

ROLF DIETER ILLG  
Engenheiro Agrônomo  
Professor Assistente de Genética do Instituto  
Central de Biologia da Universidade de Brasília

ESTUDO COMPARATIVO ENTRE PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS DE MILHO  
E SEUS RESPECTIVOS CRUZAMENTOS COM UM TESTADOR

Tese apresentada à Escola Superior de  
Agricultura "Luiz Queiroz" da Univers  
sidade de São Paulo para a obtenção  
do grau de "Magister Scientiae".

Piracicaba - São Paulo  
1969

Agradecimentos são consignados ao Prof. E. Paterniani, pela sugestão do trabalho, orientação, conselhos e críticas formuladas; ao Prof. F. G. Brieger pelo estímulo e colaboração desinteressada; ao Prof. A. Blumenschein e Prof. W. Lobato Paracense pelas facilidades concedidas, e às seguintes pessoas pela dedicada ajuda na apresentação desse trabalho: Ayrton Rasera, Heiladyr Pereira Coelho, Eva Martha K.Sz. dos Santos Mello e Sueli Batista Machado.

Í N D I C E

	Página
1. INTRODUÇÃO. . . . .	1
2. REVISÃO DA LITERATURA . . . . .	3
3. MATERIAL e MÉTODO . . . . .	8
4. RESULTADOS OBTIDOS. . . . .	11
5. DISCUSSÃO DOS RESULTADOS. . . . .	15
6. RESUMO e CONCLUSÕES . . . . .	19
7. LITERATURA CITADA . . . . .	21
8. TABELAS. . . . .	23
9. FIGURAS. . . . .	28

## 1. INTRODUÇÃO

Do ponto de vista genético o milho é uma das plantas mais bem estudadas. É uma espécie botânica altamente polimorfa e suas, aproximadamente, 250 raças estão agrupadas numa única espécie *Zea mays* L.. Suas raças compreendem um germoplasma muito amplo, oferecendo grande variabilidade genética, com inúmeras possibilidades de melhoramento. Não se pode precisar exatamente quando esta planta começou a ser utilizada pelo homem, mas desde o início de sua domesticação ela sofreu grande pressão de seleção, capaz de transformá-la numa planta como a vemos hoje, incapaz de sobreviver se fôr abandonada à natureza.

O melhoramento do milho já passou por diversas fases distintas, e os seus métodos têm evoluído continuamente. Tendo passado por uma fase de pura seleção massal, desde o início até o comêço do século XX, entrou numa fase que pode ser chamada de milho híbrido, que foi considerado um avanço extraordinário na técnica de melhoramento. Finalmente atingiu uma fase de seleção de populações melhoradas. Uma revisão detalhada dessas etapas de melhoramento pode ser encontrada em SPRAGUE (1955). Essa última etapa resultou de uma série de conhecimentos sobre a herança de caracteres quantitativos do milho e os mecanismos de ação gênica. Teve início por volta de 1945, existindo hoje inúmeros trabalhos com resultados promissores, o que tem levado muitos melhoristas a aperfeiçoar cada vez mais os métodos de melhoramento de populações.

COMSTOCK, ROBINSON e HARVEY (1949) desenvolveram um método de seleção e melhoramento que aproveita ao máximo os efeitos gênicos para produtividade, quer sejam aditivos, dominantes ou overdominantes. É um método por eles denominado de seleção recorrente recíproca onde se usam duas fontes de germoplasma simultâneamente e consiste no seguinte: no 1º ano cruzam-se cada uma de 200 plantas escolhidas da fonte A com 4 ou 5 plantas da fonte B e 200 plantas da fonte B são cruzadas com 4 ou 5 da fonte A. Autofecundam-se tôdas as plantas usadas como polinizador nos cruzamentos. No 2º ano são conduzidos 2 ensaios de campo das progênies dos cruzamentos feitos no 1º ano, sendo um d'êles das progênies A x B e o outro das progênies B x A. Tôdas as sementes das 4 ou 5 progênies resultantes de um cruzamento envolvendo um pai comum são misturadas formando uma progênie de cada pai polinizador. Assim ficam 200 tratamentos para serem testados em cada ensaio. No 3º ano plantam-se as sementes provenientes das autofecundações do 1º ano, usando sòmente as sementes das plantas dos cruzamentos (A x B ou B x A) mais produtivos. Os genótipos que deram o melhor comportamento em cruzamentos com B são combinados para formar a população A<sub>1</sub>. De maneira idêntica obtém-se a população B<sub>1</sub>, reiniciando a seguir nôvo ciclo similar ao primeiro. Êsse

método no entanto, é trabalhoso, pois envolve muitos cruzamentos controlados e autofecundações. Em consequência disso, o esquema não teve muita aceitação entre os melhoristas de milho.

PATERNIANI (1966) sugeriu então um esquema de seleção recorrente recíproca utilizando famílias de meios irmãos, no qual procurou adaptar o método espiga por fileira à seleção recorrente recíproca, como segue (Fig.1): escolhe-se um certo número de espigas de polinização livre de cada uma de duas populações A e B a serem melhoradas. Sementes de cada espiga escolhida de A são plantadas numa fileira individual, constituindo uma progênie de meios irmãos. As progênies de meios irmãos de A são plantadas em lotes de despendoamento, utilizando como polinizador a população B. O mesmo se faz com a população B. No ano seguinte são feitos ensaios de produção das sementes das progênies de A x B e de B x A. Com base nos resultados desses ensaios plantam-se as sementes remanescentes das melhores progênies formando a população A<sub>1</sub> e a população B<sub>1</sub>, iniciando-se a seguir, novo ciclo nos mesmos moldes do primeiro. O método baseia-se geneticamente na seleção recorrente recíproca e nas variâncias de famílias de meios irmãos, portanto deve também ser bastante eficiente. A finalidade dessa seleção é desenvolver populações que apresentem maior vigor de híbrido quando cruzadas.

No entanto, deseja-se saber se os genótipos que dão maior vigor de híbrido quando cruzados, são também os mais produtivos quando se consideram somente as progênies como tais. O comportamento de famílias de meios irmãos (progênies de espigas de milho de polinização livre), mede essencialmente os efeitos gênicos aditivos para produtividade. O comportamento dos cruzamentos de progênies de meios irmãos com um testador, reflete em grande parte efeitos gênicos não aditivos para produtividade.

O presente trabalho procura estudar, comparativamente, o comportamento de progênies de meios irmãos de milho versus o comportamento das mesmas progênies, quando cruzadas com o testador (variedade contranstante ou variedade recíproca), procurando determinar a correlação entre as duas produções. Desta maneira pode-se avaliar a correlação existente entre os efeitos gênicos aditivos (ou capacidade geral de combinação) e os efeitos gênicos não aditivos (ou capacidade específica de combinação) e assim propiciar estimativas e procedimentos mais adequados para se conseguir melhoramento intrapopulacional e também, interpulacional.

## 2. REVISÃO DA LITERATURA

Não há trabalhos tratando especificamente do mesmo assunto em questão. Muitos trabalhos estudaram assuntos correlacionados, no tadamente a questão da influência do testador para determinar a capaci dade geral e específica de combinação. Sempre que se deseja selecionar genótipos de uma população de polinização aberta, e posteriormente combi ná-los numa nova população também de polinização aberta porém melhora- da, isto implica na escolha de um testador adequado. Teoricamente o me lhor testador seria um homozigoto recessivo pois ele permitiria que o genótipo a ser testado evidenciasse ao máximo sua freqüência gênica e a quantidade e direção da dominância (ALLISON e CURNOW, 1966).

HULL (1945) propôs um esquema de seleção ao qual deu o no me de seleção recorrente para capacidade específica de combinação, que consiste em autofecundar plantas de uma população heterozigota e ao mes mo tempo cruzá-la com uma linhagem como testadora. Com base neste cruza mento-teste, as melhores linhagens autofecundadas são cruzadas entre si, completando-se um ciclo de seleção em 3 anos. O autor sugeriu este es- quema pois admitia que os genes overdominantes ou heteróticos são gran demente responsáveis pelo vigor híbrido. O propósito desse método era concentrar numa população heterogênea os genes que dão a máxima hetero- se em relação a um testador particular. Esse método, no entanto, tem al gumas falhas sérias e por isso encontrou certa resistência por parte dos melhoristas de milho. Nenhuma linhagem é boa indefinidamente e com o tempo ela deve ser substituída por outra melhor. Sabe-se hoje que gran de parte do vigor híbrido é devido à ação gênica aditiva, o que o méto- do em questão não leva muito em consideração.

GREEN (1948) compara dois testadores em cruzamentos-testes, um híbrido duplo, altamente produtivo, resistente ao acamamento e uma variedade de polinização aberta, de baixa produção, suscetível ao acama mento. O autor encontrou diferenças na produção média dos cruzamentos - testes em relação aos dois pais testadores. Isto se deve talvez, à re dução da produção que se espera dos híbridos duplos da geração  $F_2$  e do fato de que os gametas do híbrido resultante dos cruzamentos-testes per tenciam à geração  $F_2$ . Os dados desse trabalho sugerem que os genes afe tando a capacidade específica de combinação são mais importantes no hí brido duplo do que na variedade de polinização aberta. Sugere-se que uma variedade sintética composta de linhagens de uso corrente seja em pregada para medir a capacidade de combinação de um material novo. Pe- los dados apresentados, comparando-se um testador resistente ao acama mento com outro suscetível ao acamamento pode-se indicar que o testador

suscetível oferece melhor oportunidade de selecionar as progênies com as quais êle é cruzado.

KELLER (1949) fêz um estudo comparativo, usando testadores aparentados e não aparentados com as 98 linhagens que êle utilizou para medir a capacidade de combinação. As produções médias das 98 linhagens **cruzadas** com o testador aparentado e o não aparentado deram 79,5 e 102,5 bushels por acre respectivamente. Os resultados dessa investigação sugeriram que o testador aparentado e o não aparentado não classificam as linhagens da mesma maneira. Dêstes dados, contudo, não se pode concluir qual dos dois testadores é mais adequado para medir capacidade de combinação de linhagens. A escôlha do testador depende da finalidade para a qual as linhagens estão sendo selecionadas.

MATZINGER (1953) ainda preocupado com a escôlha de um bom testador para medir a capacidade geral de combinação fêz um estudo comparativo de 3 tipos de testadores para a avaliação de linhagens em milho: escolheu uma série de 8 linhagens a serem testadas. As 8 linhagens testadoras foram usadas em linhagens como tais, híbridos simples e híbridos duplos. As estimativas dos componentes da variância das interações linhagens x testador, foram de 17,22, 11,90 e 6,46 para testador linhagem, híbrido simples e híbrido duplo, respectivamente. Êstes resultados mostram que, quando a variação genética dentro de um testador aumenta, a componente da variância da interação linhagem x testador diminui. Êstes dados sugerem que a classificação das linhagens com respeito à capacidade geral de combinação, pode ser feita mais economicamente usando um testador de base genética ampla.

GROGAN e ZUBER (1957) acham que é muito importante que a técnica usada na primeira avaliação de linhagens seja segura, porque as linhagens selecionadas a partir dêste primeiro teste serão usadas em melhoramentos futuros. Se o método não fôr bom, linhagens superiores podem ser perdidas, dispendendo-se assim muitos esforços em linhagens medío-cres, sem obter resultados satisfatórios. Os autôres fizeram um estudo onde compararam híbridos simples e híbridos duplos como testadores em cruzamentos-testes para medir a capacidade geral de combinação e a capacidade específica de combinação em linhagens. Os resultados dêstes estudos sugerem que não se deve usar testadores muito aparentados com as linhagens a serem testadas quando se desejam informações sôbre a capacidade geral de combinação, o que vem completar os estudos de KELLER (1949). No trabalho em questão GROGAN e ZUBER (1957) acham que alguns híbridos simples como testadores em cruzamentos-testes parecem ser tão eficientes comó híbridos duplos na estimativa da capacidade geral de combinação. A es

côlha do testador varia com a população à qual êle é cruzado. Um valor baixo para capacidade geral de combinação pode ser interpretado como indicativo de que o testador é adaptado para medir o comportamento médio de um grupo de linhagens. Inversamente, um valor alto para capacidade específica de combinação, medirá os efeitos das reações específicas entre testador e linhagem. Revelará aquelas linhagens cujo comportamento com um determinado testador é ótimo.

LONNQUIST e RUMBAUGH (1958) procuraram determinar o mérito relativo de um testador de base ampla e um testador de base restrita na avaliação de linhagens para posterior formação de variedades sintéticas. Cada testador classifica as linhagens de uma maneira diferente, o que está de acôrdo com outros dados publicados (GREEN, 1948; KELLER, 1949; MATZINGER, 1953; GROGAN e ZUBER, 1957). Os dados colhidos sugerem que se siga o procedimento comum em melhoramentos de milho, testando as novas linhagens primeiro para capacidade geral de combinação seguidas de um teste para capacidade específica de combinação entre o grupo selecionado.

HORNER et al (1963) conduziram experimentos de seleção recorrente para melhorar a produção de uma variedade de base genética extremamente ampla. Os autôres usaram um testador de base ampla e outro de base restrita para medir a capacidade de combinação do milho. Os resultados dêsses experimentos indicam que a seleção recorrente para capacidade de combinação com um testador de base restrita mostrou ser um método mais eficiente de melhoramento da produção em milho que a seleção recorrente para capacidade de combinação usando um testador de base ampla.

NANDA (1966) avaliou a capacidade geral de combinação de 8 linhagens de milho, através de cruzamentos-testes com uma variedade de polinização aberta (germoplasma de base genética ampla) e com dois híbridos simples. As linhagens foram classificadas de maneira semelhante pelos três testadores para a maioria dos caracteres agrônômicos estudados. Qualquer um dos três testadores poderia ter sido usado para avaliar as linhagens quanto à capacidade geral de combinação.

ALLISON e CURNOW (1966) após um estudo teórico sôbre a escôlha do testador para melhorar variedades sintéticas de milho chegaram à conclusão de que a variedade parental é um bom testador em cruzamentos-testes, em comparação com variedades com frequências gênicas contrastantes e sugerem que seja usado um testador para baixa produção dentro da variedade parental.

PATERNIANI (1965) num programa de seleção recorrente para capacidade geral de combinação utilizou 278 linhagens  $S_1$  de milhos da América Central, constituídos em grande parte de germoplasma Tuxpan e as cruzou com a variedade testadora, Dente Paulista. Dos resultados desses cruzamentos-testes escolheu 18 linhagens  $S_1$  para formar a população de ciclo I. O progresso absoluto alcançado neste ciclo de seleção não foi muito grande (5,3%) o que é explicado pela relativa baixa variabilidade genética presente na população original para utilização imediata, e pela pequena intensidade de seleção praticada. O ganho relativo no entanto, foi alto, indicando que a maior parte da variabilidade genética era constituída pela variância gênica aditiva, e portanto, possível de aproveitamento por meios mais simples de seleção. Em populações muito heterogêneas, onde existe em grande parte variância gênica aditiva, métodos mais simples de seleção individual ou seleção massal são muito eficientes.

O método de seleção de populações utilizando e melhorando simultaneamente duas fontes distintas de germoplasma, teve seu início com os trabalhos de COMSTOCK et al (1949) que estabeleceram um esquema de seleção que aproveita tanto os efeitos gênicos aditivos para produtividade (capacidade geral de combinação) como os efeitos gênicos não aditivos para produtividade (capacidade específica de combinação). Os genótipos que serão combinados para formar uma nova população melhorada são plantas autofecundadas (linhagens) selecionadas a partir de seu comportamento em cruzamentos com uma variedade testadora ou contranstante (linhagem  $x$  testador). Este esquema que se assenta em boa base genética, atualmente é empregado tanto em melhoramento animal como de plantas. Contudo, em melhoramento de milho teve pouca aceitação, em grande parte por ser um sistema muito trabalhoso. Com a sugestão de PATERNIANI (1966) de adaptar a seleção recorrente recíproca proposta por COMSTOCK et al, (1949) à seleção de famílias de meios irmãos, os melhores genótipos de uma população (progênies de meios irmãos) são combinados com base em seu comportamento em cruzamentos com uma variedade testadora (progênies de meios irmãos  $x$  testador). Isto facilita sobremaneira o esquema de seleção recorrente recíproca. Deve-se, no entanto, aguardar dados sobre a relativa eficiência do método.

NANDA (1966) em seu trabalho de avaliação de linhagens de milho fez um estudo da correlação entre os três tipos de testadores usados e entre o comportamento dos cruzamentos-testes e as linhagens como tais, para vários caracteres agrônômicos estudados. A correlação entre o comportamento dos cruzamentos-testes e as linhagens foi muito baixa em relação à produção de grãos e porcentagem de rendimento de grãos.

Quanto à correlação que existe entre o comportamento de cruzamentos de duas variedades de milho em relação ao comportamento dos pais, PATERNIANI (1961, 1963) demonstrou que há existência de grande heterose nos cruzamentos intervarietais em geral, sendo que a produção de cada variedade parental é um fator mais importante para aumentar esta correlação do que o tipo de endosperma de cada progenitor. A correlação entre o comportamento dos cruzamentos em relação às variedades parentais é maior nos casos de pais mais produtivos.

### 3. MATERIAL e MÉTODO

Duas variedades de milho são utilizadas no presente estudo: Píramex e Cateto.

Píramex é uma variedade sintética, com grãos dentados, de coloração amarela, pertencente à raça Tuxpan originária do México. É uma variedade que está dando ótimos resultados e que ainda oferece boas possibilidades de ser melhorada.

Cateto é uma variedade de grãos duros de coloração alaranjada intensa. É um milho já cultivado pelos índios ao longo da costa Atlântica da América do Sul, e que ainda hoje vem sendo cultivado pelos agricultores, embora não ocupe o lugar principal entre os milhos cultivados.

Da variedade Píramex foram selecionados 81 espigas de uma população de polinização aberta. As sementes de cada espiga constituem assim uma progênie de meios irmãos. Em 1965-66 uma parte das sementes de cada progênie Píramex foi plantada espiga por fileira, sendo cada fileira constituída por sementes provenientes de uma espiga (progênies de meios irmãos). As plantas de cada fileira de progênies foram cruzadas com a variedade Cateto, em lote isolado de despendoamento, como está esquematizado na figura 1. Para cada três fileiras de progênies de meios irmãos Píramex foi plantada uma fileira da variedade testadora Cateto. Mais tarde as plantas de Píramex foram despendoadas e assim foram fecundadas pela mistura de pólen das plantas da variedade Cateto.

De maneira idêntica foram selecionadas 100 espigas de uma população de Cateto. Parte das sementes de cada espiga foi plantada espiga por fileira e cruzada com um testador de base ampla, no caso a variedade Píramex, obtendo-se assim as progênies de meios irmãos de Cateto x Píramex.

Em 1966-67 foram plantados dois ensaios, a saber: um látice com parcelas subdividas ("split-plot") 9 x 9 com 4 repetições, onde cada parcela representa uma progênie de meios irmãos Píramex, sendo as sub-parcelas A correspondentes às progênies como tais (sementes das espigas de Píramex de polinização livre) e as sub-parcelas B às mesmas progênies cruzadas com Cateto (sementes obtidas das fileiras femininas do lote de despendoamento). De maneira idêntica foi plantado um látice com parcelas subdividas ("split-plot") 10 x 10 com 4 repetições, sendo as sub-parcelas A as progênies de meios irmãos Cateto como tais (sementes das espigas de Cateto de polinização livre) e as sub-parcelas B as mesmas progênies cruzadas com a variedade Píramex (sementes obtidas das fileiras femininas do lote de despendoamento).

Cada sub-parcela constituiu-se de uma fileira de 10m sendo o espaçamento de 1m entre fileiras. Foram semeados 3 grãos por cova sendo a distância entre as covas de 0,40m. Mais tarde foi feito o desbaste ficando 2 plantas por cova. Uma sub-parcela completa deverá ter assim 50 plantas.

As repetições foram plantadas tôdas num bloco de terreno contínuo permitindo-se assim uma análise da variância como blocos ao acaso. Para cada parcela foram anotados dados relativos ao acamamento, número de plantas ("stand"), peso das espigas despalhadas (produção) e porcentagem de umidade dos grãos na colheita. Os dados utilizados para as análises dos experimentos foram os pesos das espigas despalhadas de cada sub-tratamento corrigidos para umidade e "stand". Os dados de cada sub-tratamento, depois de terem sido corrigidos para umidade foram corrigidos para "stand", utilizando-se a fórmula de ZUBER (1942), que é a seguinte:

$$PCC = PC \cdot \frac{H - 0,3F}{H - F}, \text{ onde}$$

PCC é o peso de campo corrigido para umidade e "stand"

PC é o peso de campo corrigido para umidade

H é o "stand" ideal (50 plantas)

F é o número de falhas

Esta fórmula, embora sendo empírica, leva em conta a carga genética do material de cada tratamento, o que não acontece se for feita a correção do "stand" pela análise da covariância.

Como o ano agrícola de 1966-67 em Piracicaba, S.P. (local onde foram instalados os experimentos) não foi muito favorável, houve grande número de falhas. Uma análise da variância como látice com parcelas subdivididas não foi efetuada, devido à perda de algumas parcelas. Procedeu-se então à análise como blocos ao acaso, com parcelas subdivididas.

Como foi levada em consideração a competição entre as plantas, consideramos inicialmente apenas os subtratamentos com "stand" superior a 30 plantas para a análise da variância. Na análise da variância do ensaio relativo à variedade Piramex, o coeficiente de variação foi de 11,2%. Foi feita em seguida uma análise da variância considerando todos os subtratamentos com mais de 20 plantas, e obteve-se para esta análise um coeficiente de variação de 12,4%, ainda no mesmo ensaio relativo à variedade Piramex. Como os dois coeficientes de variação não diferem mu

to, consideramos para tôdas as análises os tratamentos com "stand" acima de 20 plantas, obtendo assim um maior número de tratamentos a serem considerados para a análise estatística.

De maneira idêntica procedeu-se para o ensaio relativo à variedade Cateto, isto é, consideraram-se para a análise da variância todos os tratamentos com mais de 20 plantas. O coeficiente de variação obtido foi de 12,8%.

Uma análise da variância como blocos ao acaso também foi efetuada para os subtratamentos A e outra análise, para os subtratamentos B. Isso foi feito tanto no ensaio relativo ao milho Piramex, como no ensaio do milho Cateto. Estas análises foram feitas para se poder avaliar o grau de variabilidade genética presente nas populações de meios irmãos como tais e nas populações de meios irmãos cruzados com o testador. Os coeficientes de variação foram de 16,6% e 14,0% respectivamente, para os subtratamentos que incluíram as progênies Piramex como tais e os cruzamentos dessas progênies com Cateto de 15,9% e 13,2% respectivamente, para os subtratamentos que incluíram as progênies de Cateto como tais e as mesmas progênies cruzadas com Piramex.

Foi efetuado ainda o cálculo da correlação entre as subparcelas A e B de cada um dos experimentos para se poder analisar a correlação entre as progênies como tais, onde se manifestam em maior proporção genes de efeitos aditivos, e as progênies cruzadas com um testador, o que reflete em grande parte os efeitos gênicos não aditivos para produtividade.

#### 4. RESULTADOS OBTIDOS.

Na tabela 1 encontra-se a análise da variância como blocos ao acaso com parcelas subdivididas dos dados do peso de cada tratamento, corrigido para "stand" e umidade, referente ao experimento que inclui as progênies de meios irmãos Piramex versus Piramex x Cateto. O valor de F para tratamentos mostrou uma significância ao nível de 5% o que indica que há diferenças nos comportamentos entre as progênies, existindo algumas melhores que as outras. Isto ocorre muito comumente quando se selecionam espigas de polinização aberta de uma população a ser melhorada. Certas plantas têm maior concentração de genes favoráveis que outras dentro de uma mesma população.

Um valor de F altamente significativo, ao nível de 0,1% encontrado na comparação entre os dois grupos de subtratamentos A e B, indica respostas diferentes das subparcelas A quanto confrontadas com as de B. Isto já era de se esperar, pois os dados de A refletem as produções das progênies como tais e os dados das subparcelas B refletem as produções das mesmas progênies cruzadas com o testador de base ampla, o que corresponde à geração  $F_1$  do cruzamento intervarietal Piramex x Cateto. A interação tratamentos x A e B não atingiu significância estatística, o que é muito importante pois já nos mostra que há uma certa correlação entre as progênies e seus respectivos cruzamentos com o testador.

Resultados muito semelhantes quanto aos valores de F foram encontrados no experimento que envolve as progênies de meios irmãos Cateto e os respectivos cruzamentos Cateto x Piramex (tabela 2). Houve uma significância de F para tratamentos ao nível de 5%, indicando haver diferenças entre os comportamentos das progênies da variedade Cateto. Também aqui houve uma diferença significativa, ao nível de 0,1% entre o comportamento das subparcelas A quando comparadas com B, sendo que não houve diferença significativa na interação entre os tratamentos A e B, isto é, as melhores progênies como tais tendem também a dar os melhores cruzamentos e as piores progênies tendem também a se comportarem pior quando cruzadas com o testador.

Foram feitas ainda análises da variância como blocos ao acaso para os subtratamentos A e B separadamente. Os valores de F para o experimento que inclui as progênies de meios irmãos Piramex (tabela 3) não mostraram diferença significativa entre os tratamentos. Já os valores de F na análise dos cruzamentos de meios irmãos Piramex com a variedade testadora (tabela 4) acusou uma diferença significativa ao ní

vel de 5% entre seus tratamentos.

No experimento em que se consideraram as progênies de meios irmãos Cateto (tabela 5), o quadro é exatamente o inverso. Os valores de F atingem uma significância ao nível de 1% para as progênies de meios irmãos Cateto como tais, o que denota que dentro as 100 progênies testadas, algumas são bem melhores que outras. Já nos cruzamentos das respectivas progênies com a variedade testadora (tabela 6) os tratamentos se equilibraram quanto ao seu valor, não mostrando um F significativo para os seus tratamentos.

Uma estimativa da variabilidade genética presente em cada uma das duas variedades, tanto considerando-se apenas as progênies como tais, como as progênies quando cruzadas, pode ser obtida através das estimativas da componente  $\sigma_{mi}^2$  (variância dos meios irmãos) obtidas a partir das esperanças matemáticas dos quadrados médios. O cálculo dessa estimativa é feito a partir dos dados das seguintes tabelas:

1. Para as progênies de meios irmãos Piramex como tais:

Fontes de Variação	GL	QM	Esperança dos QM	$\bar{x}$
Tratamentos	57	1,1543	$\sigma^2 + r \sigma_{mi}^2$	5,85
Resíduo	171	0,9489	$\sigma^2$	

onde r é o número de repetições e  $\sigma_{mi}^2$  representa a componente da variância genética entre as progênies de meios irmãos. Um coeficiente de variabilidade genética é obtido pela relação  $(\sigma_{mi}^2/\bar{x}) \cdot 100$ , onde  $\bar{x}$  é a média geral das progênies da variedade Piramex. Então tem-se para as progênies Piramex um coeficiente de variabilidade genética igual a 3,87%.

2. Da mesma maneira pode-se calcular a estimativa da variabilidade genética dos cruzamentos de meios irmãos Piramex x Cateto, usando a seguinte tabela:

Fontes de Variação	GL	QM	Esperança dos QM	$\bar{x}$
Tratamentos	57	1,1523	$\sigma^2 + r \sigma_{mi}^2$	6,21
Resíduo	171	0,7653	$\sigma^2$	

Usando a mesma relação anterior para estes dados acha-se um coeficiente de variabilidade genética de 5,01% para o cruzamento das progênes de meios irmãos Piramex x Cateto.

3. Da mesma forma foi calculada a estimativa da variabilidade genética para as progênes de meios irmãos Cateto à partir da tabela abaixo:

Fontes de Variação	GL	QM	Esperança dos QM	$\bar{x}$
Tratamentos	95	0,7028	$\sigma^2 + r \sigma_{mi}^2$	4,15
Resíduo	285	0,4416	$\sigma^2$	

obtendo-se um coeficiente de variabilidade genética de 6,16%.

4. Finalmente para os cruzamentos entre as progênes de meios irmão Cateto x Piramex, foi calculado o coeficiente de variabilidade genética, a partir da tabela:

Fontes de Variação	GL	QM	Esperança dos QM	$\bar{x}$
Tratamentos	95	0,6028	$\sigma^2 + r \sigma_{mi}^2$	5,66
Resíduo	285	0,5642	$\sigma^2$	

obtendo-se um valor de 1,73% para o coeficiente de variabilidade genética.

O aumento relativo da produção média das progênes de meios irmãos cruzadas com o testador, sobre a média das progênes como tais pode ser observado na tabela 7. O aumento relativo de Piramex x Cateto sobre a produção de Piramex foi menor quando comparado com o aumento relativo de Cateto x Piramex sobre a produção de Cateto. Este aumento de produção dos cruzamentos em relação à média dos pais também pode ser observado perfeitamente na figura 2, para a variedade Piramex. As curvas de produção das progênes Piramex como tais está relativamente próxima da curva de produção das progênes Piramex x Cateto. Já na figura 3, as progênes da variedade Cateto produzem em média bem menos do que os seus cruzamentos com a variedade Piramex e as curvas já estão mais distantes uma da outra. Ainda na tabela 7 foi calculado o valor da heterose dos cruzamentos das duas variedades em relação à média dos pais. Obteve-se um valor de heterose de 24,2% para o cruzamento Piramex x Cateto, em relação à produção média dos pais, comparativamente maior do que no cruzamento Cateto x Piramex em relação à média dos pais, onde este valor foi calculado em 13,2%.

Finalmente foi feita uma análise de correlação e regressão entre as produções médias das progênes de meios irmãos como tais (variável independente) e as produções dos cruzamentos entre as progênes de meios irmãos com a variedade testadôra (variável dependente). O resultado dessa análise está gráficamente representado nas figuras 4 e 5. O eixo dos X representa as produções médias das progênes de meios irmãos como tais e o eixo dos Y representa o cruzamento das mesmas progênes de meios irmãos x testador.

Na figura 4 temos uma correlação altamente significativa (nível de 0,1%) entre as progênes de meios irmãos Piramex e seus respectivos cruzamentos com a variedade Cateto. Observe-se na figura 4 que os pontos estão relativamente condensados numa forma elíptica ao redor da linha reta o que denota que houve um comportamento relativamente uniforme das progênes de Piramex. O coeficiente de regressão da produção dos cruzamentos em relação à média das progênes como tais foi de 0,483, o que indica que para cada aumento de 1000 Kg/ha na produção média dos pais pode-se esperar um aumento ao redor de 483 Kg/ha no cruzamento correspondente.

Na figura 5 a correlação foi igual a 0,26 (significativa ao nível de 1%) entre o comportamento das progênes de meios irmãos Cateto como tais e os respectivos cruzamentos com a variedade Piramex. O valor de r apesar de ser bem significativo é relativamente baixo e os pontos se espalham bastante, estando alguns bem afastados da linha reta. O coeficiente de regressão da produção dos cruzamentos em relação à média dos pais foi de 0,241, o que significa que para cada aumento de 1000 Kg/ha na média dos pais pode-se esperar um aumento de 241 Kg/ha no cruzamento correspondente com a variedade testadôra.

## 5. DISCUSSÃO DOS RESULTADOS

Os dados obtidos no presente trabalho parecem evidenciar que a sugestão recente de se conduzir a seleção recorrente recíproca, utilizando progênies de meios irmãos, conduzirá a um melhoramento tanto entre como dentro de populações. A interação tratamentos x A e B não foi significativa nos dois casos estudados. Isto nos indica que os melhores subtratamentos de A (progênies de meios irmãos como tais), tanto na variedade Piramex como na variedade Cateto, correspondem também aos melhores subtratamentos em B (progênies de meios irmãos quando cruzadas com o testador), e os piores subtratamentos A também se comportam de uma maneira pior quando cruzados (subtratamentos B). Estes dados, indicam uma certa correlação positiva entre os subtratamentos A e B.

Um cálculo do valor da correlação entre o comportamento das progênies como tais e o comportamento das mesmas progênies cruzadas com a variedade testadora foi feito, tanto para a variedade Piramex como para a variedade Cateto. Os valores de  $r$  foram significativos para ambos os casos, tendo uma significância ao nível de 0,1% ( $r = 0,48^{***}$ ) na variedade Piramex e ao nível de 1% ( $r = 0,26^{**}$ ) na variedade Cateto. Estes dados estão de acordo com PATERNIANI (1961, 1963) que obteve uma correlação ( $r = 0,677^{***}$ ) altamente significativa entre os indivíduos  $F_1$  e os pais que no caso também eram variedades diferentes. Este valor de correlação indica que há tendência das progênies mais produtivas darem também cruzamentos mais produtivos, e das progênies menos produtivas também se comportarem relativamente pior em cruzamentos.

Os valores de  $r$  não foram muito altos, provavelmente devido ao ano agrícola não muito favorável, que ocasionou um "stand" relativamente baixo. O valor de  $r$  mais baixo para o milho Cateto é em grande parte devido à pouca variabilidade das progênies de Cateto nos seus cruzamentos com Piramex. Essa variabilidade foi estimada como sendo apenas de 1,73% (tabela 7). NANDA (1966) também encontrou um valor relativamente baixo na correlação entre as produções dos cruzamentos-testes e as produções das linhagens, para produção de sementes e porcentagem de rendimento de grãos, encontrando correlação suficientemente alta para outros caracteres agrônômicos estudados como: maturidade, altura da espiga, altura da planta e comprimento da espiga.

A diferença entre as produções médias das progênies de meios irmãos Cateto x Piramex em relação às produções médias das progênies Cateto como tais, foi comparativamente maior que a diferença entre as produções médias das progênies Piramex x Cateto quando comparada às

produções médias das progênies Firamex como tais. Isto se deve ao fato de ser o milho Cateto uma variedade de baixa produtividade e Firamex ser uma variedade de alta produtividade. Vemos na tabela 7 que as produções médias dos subtratamentos A e B na variedade Firamex estão relativamente próximos, em contraste com as produções médias dos subtratamentos A e B na variedade Cateto, onde estão bem mais distantes. No entanto, se observarmos o valor da heterose, vemos que no cruzamentos das progênies Firamex x Cateto, em relação à produção média da variedade Firamex encontramos um valor de heterose mais alto (24,2%) do que no cruzamento das progênies Cateto x Firamex, quando comparado à produção média das progênies Cateto como tais (13,2%). Se os cruzamentos entre as progênies de meios irmãos Firamex e Cateto fossem recíprocos e da mesma população, seria de se esperar um valor de heterose igual nos dois cruzamentos, no entanto, não foram as mesmas progênies que participaram nos cruzamentos recíprocos, daí a diferença no valor da heterose. Se analisarmos as tabelas 3 e 4 verificamos que na análise das progênies Firamex como tais (tabela 3), não encontramos diferença significativa entre os seus tratamentos, o que denota relativamente pouca variância gênica aditiva. Por outro lado, existe uma diferença significativa ao nível de 5% entre os tratamentos da tabela 4 onde é feita a análise da variância das progênies Firamex cruzadas com a variedade Cateto. Este dado nos permite sugerir que as progênies Firamex têm em grande parte variância gênica não aditiva pois respondem diferentemente em combinações específicas com o testador. Existe portanto maior variância de capacidade específica de combinação nestas progênies. Na variedade Cateto o quadro é o inverso do anterior. Quando consideramos as progênies como tais, vemos que há respostas diferentes entre as progênies, o que demonstra a análise da variância das progênies Cateto como tais (tabela 5). Estas progênies contêm em grande parte genes com efeitos aditivos, mostrando relativamente alta variância para capacidade geral de combinação.

A análise da variância dos cruzamentos das mesmas progênies Cateto com a variedade Firamex não se mostrou significativa para tratamentos (tabela 6). Isto nos leva a sugerir que estas progênies possuem pouca variância para capacidade específica de combinação, portanto com pouca variância gênica não aditiva. Assim podemos compreender melhor o valor de heterose mais alto encontrado na variedade Firamex do que na variedade Cateto. As progênies de Cateto têm relativamente menor capacidade específica de combinação com Firamex. A variedade Firamex por outro lado, tem relativamente maior capacidade específica de combinação com Cateto.

Estas conclusões são confirmadas pelo cálculo da variabilidade genética dos meios irmãos e dos respectivos cruzamentos. O coeficiente de variabilidade genética dos meios irmãos Piramex como tais foi bem menor (3,87%) do que nos respectivos cruzamentos com a variedade Cateto (5,01%). Por outro lado o coeficiente de variabilidade genética dos meios irmãos Cateto foi de 6,16% em comparação com os respectivos cruzamentos dos meios irmãos Cateto com a variedade Piramex que deram um coeficiente de variabilidade genética de 1,73%. Estes dados mostram também como na variedade Piramex, que apresentando relativa boa variabilidade genética para os cruzamentos, pode ter a sua capacidade de combinação com o milho Cateto ainda bastante aumentada. Por outro lado, a variedade Cateto possui grande variabilidade genética entre suas progênies como tais, com boas possibilidades portanto de seleção entre elas. Já em cruzamentos com Piramex, esta variabilidade tende a ser diminuída.

Um dos grandes problemas na seleção recorrente é ainda a escolha do testador e as opiniões dos diferentes autores diferem grandemente entre si. Alguns autores atribuem maior importância à capacidade específica de combinação na seleção recorrente e sugerem a aplicação de métodos que utilizam um testador de base restrita, como HULL (1945) e HORNER et al (1963). Outros autores dão maior importância aos efeitos gênicos aditivos para produtividade e portanto à capacidade geral de combinação como um meio de aumentar a frequência de genes favoráveis dentro de uma população, sugerindo a seleção recorrente com um testador de base genética ampla sendo este método defendido principalmente por LONNQUIST (1949), SPRAGUE e BRIMHALL (1950), LONNQUIST (1951), LONNQUIST e MCGILL (1956), LONNQUIST (1961) e LONNQUIST (1964). Alguns autores acham que não se deve usar testadores muito aparentados quando se quer informações sobre a capacidade geral de combinação (GROGAN e ZUBER, 1957) e que as linhagens não são classificadas de maneira semelhante com dois tipos de testadores quer sejam aparentados ou não. Existem autores (NANDA, 1966) que acham que não há diferenças entre o comportamento de uma linhagem ao ser cruzada com um testador de base ampla (uma variedade de polinização aberta) e um testador de base restrita (um híbrido simples) e qualquer um desses testadores poderia ser utilizado na avaliação das linhagens estudadas. ALLISON e CURNOW (1966) por outro lado, sugerem que a variedade parental pode ser uma boa escolha como testador de genótipos a serem combinados numa variedade sintética, em lugar de outras variedades com frequências gênicas contrastantes. A seleção recorrente recíproca em famílias de meios irmãos parece atender às principais exigências para se testar capacidade de combinação. Assim, o testador é ao mesmo tempo uma variedade, tendo pois ampla base genética, e também apre

senda diversidade para com as progênies que estão sendo avaliadas. Num ano são cruzadas progênies de meios irmãos de uma população A com uma variedade testadora e contrastante B e vice-versa. No ano seguinte são plantadas sementes remanescentes das progênies de cada população, com base nos cruzamentos-testes. Como os dados desse trabalho mostram haver uma correlação positiva entre o comportamento das progênies como tais e o comportamento das mesmas progênies cruzadas com uma variedade testadora, vemos que o melhoramento intrapopulacional pode ser perfeitamente acompanhado do melhoramento interpopulacional. Corresponde ao emprego de dois tipos de seleção (intra e interpopulacional), sendo que os dois se completam ou se somam, pois conduzem para o mesmo objetivo.

Os dados do presente estudo suportam assim a conclusão de que o método de seleção recorrente recíproca baseado em famílias de meios irmãos, parece ser bastante promissor e deverá conduzir a progressos genéticos significativos.

## 6. RESUMO e CONCLUSÕES

Foi estudada a correlação entre o comportamento de progênies de meios irmãos de milho e os respectivos cruzamentos entre essas progênies com uma variedade testadora.

No presente estudo são utilizadas duas variedades de milho: Piramex e Cateto. Da variedade Piramex foram selecionadas 81 espigas de uma população de polinização livre, correspondendo cada espiga a uma progênie de meios irmãos. Em 1965-1966, uma parte das sementes de cada progênie foi plantada espiga por fileira e cruzada com a variedade testadora Cateto em lote isolado de despendoamento. De maneira idêntica foram selecionadas 100 espigas de uma população de Cateto. Parte das sementes de cada espiga foi plantada espiga por fileira e cruzada com a variedade Piramex.

Em 1966-1967 foram plantados dois ensaios em látice com parcelas subdivididas (um para cada variedade), com quatro repetições, onde as sub-parcelas A correspondem às progênicas como tais, e as sub-parcelas B correspondem às mesmas progênicas cruzadas com o testador. Como algumas parcelas foram perdidas, as análises da variância foram feitas como blocos ao acaso com parcelas subdivididas. Foi efetuado o cálculo da correlação entre as sub-parcelas A e B de cada um dos experimentos, para se poder analisar a correlação entre as progênies como tais, onde se manifestam em maior proporção genes de efeitos aditivos, e as progênies cruzadas com um testador, o que reflete em grande parte os efeitos gênicos não aditivos para produtividade.

Dos dados desse trabalho pode-se tirar as seguintes conclusões:

1. Em média houve um elevado valor de heterose nos cruzamentos entre as duas variedades, sendo de 24,2% no cruzamento das progênies Piramex x Cateto e de 13,2% no cruzamento das progênicas Cateto x Piramex.

2. Houve maior diferença entre as produções das progênies de Cateto e seus respectivos cruzamentos com a variedade testadora do que entre as progênies Piramex e seus respectivos cruzamentos, devido ao fato de que as progênicas Piramex são de alta produtividade, e as progênies de Cateto são de baixa produtividade.

3. Observa-se variabilidade genética, da ordem de 5,01% entre as progênicas de Piramex quanto à sua capacidade de combinação com

a variedade Cateto, sendo porém reduzida a sua variabilidade genética entre essas progênicas como tais que é ao redor de 3,87%.

4. No milho Cateto por outro lado, observa-se maior variabilidade genética entre as progênicas como tais, da ordem de 6,16%, do que entre as mesmas progênicas quando cruzadas com a variedade Piramex, onde foi de apenas 1,73%.

5. As progênicas de meios irmãos Piramex, além de apresentarem maior variabilidade genética nos cruzamentos (5,01%), também deram produções maiores (6,21kg/10m<sup>2</sup>) do que as progênicas de meios irmãos Cateto cruzadas com Piramex (5,66kg/10m<sup>2</sup>). O milho Piramex tem assim alta capacidade específica de combinação com o Cateto, e ainda suficiente variabilidade genética para que essa capacidade específica de combinação seja aumentada.

6. Os dados mostram uma correlação altamente significativa entre as produções das progênicas como tais e as produções das mesmas progênicas quando cruzadas com a variedade contrastante. Isso indica que o melhoramento intrapopulacional pode ser acompanhado pelo melhoramento interpopulacional, não havendo incompatibilidade entre ambos. Esta conclusão é uma boa indicação de que um esquema de seleção recíproca baseado em famílias de meios irmãos, deve ser bastante eficiente quanto ao progresso a ser alcançado.

7. LITERATURA CITADA

- ALLISON, J.C.S. e CURNOW, R.N. 1966. On the choice of tester parent for breeding of synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.) Crop. Sci. 6: 541-544.
- COMSTOCK, R.E., ROBINSON, H.F. e HARVEY, P.H. 1949. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. Agron. J. 41: 360-367.
- GENTER, C.F., e ALEXANDER, M.W. 1964. Testcross variability of samples from a broad base population of maize (*Zea mays* L.) Crop. Sci. 4: 355-358.
- GREEN, J.M. 1948. Relative value of two testers for estimating top cross performance in segregating maize progenies. Agron. J. 40: 45-47.
- GROGAN, C.O. e ZUBER, M.S. 1957. A comparative study of top cross tester parents of maize. Agron. J. 49: 68-72.
- HORNER, E.S., LUNDY, H.W., LUTRICK, M.C. e WALLACE, R.W. 1963. Relative effectiveness of recurrent selection for specific and for general combining ability in corn. Crop. Sci. 3: 63-66.
- HULL, F.H. 1945. Recurrent selection for specific combining ability in corn. Agron. J. 37: 134-145.
- KELLER, K.R. 1949. A comparison involving the number of, and relationship between, testers in evaluating inbred lines of maize. Agron. J. 41: 323-331.
- LONNQUIST, J.H. 1949. The development and performance of synthetic varieties of corn. Agron. J. 41: 153-156.
- \_\_\_\_\_ . 1951. Recurrent selection as a means of modifying combining ability in corn. Agron. J. 43: 311-315.
- \_\_\_\_\_ . 1961. Progress from recurrent selection procedures for the improvement of corn populations. Nebraska Agr. Expt. Sta. Res. Bull. 197 33pp.
- \_\_\_\_\_ . 1964. Progress in performance in corn from recurrent selection for general combining ability. Fitotecnia latino-americana, 1: 51-58.
- \_\_\_\_\_ . e MCGILL, D.P. 1956. Performance of corn synthetics in advanced generations of synthesis and after two cycles of recurrent selection. Agron. J. 48: 249-253.
- \_\_\_\_\_ . e RUMBAUGH, M.D. 1958. Relative importance of teste sequence for general and specific combining ability in corn breeding. Agron. J. 50: 541-544.
- MATZINGER, D.F. 1953. Comparison of three types of testers for the evaluation of inbred lines of corn. Agron. J. 45: 493-495

- NANDA, D.K. 1966. Evaluation of eight inbred lines of maize (*Zea mays* L.)  
Crop. Sci. 6: 67-68.
- PATERNIANI, E. 1961. Cruzamentos interraciais de milho. Tese de livre-Docência. E.S.A. "Luiz de Queiroz". Piracicaba - S.P.
- \_\_\_\_\_. 1965. Seleção recorrente para capacidade geral de combinação em milhos da América Central. Ciência e Cultura 17: 555-559.
- \_\_\_\_\_. 1966. Genética e melhoramento do milho, In Instituto Brasileiro da Potassa, ed. Cultura e adubação do milho. São Paulo.
- \_\_\_\_\_. 1967. Selection among and within half-sib families in a brazilian population of maize (*Zea mays* L.) Crop. Sci. 7: 212-216.
- \_\_\_\_\_. e LONNQUIST, J.H. 1963. Heterosis in interracial crosses of corn. Crop. Sci. 3: 504-507.
- SPRAGUE, G.F. 1955 Corn breeding In Corn and Corn Improvement. Academic Press New York.
- \_\_\_\_\_. e BRIMHALL, B. 1950. Relative effectiveness of two systems of selection for oil content of the corn kernel. Agron. J. 42: 83-88.
- ZUBER, M.S. 1942. Relative efficiency of incomplete block designs using corn uniformity trial data. J. Am. Soc. Agron. 34: 30-47.

Tabela 1 - Análise da variância como blocos ao acaso com parcelas subdivididas da produção em kg/10m<sup>2</sup> das progênes de meios irmãos Piramex (sub-tratamentos A), e das mesmas progênes cruzadas com o milho Cateto (sub-tratamentos B).

Fontes de Variação	GL	SQ	QM	F
Repetições	3	10,1897		
Tratamentos	57	97,5644	1,7116	1,48 *
Resíduo (a)	171	198,4281	1,1604	
Parcelas	231	306,1822		
A vs.B	1	15,1744	15,1744	27,29 ***
Trat. x A e B	57	33,9112	0,5949	1,07
Resíduo (b)	174	96,7357	0,5560	
T O T A L	463	452,0035		

$$\bar{x} = 6,03$$

$$CV = 12,4\%$$

Tabela 2 - Análise da variância como blocos ao acaso com parcelas sub divididas das produções em kg/10m<sup>2</sup> das progênes de meios irmãos Cateto (sub-tratamentos A), e das mesmas progênes cruzadas com o milho Piramex (sub-tratamentos B).

Fontes de Variação	GL	SQ	QM	F
Repetições	3	8,6280		
Tratamentos	95	77,9465	0,8205	1,33 *
Resíduo (a)	285	175,3363	0,6152	
Parcelas	383	261,9108		
A vs.B	1	434,6741	434,6741	109,77 ***
Trat. x A e B	95	46,0851	0,4851	1,23
Resíduo (b)	288	114,0431	0,3960	
T O T A L	767	856,7131		

$$\bar{x} = 4,90$$

$$CV = 12,8\%$$

Tabela 3 - Análise da variância como blocos ao acaso das produções em kg/10m<sup>2</sup> das progênie de meios irmãos Piramex como tais (sub-tratamentos A).

Fontes de Variação	GL	SQ	QM	F <sub>a</sub>
Repetições	3	8,2408	2,7469	
Tratamentos	57	65,7967	1,1543	1,21
Resíduo	171	162,2593	0,9489	
T O T A L	231	236,2968		

$$\bar{x} = 5,85$$

$$CV = 16,6\%$$

Tabela 4 - Análise da variância como blocos ao acaso das produções em kg/10m<sup>2</sup> das progênie de meios irmãos Piramex cruzadas com a variedade Cateto (sub-tratamentos B).

Fontes de Variação	GL	SQ	QM	F
Repetições	3	3,9845	1,3282	
Tratamentos	57	65,6798	1,1523	1,51 *
Resíduo	171	130,8680	0,7653	
T O T A L	231	200,5323		

$$\bar{x} = 6,21$$

$$CV = 14,0\%$$

Tabela 5 - Análise da variância como blocos ao acaso das produções em kg/10m<sup>2</sup> das progênes de meios irmãos Cateto como tais (sub-tratamentos A).

Fontes de Variação	GL	SQ	QM	F
Repetições	3	1,3217	0,4406	
Tratamentos	95	66,7683	0,7028	1,59 **
Resíduo	285	125,8611	0,4416	
T O T A L	383	193,9511		

$$\bar{x} = 4,15$$

$$CV = 15,9\%$$

Tabela 6 - Análise da variância como blocos ao acaso das produções em kg/10m<sup>2</sup> das progênes de meios irmãos Cateto cruzadas com a variedade Piramex (sub-tratamentos B).

Fontes de Variação	GL	SQ	QM	F
Repetições	3	10,0361	3,3454	
Tratamentos	95	57,2633	0,6028	1,07
Resíduo	285	160,7885	0,5642	
T O T A L	383	228,0879		

$$\bar{x} = 5,66$$

$$CV = 13,2\%$$

Tabela 7 - Produções médias e amplitude de variação das produções de meios irmãos e das mesmas progênes cruzadas com a variedade testadora, das variedades Piramex e Cateto; cálculo do valor da heterose dos cruzamentos em relação à produção média dos pais.

Progênes de meios irmãos (A)				Progênes de meios irmãos x testador (B)					
N	$\bar{x}$ (kg/10m <sup>2</sup> )	Amplitude (kg/10m <sup>2</sup> )	CVgen. %	N	$\bar{x}$ (kg/10m <sup>2</sup> )	Amplitude (kg/10m <sup>2</sup> )	CVgen. %	Heterose = $\frac{\bar{x}_B - \bar{x}_{APir} + \bar{x}_{ACat}}{2} \cdot 100$	
Piramex	58	5,58	4,73-7,17	3,87	58	6,21	5,06-7,64	5,01	124,2%
Cateto	96	4,15	3,07-5,10	6,16	96	5,66	4,76-6,66	1,73	113,2%

N = número de tratamento

$\bar{x}$  = produção média em kg/10m<sup>2</sup>

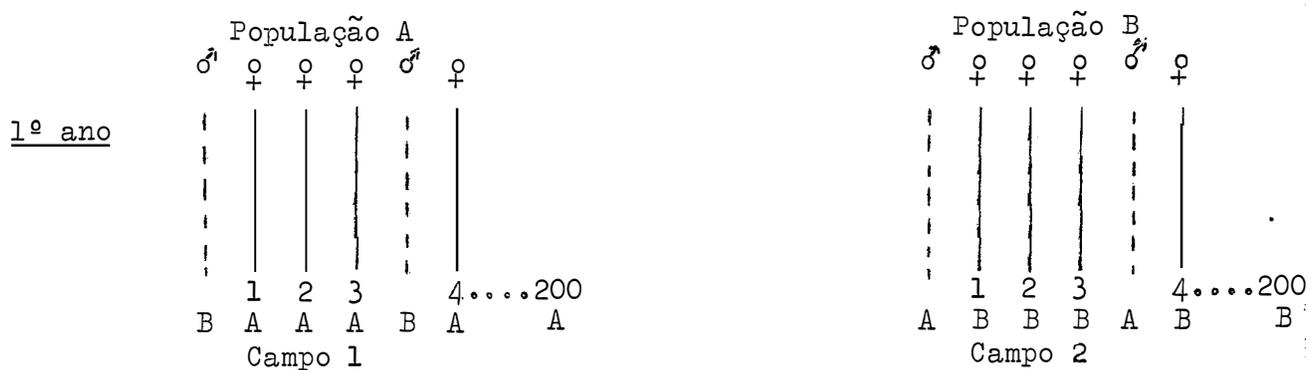
$\bar{x}_B$  = produção média em kg/10m<sup>2</sup> das progênes de meios irmãos quando cruzadas com um testador

$\bar{x}_{APir}$  = produção média em kg/10m<sup>2</sup> das progênes de meios irmãos Piramex como tais

$\bar{x}_{ACat}$  = produção média em kg/10m<sup>2</sup> das progênes de meios irmãos Cateto como tais.

CVgen. = coeficiente de variação genética em porcentagem.

Figura 1 - Representação esquemática da seleção recorrente recíproca empregando progênies de meios irmãos.

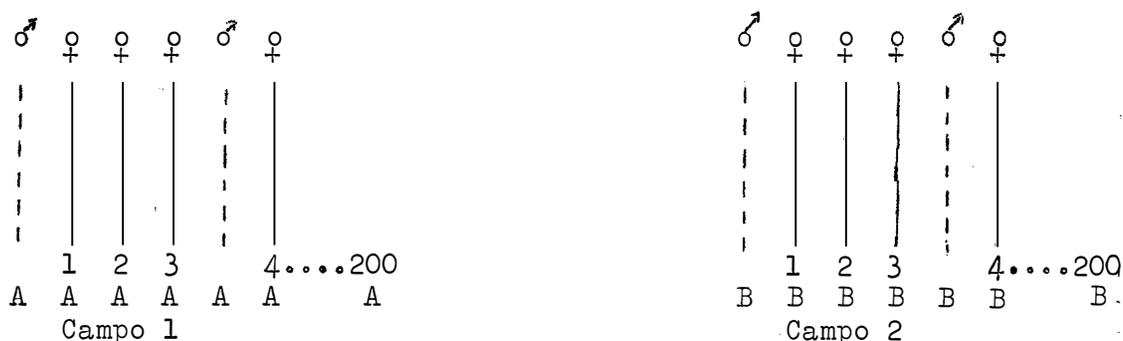


♀ = sementes de polinização livre plantadas espigas por fileira.

♂ = sementes de polinização livre da população contrastante.

2º ano Ensaio de produção plantados com as sementes cruzadas obtidas das fileiras femininas. Sementes de cada fileira constituem um tratamento.

3º ano Recombinação das melhores progênies de meios irmãos segundo os dados obtidos dos ensaios. Usa-se para esta recombinação, sementes remanescentes. Supondo que as melhores 20 progênies devem ser re combinadas, isto pode ser feito em lotes isolados de despendoamento como segue:



♀ = melhores progênies de meios irmãos plantadas espiga por fileira com sementes remanescentes.

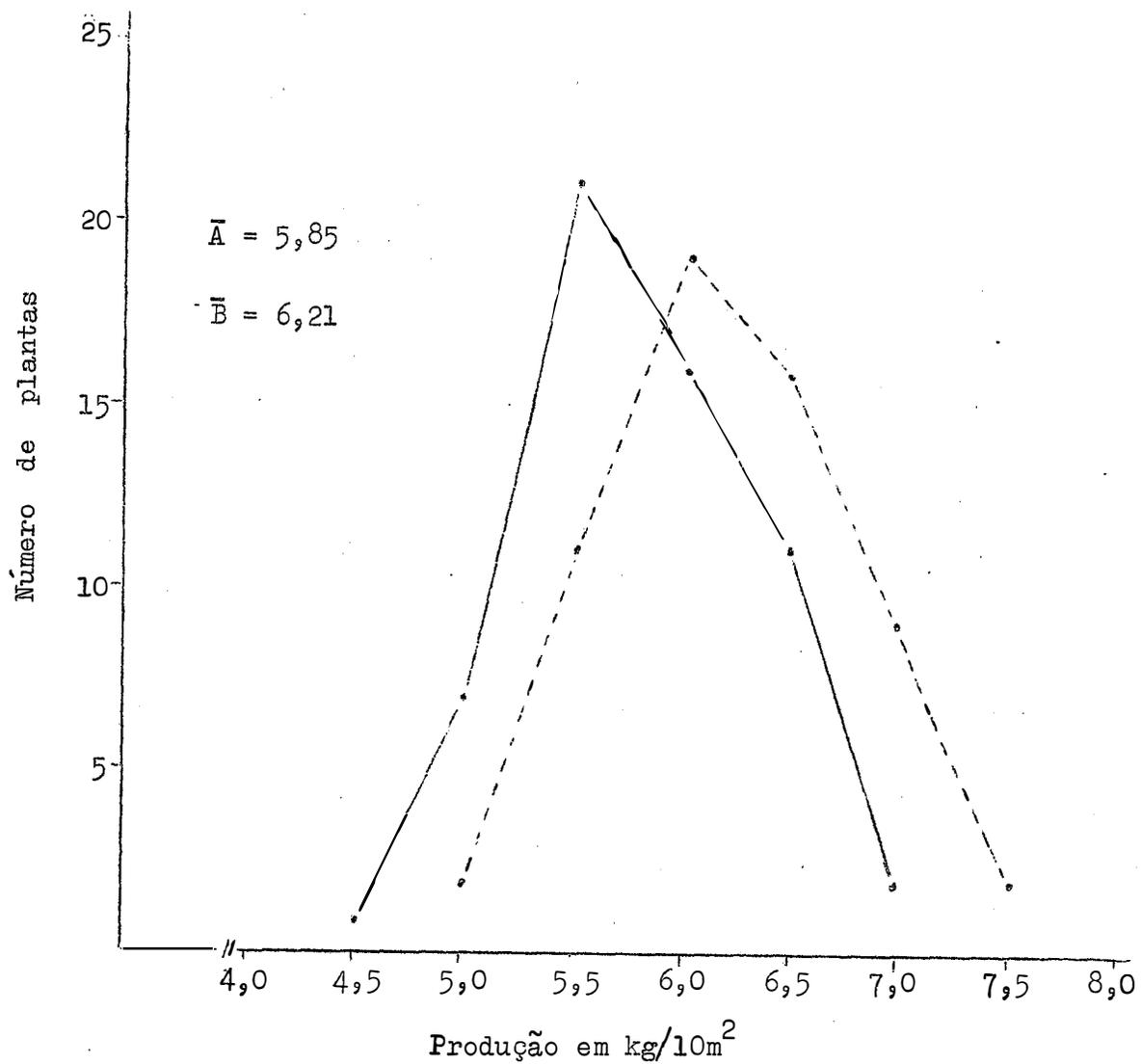
♂ = mistura das sementes das mesmas progênies de meios irmãos nas fileiras femininas.

Seleção de 200 ou mais espigas de polinização livre das fileiras femininas que constituirá a população A<sub>I</sub>

Seleção de 200 ou mais espigas de polinização livre das fileiras femininas que constituirá a população B<sub>I</sub>

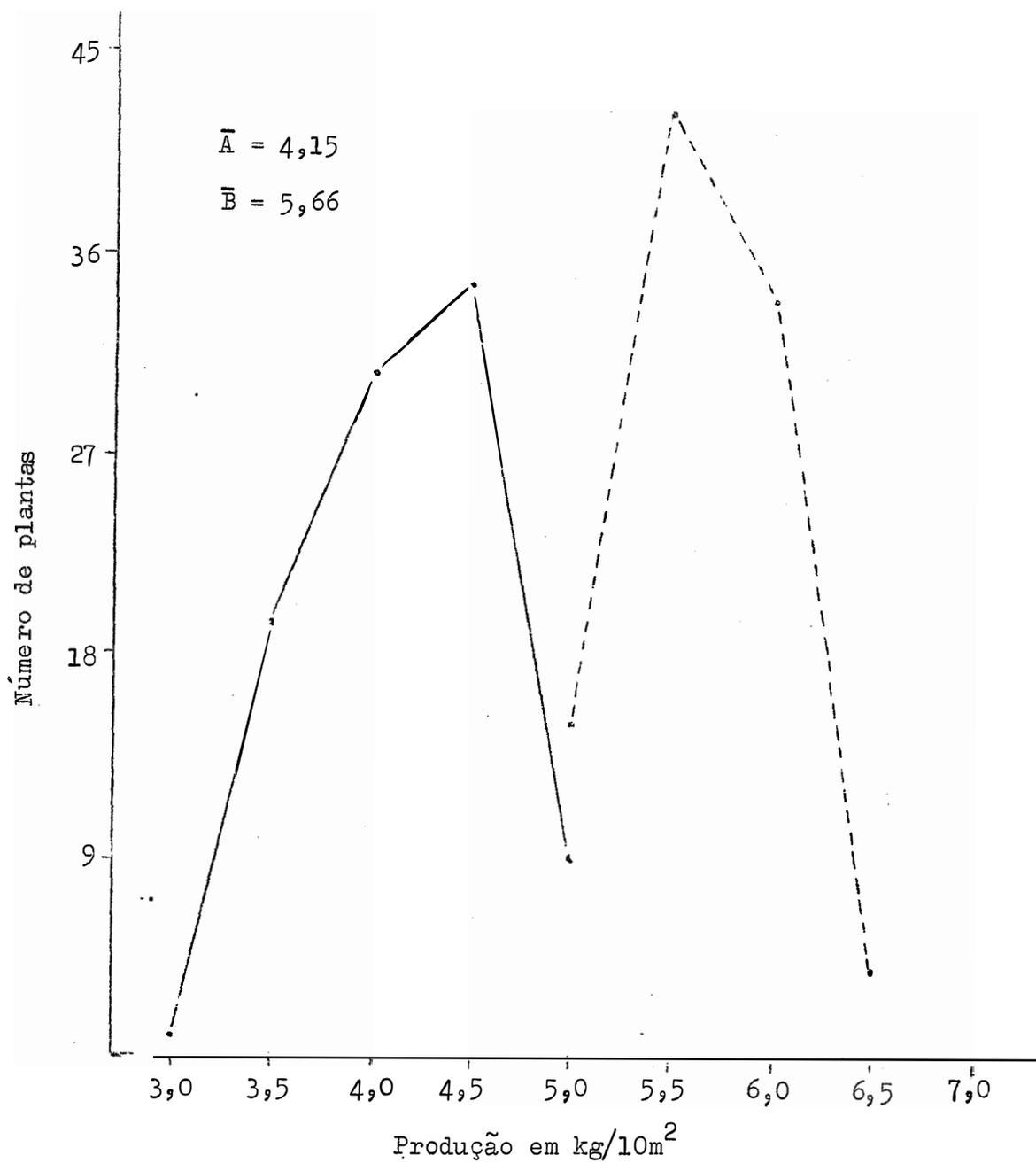
4º ano Repetição como no 1º ano, usando meios irmãos A<sub>I</sub> e meios irmãos B<sub>I</sub> para iniciar o 2º ciclo.

Figura 2 - Produções das progênes de meios irmãos Piramex (A) e respectivos cruzamentos das mesmas progênes com a variedade Cateto (B)



- (A) Progênes de meios irmãos Piramex.
- - - (B) Progênes de meios irmãos Piramex x Cateto.

Figura 3 - Produções das progênes de meios irmãos Cateto (A) e dos respectivos cruzamentos das mesmas progênes com a variedade Piramex (B).



- (A) Progênes de meios irmãos Cateto
- - - (B) Progênes de meios irmãos Cateto x Piramex

Figura 4 - Regressão das produções das progênes Piramex cruzadas com Cateto (B) em função das produções das progênes como tais(A)

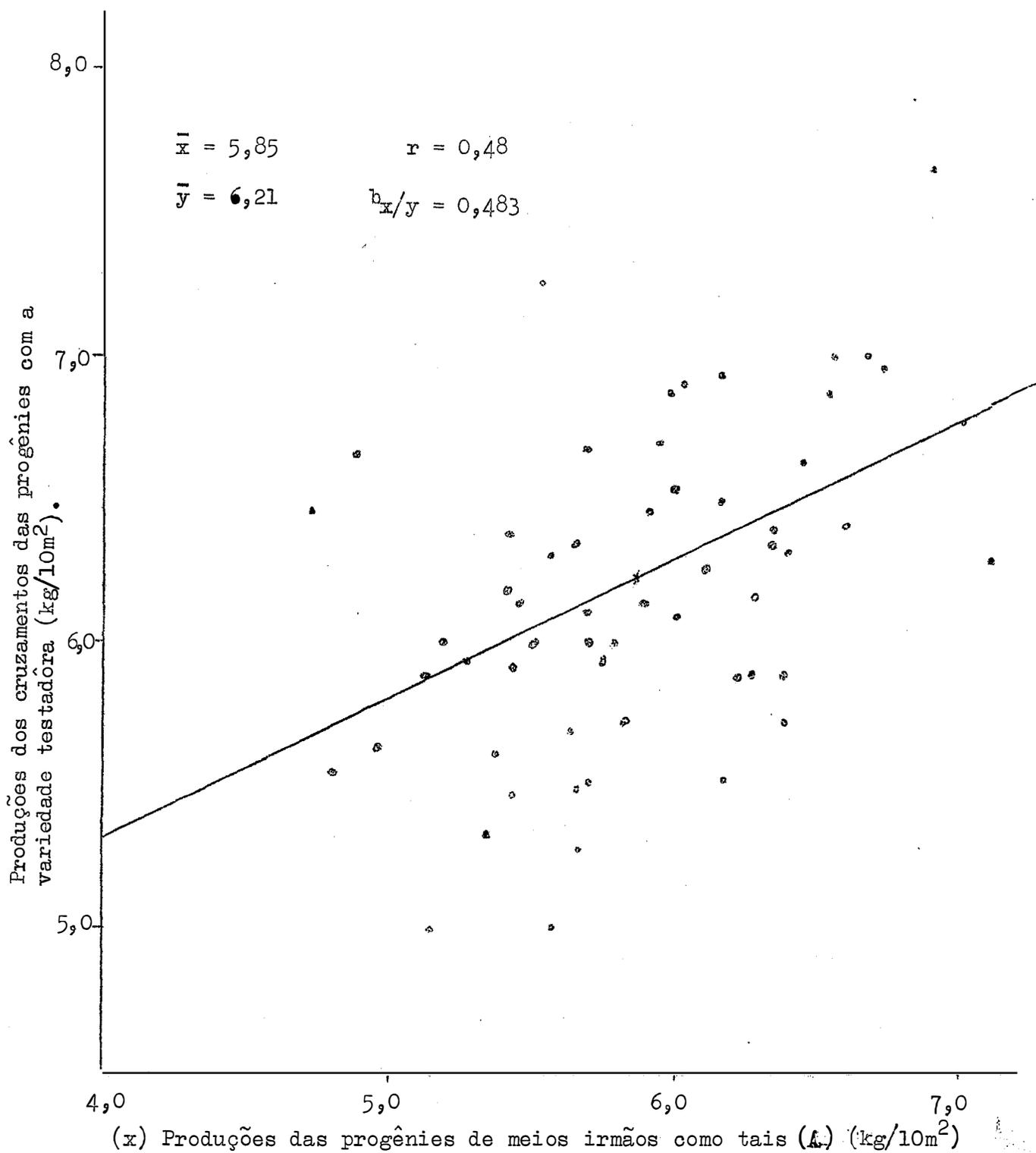
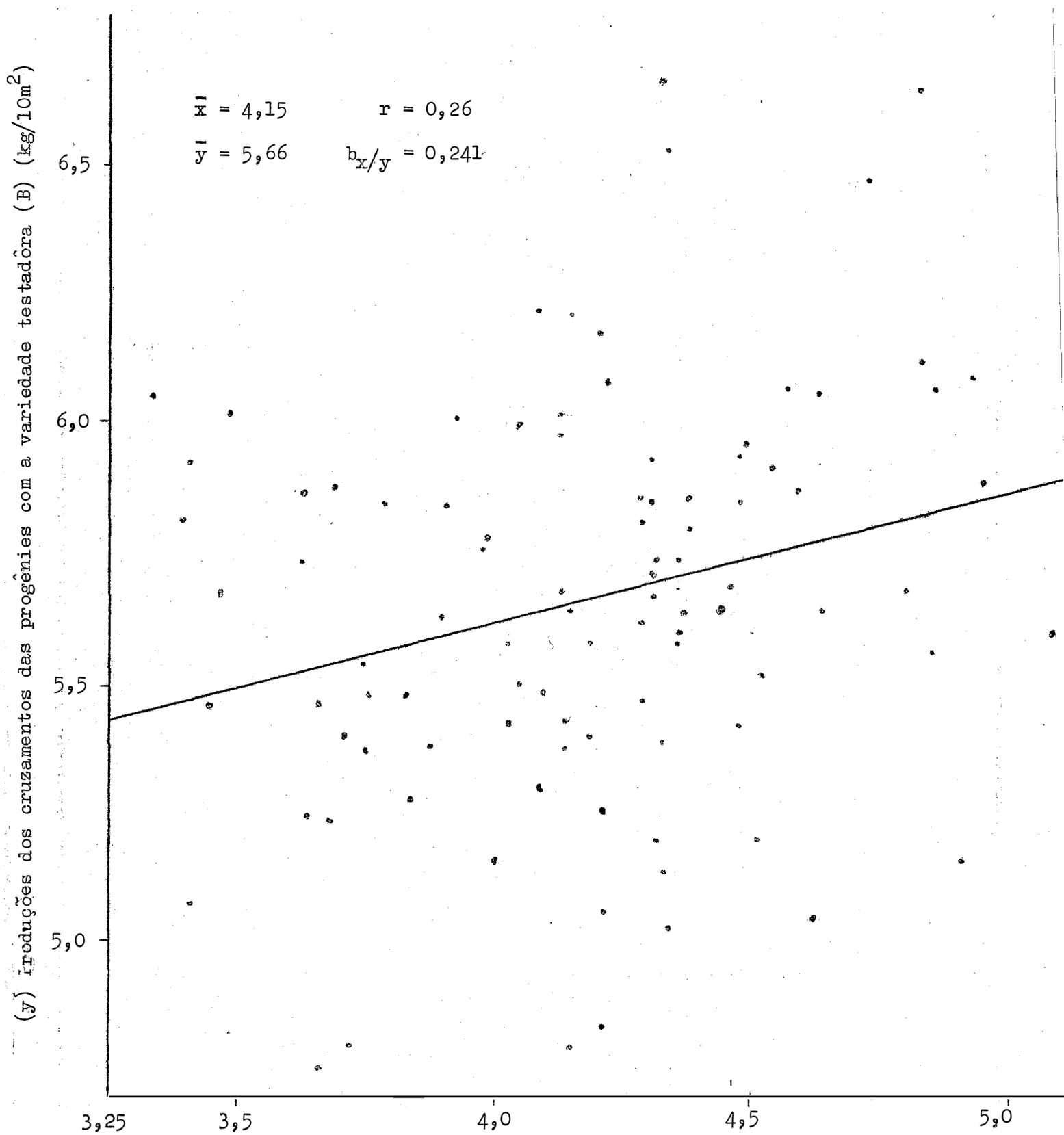


Figura 5 - Regressão das produções das progênes Cateto cruzadas com Piramex (B) em função das produções das progênes como tais (A)



(x) Produções das progênes de meios irmãos como tais (A) (kg/10m<sup>2</sup>)