

COMPARAÇÃO ENTRE SELEÇÃO MASSAL ESTRATIFICADA
E SELEÇÃO MASSAL COM TESTEMUNHA EM UM
COMPOSTO DE MILHO (*Zea mays* L.)

JOSÉ ROBERTO MÔRO

Orientador: DR. JOÃO RUBENS ZINSLY

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

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Março, 1977

À meus pais
e irmãos

OFEREÇO

À Fabíola

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Os meus sinceros agradecimentos:

- Ao Prof. Dr. João Rubens Zinsly, que me iniciou no Melhoramento de Milho, e me orientou nesse trabalho.

- A todos os professores do Departamento de Genética, pelas informações e formação recebidas, especialmente aos Profs. Drs. Ernesto Paterniani, Roland Vencovsky e José Branco de Miranda Filho.

- A todos os colegas e funcionários do Departamento de Genética.

- A EMBRAPA, que me permitiu realizar esse curso de Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas.

I N D I C E

	<u>Página</u>
1. RESUMO	01
2. INTRODUÇÃO	03
3. REVISÃO DE LITERATURA.	06
4. MATERIAIS E MÉTODOS	10
4.1. Materiais	10
4.2. Métodos	11
5. RESULTADOS	14
6. DISCUSSÃO	20
6.1. Discussão dos dados experimentais	20
6.2. Discussão dos resultados teóricos	21
6.3. Considerações gerais sobre a Seleção Massal..	26
7. CONCLUSÕES	31
8. SUMMARY	33
9. LITERATURA CITADA	35
10. TABELAS	37
11. APÊNDICE	42

1. RESUMO

O presente trabalho tem por objetivo apresentar uma nova modificação no esquema de seleção massal, denominada de seleção massal com testemunha. Essa modificação consta do seguinte: plantio intercalado de uma testemunha de genótipo homogêneo adjacente às plantas que serão avaliadas. Para isso, seguiu-se o seguinte esquema, na sementeira:

O H O O H O O H O O H O O H O

onde: H: representa uma planta da testemunha.

O: representa uma planta da população.

Do seja: foram semeadas sucessivamente duas covas com sementes do composto opaco Branco, que foi a população utilizada, e uma cova com sementes do híbrido Ag-152, que foi usado como testemunha. Para comparar a modificação proposta foi feito, em um outro lote isolado, na mesma população, o esquema usual de seleção massal estratificada.

Do ensaio de avaliação, os resultados obtidos mostraram um ganho de 11,5% e 5,0% para a seleção massal estratificada e seleção massal com testemunha, respectivamente, para o caráter produção de grãos, em relação ao material original. Por sua vez, a seleção massal estratificada aumentou a altura da planta em 2,16%, sendo que na modificação propos

ta não houve alteração alguma.

Além dessa comparação experimental foi feita a comparação teórica entre esses esquemas. Para uma melhor visualização incluiu-se nas deduções, também a seleção massal comum, que não faz nenhum controle ambiental.

Teoricamente ficou evidenciado que a seleção massal estratificada é tão mais eficiente que a seleção massal comum, quanto maior forem as diferenças entre estratos. Por sua vez, a seleção massal com testemunha tem eficiência maior, igual, ou menor que a seleção massal estratificada, se a variância genética da testemunha for menor, igual, ou maior que a variância entre estratos.

As principais vantagens da seleção massal com testemunha podem ser resumidas no seguinte:

- (1) Permite, pela comparação com a testemunha, que se avalie com maior segurança cada genótipo da população que se está selecionando. É possível inclusive, selecionar para vários caracteres ao mesmo tempo.
- (2) É possível usar percentagens de seleção bastante drásticas (0,5%, por exemplo), com relativa facilidade, sem comprometer com isso o tamanho efetivo da população, e aumentando assim, o ganho esperado por ciclo de seleção.
- (3) Pode-se detectar e controlar os principais tipos de heterogeneidade ambiental do terreno, mesmo que ela ocorra em qualquer sentido dentro do campo experimental.
- (4) É um método de seleção simples, prático, barato e que pode ser mais eficiente que a seleção massal estratificada, quando se usa como testemunha, um híbrido simples, que não contém nenhuma variação genética.

2. INTRODUÇÃO

O processo de escolha de tipos superiores de uma população, para obter no ciclo seguinte a população melhorada, só será efetivo se essa superioridade for transmitida - aos descendentes dos indivíduos selecionados. Assim, quanto mais o melhorista consegue detectar diferenças genéticas transmissíveis, entre indivíduos, maior é o progresso que ele obtém. Essa transmissão de uma característica superior de um indivíduo para os seus filhos, depende, basicamente da relação entre dois fatores: (1) Variância genética transmitida aos descendentes, para o caráter, e (2) Variância fenotípica total. Quanto maior for essa relação, maior o sucesso na seleção. Por isso um esquema de seleção só será efetivo, se ele permitir ao melhorista distinguir desvios da média da população, devido aos efeitos genéticos transmissíveis aos descendentes. Essa distinção pode ter entretanto, duas fontes principais de erro: (1) A interação Genótipo X Ambiente, cujos efeitos quando não controlados, são somados à estimativa da variância Genética, e não transmitidos aos descendentes, e (2) o efeito não controlado do ambiente na expressão do fenótipo, que evidentemente também não é transmitido.

O controle da interação Genótipo X Ambiente é um tanto trabalhoso e exige a repetição em vários locais e em

vários anos, de cada genótipo ou progênie. O controle do ambiente é mais simples e podemos dizer que os métodos de seleção intrapopulacional se distinguem entre si, basicamente pela sua capacidade em permitir a separação entre os efeitos do ambiente e os efeitos do genótipo, para cada indivíduo.

A seleção massal é o esquema mais simples de melhoramento. Sua principal desvantagem, porém, é a dificuldade que o melhorista encontra em selecionar os efeitos genéticos transmissíveis aos descendentes. Isso é devido à falta de controle dos efeitos ambientais. Assim, modificações na técnica de seleção massal que permitam controlar melhor os efeitos do ambiente, tornariam esse esquema mais eficiente.

De início, a seleção massal consistia na escolha dos melhores indivíduos dentro do campo de seleção. Esse método mostrou-se, porém, ineficiente para caracteres de herança complexa, como produção, por exemplo. Isso poderia ser devido a duas causas: (1) falta de variação genética transmissível, ou (2) efeito muito pronunciado do ambiente na expressão do fenótipo.

As pesquisas mostraram que o segundo item era o correto. Dessa forma, tornou-se necessária uma alteração na técnica, e a primeira modificação introduzida foi a estratificação do terreno. Isso consiste no seguinte: O campo experimental é subdividido em blocos ou estratos, e a seleção é realizada então, dentro de cada estrato, e não em todo o campo. Dessa maneira, o controle do ambiente é bastante eficiente. Isso porque, ao invés de se considerar todo o campo como sendo homogêneo, é considerada a homogeneidade dentro de cada estrato, e a heterogeneidade entre estratos. O que ocorre, porém, é que mesmo dentro de cada estrato há variação ambiental e, por isso, considerá-lo homogêneo seria incorrer em erro. Dessa maneira, torna-se bastante interessante o controle também dessa variação intra-estrato. O uso de uma teste-

munha comum, com a qual cada planta a ser selecionada é comparada, permite que se detecte bem os efeitos do ambiente na expressão do fenótipo. É isso o que objetiva esse trabalho.

Para isso, será feita uma avaliação da seleção massal com testemunha, que é como será denominado esse esquema, em comparação com a Seleção Massal Estratificada, através do ensaio de avaliação dos primeiros ciclos de seleção.

Além disso, será feita uma comparação teórica entre esses esquemas de seleção massal. Será incluída ainda, a seleção massal comum, a qual não usa nenhum controle ambiental. Essas comparações teóricas são baseadas no estudo da variância fenotípica das diversas unidades de seleção.

3. REVISÃO DE LITERATURA

Quando se compara a espécie *Zea mays* L. com as outras espécies cultivadas percebe-se claramente que o milho é atualmente, totalmente dependente do ser humano para sobreviver. Essa alta domesticação tem sua origem no tipo de colheita que o milho propicia. Como cada espiga é colhida individualmente, talvez até inconscientemente, o homem primitivo sempre deve ter reservado aquelas com melhores características, para serem usadas como sementes. Alguns trabalhos mostram inclusive que os Índios praticavam seleção, de um modo conciente e eficiente, escolhendo, por exemplo, plantas com duas espigas, para o plantio (WEATHERWAS, 1954).

Com o aumento dos conhecimentos agrícolas, certos agricultores de melhor visão perceberam que poderiam alterar características agronômicas do milho através da seleção. Dessa forma, alguns agricultores e pesquisadores americanos intentaram aumentar a produção de grãos por seleção. SPRAGUE (1955) cita o caso de um agricultor que conseguiu, por seleção massal, aumentar o número de plantas prolíficas. Por isso, desde o século passado, os melhoristas de milho procuravam obter sucesso em seu trabalho, utilizando sementes das melhores espigas, do campo experimental. Entretanto, pouco progresso foi conseguido para muitos caracteres, como produ-

ção de grãos, por exemplo. A seleção para caracteres químicos, como proteína no grão e teor de óleo (HOPKINS, 1899; SMITH, 1908) e para caracteres morfológicos, como altura da planta e número de internódios (SMITH, 1909) foi, entretanto, bastante eficiente. De uma maneira geral, a seleção massal no início do século foi efetiva quando se selecionava para caracteres de alta herdabilidade e foi não efetiva para caracteres de baixa herdabilidade.

HULL (1945, 1952) sugeriu, então, que a falta de sucesso era devida ao fato da variância genética nas populações utilizadas, ser grandemente não aditiva.

LONNQUIST (1949) trabalhando com seleção recorrente, indicou que o progresso por seleção, numa variedade de polinização aberta, pode ser conseguido quando se emprega testes de progênie. O fato de se conseguir sucesso na seleção implica na presença de variância genética aditiva.

ROBINSON *et alii* (1955) trabalhando com variedades de polinização aberta, encontraram ponderáveis quantidades de variação genética aditiva para produção de grãos. Inclusive, a variância dominante foi menor que a variância aditiva, nas três variedades estudadas. Esses autores sugeriram então, que a eficiência da seleção massal deveria ser reexaminada.

LONNQUIST e MCGILL (1956) usando seleção recorrente conseguiram progressos expressivos. Foram usados lotes isolados com 5.000 a 10.000 plantas, escolhendo-se, na época da colheita, 150 a 200 espigas das melhores plantas.

LONNQUIST (1960) propôs uma modificação na seleção massal: Por ocasião da seleção, o campo experimental é subdividido em estratos com 40 plantas cada um. As sementes das 10% plantas mais produtivas, em cada extrato, são usadas para formar a nova geração. GARDNER (1961) publicou um tra-

balho onde ele avaliou a eficiência da seleção massal, usando essa nova técnica, em sementes irradiadas com nêutrons térnicos, e sementes não irradiadas. Esse autor conseguiu bons resultados com esse esquema.

A literatura mostra nos anos subsequentes, uma série de trabalhos, onde os pesquisadores usaram a técnica proposta por *LONNQUIST (1960)* (*ZINSLY, 1968 e 1969*). Esse esquema ficou conhecido como seleção massal estratificada, por ser feita a estratificação do campo em unidades pequenas, onde a seleção é praticada. Esses trabalhos confirmaram a previsão feita por *ROBINSON et alii (1955)* indicando que a seleção massal fora inefetiva para melhorar caracteres de baixa herdabilidade, por falha técnica, e não por falta de variação genética aditiva.

De uma maneira bastante resumida, *GARDNER(1961)* cita que a seleção massal estratificada foi eficiente por (1) Reduzir em grande parte as variações ambientais e (2) ser a planta a unidade de seleção, e não a espiga. Entretanto, no seu trabalho original, o próprio Gardner observou que embora cada estrato seja relativamente uniforme, ainda resulta numa série de microambientes que causam variação, por seu efeito de finido na produção de cada planta. Assim, o controle dessa variação de microambientes é mais um passo para aumentar a eficiência da seleção massal.

Apenas como observação final, o objetivo dessa revisão não é focar os resultados da seleção massal, mas sim, evidenciar o problema de técnica de seleção. Por isso não foram apresentados aqui, quantificações dos progressos obtidos pelos vários pesquisadores que usaram esse esquema. Deve-se - notar apenas, que a seleção massal comum foi ineficiente para melhorar caracteres de baixa herdabilidade, pela falta de controle ambiental. Por sua vez, a modificação introduzida por *Lonquist* permitiu um maior controle dessa variação, propi-

ciando progressos consideráveis para caracteres como produção, por exemplo. Nos itens subsequentes será apresentada e discutida uma nova modificação, visando controlar melhor ainda os fatores ambientais.

4. MATERIAIS E MÉTODOS

4.1. Materiais

O presente trabalho foi conduzido com o Composto Opaco Branco, de milho. Essa população foi selecionada, em 1972/73, por dois métodos de seleção: a seleção massal estratificada, usual e já apresentada na literatura, e a nova modificação da seleção, proposta nesse trabalho, e denominada seleção massal com testemunha. No ano seguinte (1973/1974) foi feito o ensaio de avaliação dos primeiros ciclos de seleção. Assim, os materiais utilizados constituem o seguinte:

- (1) Composto Opaco Branco Original: obtido do CIMMYT (Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo), pelo Dr. E. Paterniani. Foi formado pelo inter cruzamento de várias populações de milhos opacos.
- (2) Ag-152: Híbrido comercial da Agrocerec S/A, de grãos semi-dentados de coloração amarela.
- (3) Centralmex: Material de origem tuxpeño, grãos dentados de coloração amarela. Essa variedade foi obtida no Instituto de Genética pelo Dr. E. Paterniani.
- (4) Ag-504: Híbrido comercial da Agrocerec S/A, grãos amarelos e opacos (o₂o₂).

(5) Maya-Opaco: Variedade de origem tuxpeño obtida no Instituto Agronômico de Campinas. Possui grãos semi-dentados de coloração amarela e opaco (o₂o₂).

4.2. Métodos

Para a realização desse trabalho foram necessários dois lotes isolados (C₁ e C₂), ambos contando o mesmo número de plantas a serem selecionadas.

No campo C₁, numa área de 1.800 m² foi feita a semeadura do Composto Opaco Branco, em meados de outubro de 1972, no bairro Campestre, em Piracicaba, SP., obedecendo-se a um espaçamento de 1,00 m entre linhas e 0,20 m entre plantas, dentro da linha. Foram semeadas duas sementes por cova e o desbaste foi realizado após 30 dias, deixando-se apenas uma planta por cova. Para a seleção, esse campo foi dividido em estratos de 10 m². Como se pretendia uma percentagem de seleção de 10%, e em cada estrato haveria no máximo 50 plantas, foram selecionadas no campo as 7 melhores plantas de cada estrato, para uma posterior seleção no laboratório. Foram colhidas apenas aquelas plantas que apresentavam competição completa. Uma planta está em competição completa quando não há falhas das plantas adjacentes a ela, dentro da linha. As espigas de plantas prolíficas selecionadas foram colocadas num saco de papel, juntando-se àquelas outras selecionadas, num saco de pano, sendo anotado o número de plantas nele existente.

No laboratório foi completada a seleção de 10% de acordo com o número de plantas existentes no estrato. Das plantas prolíficas utilizou-se apenas a melhor espiga. As espigas foram debulhadas individualmente, sendo as sementes postas num saco de papel.

No campo C₂ utilizou-se o mesmo espaçamento (1,00 X 0,20 m) sendo semeada uma área de 2.700 m². A semeadura foi

.12.

realizada na última semana de outubro de 1972, numa fazenda em Nova Odessa (SP.). O acréscimo em relação a C₁ (900 m²), representa a área ocupada pelo híbrido Ag-152, que serviu como testemunha (1/3 da área). Foram semeadas duas sementes por cova, obedecendo-se ao esquema:

O O H O O H O O H O O H O O H O O

onde: H: representa uma planta do híbrido Ag-152.

O: representa uma planta do composto Opaco Branco.

Ou seja: foram semeadas sucessivamente duas covas com sementes do composto Opaco e uma com sementes do Híbrido Ag-152, em cada linha do campo. Isso permite que sempre exista uma planta testemunha ao lado de uma planta da população de milho opaco. O desbaste foi realizado trinta dias após a semeadura, deixando-se uma planta por cova.

Na época da colheita é necessário distinguir-se facilmente as plantas do híbrido das plantas da população de milho opaco. Como o Composto Opaco possui grãos brancos, havia, dois genes marcadores: o gene opaco (o₂) e o gene y, em relação ao híbrido, que possui os dois alelos normais nesses locos.

No campo C₂ foi feita a mesma percentagem de seleção que no campo C₁, e como a seleção no campo foi apenas visual, procurou-se levar ao laboratório um número maior de plantas do que o necessário, para uma posterior seleção final. Para isso, a espiga do composto opaco, e do híbrido que serviu de comparação, foram colocadas juntas, num saco de papel. Foram levadas ao laboratório aproximadamente 2.000 sacos de papel, contendo as 2.000 espigas das plantas de milho opacas selecionadas e as 2.000 espigas do híbrido que foi usado como testemunha. Para a seleção final de 10% foi usado um índice obtido através do peso da espiga de milho opaco, dividido pelo peso da espiga do híbrido vizinho. O número de grãos ama-

relos nas espigas opacas foi bastante uniforme. As espigas que fugiam da normalidade foram eliminadas, exceto quando eram evidentemente melhores que a planta testemunha vizinha. As 10% melhores espigas foram debulhadas individualmente, sendo as sementes postas num saco de papel.

De cada planta selecionada foram tiradas duas amostras de 40 sementes e dez amostras de duas sementes. As amostras de 40 sementes serão utilizadas para a continuação desse trabalho. As amostras de duas sementes serviram para a realização do ensaio de avaliação da modificação proposta.

Em cada campo (C_1 e C_2) havia 5.050 plantas. No campo C_1 foram selecionadas 497 plantas, o que corresponde a uma percentagem de seleção de 9,84%, e no campo C_2 foram selecionadas 486 plantas, correspondente a uma seleção de 9,62%.

Para avaliar a modificação proposta, foi instalado um ensaio de produção com os seguintes tratamentos: (1) Composto Opaco Original, (2) I Ciclo de Seleção Massal Estratificado, (3) I ciclo de Seleção Massal com Testemunha, (4) Ag-152, (5) Centralmex, (6) Ag-504, e (7) Maya-Opaco. Para esse ensaio usou-se um delineamento em blocos casualizados com 15 repetições. O plantio foi feito em outubro de 1973, em Piracicaba (SP.), utilizando-se um espaçamento de 1,00 m entre linhas e 0,20 m entre plantas, dentro da linha, sendo semeadas duas sementes por cova. O desbaste foi realizado 34 dias após, deixando-se apenas uma planta por cova. Cada parcela foi colhida individualmente, sendo anotado na ficha de campo, a produção de espigas despalhadas e o stand, de cada parcela. Foi tirada também uma amostra de sementes para posterior determinação, no laboratório, do teor de umidade de cada parcela. A produção de cada parcela foi corrigida para stand de 50 plantas e produção de grãos a 15,5% de umidade, de acordo com a fórmula proposta por ZUBER (1942).

5. RESULTADOS

Do ensaio de competição foram obtidos os valores de produção de espigas despalhadas, da altura de dez plantas competitivas dentro da parcela, e do stand.

Em geral, as informações disponíveis na literatura indicam, que quando se introduz o gene opaco-2 numa população de milho, ela sofre uma queda de 10% na produção, devido a menor densidade do grão. Por isso, quando se coloca num mesmo ensaio, como tratamentos miñhos normais e miñhos opacos, deve-se considerar se os grãos normais aparecem com igual frequência nas espigas dos materiais opacos. Se isso não ocorrer torna-se necessário fazer um ajustamento dos valores de produção. No caso presente, não se detectou visualmente diferenças entre essas frequências nos materiais opacos. Dessa maneira, os dados de produção puderam ser considerados normalmente, sem necessidade de correção. Os dados de produção de espigas despalhadas foram ajustados para stand de 50 plantas e 0% de umidade. Esse valor corresponde aproximadamente ao peso de grãos com 15,5% de umidade.

Os valores de produção de grãos, em kg/ha, e de altura da planta, em metros, são apresentados, respectivamente, nas Tabelas 1 e 2.

Para que se possa comparar estatisticamente essas médias, na Tabela 3 são apresentados os valores do teste Tukey, para os níveis de 1% e de 5% de probabilidade. Entretanto, como o maior interesse recai na comparação dos três primeiros tratamentos, na Tabela 4, são apresentados os resultados do teste de Dunnett, para 1% e 5% de probabilidade. Nesse caso usa-se o teste de Dunnett para a comparação dessas médias, por que "a priori", se estabeleceu a comparação de cada um dos primeiros ciclos com o material original.

Com os valores de produção de grãos e de altura da planta, foram realizadas as análises da variância, as quais são apresentadas nas Tabelas 5 e 6, respectivamente. Nessas análises, os coeficientes de variação foram: CV% = 14,10% e CV% = 3,61%, respectivamente. Esses valores são considerados bons, do ponto de vista experimental, e permitem comparações entre médias a um nível razoável de segurança.

Os resultados apresentados até agora se referem à comparações entre os dois esquemas de seleção, do ponto de vista experimental. Dentro de um enfoque teórico, também é possível fazer comparações entre métodos de seleção. Isso é feito a partir de modelos matemáticos que exprimam os fatores que influenciam o processo de seleção. Para uma visão mais completa do assunto, essa comparação envolve os três processos básicos de seleção massal: (1) Seleção massal comum, (2) Seleção massal estratificada e (3) Seleção Massal como Testemunha. Por seleção massal comum se entende o processo de escolha das melhores plantas dentro do campo experimental, sem nenhum controle do ambiente.

A comparação entre métodos, a partir de modelos matemáticos, permite saber, do ponto de vista teórico, sob que condições se consegue um progresso maior com cada um deles. Para isso, consideramos o modelo matemático que explica a produção de uma planta, como sendo:

$$Y_{ijk} = m + b_i + s_{ij} + g_{ijk} + e_{ijk}$$

onde:

Y_{ijk} = representa a produção da planta "k" que está no subestrato "j", do estrato "i". Como sub-estrato considera-se a área compreendida pela(s) planta(s) Opaca(s) a ser(em) selecionada(s), mais a(s) planta(s) testemunha(s).

m = é a média teórica de produção da população opaca.

b_i = é o efeito na produção devido ao estrato "i". Como estrato considera-se aquele usado na seleção massal estratificada (10 m²).

s_{ij} = é o efeito na produção devido ao sub-estrato "j", que está no estrato "i".

g_{ijk} = é o efeito genético para produção, da planta "k", que está no subestrato "j" do estrato "i".

e_{ijk} = é o efeito na produção, devido ao ambiente onde está a planta "k", do estrato "j", do estrato "i".

A partir desse modelo, pode-se obter a σ_F^2 (Variação fenotípica) para produção, para a seleção massal comum, para a seleção massal estratificada e para a seleção massal com testemunha. É o que será desenvolvido a seguir:

I. Para a Seleção Massal Comum

Cada planta é representada por:

$$Y_{ijk} = m + b_i + s_{ij} + g_{ijk} + e_{ijk}$$

sendo que:

$i = 1, 2, \dots, r$ (refere-se a estratos).

$j = 1, 2, \dots, p$ (refere-se a sub-estratos).

$k = 1, 2, \dots, n$ (refere-se a número de plantas por sub-estrato).

Nessas condições, a média geral para produção, para a população é:

$$\bar{Y} \dots = \frac{1}{rpn} \left(rpnm + npr \sum_{i=1}^r b_i + n \sum_{ij=1}^{rp} s_{ij} + \sum_{ijk=1}^{rpn} g_{ijk} + \sum_{ijk=1}^{rpn} e_{ijk} \right)$$

ou mais simplesmente:

$$\bar{Y} \dots = \frac{1}{rpn} (rpnm + npb + ns.. + g \dots + e \dots)$$

A seleção seria a comparação de cada planta, com a média de todas as plantas. Pode-se, pois, representar a unidade de seleção, como sendo:

$$U_{ijk} = Y_{ijk} - \bar{Y} \dots$$

Na realidade, o que se tem são rpn unidades de seleção (U), cuja variância é, por definição (MATHER, 1968):

$$\sigma_U^2 = E[U - E(U)]^2 = E(U)^2, \text{ pois } E(U) = 0$$

$$\text{Como: } U = Y_{ijk} - \bar{Y} \dots,$$

$$\sigma_U^2 = E(Y_{ijk} - \bar{Y} \dots)^2$$

Sendo que: $\sigma_U^2 = \sigma_{FMC}^2$, ou variância fenotípica para a Seleção Massal Comum, e que vale:

$$\sigma_{FMC}^2 = \frac{(r-1)}{r} \sigma_b^2 + \frac{(rp-1)}{rp} \sigma_s^2 + \frac{(rpn-1)}{rpn} \sigma_g^2 + \frac{(rpn-1)}{rpn} \sigma_e^2$$

II. Para a Seleção Massal Estratificada:

Da mesma forma, que anteriormente, cada planta pode ser representada por:

$$Y_{ijk} = m + b_i + s_{ij} + g_{ijk} + e_{ijk}$$

Na seleção, cada planta será comparada com a média de produção do estrato ($\bar{Y}_{i..}$), sendo que:

$$\bar{Y}_{i..} = \frac{1}{pn} (pnm + pnbi + n \sum_{j=1}^p s_{ij} + \sum_{jk=1}^{pn} g_{ijk} + \sum_{jk=1}^{pn} e_{ijk})$$

ou simplesmente:

$$\bar{Y}_{i..} = \frac{1}{pn} (pnm + pnbi + ns_{i..} + g_{i..} + e_{i..})$$

A unidade de seleção será:

$$U_{ijk} = Y_{ijk} - \bar{Y}_{i..}$$

e como no caso anterior, $\sigma_U^2 = E(U)^2$ e que corresponde à variância fenotípica na seleção massal estratificada ($\sigma_{F_{ME}}^2$), de cujo desenvolvimento resulta:

$$\sigma_{F_{ME}}^2 = \frac{(p-1)}{p} \sigma_s^2 + \frac{(pn-1)}{pn} \sigma_g^2 + \frac{(pn-1)}{pn} \sigma_e^2$$

III. Para a seleção massal com testemunha:

Cada planta a ser selecionada é representada - por:

$$Y_{ijk} = m + b_i + s_{ij} + g_{ijk} + e_{ijk},$$

como anteriormente, e na seleção será comparada com a planta testemunha que está no seu lado, representada por:

$$Y'_{ijk} = m' + b_i + s_{ij} + g'_{ijk} + e'_{ijk}$$

sendo que i, j e k variam como anteriormente, e:

Y'_{ijk} = representa a produção da planta testemunha "k", que está no sub-estrato "j", do estrato "i".

m' = é a média teórica de produção da testemunha.

g'_{ijk} = é o efeito genético para produção da planta testemunha "k", que está no sub-estrato "j", do estrato "i".

e'_{ijk} = é o efeito na produção do ambiente onde está a planta testemunha "k", do sub-estrato "j", do estrato "i".

Dessa forma, a unidade de seleção será:

$$U_{ijk} = Y_{ijk} - Y'_{ijk}$$

É necessário obter então desvios D em relação às médias das unidades de seleção, que é o que importa na seleção (isto porque, apenas os maiores U é que são mantidos).

$$D_{ijk} = U_{ijk} - \bar{U} \dots$$

Da mesma forma que anteriormente, temos que:

$$\sigma_D^2 = E(D)^2$$

O valor σ_D^2 corresponde à variância fenotípica na seleção massal com testemunha, ($\sigma_{F_{MT}}^2$), e vale:

$$\sigma_{F_{MT}}^2 = \frac{rpn-1}{rpn} (\sigma_g^2 + \sigma_g^2 + 2 \sigma_e^2)$$

Dessa forma, determinamos a variância fenotípica da população, para cada esquema de seleção. Podemos agora discutir os vários esquemas de seleção massal a partir dos dados experimentais, e a partir das deduções teóricas. Isso é feito no item seguinte.

6. DISCUSSÃO

6.1. Discussão dos dados experimentais

As médias de produção, em kg/ha, e da altura da planta, em metros, estão nas Tabelas 1 e 2, respectivamente. Vamos nos ater nessas tabelas, aos resultados dos três primeiros tratamentos. Para comparar essas três médias não é adequada a Tabela nº 3, pois o teste Tuckey foi calculado para a comparação das sete médias. Como desejamos comparar cada um dos primeiros ciclos com o material original, o teste adequado é o de Dunnett. Vemos pela Tabela 4, que a seleção massal com testemunha não difere do composto Opaco Original para produção de grãos, e nem para a altura da planta. Entretanto, a seleção massal estratificada apresentou resultados significativos entre os limites de 5% e 10% de probabilidade, para ambos os caracteres. Isso significa portanto, que o primeiro ciclo de seleção massal estratificada, alterou a média de produção de grãos e da altura da planta, a um nível de probabilidade menor que 10%. A não significância num teste de médias indica que não há razão para considerarmos essas médias como sendo diferentes. Por isso, podemos incluir na discussão também os resultados do primeiro ciclo de seleção massal com testemunha, sem incorrer em erro estatístico, mas sim em falta de rigor no nosso julgamento (PIMENTEL GOMES, 1973).

Considerando a Tabela 1 vemos que o progresso conseguido foi de 11,55% para a seleção massal estratificada, e de 5,03% para a seleção massal com testemunha, para o caráter produção de grãos. Entretanto a Tabela 2 mostra que a seleção massal com testemunha não modificou a média da altura da planta, enquanto a seleção massal estratificada tornou essa média 2,16% maior ($p < 10\%$).

As Tabelas 5 e 6 mostram as análises da variância para produção de grãos e altura da planta, respectivamente. Os coeficientes de variação obtidos nesses experimentos são considerados bons, sob o ponto de vista experimental. O teste F foi significativo em ambos os casos. Isso se deve em maior grau às diferenças que existem entre os três primeiros tratamentos e as 4 testemunhas. Por isso usamos o teste de Dunnett para comparar as médias que nos interessam.

Os dados experimentais mostraram que ambos os esquemas de seleção foram capazes de alterar a média de produção de grãos, em relação ao material original. Devemos lembrar ainda que os dados aqui apresentados, foram obtidos em um único ensaio, realizado em apenas um local. Assim, podemos discutir o motivo da seleção massal estratificada ter dado um progresso maior que a seleção massal com testemunha. Sabemos pela estatística, que um único experimento pode levar a resultados bastante imprecisos devido a valores discrepantes de algumas médias. Além disso, devemos lembrar que usamos como testemunha um híbrido duplo, que sabemos conter variação genética. Seria mais indicado o uso de um híbrido simples, que é geneticamente uniforme.

6.2. Discussão dos resultados teóricos

A seguir vamos comparar, a partir dos resultados teóricos obtidos, os três esquemas de seleção massal: Se-

leção massal comum, seleção massal estratificada e seleção massal com testemunha. Nos três casos, as estimativas do progresso obtido só diferem entre si, pelo valor da variância fenotípica da unidade de seleção. Os coeficientes que aparecem nessas variâncias (apresentados no ítem resultados), servem apenas para ajustar as amostras utilizadas, a tamanhos finitos, e valem praticamente um. Por isso não serão consideradas nas comparações entre os métodos, as quais serão feitas duas a duas, para melhor visualização do que ocorre.

- Comparação entre seleção massal comum e seleção massal estratificada:

Vamos usar para a comparação a variância fenotípica da unidade de seleção para (a) Seleção Massal Comum (σ_{FMC}^2) e (b) Seleção Massal Estratificada (σ_{ME}^2):

$$(a) \sigma_{FMC}^2 = \sigma_b^2 + \sigma_s^2 + \sigma_g^2 + \sigma_e^2$$

$$(b) \sigma_{ME}^2 = \sigma_s^2 + \sigma_g^2 + \sigma_e^2$$

onde:

σ_b^2 : representa a variação entre estratos.

σ_s^2 : representa a variação entre sub-estratos.

σ_g^2 : representa a variação genética entre plantas.

σ_e^2 : representa a variação ambiental entre plantas, dentro do sub-estrato.

As equações (a) e (b) diferem entre si apenas pelo componente σ_b^2 , que aparece na expressão da variância fenotípica da unidade de seleção da seleção massal comum. Esse com-

ponente mede as variações entre estratos, e se ele for nulo, teoricamente os dois esquemas devem levar a um mesmo resultado. Isso poderia ocorrer, por exemplo, dentro de um ambiente controladamente homogêneo. Um caso desse tipo seria a seleção praticada em microorganismos, onde as condições experimentais do laboratório garantem a homogeneidade. Na seleção massal estratificada, é considerada a homogeneidade dentro do estrato, e a heterogeneidade entre estratos. Dessa maneira é exercido controle sobre o componente σ_b^2 , e por isso, ele não aparece na expressão da variância fenotípica da unidade de seleção. Esse fato torna a seleção massal estratificada tão mais vantajosa que a seleção massal comum, quanto maior forem as variações entre estratos, medidas pelo componente σ_b^2 .

- Comparação entre seleção massal estratificada e seleção massal com testemunha.

Da mesma maneira será utilizada a variância fenotípica da unidade de seleção de (b) Seleção Massal Estratificada (σ_{FME}^2) e (c) Seleção Massal com testemunha (σ_{FMT}^2).

$$(b) \sigma_{FME}^2 = \sigma_s^2 + \sigma_g^2 + \sigma_e^2$$

$$(c) \sigma_{FMT}^2 = \sigma_{g'}^2 + \sigma_g^2 + 2\sigma_e^2$$

Nesse caso devemos considerar três componentes, para a comparação σ_s^2 , σ_g^2 , e σ_e^2 .

Há necessidade agora, que compreendamos os componentes ambientais:

σ_b^2 : mede diferenças entre estratos de 10 m².

σ_s^2 : mede diferenças entre sub-estratos, que são constituídos por três plantas (O H O).

σ_e^2 : mede diferenças ambientais entre plantas, dentro do sub-estrato.

Dentro do campo experimental, as maiores diferenças devem ocorrer entre estratos. Em seguida devem vir as diferenças entre sub-estratos e depois as diferenças ambientais entre plantas, dentro do sub-estrato. Isso porque, quanto menor os micro ambientes considerados homogêneos, maior correlação haverá entre eles, quando forem vizinhos, devido aos gradientes do solo serem contínuos e não descontínuos (aparecem como manchas que se interpoem).

Assim sendo, podemos dizer que $\sigma_b^2 > \sigma_s^2 > \sigma_e^2$. Inclusive a magnitude do componente σ_e^2 deve ser bastante reduzida, já que se refere a diferenças ambientais entre três plantas contíguas. Dessa forma, considerando-se apenas σ_e^2 , não deve haver muita alteração entre a seleção massal estratificada e a seleção massal com testemunha, embora nesse último caso, ele apareça com o valor dobrado, na expressão da variância fenotípica da unidade de seleção.

Nesse caso então, podemos considerar para efeito de comparação, apenas σ_g^2 , e σ_s^2 . O componente σ_g^2 , mede as diferenças genéticas entre as plantas testemunhas. O ideal para ser usado como testador é um híbrido simples, cuja $\sigma_g^2 = 0$. No nosso caso, usamos um híbrido duplo comercial, que sabemos conter σ_g^2 . Quando se usa um híbrido simples, as variações entre plantas testemunhas refletem apenas as variações ambientais (entre sub-estratos).

Entretanto, os híbridos simples disponíveis seriam aqueles utilizados na obtenção de híbridos duplos comerciais. Esses híbridos simples porém, são oriundos de uma mesma população, não apresentando, em geral, muito vigor, devido ao parentesco entre as linhagens. Uma excessão, aqui, e que poderia ser utilizada é o híbrido simples 7777, da Secretaria da Agricultura (SP.).

Quando se usa um testador variável geneticamente, há três possibilidades: a variância genética da testemunha (σ_g^2) ser maior, igual ou menor que a variância entre sub-estratos (σ_s^2) e então, teoricamente, a seleção massal com testemunha será: pior, igual, ou melhor que a seleção massal estratificada, respectivamente. Assim, espera-se que a modificação proposta seja vantajosa, quando o terreno utilizado para instalar o campo de seleção for heterogêneo, ou quando se utiliza como testemunha um híbrido simples, que torna nulo o componente σ_g^2 .

Outra consideração que pode ser feita, é quando fatores econômicos, ou área experimental são limitantes. Nesse caso, a seleção massal estratificada fica a princípio vantajosa, pois com a modificação aqui introduzida, requer-se 1/3 a mais de área plantada, ocupada pela testemunha.

Além disso, deve-se ter no mínimo um gene marcador, para diferenciar as plantas testemunhas, das plantas da população que se está selecionando. Esses genes devem apresentar efeito de xênia, para permitir separar sementes híbridas entre a população e a testemunha. Uma restrição que a primeira vista pode parecer importante, é a ocorrência de heterofertilização. Como no milho ocorre dupla fertilização, um núcleo de um tubo polínico pode fecundar a oosfera, e um outro núcleo, de um segundo tubo polínico, fecundar os núcleos polares. O único caso que poderia criar problema, é quando o núcleo que fecunda os núcleos polares é da população submetida à seleção, e o que fecunda a oosfera, é da testemunha. Caso essa semente fosse escolhida, haveria contaminação na geração seguinte. Mesmo que isso ocorresse, não haveria grande problema, já que essa planta, no ciclo subsequente, seria eliminada, por ser idêntica à testemunha.

6.3. Considerações gerais sobre a seleção Massal

Até agora discutimos os resultados do ensaio de avaliação do primeiro ciclo de seleção, e as comparações teóricas entre os esquemas de seleção massal. Essas comparações foram feitas, baseadas apenas em diferenças de controle do ambiente, ou na identificação dos genótipos superiores. Há entretanto, outras comparações que podem ser feitas, e que têm grande importância, tanto do ponto de vista teórico, como prático. Em primeiro lugar, uma das críticas que se pode fazer à seleção massal, é que nesse esquema, quando se seleciona as plantas mais produtivas, faz-se indiretamente, seleção para aumento da altura da planta. Vimos pelos dados experimentais que realmente isso ocorreu. Entretanto, usando-se a seleção massal com testemunha, há possibilidade de aumentar a produção de grãos e ao mesmo tempo, selecionar para diminuir a altura da planta, de uma maneira mais eficiente que na seleção massal estratificada. Isso porque, no primeiro caso, as comparações são feitas planta a planta, e não entre uma planta e o conjunto de plantas do estrato, obtendo-se assim um maior progresso por seleção.

O objetivo do melhoramento genético, é obter progresso, por seleção, a cada ciclo. Só é possível alterar a média de um caráter, de uma geração para outra, se houver, na população, covariância genética entre a unidade de seleção, e a população no ciclo seguinte. Na seleção massal, essa covariância é a herdabilidade (h^2), ou seja, a variância genética aditiva (σ_A^2) dividida pela variância genotípica (σ_F^2) (FALCONER, 1960). O progresso obtido a cada ciclo, é maior ou menor, em cada método, pelo melhor ou pior aproveitamento dessa variância genética aditiva. O melhorista tendo a população a ser utilizada, deve então, optar pelo método de seleção mais adequada. Em geral se recomenda que o esquema escolhido seja:

simples, prático, barato e eficiente. O método mais simples, mais prático e mais barato que se conhece é a seleção massal. O único ponto sujeito a crítica é a sua eficiência. E isso é bastante lógico: esquemas de seleção que façam uso de progênies, permitem que se avalie de um modo mais eficiente, o genótipo de uma determinada planta. Pode-se mesmo usar repetições em vários locais, o que dá, ao teste de progênie, uma vantagem ainda maior.

Esquemas de seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos, de irmãos germanos e de progênies S_1 (uma geração de autofecundação) estão sendo considerados atualmente como a melhor alternativa para o melhoramento intrapopulacional. Exceto para o caso de seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos, onde se pode fazer a seleção dentro apenas do lado feminino, e então um ciclo é realizado em apenas um ano. Todos os outros casos tem um ciclo, a cada 2 anos. Na seleção massal estratificada, faz-se um ciclo a cada ano. Isso dá uma certa vantagem em relação aos esquemas de seleção entre e dentro de progênies, por permitir um maior número de ciclos, num mesmo período de anos. O ponto chave aqui é o progresso que se obtém a cada ciclo de seleção. Em geral, para caracteres de baixa herdabilidade, o melhorista encontra nesse esquema, grande dificuldade em determinar as melhores plantas, porque os efeitos do ambiente sendo muito pronunciados, mascaram os efeitos genéticos. Por isso, o progresso que se obtém de um ciclo para outro fica bastante reduzido. O uso de progênies permite controlar melhor uma situação desse tipo. Além disso, permite que se avalie o genótipo de uma determinada planta, para vários caracteres ao mesmo tempo, e de uma maneira bastante segura. Quando se seleciona, como na seleção massal estratificada, um genótipo por apenas uma única planta, fica difícil uma avaliação global e a identificação do que é genético e do que é ambiental.

Apesar dessas dificuldades, a seleção massal

estratificada leva vantagem sobre os outros métodos em alguns aspectos. De uma maneira resumida, o progresso que se obtém por seleção é dado pela equação: $G = ds + b$ (FALCONER, 1960), sendo: ds : o diferencial de seleção, isto é: a média dos indivíduos selecionados menos a média da população, para o caráter; e b : o coeficiente de regressão entre a unidade de seleção e a população melhorada, obtida da recombinação dos indivíduos selecionados. No caso da seleção massal, $b = h^2$, ou herdabilidade, que é a variância aditiva dividida pela variância fenotípica (FALCONER, 1960). Por sua vez, o ds é tanto maior, quanto mais drástica for a seleção, isto é, quanto menor a percentagem de indivíduos mantidos, pra gerar a nova população. Em geral, nos esquemas de melhoramento, se essa percentagem é muito baixa, há problemas com o tamanho efetivo, e com oscilação genética, o que pode levar a uma grande redução da variância aditiva, ou à fixação de alelos indesejáveis, na geração subsequente (FALCONER, 1960). Isso diminui o progresso nos ciclos seguintes.

A seleção massal estratificada permite que se realize seleções bastantes drásticas, mantendo porém, um bom tamanho efetivo da população. Nesse esquema podemos selecionar um indivíduo em cinquenta, ou seja, uma planta em cada estrato (ZINSLY, 1968). Se o campo experimental tiver 200 estratos, por exemplo, teremos duzentas plantas selecionadas, o que permite manter níveis adequados de variabilidade na geração seguinte. Teoricamente pode-se então, realizar qualquer percentagem de seleção, mas dificuldades práticas de avaliação das plantas, tornam difíceis percentagens menores que 2%.

No processo padrão de seleção massal, a seleção só é feita sobre um sexo, pois uma planta selecionada recebe pólen de todos os indivíduos da população. Uma alternativa que surge é eliminar as plantas indesejáveis, para caracteres que podem ser selecionados antes do florescimento, como re

sistência a doenças e a alguns insetos, altura da planta, etc. (ZINSLY, 1969). Isso permite um maior progresso a cada ciclo.

A seleção massal com testemunha apresenta todas as vantagens citadas para a seleção massal estratificada. Além disso é superior em alguns aspectos. Por exemplo: Quando se escolhe uma determinada planta, a avaliação dos efeitos ambientais é mais precisa. O uso de plantas de igual genótipo, como testemunhas intercaladas com a população a melhorar, permite discriminar melhor, o que é genético do que é ambiental. Devido a isso fazer uso de percentagens de seleção bastante reduzidas, é conseguido com relativa facilidade, sem a limitação discutida anteriormente. Além disso, a percentagem de seleção é em relação ao número de plantas existentes em todo o campo, e não no estrato. Da mesma maneira, pode-se selecionar antes do florescimento, para caracteres que o permitem.

Como dissemos no início, o progresso obtido por seleção é diretamente proporcional ao diferencial de seleção, e à herdabilidade. O aumento da herdabilidade (σ_A^2/σ_F^2) só é conseguido usando técnicas que visam diminuir a variação fenotípica (σ_F^2), já que a variância aditiva (σ_A^2) é uma característica inerente à população. A seleção explora justamente a σ_A^2 , e cada método o faz de uma maneira característica (maior ou menor eficiência). Vimos até agora que a seleção massal com testemunha permite que o melhorista atue nos dois componentes do progresso: d_s e h^2 . Na herdabilidade, quando se usa um híbrido simples como testador o que diminui a variância fenotípica, permitindo um melhor aproveitamento da variância genética aditiva. No diferencial de seleção, permitindo seleções bastante drásticas (0,5%, por exemplo) sem que se diminua o tamanho efetivo a níveis perigosos.

Além disso, a seleção massal com testemunha permite ao melhorista uma avaliação global do genótipo de uma plan

ta, podendo ele selecionar para vários caracteres ao mesmo tempo.

Uma outra vantagem da seleção massal com testemunha em relação à seleção massal estratificada, é permitir que se identifique gradientes de fertilidade do solo, no campo experimental. A disposição dos estratos é feita de uma maneira sistemática. Caso exista uma mancha de maior fertilidade no sentido da diagonal do campo de seleção, ela pode afetar partes de vários estratos. Esse fato levaria a uma grande heterogeneidade dentro do estrato, e a não ser com muito cuidado, não poderia ser detectado. Por sua vez, como a seleção massal com testemunha usa sub-estrato de três plantas, eles estão na verdade dispostos em todos os sentidos do campo. Isso permitiria pois, detectar a presença de manchas de fertilidade ou, heterogeneidade, em qualquer ponto do campo experimental.

7. CONCLUSÕES

As principais conclusões desse trabalho foram:

(1) O progresso obtido na seleção massal estratificada (11,5%) foi maior que o da seleção massal com testemunha (5,0%). Isso foi devido, em grande parte ao uso do híbrido Ag-152 como testemunha, o qual não é uniforme geneticamente.

(2) A seleção massal com testemunha não alterou a média da altura da planta. Por sua vez, a seleção massal estratificada levou a um acréscimo de 2,16% ($p < 10,0\%$) nesse caráter.

(3) A seleção massal com testemunha permite, uma melhor avaliação de cada genótipo, além de possibilitar que se faça seleção para vários caracteres ao mesmo tempo, como para produção de grãos e altura da planta, por exemplo.

(4) A comparação teórica entre os três esquemas de seleção massal: comum, estratificada e com testemunha pode ser feita pela comparação da variância fenotípica da unidade de seleção, em cada caso. Ficou evidenciado, que a seleção massal estratificada é tão mais eficiente que a seleção

massal comum, quanto maior forem as diferenças entre estratos. Por sua vez, a seleção massal com testemunha será melhor, igual ou pior que a seleção massal estratificada, se a variância genética da testemunha for menor, igual ou maior que a variância entre estratos.

(5) Permite, a seleção massal com testemunha, que se realize percentagem de seleção bastante drástica (0,5%, por exemplo), sem problemas com o tamanho efetivo da população, ou com a oscilação genética.

(6) Pela sua estrutura, a seleção massal com testemunha permite que se detecte os principais tipos de heterogeneidade do terreno onde está o campo de seleção, com uma precisão maior que na seleção massal estratificada.

8. SUMMARY

A modification of mass selection for maize improvement is presented. The scheme is designed to provide a better control of soil heterogeneity by planting individual plants of a homogeneous check (H) adjacent to the plants of the population to be improved (O). The disposition in the field becomes:

O H O O H O O H O O H O O H O

The method is thus called mass selection with a homogeneous check.

A population of opaque-2 maize was selected for one cycle using the above scheme, and also at the some times for comparison purpose, the usual stratified mass selection was employed. Theoretically the mass selection with a homogeneous check is superior to the stratified mass selection. An evaluation of the first cycles showed an improvement in grain yield of 11.5% for the mass selected with check and 5.0% for the stratified mass selection. This lotes type of selection increased the plant height for 2.2%.

The main advantages of the mass selection with check are the following:

1. Provides for a better evaluation of the individual plants. Several characters can be considered simultaneously.
2. Higher intensities of selection (0.50% for ex/. can be used quite easily without affecting too much the effective population size.
3. The main types of soil heterogeneity can be controlled, even when the distribution of the heterogeneity is erratic.
4. It is considered to be a simple, practical and cheap scheme that should be more efficient than the stratified mass selection when a homogeneous check like a single cross is used.

9. LITERATURA CITADA

FALCONER, D.S. 1960. Introduction to quantitative genetics. Oliver-Boyd, London. 365 pp.

GARDNER, C.O. 1961. An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons of corn. Crop Sci. 1: 241-246.

HOPKINS, C.G. 1899. Improvement in the chemical composition of the corn kernel. Illinois Agr. Exp. Sta. Bull. (55)

HULL, F.H. 1945. Recurrent selection for specific combining ability in corn. J. Amm. Soc. Agron. (37): 134-145.

HULL, F.H. 1952. Recurrent selection and over dominance. Heterosis pp. 451-473 - Iowa State College Press, Ames, Ia.

LONNQUIST, J.H. 1949. The development and performance of synthetic varieties of corn, Agron. Jour. 45: 153-156.

LONNQUIST, J.H. 1960. El mejoramiento de las poblaciones de maiz. Managua, Nicaragua, P.C.C.M.M, 6: 14-22.

LONNQUIST, J.H., e D.P. MCGILL. 1956. Performance of corn syntetics in advanced generations of synthesis and after two cycles of recurrent selection. Agron. Jour. 48:249-253.

MATHER, K. 1968. Elementos de Biometria. Trad. de Alvaro Marchi e outros. São Paulo, Polígono e Editora da USP. 212 pp.

ROBINSON, H.F.; R.E. COMSTOCK e P.H. HARVEY. 1955. Genetic variances in open pollinated varieties of corn. Genetics, 40: 45-60.

SMITH, L.H. 1908. Ten generations of corn breedings. Illinois Agr. Exp. Sta. Bull. 128.

SMITH, L.H. 1909. The effect of selection upon certain physical characteres in the corn plant. Illinois Agr. Exp. Sta. Bull. 132.

SPRAGUE, G.F. 1955. Corn breeding. In: Corn and corn improvement. Academic Press, New York. pp. 221-292.

ZINSLY, J.R. 1968. Estudo sobre a seleção massal em milho (*Zea mays* L.). Tese de M.S., ESALQ/USP. 60 pp.

ZINSLY, J.R. 1969. Estudo comparativo entre a seleção massal e a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em milho (*Zea mays* L.). Tese de Doutorado, ESALQ/USP. 84 pp.

ZUBER, M.S. 1942. Relative efficiency of incomplete block designs using corn uniformity trial data. J. Am. Soc. Agron. 34: 30-47.

WEATHER WAS, E.I. Indian corn in old America. New York. The Macmillan Co.

10. TABELAS

Tabela 1 - Médias de produção das populações, variedades e híbridos de milho, avaliadas no ensaio de produção, no ano agrícola de 1973/74, em Piracicaba (SP).

Tratamentos	P r o d u ç ã o	
	kg/ha	% Original
Original	5,37	100,00
ICSME*	5,99	111,55
ICSMT**	5,64	105,03
Ag-152	7,09	132,03
Centralmex	7,35	136,87
Ag-504	6,44	119,93
Maya Opaco	6,57	122,93

* Primeiro ciclo de seleção massal estratificada.

**Primeiro ciclo de seleção massal com testemunha.

Tabela 2 - Médias da altura da planta (em metros) das populações, variedades e híbridos avaliadas no ensaio de produção, no ano agrícola de 1973/74, em Piracicaba (SP).

Tratamentos	Altura da Planta	
	m	% Original
Original	2,78	100,00
ICSME*	2,84	102,16
ICSMT**	2,78	100,00
Ag-152	2,90	104,32
Centralmex	3,07	110,43
Ag-504	2,88	103,60
Maya Opaco	2,90	104,32

* Primeiro ciclo de seleção massal estratificada.

**Primeiro ciclo de seleção massal com testemunha.

Tabela 3 - Resultados do teste de Tukey para a comparação das médias apresentadas nas Tabelas 1 e 2, aos níveis de 1% e 5% de probabilidade.

	Produção		Altura da Planta	
	1%	5%	1%	5%
TUKEY	1,17	0,99	0,14	0,12

Tabela 4 - Resultados do teste de Dunnett, para a comparação de cada um dos primeiros ciclo de seleção, com o material original, pelas médias apresentadas nas Tabelas 1 e 2.

	Produção		Altura da Planta	
	1%	5%	1%	5%
DUNNETT	0,86	0,63	0,11	0,08

Tabela 5 - Análise da variância para peso de grãos do ensaio de produção, realizado para avaliar o primeiro ciclo de seleção massal estratificada e seleção massal com testemunha, no composto de milho Opaco Branco, em Piracicaba (SP), 1973/74.

FV	GL	SQ	QM	F
Blocos	14	8,1360	0,5811	0,7248 n.s.
Tratamentos	6	47,8094	7,9682	9,9391 **
Resíduo	84	67,3452	0,8017	

Tabela 6 - Análise da variância para altura da planta (m) do ensaio de avaliação do primeiro ciclo de seleção massal estratificada e seleção massal com testemunha, realizado em Piracicaba, em 1973/74.

FV	GL	SQ	QM	F
Blocos	12	0,8459	0,0705	6,5278 **
Tratamentos	6	0,7653	0,1276	11,8148 **
Resíduo	72	0,7777	0,0108	

11. APÊNDICE

A comparação entre métodos, a partir de modelos matemáticos, permite saber, do ponto de vista teórico, sob que condições se consegue um progresso maior com cada um deles. Para isso, consideramos o modelo matemático que explica a produção de uma planta, como sendo:

$$Y_{ijk} = m + b_i + s_{ij} + g_{ijk} + e_{ijk}$$

onde:

Y_{ijk} = representa a produção da planta "k" que está no sub-estrato "j", do estrato "i". Como sub-estrato considera-se a área compreendida pela (s) planta(s) Opaca(s) a ser(em) selecionada(s), mais a(s) planta(s) testemunha(s).

m = é a média teórica de produção da população opaca.

b_i = é o efeito na produção devido ao estrato "i". Como estrato considera-se aquele usado na seleção massal estratificada (10 m²).

s_{ij} = é o efeito na produção devido ao sub-estrato "j", que está no estrato "i".

g_{ijk} = é o efeito genético para produção da planta "k",
que está no sub-estrato "j" do estrato "i".

e_{ijk} = é o efeito na produção, devido ao ambiente onde está a planta "k", do sub-estrato "j", do estrato "i".

A partir desse modelo, pode-se obter a σ_F^2 (Variação fenotípica para produção), para a seleção massal comum, para a seleção massal estratificada e para a seleção massal com testemunha. É o que será desenvolvido a seguir:

I. Para a Seleção Massal Comum

Cada planta é representada por:

$$Y_{ijk} = m + b_i + s_{ij} + g_{ijk} + e_{ijk}$$

sendo que:

$i = 1, 2, \dots, r$ (refere-se a estratos).

$j = 1, 2, \dots, p$ (refere-se a sub-estratos).

$k = 1, 2, \dots, n$ (refere-se a número de plantas por sub-estrato).

Nessa condições, a média geral para produção, para a população é:

$$\bar{Y} \dots = \frac{1}{rpn} (rpnm + np \sum_{i=1}^r b_i + n \sum_{ij=1}^{rp} s_{ij} + \sum_{ijk=1}^{rpn} g_{ijk} + \sum_{ijk=1}^{rpn} e_{ijk})$$

ou mais simplesmente:

$$\bar{Y} \dots = \frac{1}{rpn} (rpnm + npb. + ns.. + g\dots + e\dots)$$

A seleção seria a comparação de cada planta, com a média de todas as plantas. Pode-se, pois, representar a unidade de seleção, como sendo:

$$U_{ijk} = Y_{ijk} - \bar{Y} \dots$$

ou seja:

$$U_{ijk} = (m + b_i + s_{ij} + g_{ijk} + e_{ijk}) - \frac{1}{rpn}(rpnm + npb + ns \dots + g \dots + e \dots)$$

ou:

$$U_{ijk} = \frac{1}{rpn} [rpn(m + b_i + s_{ij} + g_{ijk} + e_{ijk})] - (rpnm + npb + ns \dots + g \dots + e \dots)$$

Desenvolvendo-se tem:

$$U_{ijk} = \frac{1}{rpn} [(rpn b_i - pnb_1 - pnb_2 - \dots - pnb_i - \dots - pnb_r) + (rpn s_{ij} - ns_{11} - ns_{12} - \dots - ns_{ij} - \dots - ns_{rp}) + (rpn g_{ijk} - g_{111} - g_{112} - \dots - g_{ijk} - \dots - g_{rpn}) + (rpn e_{ijk} - e_{111} - e_{112} - \dots - e_{ijk} - \dots - e_{rpn})]$$

e

$$U_{ijk} = \frac{1}{rpn} \{ [- pnb_1 - pnb_2 - \dots + (rpn - pn)b_{ij} - \dots - pnb_r] + [- ns_{11} - ns_{12} - \dots + (rpn - n)s_{ij} - \dots - ns_{rp}] + [- g_{111} - g_{112} - \dots + (rpn - 1)g_{ijk} - \dots - g_{rpn}] + [- e_{111} - e_{112} - \dots + (rpn - 1)e_{ijk} - \dots - 1_{rpn}] \}$$

Na realidade, o que se tem, são (rpn) unidades de seleção (U), cuja variância é, por definição:

$$\sigma_U^2 = E [U - E(U)]^2 = E(U)^2; \text{ pois } E(U) = 0$$

como:

$$U = Y_{ijk} - \bar{Y} \dots$$

$$\sigma_F^2 = E\{[U - E(U)]^2\} = E(Y_{ijk} - \bar{Y} \dots)^2 = E(U)^2 = \sigma_U^2$$

Fazendo por partes, temos:

I. Para efeito de blocos:

$$\frac{1}{rpn} [-pnb_1 - pnb_2 - \dots + (rpn - pn) b_i - \dots - pnb_r]$$

$$\frac{1}{rpn} [pn(-b_1 - b_2 - \dots + (r-1)b_i - \dots - b_r)]$$

cuja variância será:

$$E\left\{\frac{pn}{rpn} [-b_1 - b_2 - \dots + (r-1)b_i - \dots - b_r]\right\}^2 =$$

$$\frac{p^2 n^2}{r^2 p^2 n^2} E\left[(r-1)^2 b_i^2\right] + E(-b_1 - b_2 - \dots - b_r)^2$$

$$\frac{1}{r^2} E\left[(r-1)^2 b_i^2\right] + (r-1) E(b^2); \text{ pois}$$

$E(b_i b_j) = 0$; por serem efeitos independentes.

Continuando:

$$\frac{1}{r^2} [(r-1)^2 E(b^2) + (r-1) E(b^2)] =$$

$$\frac{1}{r^2} [(r-1)^2 \sigma_b^2 + (r-1) \sigma_b^2]$$

Finalmente, tem-se:

$$(a) \frac{r-1}{r} \sigma_b^2$$

II. Para o efeito de sub-estratos:

$$\frac{1}{rpn} [-ns_{11} - ns_{12} - \dots + (rpn - n)s_{ij} - ns_{rp}] =$$

$$\frac{1}{rpn} \{n[-s_{11} - s_{12} - \dots + (rp - 1)s_{ij} - \dots - s_{rp}]\}$$

Cuja variância será:

$$E\left\{\frac{n}{rpn} [-s_{11} - s_{12} - \dots + (rp - 1)s_{ij} - \dots - s_{rp}]\right\}^2$$

$$\frac{1}{r^2 p^2} \{E[-s_{11} - s_{12} - \dots + (rp - 1)s_{ij} - \dots - s_{rp}]\}^2 =$$

$$\frac{1}{r^2 p^2} \{E[(rp - 1)^2 s_{ij}^2] + (rp - 1) E(s^2)\} =$$

$$\frac{1}{r^2 p^2} [(rp - 1)\sigma_s^2 + (rp - 1)\sigma_s^2]$$

Finalmente:

$$(b) \frac{rp-1}{rp} \sigma_s^2$$

III. Para efeito genético:

$$\frac{1}{rpn} [-g_{111} - g_{112} - \dots + (rpn - 1)g_{ijk} - \dots - g_{rpn}]$$

Cuja variância será:

$$E\left\{\frac{1}{rpn}\left[-g_{111} - g_{112} - \dots - (rpn - 1)g_{ijk} - \dots - g_{rpn}\right]\right\}^2 =$$

$$\frac{1}{r^2 p^2 n^2} \{E[(rpn - 1)^2 g^2_{ijk}] + (rpn - 1) E(g)^2\} =$$

$$\frac{1}{r^2 p^2 n^2} [(rpn - 1)^2 E(g^2_{ijk}) + (rpn - 1) E(g)^2] =$$

$$\frac{1}{r^2 p^2 n^2} [(rpn - 1)^2 \sigma_g^2 + (rpn - 1) \sigma_g^2]$$

Finalmente:

$$(c) \frac{rpn - 1}{rpn} \sigma_g^2.$$

IV. Para o efeito ambiental:

$$\frac{1}{rpn} [-e_{111} - e_{112} - \dots + (rpn - 1)e_{ijk} - \dots - e_{rpn}]$$

Cuja variância será:

$$E\left\{\frac{1}{rpn} [-e_{111} - e_{112} - \dots + (rpn - 1)e_{ijk} - \dots - e_{rpn}]\right\}^2 =$$

$$\frac{1}{r^2 p^2 n^2} \{E[-e_{111} - e_{112} - \dots + (rpn - 1)e_{ijk} - \dots - e_{rpn}]\}^2 =$$

$$\frac{1}{r^2 p^2 n^2} [(rpn - 1)^2 E(e^2_{ijk}) + (rpn - 1) E(e^2)] =$$

$$\frac{1}{r^2 p^2 n^2} [(rpn - 1)^2 \sigma_E^2 + (rpn - 1) \sigma_E^2] =$$

Finalmente:

$$(d) \frac{rpn - 1}{rpn} \sigma_E^2$$

Dessa forma, reunindo-se os resultados (a), (b), (c) e (d), obtêm-se a variância da unidade de seleção (σ_U^2), a qual corresponde também, à variância fenotípica para seleção (σ_{FM}^2). Assim:

$$(1) \sigma_{FM}^2 = \frac{r - 1}{r} \sigma_b^2 + \frac{rp - 1}{rp} \sigma_s^2 + \frac{rpn - 1}{rpn} \sigma_g^2 + \frac{rpn - 1}{rpn} \sigma_e^2$$

II. Para a Seleção Massal Estratificada:

Cada planta de população também pode ser representada por:

$$Y_{ijk} = m + b_i + s_{ij} + g_{ijk} + e_{ijk}$$

Sendo que:

$i = 1, 2, \dots, r$ (refere-se a estratos).

$j = 1, 2, \dots, p$ (refere-se a sub-estratos).

$k = 1, 2, \dots, n$ (refere-se a número de plantas no sub-estrato).

Na seleção, cada planta será comparada com a média de produção do estrato ($Y_{i..}$), sendo que:

$$\bar{Y}_{i..} = \frac{1}{pn} (pnm + pnb_i + n \sum_{j=1}^p s_{ij} + \sum_{jk=1}^{pn} g_{ijk} + \sum_{jk=1}^{pn} e_{ijk})$$

ou simplesmente:

$$\bar{Y}_{i..} = \frac{1}{pn} (pnm + pnb_i + ns_{i.} + g_{i..} + e_{i..})$$

A unidade de seleção será:

$$U_{ijk} = \bar{Y}_{ijk} - \bar{Y}_i$$

ou

$$U_{ijk} = m + b_i + s_{ij} + g_{ijk} + e_{ijk} - \frac{1}{pn} [pnm + pnb_i + ns_i + s_i + g_i + e_i \dots]$$

Desenvolvendo-se tem:

$$U_{ijk} = \frac{1}{pn} [(pns_{ij} - ns_{i1} - ns_{i2} - \dots - ns_{ij} - \dots - ns_{ip}) + \\ (png_{ijk} - g_{i11} - g_{i12} - \dots - g_{ijk} - \dots - g_{ipn}) + \\ (pne_{ijk} - e_{i11} - e_{i12} - \dots - e_{ijk} - \dots - e_{ipn})]$$

ou

$$U_{ijk} = \frac{1}{pn} \{ [-s_{i1} - s_{i2} - \dots + (p-1)s_{ij} - \dots - ns_{ip}] + \\ [-g_{i11} - g_{i12} - \dots + (pn-1)g_{ijk} - \dots - g_{ipn}] + \\ [-e_{i11} - e_{i12} - \dots + (pn-1)e_{ijk} - \dots - e_{ipn}] \}$$

Como no caso anterior:

$$\sigma_U^2 = E(U)^2 \quad e \quad \sigma_U^2 = \sigma_F^2$$

Dessa forma:

$$\sigma_U^2 = E \left\{ \frac{1}{pn} \{ n[-s_{i1} - s_{i2} - \dots + (p-1)s_{ij} - \dots - ns_{ip}] + \right. \\ \left. [-g_{i11} - g_{i12} - \dots + (pn-1)g_{ijk} - \dots - g_{ipn}] + \right. \\ \left. [-e_{i11} - e_{i12} - \dots + (pn-1)e_{ijk} - \dots - e_{ipn}] \} \right\}^2$$

Para facilidade a resolução será feita por partes:

I. Para sub-estratos:

$$E\left\{\frac{n}{pn} [-s_{i1} - s_{i2} - \dots + (p-1)s_{ij} - \dots - s_{ip}]\right\}^2$$

$$\frac{n^2}{p^2 n^2} \{E[-s_{i1} - s_{i2} - \dots + (p-1)s_{ij} - \dots - s_{ip}]\}^2$$

$$\frac{1}{p^2} E\{[(p-1)^2 \sigma_s^2] + (p-1)\sigma_s^2\}$$

Finalmente:

$$(a): \frac{(p-1)}{p} \sigma_s^2$$

II. Para o efeito genético:

$$E\left\{\frac{1}{pn} [-g_{i11} - g_{i12} - \dots + (pn-1)g_{ijk} - \dots - g_{ipn}]\right\}^2 =$$

$$\frac{1}{p^2 n^2} \{E[-g_{i11} - g_{i12} - \dots + (pn-1)g_{ijk} - \dots - g_{ipn}]\}^2 =$$

$$\frac{1}{p^2 n^2} [(pn-1)^2 E(g_{ijk}^2) + (pn-1) E(g_{ijk}^2)] =$$

$$\frac{1}{p^2 n^2} [(pn-1)^2 \sigma_g^2 + (pn-1)\sigma_g^2]$$

Finalmente:

$$(b) \frac{(pn-1)}{pn} \sigma_g^2$$

III. Para o efeito ambiental:

$$E\left\{\frac{1}{pn}\left[-e_{i11} - e_{i12} - \dots + (pn-1)e_{ijk} - \dots - e_{ipn}\right]^2\right\} =$$

$$\frac{1}{p^2 n^2} \left[(pn-1)^2 E(e_{ijk}^2) + (pn-1) E(e_{ijk}^2) \right] =$$

$$\frac{1}{p^2 n^2} \left[(pn-1)^2 \sigma_E + (pn-1) \sigma_E^2 \right]$$

Finalmente:

$$(c) \frac{(pn-1)}{pn} \sigma_E^2$$

Dessa maneira, reunindo (a), (b) e (c), obtém-se a variância fenotípica da unidade de seleção (σ_U^2) que, também corresponde à variância fenotípica para fins de seleção massal estratificada (σ_{FE}^2)

$$\sigma_{FE}^2 = \frac{(p-1)}{p} \sigma_s^2 + \frac{(pn-1)}{pn} \sigma_g^2 + \frac{(pn-1)}{pn} \sigma_E^2$$

III. Para a Seleção Massal com Testemunha:

Cada planta a ser selecionada é representada - por:

$$Y_{ijk} = m + b_i + s_{ij} + g_{ijk} + e_{ijk}$$

Sendo que:

i = 1, 2, ..., n (refere-se a estratos).
 j = 1, 2, ..., p (refere-se a sub-estratos).
 k = 1, 2, ..., n (refere-se ao número de plantas do sub-estrato).

Na seleção, cada planta será comparada com a planta testemunha que está ao seu lado, e que é representada por:

$$Y'_{ijk} = m' + b_i + s_{ij} + g'_{ijk} + e'_{ijk}$$

sendo que:

i' , j e k variam como anteriormente,

e:

Y'_{ijk} = representa a produção da planta testemunha k , que está no sub-estrato j , do estrato i .

m' = é a média teórica de produção da testemunha.

s_{ij} = é o efeito na produção devido ao sub-estrato j , do estrato i .

g'_{ijk} = é o efeito genético para produção da planta testemunha k , que está no sub-estrato j , do estrato i .

e'_{ijk} = é o efeito na produção, do ambiente onde está a planta testemunha k , do sub-estrato j , do estrato i .

Dessa forma, a unidade de seleção será:

$$U_{ijk} = Y_{ijk} - Y'_{ijk}$$

ou:

$$U_{ijk} = m + b_i + s_{ij} + g_{ijk} + e_{ijk} - (m' + b_i + s_{ij} + g'_{ijk} + e'_{ijk})$$

Tem-se então:

$$\begin{aligned}
 U_{111} &= Y_{111} - Y'_{111} = m + b_1 + s_{11} + g_{111} + e_{111} - (m' + b'_1 + s'_{11} + g'_{111} + e'_{111}) \\
 &\vdots \\
 U_{ijk} &= Y_{ijk} - Y'_{ijk} = m + b_i + s_{ij} + g_{ijk} + e_{ijk} - (m' + b'_i + s'_{ij} + g'_{ijk} + e'_{ijk}) \\
 &\vdots \\
 U_{rpn} &= Y_{rpn} - Y'_{rpn} = m + b_r + s_{rp} + g_{rpn} + e_{rpn} - (m' + b'_r + s'_{rp} + g'_{rpn} + e'_{rpn})
 \end{aligned}$$

Sendo que:

$$\begin{aligned}
 \bar{U} \dots = \frac{1}{rpn} & \left(rpn + pn \sum_{i=1}^r b_i + n \sum_{ij=1}^{rp} s_{ij} + \sum_{ijk=1}^{rpn} g_{ijk} + \sum_{ijk=1}^{rpn} e_{ijk} \right. \\
 & \left. - rpn m' - pn \sum_{i=1}^r b'_i - n \sum_{ij=1}^{rp} s'_{ij} - \sum_{ijk=1}^{rpn} g'_{ijk} - \sum_{ijk=1}^{rpn} e'_{ijk} \right)
 \end{aligned}$$

Simplificando:

$$\bar{U} \dots = (g \dots - g' \dots) + (e \dots - e' \dots)$$

Pode-se, então obter os desvios D em relação às unidades de seleção:

$$\begin{aligned}
 D_{ijk} &= U_{ijk} - \bar{U} \dots = (g_{ijk} - \bar{g} \dots) + (e_{ijk} - \bar{e} \dots) - (g'_{ijk} - \bar{g}' \dots) \\
 &\quad - (e'_{ijk} - \bar{e}' \dots)
 \end{aligned}$$

Cuja variância será:

$$\begin{aligned}
 E(D)^2 &= E[(g_{ijk} - \bar{g} \dots) + (e_{ijk} - \bar{e} \dots) - (g'_{ijk} - \bar{g}' \dots) - (e'_{ijk} - \bar{e}' \dots)]^2 \\
 &= \frac{rpn - 1}{rpn} (\sigma_g^2 + \sigma_{g'}^2 + \sigma_e^2 + \sigma_{e'}^2)
 \end{aligned}$$

Como σ_e^2 e $\sigma_{e'}^2$, são efeitos semelhantes, pode-se considerar:

$$\sigma_D^2 = \frac{(rpn - 1)}{rpn} (\sigma_g^2 + \sigma_{g'}^2 + 2\sigma_e^2)$$

Como σ_D^2 representa a variância fenotípica para a Seleção Massal com Testemunha (σ_T^2), então:

$$\sigma_T^2 = \frac{(rpn - 1)}{rpn} (\sigma_g^2 + \sigma_{g'}^2 + 2\sigma_e^2)$$

Dessa forma, obtivemos a variância fenotípica da unidade de seleção, para cada caso.