16 ±31,40	-13,68 ±21,07	-9,08 ±20,22
CE	02	86,66 ±72,65	57,65 ±48,33	21,47 ±15,15	14,28 ±10,08
CE	Agrupada	24,71 ±42,72	16,42 ±28,40	7,70 ±12,38	5,12 ±8,23

(#) hipótese: $\sigma_D^2 = 0$; (*) hipótese: $\sigma_A^2 = \sigma_D^2$.

Tabela 24. Estimativas para variâncias aditivas ($\hat{\sigma}_{A(S_1)}^2$) e herdabilidades ao nível de médias de progênies S_1 para peso de espiga (PE), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), diâmetro de espiga (DE) e comprimento de espiga (CE). Piracicaba-SP, 1990/91.

CARAC TERES	EXPERI MENTOS	$\hat{\sigma}_{A(S_1)}^2$ (#)	$\hat{\sigma}_{A(S_1)}^2$ (*)	D	$\hat{h}_{S_1}^2$ (%) (#)	$\hat{h}_{S_1}^2$ (%) (*)
PE	03	18,75 ±5,56	14,98 ±4,49	-33,05	55,82 ±8,57	44,66 ±6,87
AP	03	139,0 ±28,07	111,2 ±22,45	24,63	79,17 ±4,04	63,34 ±3,23
AE	03	102,3 ±19,04	81,87 ±15,26	-11,09	85,42 ±2,83	68,34 ±2,26
DE	03	3,727 ±3,36	2,982 ±2,69	0,167	20,15 ±15,49	16,12 ±12,39
CE	03	231,7 ±94,43	185,4 ±75,55	58,80	41,98 ±11,26	33,58 ±9,01

(#) hipótese: $\sigma_D^2 = 0$, para $D = 0$, portanto a estas estimativas deve ser subtraído D.

(*) hipótese: $\sigma_A^2 = \sigma_D^2$, para $D = 0$, portanto a estas estimativas deve ser subtraído (4/5) D ;

$D = D_1 + (\frac{1}{8}) D_2$; desvio associado à variância entre progênies S_1 .

Tabela 25. Estimativas das variâncias genéticas entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), das variâncias ambientais entre as parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$) e das variâncias fenotípicas entre plantas dentro de parcelas ($\hat{\sigma}_d^2$) para comprimento de radícula em presença de alumínio. Campinas-SP, Fevereiro/1991.

PROGÊNIES	EXPERIMENTOS	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_d^2$
S1	06	14,4892 ± 0,80	0,4232 ± 0,32	22,8906 ± 1,82
	07	7,9752 ± 0,51	2,5367 ± 0,28	20,3596 ± 1,62
	08	8,3434 ± 0,48	1,6643 ± 0,16	11,4647 ± 0,91
	09	13,4949 ± 0,73	0,2079 ± 0,23	17,4889 ± 1,39
	Agrupada	11,0757 ± 0,33	1,2080 ± 0,14	18,0510 ± 0,72
IG	10	29,3057 ± 1,63	3,3514 ± 0,46	33,7631 ± 2,69
	11	41,9005 ± 2,22	0,4862 ± 0,50	37,6926 ± 2,99
	12	22,8380 ± 1,36	3,5612 ± 0,70	51,7580 ± 4,11
	13	34,3982 ± 2,01	6,3591 ± 0,82	59,8152 ± 4,75
	Agrupada	32,1106 ± 0,28	3,4395 ± 0,37	45,7572 ± 1,82

Tabela 26. Estimativas das variâncias genéticas aditivas ($\hat{\sigma}_A^2$) e das herdabilidades ao nível de progênies para comprimento de radícula em presença de alumínio. Campinas-SP, Fevereiro/1991.

PROGÊNIES	EXPERIMENTOS	$\hat{\sigma}_A^2$ (#)	$\hat{\sigma}_A^2$ (*)	D	\hat{h}^2 (%) (#)	\hat{h}^2 (%) (*)
S1	06	14,49 ±0,80	11,59 ±0,64	-39,03	91,12 ±3,31	72,90 ±2,65
	07	7,975 ±0,51	6,380 ±0,41	-45,54	80,14 ±7,39	64,11 ±5,91
	08	8,343 ±0,48	6,675 ±0,36	-45,17	87,50 ±4,65	70,00 ±3,72
	09	13,49 ±0,73	10,80 ±0,58	-40,02	92,84 ±2,67	74,27 ±2,14
	Agrupada	11,08 ±0,33	8,861 ±0,26	-42,44	88,74 ±2,15	70,99 ±1,72
IG	10	58,61 ±3,26	39,07 ±2,17		90,73 ±3,45	60,49 ±2,30
	11	83,80 ±4,44	55,87 ±2,96		94,89 ±1,90	63,26 ±1,27
	12	45,68 ±2,72	30,45 ±1,81		84,90 ±5,62	56,60 ±3,75
	13	68,80 ±4,02	45,86 ±2,68		86,34 ±5,08	57,56 ±3,39
	Agrupada	64,22 ±0,56	42,81 ±0,37		89,22 ±2,06	59,48 ±1,37

(#) hipótese: $\sigma_D^2 = 0$, para $D = 0$, portanto a estas estimativas deve ser subtraído D;

(*) hipótese: $\sigma_A^2 = \sigma_D^2$, para $D = 0$, portanto a estas estimativas deve ser subtraído $(4/5)D$

$D = D_1 + (1/8)D_2$, desvio associado à variância entre progênies S1.

Tabela 27. Estimativas para variâncias genéticas entre progênes ($\hat{\sigma}_p^2$), variâncias entre plantas dentro de parcela ($\hat{\sigma}_d^2$), variâncias de machos ($\hat{\sigma}_m^2$), variâncias de fêmeas dentro de macho ($\hat{\sigma}_{f/m}^2$), variâncias aditivas ($\hat{\sigma}_A^2$), variâncias dominantes ($\hat{\sigma}_D^2$) e herdabilidades, no sentido amplo, ao nível de médias para resistência à helmintosporiose. Piracicaba-SP, 1990/91.

EXPERI MENTOS	ESTIMATIVAS [⊗]						$\hat{h}^2\%$
	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_d^2$	$\hat{\sigma}_m^2$	$\hat{\sigma}_{f/m}^2$	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_D^2$	
14	534,3 ±13,5	330,5 ±19,6	64,92 ±69,1	470,9 ±14,0	259,9 ±276	1624 ±562	91,76
15	902,7 ±20,2	410,7 ±24,7	65,11 ±149	838,4 ±195	260,4 ±597	3093 ±1254	94,30
Agrupada	710,4 ±11,8	370,1 ±15,6	91,93 ±74,2	620,1 ±13,8	367,7 ±297	2113 ±593	93,25
16	204,4 ±5,15	377,0 ±21,35	-	-	204,4 [#] ±5,15	-	82,32
					163,5 [*] ±4,12		

(⊗) valores multiplicados por 10^4

(#) hipótese: $\sigma_D^2 = 0$; (*) hipótese: $\sigma_A^2 = \sigma_D^2$.

F I G U R A S

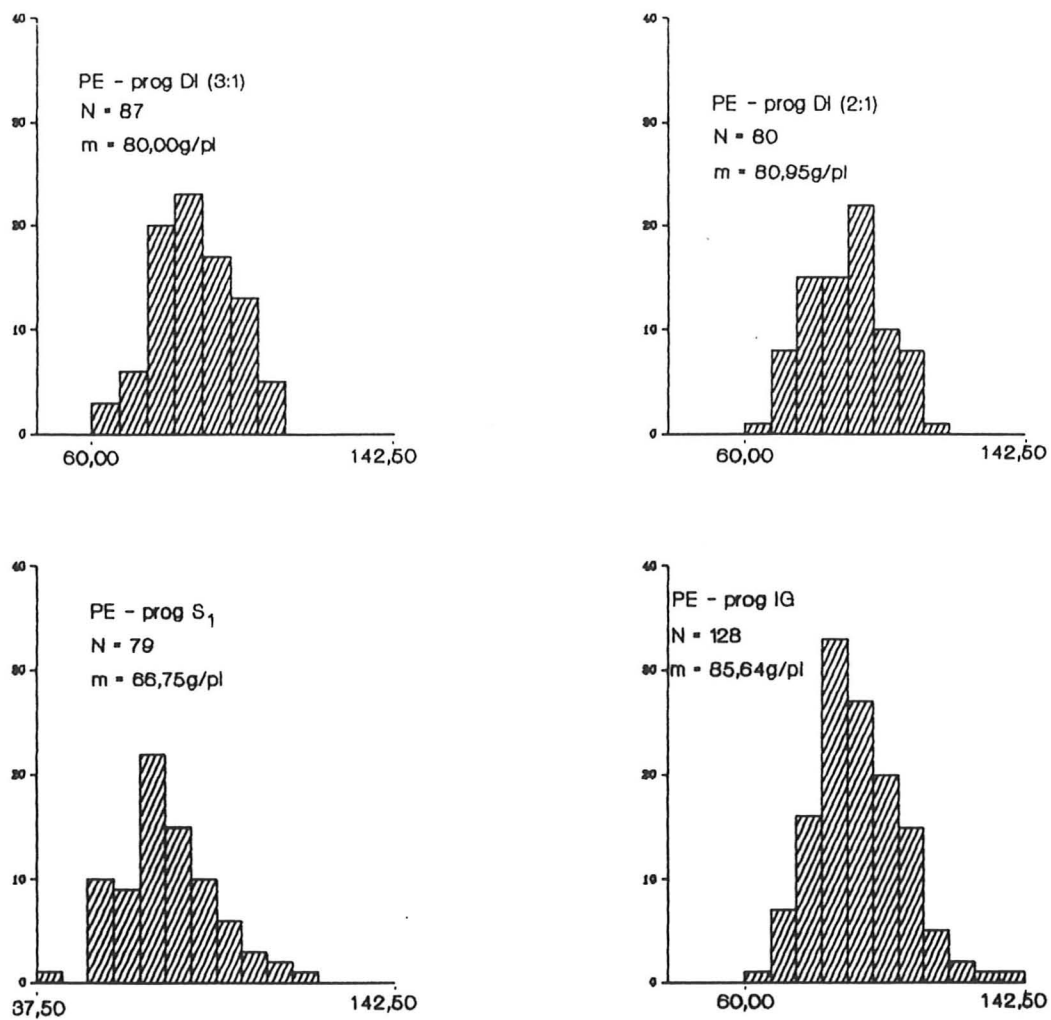


Figura 01. Distribuição das médias para peso de espigas (g/pl) da população Santa Rosa de milho pipoca.

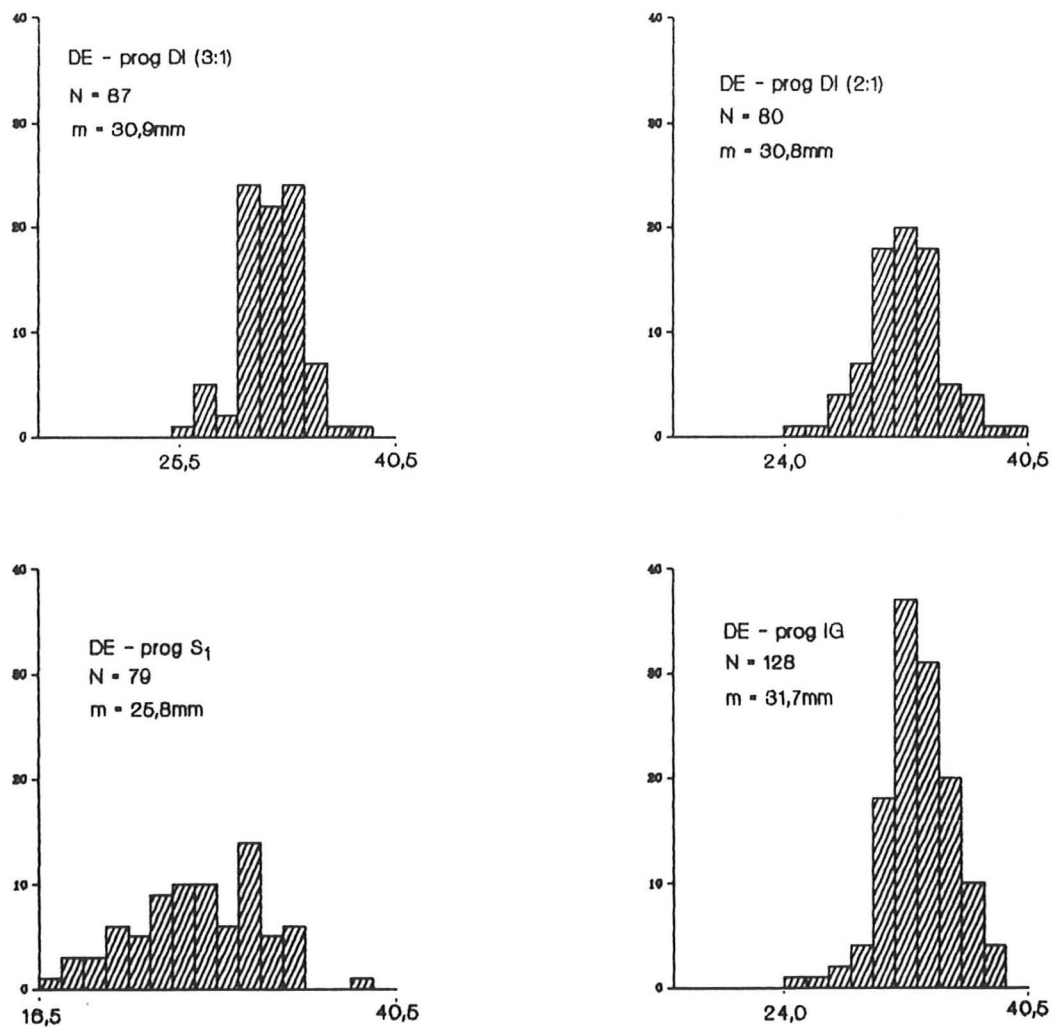


Figura 02. Distribuição das médias para diâmetro de espiga (mm) da população Santa Rosa de milho pipoca.

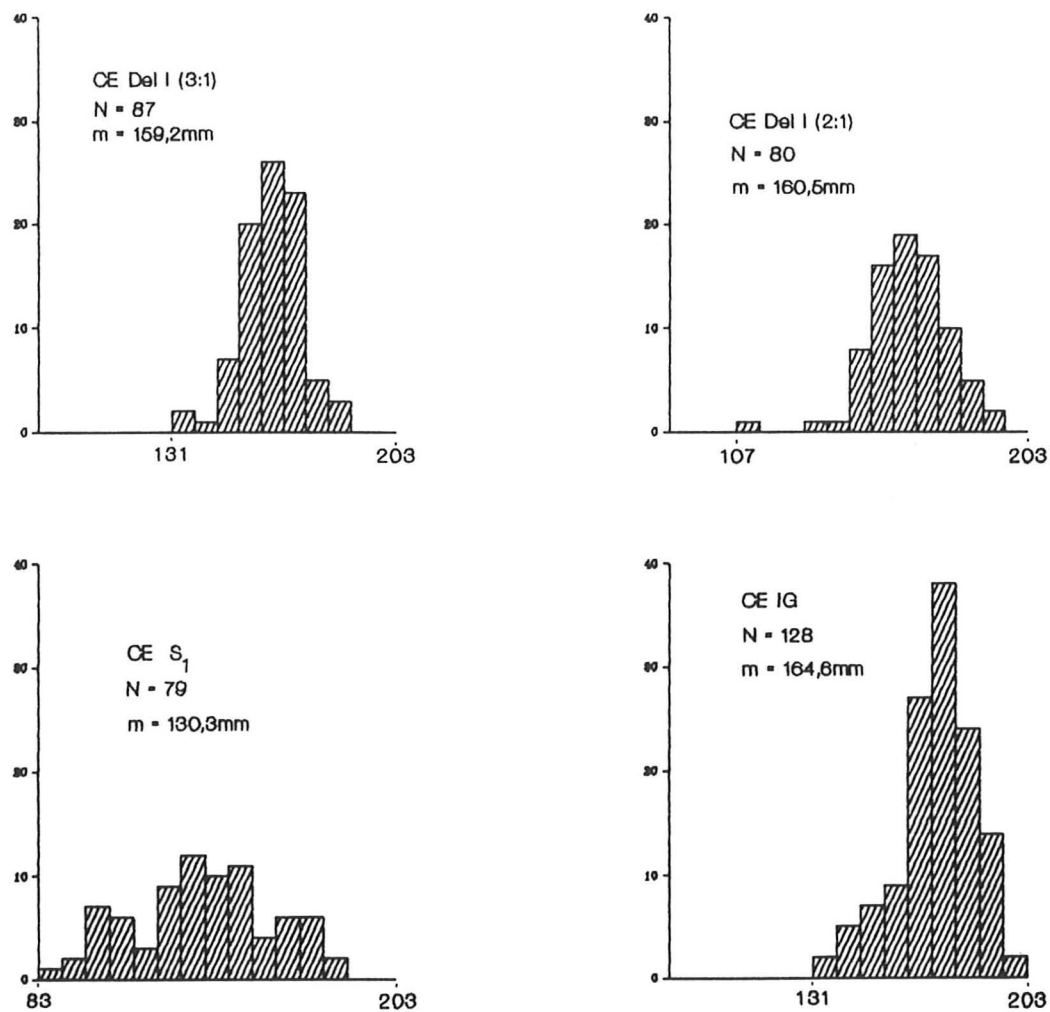


Figura 03. Distribuição das médias para comprimento de espiga (cm) da população Santa Rosa de milho pipoca.

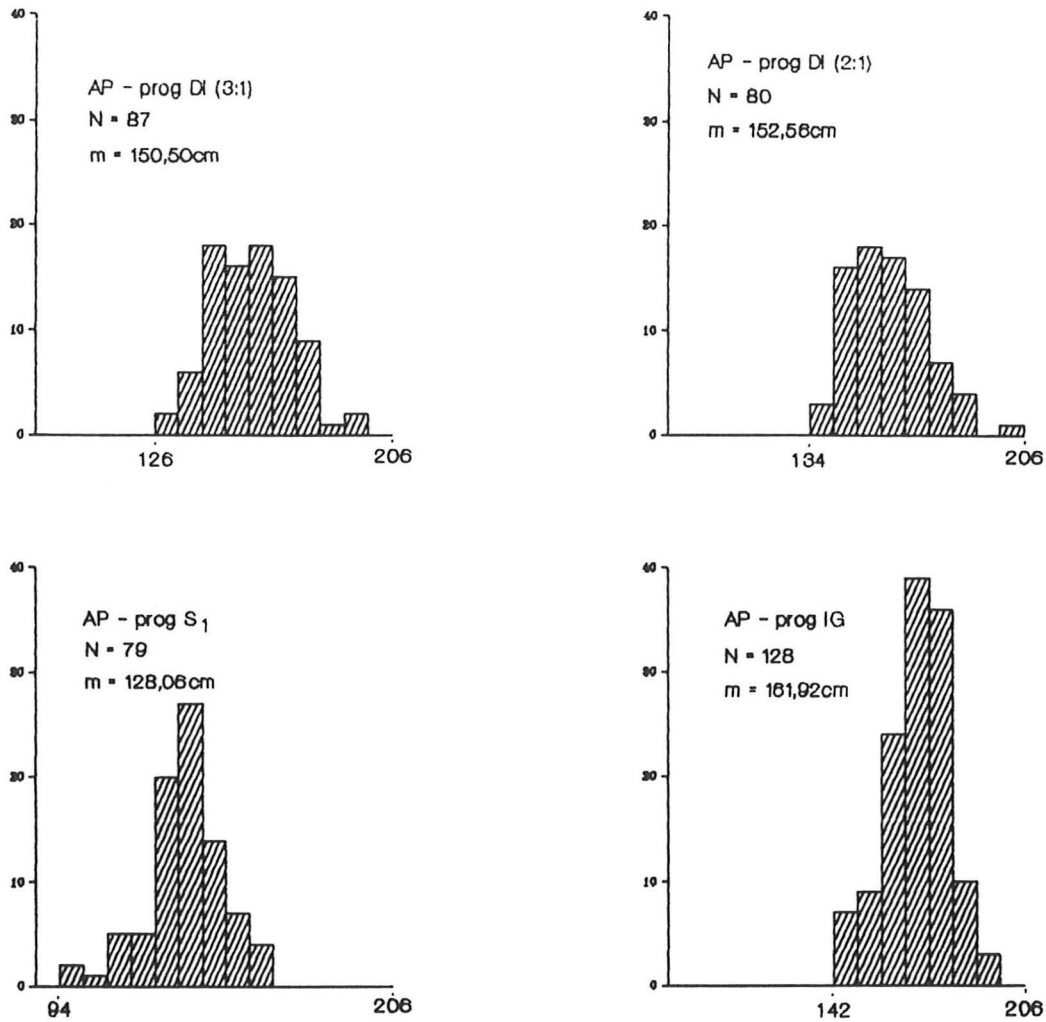


Figura 04. Distribuição das médias para altura de planta (cm) da população Santa Rosa de milho pipoca.

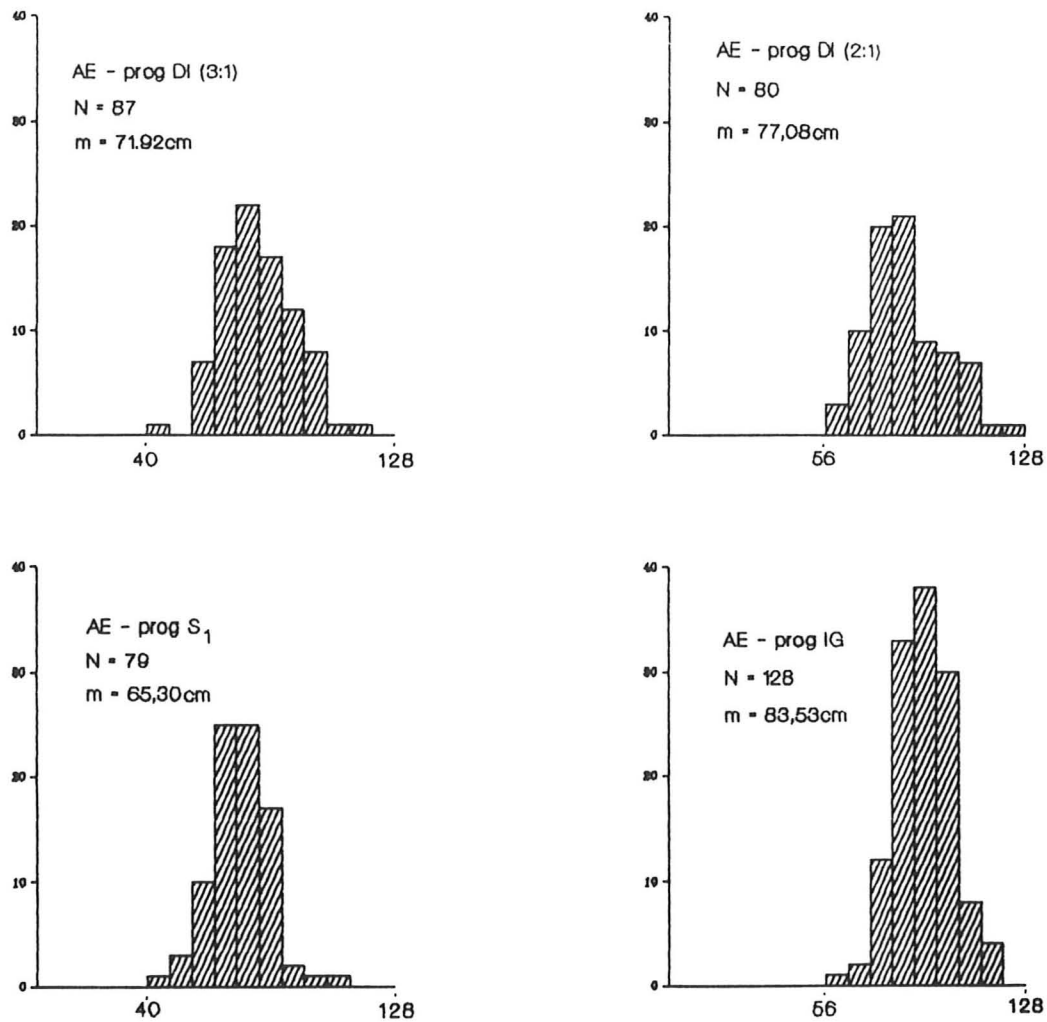


Figura 05. Distribuição das médias para altura de espiga (cm) da população Santa Rosa de milho pipoca.

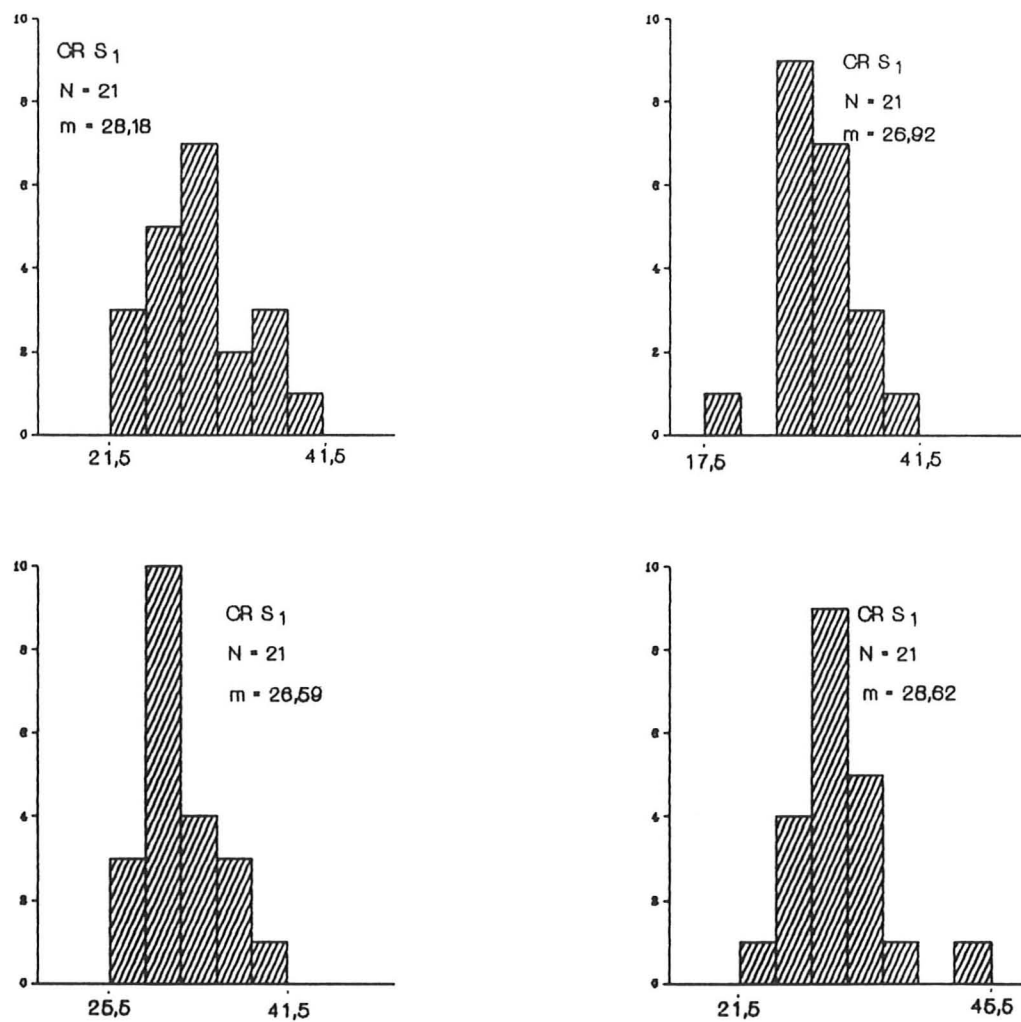


Figura 06. Distribuição das médias para comprimento de radícula em presença de alumínio (cm) em progênie S₁ da população Santa Rosa de milho pipoca.

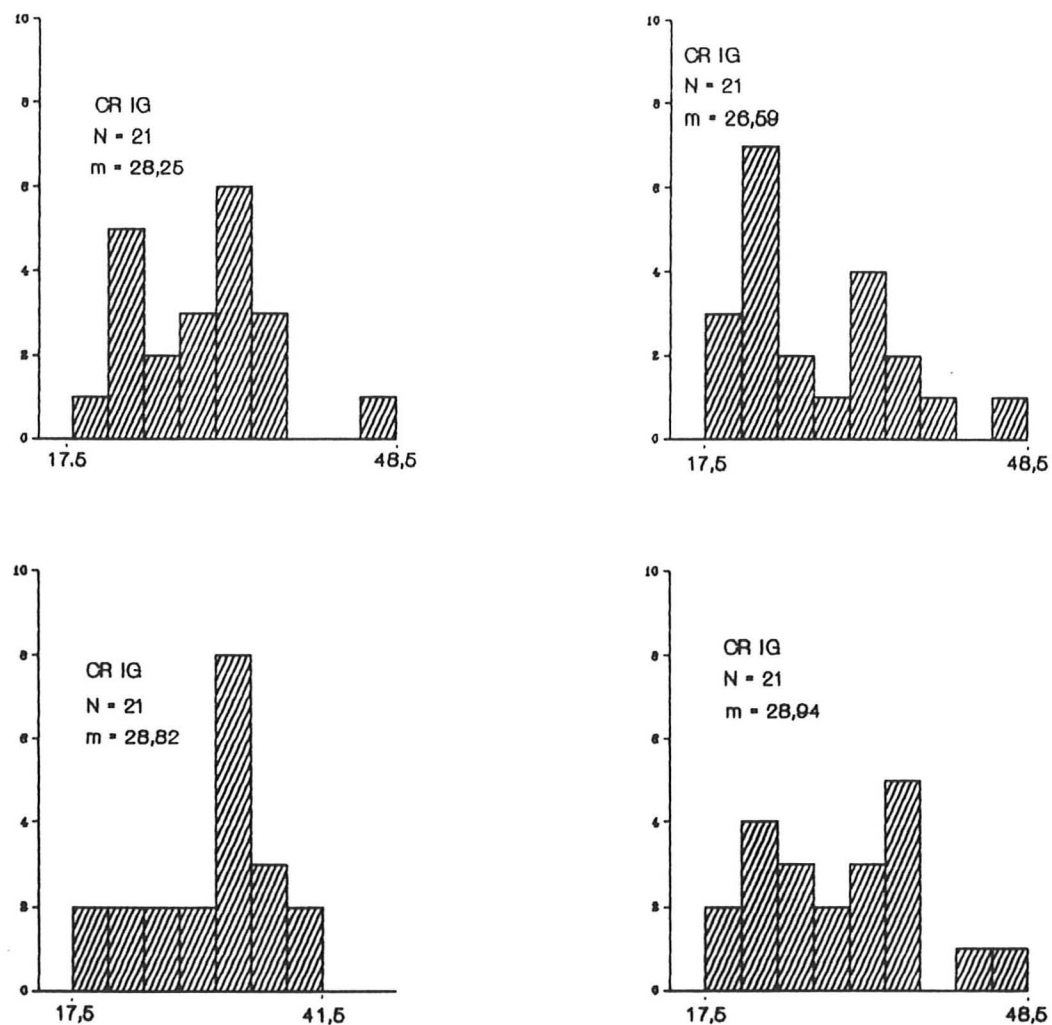


Figura 07. Distribuição das médias para comprimento de radícula em presença de alumínio (cm) em progênie IG. da população Santa Rosa de milho pipoca.

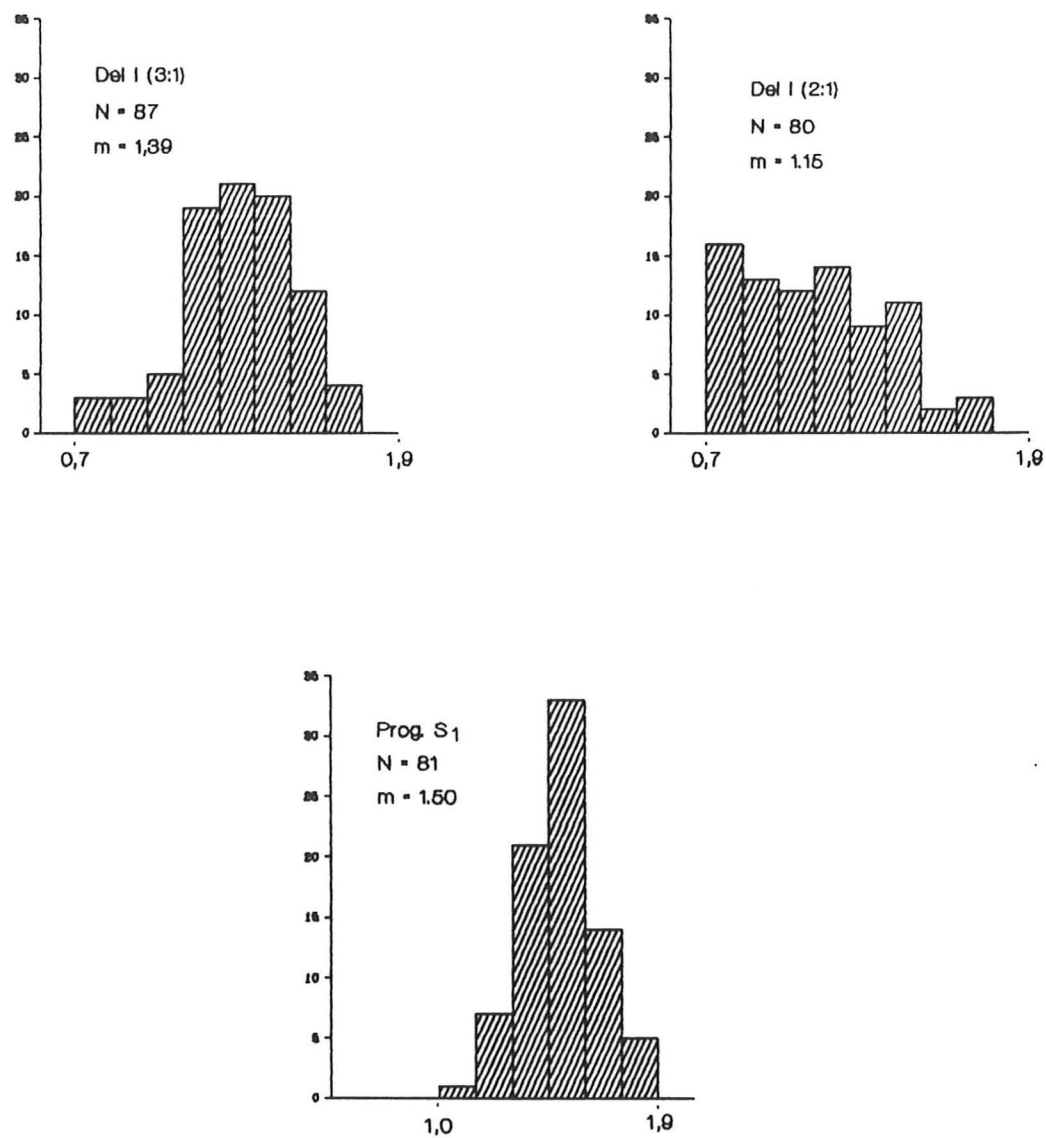


Figura 08. Distribuição das médias para resistência à helmintosporiose (notas transformadas).