

HAROLDO TAVARES ELIAS

COMPARAÇÃO DE TESTADORES NA AVALIAÇÃO DE
FAMÍLIAS S₂ DE MILHO (*Zea mays* L.)

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de "Mestre".

Orientador

Prof. SAMUEL PEREIRA CARVALHO

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
1997

Ficha Catalográfica preparada pela Seção de Classificação e Catalogação da
Biblioteca Central da UFLA

Elias, Haroldo Tavares

Comparação de testadores na avaliação de famílias S₂ de milho (Zea mays L.)
/ Haroldo Tavares Elias. -- Lavras: UFLA, 1997.

61 p.: il.

Orientador: Samuel Pereira Carvalho.

Dissertação (Mestrado) - UFLA.

Bibliografia.

1. Milho+ Melhoramento. 2. Testador. 3. Avaliação - Família. 4. Topcross.
5. População: 6. Híbrido. 7. Linhagem. 8. Correlação genética I. Universidade
Federal de Lavras. II. Título.

CDD-633.1523

HAROLDO TAVARES ELIAS


**COMPARAÇÃO DE TESTADORES NA AVALIAÇÃO DE
FAMÍLIAS S₂ DE MILHO (*Zea mays* L.).**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Curso de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de "Mestre".

APROVADA em 10 de Julho de 1997.


Dr. Elto Eugênio Gomes e Gama


Dr. Magno Antônio Patto Ramalho


Dr. Samuel Pereira Carvalho
(Orientador)

A minha esposa Maria Inês, em nome do amor, compreensão e companheirismo de cada dia,

Aos meus filhos Lilian e Guilherme que aceitaram minha ausência em alguns momentos,

A minha sogra Lilia que nos apoiou nesta etapa,

Aos meus pais, Haroldo e Maria Luiza, pelo apoio em todas as etapas de minha vida,

Aos meus irmãos Fábio, Gerson, Edimilson e Luciene,

Aos pequenos agricultores de Santa Catarina.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

- A Deus, por tudo.
- À Empresa de Pesquisa e Extensão Rural de Santa Catarina S.A., pela oportunidade de realização do curso de mestrado.
- À Universidade Federal de Lavras e Departamento de Biologia pela excelência e oferecimento do curso de Genética e Melhoramento de Plantas.
- À Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES, pela concessão da bolsa de estudos.
- Ao orientador Samuel Pereira Carvalho pela dedicação, disponibilidade, companherismo e amizade demonstrados durante o curso.
- Ao professor Magno Antônio Patto Ramalho pela participação e valiosas contribuições.
- À minha esposa por abdicar de muitas coisas para me acompanhar.
- Ao amigo Claudomiro pelo importante auxílio nas análises estatísticas.
- Ao Professor Renzo Garcia Von Pinho pela experiência transmitida e pela amizade.
- Aos professores João Bosco, César Brasil, Agostinho, José Geraldo, Laene, Nazareno, Lucimar, Daniel, pela amizade e conhecimentos adquiridos.
- Ao Núcleo de Estudos de Genética (GEN) pelo apoio e oportunidades oferecidas.
- Aos amigos de curso, José Jaime, Glauber, Everton, Pedro, Gustavo, Juscélio, Gabriela, Mônica, Patrícia, Leonardo, Osvaldo, Delly, Moacil, Angela, Wilton, Jair, Luís, Leonardo Rosse, Cláudio, Flávia Teixeira, Flávia Avelar, Hélia, Vânia, Giovana, Cíntia, Joelson, André, Maurício, Sandro e Aurélio.
- À Inês, Leninha, Alexandre, João Luiz, Edwin, Raimundo e Eduardo pelo auxílio nos trabalhos de campo.
- Aos funcionários do Departamento de Biologia, pelos auxílios prestados.
- Aos funcionários da Biblioteca da UFLA, pelo atendimento e correções das referências bibliográficas.
- À Associação de Pós-Graduação, por representar-nos enquanto estudantes.
- A todos que estiveram presentes de alguma forma para realização deste trabalho.

BIOGRAFIA DO AUTOR

HAROLDO TAVARES ELIAS, filho de Haroldo Milleo Elias e Maria Luiza Tavares Elias, natural de Joinville, Estado de Santa Catarina, nasceu em 19 de março de 1963.

Graduou-se no Curso de Engenharia Agrônômica em janeiro de 1986, pela Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias -UFSC, Florianópolis.

Foi monitor de Fitopatologia, bolsista de Projeto de Extensão Comunitária e Diretor de Imprensa do Centro Acadêmico durante o curso.

Em abril de 1986 foi contratado pela Associação de Crédito e Assistência Rural de Santa Catarina (EMATER/ACARESC), na qual foi Extensionista Rural, desempenhando funções nas áreas do Projeto Provárzeas de 1986 a 1989. Foi chefe de escritório local em Turvo-SC, de 1989 a 1991. De 1992 a 1994 integrou o Projeto Microbacias Hidrográficas da Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI/BIRD).

Iniciou, em março de 1995, o curso de Mestrado em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, na Universidade Federal de Lavras-UFLA, concluindo-o em 10 de julho de 1997.

Retornou as atividades em 4 de agosto de 1997, agora como pesquisador lotado no Centro de Pesquisas para Pequenas Propriedades (EPAGRI/CPPP/Chapecó).

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	vi
LISTA DE FIGURAS	viii
RESUMO	ix
ABSTRACT	xi
1. INTRODUÇÃO	1
2. REFERENCIAL TEÓRICO.....	3
2.1. O milho híbrido	3
2.2. Obtenção de linhagens	5
2.3. Avaliação de linhagens	6
2.4. Escolha de testadores.....	12
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	19
3.1. Caracterização do local dos experimentos	19
3.2. Material	20
3.3. Métodos	20
3.3.1. Obtenção dos híbridos “topcrosses”	20
3.3.2. Delineamento experimental	21
3.3.3. Condução dos experimentos.....	21
3.3.4. Caracteres avaliados.....	22
3.4. Análise estatística e genética dos dados	23
3.4.1. Estimativas dos Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos e Fenotípicos	24
3.4.2. Estimativa do intervalo de confiança da herdabilidade	25
3.4.3. Capacidade de discriminação dos “topcrosses”.....	25
3.4.4. Correlação de Spearman.....	26
3.4.5. Análise em dialelo parcial.....	26
3.4.6. Estimativa da heterose relativa de cada “topcross”	28
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	29
4.1. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos	29
4.2. Capacidade de combinação dos testadores.....	35
4.3. Capacidade de discriminação dos testadores.....	40
4.4. Estimativas de correlações entre médias das famílias S_2	42
4.5. Estimativas da heterose de cada “topcross”	45
5. CONCLUSÕES	49
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS:.....	50
APÊNDICE	56

TABELA 11. Estimativas dos efeitos das capacidades específicas de combinação (CEC) de cada cruzamento S_2 x testador e estimativas dos erros-padrão. Lavras, 1997.	38
TABELA 12. Capacidade de discriminação dos testadores, de acordo com o índice “D”, e índice de performance (P), Fasoulas (1983) para peso de espigas despalhadas (PED), dos híbridos “topcrosses”, baseado no teste de médias Duncan (0,05). Lavras, 1997.	41
TABELA 13. Correlações de Spearman entre “topcrosses”, para produção de espiga despalhada, em g/parcela. Lavras, 1997.	42
TABELA 14. Correlações de Spearman e Genética entre famílias S_2 e híbridos “topcrosses” para peso de espiga despalhada em g/parcela. Lavras, 1997.	43
TABELA 15. Estimativas da correlação entre o desempenho das linhagens e seus híbridos reportadas na literatura. Adaptado de Hallauer e Miranda Filho (1988).	44
TABELA 16. Estimativa da heterose de cada “topcross” em relação as S_2 <i>per se</i> , média dos híbridos “topcrosses” em cada cruzamento com os testadores para peso de espigas despalhadas (g/parcela). Lavras, 1997.	46
TABELA 17. Resumo das análises de variâncias dos experimentos “topcrosses” e famílias S_2 <i>per se</i> , para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), estande final (SF), número de plantas tombadas + acamadas (PTA), número de espigas despalhadas (NED), umidade (U-%), peso de 100 grãos (P100G). Lavras-MG, 1997.	57
TABELA 18. Médias ajustadas para as demais características analisadas nos “topcrosses” S_2 x CMS-39. Lavras, 1997.	58
TABELA 19. Médias ajustadas para as demais características analisadas nos “topcrosses” S_2 x Br-201. Lavras, 1997.	59
TABELA 20. Médias ajustadas para as demais características analisadas nos “topcrosses” S_2 x CMS-50. Lavras, 1997.	60
TABELA 21. Médias ajustadas para as demais características analisadas nas S_2 <i>per se</i> Lavras, 1997.	61

LISTA DE TABELAS

TABELA 1. Características geográficas e dados climáticos da região de Lavras (MG).	19
TABELA 2. Esquema de análise de variância para o delineamento em látice em cada experimento.....	23
TABELA 3. Estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos e fenotípicos para cada experimento de avaliação de “topcrosses” e famílias S_2 <i>per se</i>	24
TABELA 4. Expressões utilizadas para cálculo dos intervalos de confiança das estimativas da herdabilidade.	25
TABELA 5. Tabela dialélica parcial constituindo cruzamentos entre “p” famílias S_2 (Grupo-I) e “q” testadores (Grupo-II).....	27
TABELA 6. Esquema da Análise de variância ao nível de médias para o dialelo parcial segundo o método de Griffing (1956), adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988).....	27
TABELA 7. Resumo das análises de variância para peso de espigas despalhadas (g/parcela), correspondentes aos híbridos “topcrosses” oriundos dos 3 testadores e S_2 <i>per se</i> . Lavras, 1997.	31
TABELA 8. Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos dos topcrosses S_2 x CMS-39, S_2 x BR-201, S_2 x CMS-50 e famílias S_2 <i>per se</i> , para peso de espiga despalhada (g/parcela). Lavras, 1997.	33
TABELA 9. Análise do dialelo parcial das médias dos tratamentos ajustados de peso de espigas despalhadas (g/parcela), envolvendo famílias S_2 , testadores e “topcrosses”, para estudo da capacidade geral e específica de combinação. Lavras, 1997.	35
TABELA 10. Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (g_i e g_j) associados aos grupos I e II de acordo com modelo de Griffing (1956). Lavras, 1997.....	37

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1. Distribuição de frequências para peso de espigas despalhadas (g/parcela), 32

RESUMO

ELIAS, Haroldo Tavares. **Comparação de testadores na avaliação de famílias S₂ de milho (*Zea mays* L.).** Lavras: UFLA, 1997. 61 p.

(Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)*

O objetivo principal deste trabalho foi o de comparar testadores para discriminação e avaliação da capacidade de combinação de 64 famílias S₂ de milho, provenientes do composto CMS-39. As famílias S₂ foram avaliadas pelo seu desempenho *per se* e em cruzamento com três testadores de base genética ampla. Estes foram constituídos pelo híbrido duplo BR-201, pela própria população CMS-39 e a CMS-50. Os “topcrosses” e famílias S₂ foram avaliados em quatro látices 8 x 8, com duas repetições, instalados em áreas contíguas no campo experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras, em Lavras-MG, no ano agrícola 1996/97. As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos para peso de espigas despalhadas, em g/parcela, foram comparadas para os três tipos de progênies obtidas: famílias S₂ *per se*, famílias de meios irmãos intrapopulacional (S₂ x CMS-39) e famílias de meios irmãos interpopulacionais (S₂ x CMS-50 e S₂ x BR-201). Estimou-se também a capacidade geral e específica de combinação, considerando-se dialelo parcial, modelo Griffing (1956), adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988). Os testadores foram ainda comparados com relação a capacidade de discriminação por meio do índice de diferenciação e performance proposto por Fasoulas (1983), sendo também estimadas a heterose em relação as famílias S₂ *per se*. Foram também obtidas estimativas das correlações do desempenho médio das famílias S₂ *per se* e dos seus

* Orientador: Samuel Pereira Carvalho. Membros da Banca: Magno Antônio Patto Ramalho e Elto Eugenio Gomes e Gama

seus híbridos com os diferentes testadores. Constatou-se que só foi possível discriminar os testadores em função da capacidade de combinação e das estimativas das heteroses. A população CMS-50, a de menor média *per se* destacou-se como melhor testador.

ABSTRACT

COMPARASION OF TESTERS IN THE EVALUATION OF S₂ FAMILIES OF MAIZE (*Zea mays* L)

The objective of this work was comparing testers for the discrimination and the evaluation of the combining ability of 64 S₂ families from CMS-39. The families were evaluated based their performance *per se* and in cross to three broad base testers. The testers were the double hibrid Br-201 and two populations, CMS-50 and CMS-39. The topcrosses and S₂ families were evaluated in four 8 x 8 lattices, with two replications, set up in adjacent areas in the experimental field of the Department of Biology in the Universidade Federal de Lavras, in Lavras-MG. Seven traits were considered, although emphasis was given to unstrawed cob weight corrected to 15,5% moisture. The estimates of genetic and phenotypic parametres were compared among the three sets of families, obtained: S₂ families *per se*, intrapopulation half-sib families (S₂ x CMS-39) and interpopulation half-sib families (S₂ x CMS-50) and S₂ x Br-201). General and especific combining ability, including S₂ families, testers and their crosses were estimated, following partial diallel model Griffing (1956), adapted by Geraldi and Miranda Filho (1988). Four S₂ families stood out, with higher estimatives of general combining ability. The discrimination ability of the testers was obtained through differentiation and performance index proposed by Fasoulas (1983), which shows the discriminating power of the S₂ families in each topcross. Correlations estimates were obtained among four sets of means: the S₂ families, and the three sets of topcrosses. All correlation estimates were null and the possible rasons were discussed. Also, the heterosis of each topcross was estimated relative to the performance *per se* of S₂ families. Based

upon the results the best tester, the CMS-50 population, identical through the estimates of combining ability and heterosis means.

1. INTRODUÇÃO

A introdução do milho híbrido no início deste século constituiu-se num dos maiores impulsos à agricultura moderna e desde então inúmeros programas concentraram seus esforços no desenvolvimento de linhagens endogâmicas com capacidade de produzir bons híbridos.

O desenvolvimento do milho híbrido está fundamentado na obtenção de linhagens e avaliação da capacidade de combinação dessas. A obtenção é feita principalmente pelo método chamado padrão, no qual a seleção é efetuada visualmente entre e dentro de progênies endogâmicas até atingir a maioria dos locos em homozigose.

Inicialmente a avaliação das linhagens era efetuada diretamente comparando-se as $n(n-1)/2$ combinações híbridas possíveis. Entretanto, à medida em que um maior número de linhagens foram utilizadas, a avaliação pela maneira usual tornou-se inviável.

Para superar a dificuldade experimental decorrente da avaliação de um elevado número de linhagens sugeriu-se inicialmente que essas fossem avaliadas em “topcross”, Davis (1927), Jenkins e Brunson (1932), Lindstron (1931). O “topcross” consiste no cruzamento de um grupo de linhagens com um ou mais testadores. O objetivo é eliminar linhagens que não tenham mérito considerável para que se promova sua seleção ou autofecundação, de modo a racionalizar e tornar mais eficiente o programa de desenvolvimento de híbridos.

Embora o método “topcross” seja aceito para avaliar linhagens, a própria escolha do testador continua sendo um problema para os melhoristas de milho, pois desde sua adoção estudos teóricos e experimentais têm sido registrados sobre o tipo, número e eficiência dos testadores, Paterniani e Miranda Filho (1987). Estes estudos têm servido como auxílio na escolha dos testadores, mas não têm fornecido respostas satisfatórias a todas as questões.

Dessa forma o presente trabalho foi realizado para avaliar comparativamente três testadores quanto a avaliação de famílias S_2 da população CMS-39, bem como verificar o grau de associação do desempenho das famílias *per se* em combinações híbridas. Adicionalmente foi avançada uma geração de endogamia das famílias utilizadas, obtendo-se S_3 .

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. O milho híbrido

Os primeiros estudos envolvendo produtividade de grãos e hibridação artificial em milho, segundo Allard (1971), foram os de Beal, no período de 1877 a 1882, com variedades de polinização aberta, quando foram encontrados híbridos que superavam os pais em até 40%. East (1908), conduziu trabalhos visando estudar os efeitos da endogamia e da hibridação em milho. No entanto, o primeiro esquema básico para a produção de sementes de milho foi apresentado por Shull (1909), citado por Paterniani e Miranda Filho (1987), que possibilitou uma nova era no melhoramento de milho. Esse esquema consistia de forma simplificada, na obtenção de linhas puras pela autofecundação sucessiva de progênies, que deveriam ser combinadas para a produção de sementes, neste caso, de milho híbrido simples.

Esse método no entanto não foi disseminado na época, uma vez que as linhagens apresentavam baixo vigor e produtividade, tornando o custo das sementes muito alto. Jones (1918), propôs então a produção do híbrido duplo como forma de reduzir esse problema. Desse modo a semente F_1 comercial passa a ser oriunda do cruzamento de dois híbridos simples, tornando exequível sua produção, a um custo menor.

Assim, a introdução do milho híbrido comercialmente ocorreu nos Estados Unidos no início do século, mas foi só alguns anos depois que os híbridos passaram a ser utilizados de forma extensiva naquele país, proporcionando um grande impulso à agricultura moderna, resultando em um aumento de 28% da produtividade entre 1930 e 1960. A produtividade do híbrido simples sobre as variedades de polinização aberta tem sido superior em 50%, Fehr (1987).

Os estudos que sobrevieram à introdução do milho híbrido trouxeram ainda contribuições de importância, tanto aplicada como básica.

As práticas culturais, principalmente a maior utilização de insumos e tecnologias, são consideradas importantes fatores para o aumento da produção. Todavia, ao longo dos anos, o melhoramento genético, promoveu expressiva contribuição para o aumento da produtividade da cultura do milho, Russel (1975). Este autor constatou que essa contribuição corresponde a 63% do ganho total.

De todas as regiões tropicais e subtropicais, onde o milho híbrido tem sido utilizado, é o Brasil o país onde pode-se constatar efetivamente a sua contribuição mais significativa para a agricultura, Paterniani (1993). Este mesmo autor apresentou uma série de vantagens do uso de sementes híbridas, entre as quais relaciona a possibilidade de (1) associar características de distintos progenitores; (2) obter genótipos superiores em um prazo relativamente curto; (3) utilizar interações gênicas na geração híbrida; (4) produzir genótipos uniformes; (5) conseguir menor interação com o ambiente (maior homeostase) na geração F_1 ; (6) produzir sementes de milho híbrido em escala comercial, com reflexos gerais sobre a economia da região.

Alguns dos vários tipos de híbridos, que podem ser produzidos são descritos por Miranda Filho e Viégas (1987):

1) "Topcross"- Resulta do cruzamento entre uma família com endogamia parcial e uma variedade de base genética ampla. Este tipo de híbrido não tem sido considerado de valor comercial, mas é amplamente utilizado nos programas de avaliação de linhagens.

2) Híbrido Simples - É obtido mediante o cruzamento de duas linhagens endogâmicas. Em geral é mais produtivo do que outros tipos de híbridos, apresentando grande uniformidade de plantas e de espigas. A semente tem um custo de produção mais elevado porque a fêmea de um híbrido simples é uma linhagem que exibe produtividade mais baixa. Desde a metade da década de 60 os híbridos simples foram substituindo os duplos nos EUA e, atualmente, a quase totalidade dos híbridos cultivados são de cruzamento simples.

3) Híbrido simples modificado - Utiliza-se como genitor feminino o híbrido entre duas linhagens muito próximas entre si, isto é $(A \times A')$, e como genitor masculino uma linhagem B, isto é $[(A \times A') \times B]$. Em qualquer caso, o custo da produção de semente é reduzido em

4) Híbrido triplo - É obtido pelo cruzamento de um híbrido simples ($A \times B$) com uma terceira linhagem (C). A linhagem polinizadora deve ser suficientemente vigorosa para poder ser plantada intercaladamente ao híbrido simples e produzir quantidade de pólen suficiente para garantir uma boa produção de grãos nas linhagens femininas. O híbrido triplo também pode ser obtido na forma de híbrido modificado, isto é $(A \times B) \times (C \times C')$, onde C e C' são duas progênes afins de uma mesma linhagem.

5) Híbrido duplo - É o tipo de híbrido mais largamente utilizado no Brasil, sendo obtido pelo cruzamento de dois híbridos simples $(A \times B) \times (C \times D)$, envolvendo, portanto, quatro linhagens endogâmicas.

6) Híbrido múltiplo - É produzido mediante a utilização de seis, ou mais linhagens. Tem sido pouco usado comercialmente e sua principal vantagem reside na maior variabilidade genética, que pode resultar em maior amplitude de adaptação.

7) Híbrido intervarietal - Os híbridos intervarietais podem ser utilizados comercialmente pois permitem a utilização da heterose sem a necessidade da obtenção de linhagens. Apresentam portanto a vantagem de facilidade de obtenção, além de exibirem uma maior capacidade de adaptação devido a maior variabilidade genética do que os híbridos de linhagens. Apresentam grande desuniformidade quanto aos caracteres agronômicos, sendo por isso pouco utilizados.

2.2. Obtenção de linhagens

Diversos métodos podem ser utilizados para a obtenção de linhagens. Uma descrição deles é apresentada por Miranda Filho e Viégas (1987) e Hallauer (1990) :

- Método padrão: A seleção é feita entre e dentro das progênes à medida em que se processam as autofecundações, baseada em caracteres fenotípicos; - Método de cova única: difere do método padrão pois cada progênie é representada por uma única cova com três plantas, ao invés de uma linha com várias plantas ; - Método genealógico: consiste primeiramente na escolha e cruzamento de duas linhagens elites que se complementam bem e, a partir do segundo ciclo resultante por endogamia efetua-se então o isolamento de novas linhagens como no método padrão. - Métodos alternativos: Uma das críticas ao método padrão para o desenvolvimento de linhagens, é quanto

ao tempo requerido para alcançar a linhagem homozigótica final. Assim, outros métodos têm sido sugeridos que não incluam 5-7 ciclos de autofecundação. Um deles é o método que propõe o desenvolvimento de linhagens homozigóticas através de monoplóides (cultura de anteras), seguido de duplicação do número de cromossomos. Esse método tem sido testado com limitações, pois a ocorrência de monoplóides e de homozigotos diplóides derivados de diplóides é baixa, Hallauer (1990).

Uma vez obtidas, as linhagens podem ser melhoradas. Um método comumente empregado com essa finalidade é o retrocruzamento, pela sua eficiência na transferência de alelos específicos de um genótipo para outro, podendo ser usado também para caracteres quantitativos.

2.3. Avaliação de linhagens

No processo de desenvolvimento de linhagens em milho, existem dois sistemas que são considerados. O primeiro é através de seleção fenotípica, ou seja, baseado na seleção visual. O segundo sistema envolve avaliação de performance das linhagens em cruzamentos para seleção baseada na capacidade combinatória, realizada através de cruzamentos dialélicos ou cruzamentos em gerações precoces de endogamia, gerando os “topcrosses”.

Quanto à seleção visual, tem sido utilizada rotineiramente durante o processo de endogamia, com o objetivo avaliar famílias ou plantas, eliminando aquelas que teriam pouco valor na produção de híbridos e/ ou no melhoramento populacional. Em quaisquer desses métodos apresentados anteriormente o desenvolvimento de linhagens baseia-se na percepção visual e habilidade do melhorista para identificar os indivíduos superiores, não trazendo uma mensuração adequada de seu valor, quando em combinações híbridas.

Existem opiniões divergentes a respeito do real valor da seleção visual como um método de obtenção e avaliação de linhagens melhoradas. Gama e Hallauer (1977) afirmaram que a seleção visual não pode ser aceita como um método de melhoramento de linhagens de híbridos superiores. Consideram o teste de produção de linhagens e avaliação de seus respectivos híbridos como o único procedimento para determinar o valor potencial de uma linhagem em combinações híbridas.

Um questionário aplicado entre os melhoristas de milho da região de Ohio nos Estados Unidos por Hallauer (1979) e Bauman (1979), citados por Hallauer (1990) a respeito da seleção visual, listava dezessete características. Eles pediram aos melhoristas que através de uma escala de notas variando de 1 (alta) a 4 (baixa) classificassem as características mais importantes e, ao mesmo tempo, utilizassem a mesma escala para descrever qual o sucesso esperado com a seleção visual em cada caráter. Os autores verificaram, como era esperado, que houve variação na importância relativa das características envolvidas e também na eficiência esperada com a seleção visual. Quase sempre, quando o caráter era considerado importante, a eficiência da seleção visual era baixa. Por exemplo, a produção de grãos e a resistência do colmo, identificadas como mais importantes, média 1,2 e 1,3, respectivamente, foram colocadas no grupo onde a seleção visual era menos efetiva. Entretanto, para a cor da planta, com pouca importância, a eficiência da seleção visual foi considerada alta. Apesar desses resultados, na seleção de linhagens ao se utilizar rotineiramente o método padrão, a seleção visual é utilizada com frequência.

Estudando a eficiência da seleção visual para avaliação da produtividade de grãos em famílias S_1 de milho, Vargas (1996) obteve uma eficiência média de apenas 45 % ao considerar as notas médias de três selecionadores, não sendo considerado um método eficiente neste caso. Para famílias S_3 , no entanto, este mesmo autor obteve uma eficiência de 62,64% quando foram considerados 6 selecionadores. Para este resultado contribuíram a menor variabilidade genética dentro das famílias S_3 e maior número de selecionadores envolvidos. Nesse mesmo sentido, Pena Neto (1982), concluiu que a seleção visual nas primeiras gerações de autofecundação não foi efetiva em aumentar a produção das linhagens em combinações híbridas.

Portanto, o efeito da seleção visual durante as sucessivas gerações de autofecundação parece não estar bem definido. Estas divergências, contudo, referem-se somente à questão da eficiência da seleção fenotípica em melhorar a capacidade de combinação das linhagens. A eficiência da seleção visual em melhorar as características agrônômicas das linhagens, tais como vigor e resistência a acamamento, doenças e insetos, é geralmente aceita.

A principal desvantagem do método padrão no desenvolvimento de milhos híbridos reside na obtenção aleatória das linhagens. O valor de uma linhagem consiste principalmente na sua capacidade de produzir bons cruzamentos, o que pelo método tradicional é conhecido somente no final do processo de endogamia. Contudo, este é um processo demorado e laborioso, pois além do tempo requerido (6 a 7 gerações) o número de híbridos possíveis de serem produzidos em

todas as $n(n-1)/2$ combinações de um conjunto de n linhagens torna-se extremamente grande à medida em que se aumenta o número de linhagens envolvidas, Miranda Filho e Viégas (1987). Considerando-se, por exemplo, a avaliação de 100 linhagens o número de híbridos F_1 a serem testados em ensaios comparativos é de 4950. Esses fatos levaram os melhoristas a perceber que a obtenção de linhagens de milho constitui um problema muito pequeno em comparação com a avaliação das mesmas e esta conclusão logo conduziu a uma pesquisa intensa para o desenvolvimento de procedimentos adequados de avaliação Allard (1971).

Assim sendo muitas das linhagens com boas características agronômicas e boa produtividade, obtidas ao final de um longo processo de autofecundação e de seleção, podem ser eliminadas por não produzirem bons híbridos. Deste modo, durante o período de desenvolvimento das técnicas de aperfeiçoamento, inúmeros métodos têm sido propostos e utilizados na obtenção e a avaliação de linhagens, visando aumentar a eficiência da síntese de milho híbrido.

Os testes utilizados na avaliação das linhagens obtidas por um procedimento qualquer, são de grande importância para o melhorista.

A avaliação de linhagens conforme salientado, além da seleção visual, poderá também ser realizada através de combinações híbridas, dentre as quais se incluem “topcross” e os cruzamentos dialélicos.

O teste em gerações precoces é utilizado em espécies alógamas para estimar o potencial das linhagens em estágios precoces de autofecundação. É utilizado um testador para estimar a capacidade de combinação, com base nos efeitos gênicos aditivos, antes dos cruzamentos específicos. O objetivo é eliminar linhagens ou populações que não tenham mérito considerável para que se promova sua seleção ou autofecundação, de modo a racionalizar e tornar mais eficiente o programa de desenvolvimento de híbridos ou melhoramento de populações.

Nesse sentido é que Davis (1927) sugeriu o uso de “topcross” para avaliar a capacidade de combinação das linhagens, cruzando-se estas com variedades de polinização livre. Em 1934 esse mesmo autor procedeu cruzamentos em segunda geração de autofecundação de famílias de milho com a variedade Yauco-Torre de uso local em Porto Rico. Com o objetivo de testar se o valor destas famílias poderia ser determinado já na geração S_2 , foram tomados 27 “topcrosses”, correspondentes àqueles que superaram em 20% a variedade parental Yauco-Torre,

usada como testador neste caso. O método se mostrou efetivo para elevar a produção de milho na região de estudo.

Alguns pesquisadores como Payne e Hayes (1949) e Richey (1945), citados por Allard (1971), expressaram dúvidas acerca do valor do teste afirmando que a seleção visual é eficiente para melhorar a capacidade de combinação nas primeiras gerações de autofecundação, e consideraram que a eliminação feita com base nos ensaios de “topcross”, na primeira ou segunda geração de autofecundação, pode muitas vezes eliminar linhagens que seriam de interesse no final do processo. Richey (1947) questiona novamente o valor da seleção baseada no teste precoce, com base nos seguintes argumentos: a) o “topcross” permite avaliar o comportamento de uma linhagem em qualquer estágio do programa de melhoramento, mas não existem bons indicadores da capacidade de combinação de uma linhagem antes que ela atinja razoável homozigose; b) o comportamento de uma família autofecundada não é um bom indicativo da capacidade de combinação antes de eliminar por seleção os alelos recessivos de maior efeito individual e menor frequência.

No entanto, vários autores, como Jenkins (1934) Johnson e Hayes (1936), citados por Hallauer et al (1988), indicaram aumento na eficiência de seleção de linhagens para produção, avaliados pelo método de “topcross”, devido ao grande número de linhagens que podem ser descartadas com base em um teste preliminar, sendo possível a avaliação das linhagens selecionadas em combinações de híbridos simples ou duplos. Nesse sentido Batkash et al. (1981), citado por Aguilar Moran (1990), estimaram coeficientes de correlação entre “topcrosses” e cruzamentos dialélicos, obtidos do cruzamento de dez linhagens, verificando correlações positivas e significativas entre os “topcrosses” e os híbridos simples para a produção de grãos, número de grãos por espiga e comprimento da espiga, indicando que o método de “topcross” pode ser usado eficientemente na avaliação de linhagens.

Uma das primeiras discussões que surgem quanto ao teste precoce para avaliação de linhagens, refere-se à geração de autofecundação mais adequada à realização dos testes para capacidade de combinação.

Nesse sentido é que Davis (1934), através da avaliação de sucessivas gerações endogâmicas, concluiu que na geração S_2 já ocorria fixação de alguns caracteres de produção em combinações híbridas. O autor indicou também que essa geração se apresentava melhor em

“topcrosses” por ser selecionada para a produção ou caracteres diretamente relacionados. Em concordância com esse trabalho, Martins (1986), recomenda que o teste precoce seja feito na geração S_2 ou S_3 . Quando ele é feito nas plantas S_0 ou S_1 o número de tratamentos no ensaio de “topcross” é muito grande ou não representa uma boa amostra da população; além disso algumas das linhagens selecionadas não poderão ser avançadas nas gerações de endogamia, devido a perda de vigor ou problemas de esterilidade.

Segundo Lonquist (1949) o teste precoce poderia ser aplicado em qualquer nova fonte de material endogâmico, a partir da geração S_1 . Isso eliminaria a necessidade de se avaliar muitas plantas S_0 genotipicamente inferiores, visto que a aparência fenotípica de uma planta S_0 não fornece uma indicação confiável de seu potencial genético. Lonquist e Roumbough (1958), estudaram o efeito da seleção para capacidade de combinação em famílias com diferentes níveis de endogamia, demonstrando que a capacidade de combinação para grupos ou famílias permanecia relativamente estável nas sucessivas gerações de autofecundação. Verificou também que a utilização do teste precoce permite obter a máxima eficiência no programa, pois, trabalhando-se com famílias de alta capacidade de combinação, pode-se praticar seleção mais intensa para outros caracteres agrônômicos, uma vez que, linhagens S_1 de alta capacidade de combinação, em geral, resultam em linhagens finais com maior capacidade de combinação do que aquelas obtidas a partir de S_1 com baixa capacidade de combinação

Pena Neto (1982), avaliando a viabilidade do uso de “topcrosses” obtidos de progênes S_2 de duas populações (ESALQ VF-1 e ESALQ VD-2), como fonte de linhagens endogâmicas, obteve “topcrosses” mais produtivos que os compostos parentais, comprovando assim a eficiência do método para identificar cruzamentos superiores, a partir da alta capacidade de combinação, eliminando um grande número de progênes que não seriam aproveitadas no final do processo, além de avançar uma geração de autofecundação

Outros autores reforçam a idéia de se realizar o teste precoce nas fases S_2 ou S_3 em função da capacidade de combinação e também pelas suas características “per se”, Ide (1983), Russel (1975), Lile e Hallauer (1994).

Nesse mesmo enfoque, outros autores realizaram estudos de correlação entre performance de “topcrosses” em diferentes gerações de autofecundação em milho. Jensen et al. (1983), para o caráter produção de grãos, encontraram a correlação fenotípica média de

performance entre S_1 e S_4 quando cruzadas com diferentes testadores, de 0,67. Hallauer e Lopez-Perez (1979), obtiveram em média, para cinco diferentes testadores, correlação genética de 0,34 entre “topcross” de famílias S_1 e linhagens S_8 , para produção de grãos. As estimativas de correlações nesses estudos foram baixas e as razões apresentadas para estas discrepâncias não foram convincentes.

As opiniões são divergentes quanto a utilização do teste precoce na avaliação de linhagens. Os proponentes do teste tardio recomendam que as linhagens sejam avaliadas três a quatro gerações antes da avaliação final em combinações híbridas; os defensores do teste precoce propõem a avaliação das linhagens por ocasião da primeira autofecundação. Outros melhoristas que procuram situar-se entre esses dois pontos de vista radicais fazem seleção visual durante um ou dois anos de autofecundação (S_1 e S_2), ocasião em que avaliam as melhores progênies selecionadas através de seus “topcrosses”, em ensaios de produção, sendo que as melhores linhagens podem ainda ser avaliadas em S_3 ou S_4 .

Utilizando expressões teóricas Bernardo (1991) estimou as correlações entre as performances de linhagens em diferentes gerações e nas F_∞ . Observou para caracteres cuja herdabilidade não fosse muito baixa, constatou que essas correlações é função do coeficiente de endogamia das famílias avaliadas e da herdabilidade. As expressões obtidas evidenciam se o caráter tem herdabilidade acima de 20%, por exemplo, a seleção das linhagens é efetiva já a partir das primeiras gerações S_2 ou S_3 . Se o caráter têm herdabilidade baixa a seleção nas gerações iniciais deve ser branda para evitar a perda de famílias com bom potencial. Esse trabalho foi muito importante por mostrar que a seleção precoce de linhagens com base na capacidade de combinação é efetiva.

Capacidade combinatória foi primeiramente definida por Sprague e Tatum (1942). A capacidade geral de combinação (CGC), refere-se ao comportamento médio de uma linhagem em uma série de combinações híbridas. Por outro lado, a capacidade específica de combinação (CEC) refere-se ao comportamento de uma linhagem quando cruzada com outra, num híbrido simples, com base no comportamento médio das linhagens parentais envolvidas. Eles também diferenciaram os termos de acordo com o modo de ação gênica envolvida. A CGC está mais relacionada à variância genética aditiva, e a CEC reflete a variância genética não aditiva, controlada pelos efeitos dominantes, epistáticos e vários tipos de interações. Com base em seus

resultados, concluíram que, em linhagens não selecionadas para CGC, a variação genética existente é devida principalmente a efeitos genéticos aditivos, enquanto que em linhagens já selecionadas a variação principal é devida a efeitos gênicos não aditivos.

Altas estimativas da capacidade combinatória, tanto geral como específica, geralmente ocorrem em genótipos com maior frequência de alelos favoráveis, e, portanto, são bons indicativos da estrutura genética dos materiais avaliados Vencovsky (1987).

A capacidade combinatória é um caráter herdável, conforme demonstrado por Green (1948). Portanto, a seleção de novas linhagens de milho com alta capacidade combinatória será mais frutífera em progênies segregantes vindas de híbridos cujos progenitores apresentavam alta capacidade de combinação. O autor chegou a esta conclusão observando maior frequência de segregantes F_2 com alta capacidade combinatória nas progênies de linhagens alta x alta que nas progênies alta x baixa ou baixa x baixa capacidade de combinação.

Além de cruzamentos em “topcrosses” utilizando testadores, os cruzamentos dialélicos têm sido usados na avaliação de genótipos (linhagens, sintéticos, variedades, populações etc.), existindo vários métodos que envolvem cruzamentos dialélicos e que servem tanto para avaliação do potencial do material em cruzamentos como para predição de compostos que podem ser sintetizados a partir desses materiais. Vencovsky e Barriga (1992) ressaltam ocasiões em que, a prioridade maior é cruzar um conjunto de materiais com um ou vários testadores. Este esquema, em “topcross” pode ser considerado como um dialelo parcial, que também permite avaliar a capacidade geral e específica de combinação. Os dialelos parciais se adaptam perfeitamente aos programas de melhoramento que envolvem grande número de linhagens visando a obtenção de híbridos.

2.4. Escolha de testadores

A escolha de testadores em um programa é uma atividade difícil, pois não existem critérios definidos para uma boa escolha de testadores. Mas é evidente que cruzamentos entre fontes não relacionadas expressam maiores heteroses que entre linhas relacionadas, Hallauer (1990).

Para Hallauer e Lopes-Perez (1979), o melhorista deve considerar algumas possibilidades na seleção de um testador: (1) base genética ampla “versus” base genética estreita, (2) alta frequência “versus” baixa frequência de alelos favoráveis, (3) capacidade geral de combinação (CGC) “versus” capacidade específica de combinação (CEC) e, (4) alta produção “versus” baixa produção. Os autores também indicam que outros fatores a se considerar na escolha do testador podem ser: (5) o estágio de desenvolvimento do programa, (6) a disponibilidade de testadores, (7) os tipos de materiais sob teste e, (8) os tipos de híbridos para os quais as linhagens sob estudos serão usadas. Estes mesmos autores indicaram que as vantagens do uso de testador de base genética ampla são: a) menor influência devida à interação testador x ambiente e, b) menor influência devida à interação testador x linhagem. Por outro lado os testadores de base genética estreita apresentam menos problemas de amostragem dos gametas.

Quanto ao valor relativo dos testadores, há uma concordância entre vários autores que consideram o testador apropriado aquele que discrimina eficientemente as linhagens testadas. Uma definição que engloba diversas considerações foi dada por Matzinger (1953) e Hallauer (1975), propondo que um testador ideal deveria incluir simplicidade no uso, informação que classifique corretamente o mérito relativo das linhagens e maximização de ganho genético.

A principal diferença entre CGC e CEC tem sido atribuída à base genética dos testadores. Segundo Hallauer e Miranda Filho (1988), tais diferenças são essencialmente em termos de frequências alélicas, pois em um testador de base genética ampla as frequências alélicas para os diferentes locos se distribuem na amplitude de 0 a 1, enquanto nos testadores de base genética estreita as frequências alélicas se limitam a 0 ou 1 como nas linhagens e, a 0, 0,5 ou 1 nos híbridos simples. Tanto nos testadores de base genética ampla como nos testadores de base genética estreita a seleção leva a uma alteração na média da população como resultado da seleção para efeitos gênicos aditivos.

No entanto, quando se consideram os genótipos de uma população que são avaliados em topcrosses, parece difícil distinguir entre CGC e CEC e a expressão da capacidade de combinação (C.C.) poderá ser usada com um significado amplo conforme Vencovsky (1987) :

$$C.C. = \bar{C}_i - \bar{C} = (p_i - \bar{p}) [\alpha + (1 - 2t) \delta],$$

em que:

- \bar{p} : a frequência alélica média de determinado loco dos n materiais avaliados,
 p_i : frequência do alelo favorável do material "i",
 t : frequência alélica do testador utilizado,
 α : desvio dos homocigotos em relação a média (efeito aditivo),
 δ : desvio dos heterocigotos em relação a média, também denominado de efeito de dominância dos genes.

Nesta expressão, observa-se primeiramente que a capacidade de combinação ($C_i - \bar{C}$) é função direta da frequência alélica ($p_i - \bar{p}$). Altas capacidades de combinação ocorrerão, em geral, para aqueles materiais com maior frequência de alelos favoráveis (p_i).

A estimativa da capacidade de combinação, no entanto, depende também, e muito da constituição genética do testador (t), desde que o caráter tenha dominância. Os fatores que afetam a escolha do testador a ser utilizado podem ser enumerados da seguinte forma: a) Para os locos sem dominância ($\delta = 0$), a expressão fica $C_i - \bar{C} = (p_i - \bar{p}) \alpha$, e neste caso os locos ajudam a reconhecer os materiais com mais alelos favoráveis, independentemente da estrutura do testador; b) Para $\delta \neq 0$ ocorrem as seguintes situações: b₁) Para $t = 0,5$, testador de ampla base genética, composto ou variedade, novamente a segunda parte da expressão se anula, ficando $C_i - \bar{C} = (p_i - \bar{p}) \alpha$. No entanto, na situação real, sempre existem alguns locos em que $t \neq 0,5$ e neste caso $(1 - 2t) \delta$ não será nulo e a CGC será influenciada pela dominância; b₂) Para $t \neq 0,5$ pode-se tomar os dois extremos: - Para $t = 1$, tem-se $(p_i - \bar{p}) (\alpha - \delta)$. Considerando dominância completa nestes locos ($\alpha = \delta$), tem-se que $C_i - \bar{C} = 0$. Assim estes locos não contribuirão em nada para distinguir os materiais quanto à sua CGC. É por isso que linhagens altamente produtivas são consideradas testadores ruins, porque contém grande número de alelos dominantes que tendem a mascarar o potencial genético dos genótipos em avaliação. Para $t = 0$ ou $t < 0,5$, as quantidades $(1 - 2t) \delta$ serão maiores do que zero e os efeitos de dominância passarão a auxiliar na seleção do material segundo sua CGC.

Rawlings e Thompson (1962), discutiram a importância da frequência alélica do testador como critério na seleção de testadores para medir a capacidade de combinação. Os autores usaram seis linhagens, classificadas de acordo com sua CGC, sendo duas de CGC baixa, duas de CGC alta e duas de CGC intermediária, as quais foram cruzadas com dez famílias

heterozigotas (o cruzamento de 5 pares de linhagens de alta CGC e o cruzamento de 5 pares de linhagens de baixa CGC). A interpretação dos resultados com respeito à escolha do testador foi feita com base em dois requisitos. O primeiro requisito exige que o testador classifique corretamente o mérito relativo das progênies sob seleção. Isso foi confirmado ao comparar a classificação dos materiais com cada testador, com a classificação esperada de capacidade de combinação. O segundo requisito exige que o bom testador deva discriminar eficientemente entre os materiais sob estudo, isto é, o melhor testador de uma série de testadores deve classificar corretamente as entradas com o mínimo de teste. Essa exigência foi medida da seguinte maneira :

a) Comparando o componente de variância entre linhagens para os diferentes testadores, sendo que esse valor estatístico mede o poder discriminatório dos diferentes testadores se o quadrado médio do erro for igual para todas as entradas com diferentes testadores; b) Comparando a relação entre variâncias (teste F), pois esse método mede a diferença entre as entradas e a repetibilidade do método de medida; além disso, a comparação da relação de variância para diferentes testadores fornece uma medida de sensibilidade relativa dos testadores.

As comparações acima citadas foram feitas usando primeiramente os híbridos simples como testadores, e depois usando as famílias heterozigotas como testadores. Em geral os resultados foram a favor dos testadores de baixa frequência de alelos favoráveis, sendo os que proporcionaram melhor discriminação entre linhagens.

Após a introdução dos conceitos de CGC e CEC, surgiram novas modificações para o uso de "topcross" e testadores. Testadores com base genética ampla (sintéticos e variedades) testam para CGC ou ação gênica aditiva. Testadores de base genética estreita (linhagens) testam para CEC, Hallauer e Miranda Filho (1988), Vencovsky (1987). Isso foi verificado por Lonquist e Roumbough (1958) que estudaram testadores de ampla e estreita base genética na avaliação de linhagens de milho, concluindo que um testador de base genética ampla seria adequado para selecionar linhagens com alta CGC, sendo posteriormente feito o teste para CEC dentre as linhagens então selecionadas.

Matzinger (1953), comparou três tipos de testadores na avaliação de linhagens endogâmicas de milho. Escolheu uma série de 16 linhagens, sendo 8 para funcionar como testadores e 8 a serem testadas. Estas linhagens escolhidas eram usadas, correntemente, na produção comercial de híbridos. As 8 linhagens testadoras foram avaliadas quanto ao desempenho "per se" e também nos cruzamentos simples e duplos. O interesse principal se prendia às

estimativas dos componentes de variância da interação testador x linhagem. Essas estimativas foram de 17,22; 11,90 e 6,64, respectivamente, para cada tipo de testador, na ordem; linhagens, cruzamentos simples e cruzamentos duplos. O autor mostra que as oito linhagens testadas foram classificadas similarmente, quando obteve médias de todos os testadores. As magnitudes relativas dos componentes de variância, estimados das interações testador x linhagem, indicaram que, com o aumento da variação genética dentro de um testador, o componente de interação testador x linhagem decresceu. Os dados sobre componentes de interação testador x linhagens, com respeito à capacidade geral de combinação, podem ser conseguidos mais economicamente através do uso de um testador de base genética ampla.

Entretanto Zanbezi et al. (1986), apresentaram evidências que testadores endogâmicos podem ser utilizados eficientemente para determinar a CGC, bem como a CEC, porque as linhas individuais são tão efetivas quanto uma população de ampla base genética para classificar as linhas testadas para CGC. Apresentaram ainda duas razões práticas para preferir linhagens endogâmicas, de estreita base genética a testadores de ampla base genética, pois problemas de amostragem de gametas provavelmente ocorrem com testadores heterogêneos e o uso de linhagens pode permitir a utilização mais rápida das novas linhagens em híbridos comerciais, especialmente se o testador for uma linhagem de uso comercial. Em estudos anteriores, Horner et al. (1973), também constaram que após cinco ciclos de seleção, as linhagens endogâmicas usadas como testadores foram superiores aos testadores de ampla base genética para melhorar a capacidade de combinação. No mesmo enfoque, outros autores também preconizam a utilização de testadores de base genética estreita, mais homogêneos, os quais apresentam maior eficiência para identificação de “topcrosses” superiores Pena Neto (1982).

Por outro lado, Rissi e Hallauer (1991) ressaltaram que um testador com baixa frequência de alelos favoráveis pode não identificar híbridos superiores no início de avaliação de linhagens, mas provavelmente identificará linhagens com boa capacidade de combinação. O uso de dois diferentes testadores requer dois estágios de teste do programa: uso de um testador com baixa frequência de alelos favoráveis para início do teste para identificar linhagens superiores no início do processo de endogamia, e uso de um segundo testador para identificar cruzamentos superiores específicos. Nesse mesmo estudo, os autores chegaram à conclusão que os testadores das populações parentais forneceram discriminação mais consistente entre as linhagens. Observaram ainda que os testadores de base estreita, tanto os endocruzados, como o de linhagem

simples, podem ser usados efetivamente para identificar linhagens que têm boa CGC. Sugeriram também que qualquer tipo de testador pode ser usado para classificar 50% das linhagens com boa capacidade de combinação.

Aguilar Moran (1990) comparou testadores para avaliação da capacidade de combinação de linhagens de milho. Sugeriu que os testadores para CGC devem ser aqueles relacionados à população que deu origem às linhagens que se deseja avaliar e na falta destes deve-se usar testadores com baixa frequência de alelos favoráveis em relação às linhagens das populações avaliadas, por classificarem melhor o mérito relativo das linhagens. O testador ideal para CEC será aquele que apresentar a maior heterose específica com a população.

Ainda assim, a escolha dos testadores para determinação da capacidade de combinação representa um ponto de importância tanto para a seleção de linhagens como para seleção de genótipos dentro de uma população.

Os testadores utilizados pelos melhoristas, deverão ser determinados pelo estágio de desenvolvimento do programa de melhoramento, disponibilidade do testador, tipo de material sob teste e o uso que se fará das linhagens, isto é, se para formar híbridos, variedades compostas ou sintéticos.

Historicamente a escolha de testadores tem acompanhado a evolução do uso de cultivares. Desse modo, nos primeiros programas de melhoramento, os testadores eram variedades de polinização aberta e cruzamentos heterogêneos, portanto materiais de base genética ampla. Com o advento do híbrido duplo, os testadores passaram a ser principalmente híbridos simples. Cruzamentos dialélicos tornaram-se populares durante a era dos híbridos duplos. Com a era dos híbridos simples, linhagens testadoras passaram a ser utilizadas, Troyer (1994).

Atualmente, os testadores mais comuns utilizados para a primeira avaliação da capacidade combinatória das linhagens, geralmente são os melhores parentais de híbridos comerciais. Esta escolha se deve à possibilidade de obtenção de híbridos com potencial comercial em estágios iniciais de desenvolvimento de linhagens. Assim, a maior parte dos testadores utilizados é constituída por linhagens elites, geralmente comerciais, quando o objetivo é a produção de híbridos triplos e duplos.

Alguns trabalhos reforçam estas idéias, como o de Smith (1986), que comparou a performance de linhagens “per se” e os híbridos “topcrosses”, através de simulações

computacionais com 3 tipos de testadores de diferentes bases genéticas. Mostrou que qualquer que seja o testador utilizado, para caracteres condicionados por um grande número de genes com dominância completa, as correlações entre performance de linhagens e os “topcrosses” foram menores que 0,5, ou seja, as performances de linhagens avaliadas por diferentes tipos de testadores são muito baixas para se ter um valor preditivo. Este resultado, segundo Souza Júnior (1997), mostra que o melhor testador a ser utilizado deve ser aquele que será utilizado como linhagem ou um híbrido simples parental na obtenção de híbridos simples e triplos.

O testador portanto, numa visão prática, deve ser escolhido levando-se em conta a possibilidade de sua utilização efetiva na produção de híbridos. Assim deve-se procurar identificar uma linhagem ou um híbrido simples, por exemplo, que se apresentem boa combinação com algumas das linhagens sob avaliação, objetivando produzir híbrido simples, triplos ou duplos.

Entretanto esta prática aplica-se a programas de melhoramento em fase adiantada, quando já se possui linhagens elites próprias. Quando se trata de um programa inicial de melhoramento, justifica-se a utilização de testadores de ampla base genética, relacionados ou não às linhagens que se quer testar, de forma a classificar o mérito das linhagens e proceder estudos e identificar grupos heteróticos diferentes entre populações ou compostos estudados.

O assunto tem gerado muitas discussões, conforme mostram revisões detalhadas apresentadas por Pena Neto (1982), Ide (1983), Martins (1986), Gonçalves (1987), Hallauer e Miranda Filho (1988), Aguilar Moran (1990), Medina (1990), Dantas (1992).

Verifica-se que apesar da grande quantidade de estudos sobre testadores e “topcrosses” no processo de melhoramento e produção de milho híbrido, existem ainda alguns aspectos a serem esclarecidos para se chegar a um critério seguro quanto o uso dos mesmos.

f

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Caracterização do local dos experimentos

Os híbridos “topcrosses” foram obtidos no município de Lavras-M.G., no Campus da Universidade Federal de Lavras (UFLA), no ano agrícola 1995/96. A avaliação destes foi feita no mesmo local durante o ano agrícola 1996/97.

O solo do local dos experimentos é classificado como Latossolo Vermelho Roxo Distrófico, fase cerrado.

As características geográficas e os dados climáticos são apresentados na Tabela 1.

TABELA 1. Características geográficas e dados climáticos da região de Lavras (MG).

CARACTERÍSTICA	
Latitude	21°14'S
Longitude	40°17'W
Altitude	918,80 m
Clima (KOPPEN)	Cwb
Precipitação média anual	1529,7 mm
Temperatura média anual	19,14°C
Média das temperaturas máximas	26,1°C
Média das temperaturas mínimas	14,8°C
Umidade Relativa do ar	76,2%

Fonte: Departamento de Engenharia Agrícola da UFLA.

3.2. Material

Foram utilizadas 64 famílias S_2 provenientes da população CMS-39, obtidas nos anos de 1994 e 1995. A população CMS-39 foi sintetizada pelo Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária-EMBRAPA, a partir do intercruzamento de 55 materiais, envolvendo híbridos simples, duplos e intervarietais, escolhidas a partir dos ensaios nacionais de cultivares de milho, Aguiar (1986).

Como testadores, foram utilizados os seguintes materiais :

- **CMS-39** - A própria população base utilizada, já descrita anteriormente;
- **BR-201** - Híbrido duplo desenvolvido pela EMBRAPA, com grande adaptação a diferentes regiões do país;
- **CMS-50** - Denominado composto Vega Precoce. Formado pelo intercruzamento de 3 híbridos simples e 2 híbridos duplos. Após o cruzamento inicial, foram realizadas 3 recombinações e 2 ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos.

3.3. Métodos

Os trabalhos do presente estudo foram desenvolvidos em duas etapas: a primeira foi a obtenção dos híbridos “topcrosses”, através do cruzamento entre as famílias S_2 com os três testadores em campos isolados. A segunda etapa consistiu na avaliação dos “topcrosses” em ensaios de campo.

3.3.1. Obtenção dos híbridos “topcrosses”

Foram realizados cruzamentos entre os três testadores e as 64 famílias S_2 , num esquema de dialelo parcial, onde, cada testador foi cruzado com as 64 famílias. Os cruzamentos foram efetuados em três áreas isoladas.

A semeadura foi efetuada em outubro de 1995. As 64 famílias S_2 foram consideradas como femininas, sendo portanto despendoadas. Foi utilizado no plantio a proporção de três fileiras femininas para cada uma fileira masculina, semeadas na forma intercalar.

Cada família S_2 foi semeada em linha contínua de três metros de comprimento. Foi utilizando a densidade de oito sementes/ metro linear, de forma a garantir a densidade final desejada de cinco plantas /metro, após o desbaste.

3.3.2. Delineamento experimental

Foram utilizados quatro látices 8 x 8, dispostos em duas repetições para avaliar os três "topcrosses" e as famílias *per se* dialelo parcial e as S_2 *per se*. Cada testador e as S_2 foram avaliados em experimentos distintos, porém contíguos em uma mesma área.

Adicionalmente foram incluídas duas testemunhas intercalares em cada bloquinho (sub-bloco) do látice. O híbrido duplo BR-201, participou nos quatro experimentos e a outras testemunha foram os próprios testadores utilizados. No caso das S_2 *per se*, além do BR-201, foi incluído CMS-39 como a segunda testemunha.

Cada parcela experimental foi constituída de um linha de três metros, no espaçamento de 0,90 m. Foram semeadas oito sementes/metro, que após desbaste, ficaram com cinco plantas/ metro.

3.3.3. Condução dos experimentos

A adubação foi efetuada no sulco de semeadura utilizando o equivalente a 500 kg/ha da fórmula 4-14-8 (N, P_2O_5 , K_2O) + zinco. A adubação nitrogenada em cobertura foi realizada aos 35 dias após a emergência, utilizando 40 kg/ha de nitrogênio na forma de sulfato de amônio.

O desbaste foi realizado 15 dias após a emergência, deixando-se 15 plantas/parcela.

O controle das ervas daninhas foi efetuado através de uma capina manual aos 25 dias e cultivador tração animal aos 43 dias após a semeadura.

3.3.4. Caracteres avaliados

Foram avaliados os seguintes caracteres :

1. **Altura média de planta (AP):** altura em centímetros do solo até a inserção da folha bandeira, tomada em uma planta da parcela.
2. **Altura de Espiga (AE):** altura em centímetros do solo até a inserção da primeira espiga, obtida de forma semelhante a AP.
3. **Número de Plantas Tombadas e Acamadas (PTA):** número de plantas/ parcela que quebraram abaixo da espiga somado ao número de plantas/parcela que apresentaram um deslocamento lateral ao eixo vertical maior que 45° ;
4. **Estande Final (EF):** contagem do número total de plantas na parcela por ocasião das colheita;
5. **Número de Espigas (NE):** número de espigas/parcela;
6. **Peso de Espigas despalhados/parcela (PED):** dados tomados no campo;
7. **Peso de 100 grãos/parcela (PG),** tomado nas duas repetições;

Os dados referentes ao peso de peso de espigas despalhadas foram corrigidos para a umidade padrão de 15,5% . Para isso foi utilizado a seguinte expressão:

$$P_{15,5\%} = \frac{PC(1 - U)}{(0,845)} 100$$

em que :

$P_{15,5}$ (%): Peso de campo corrigido para 15,5% de umidade;

PC : Peso de campo observado;

U : Umidade de campo observada .

3.4. Análise estatística e genética dos dados

Foi realizada a análise de variância, para peso de espiga despalhada, utilizando o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = m + t_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ijk},$$

em que:

Y_{ijk} : Valor observado do tratamento i , no bloco k , dentro da repetição j ;

m : Média geral do experimento;

t_i : Efeito aleatório do tratamento i , $i = 1, 2, \dots, 64$;

r_j : Efeito aleatório da repetição j , $j = 1, 2$;

$b_{k(j)}$: Efeito do bloco k , dentro da repetição j , $k = 1, 2, \dots, 16$;

e_{ijk} : Erro experimental associado a observação Y_{ijk} , NID $(0, \sigma^2)$

Foram estimados os componentes da variância, considerando todos os efeitos aleatórios, exceto a média. O esquema da análise de variância bem como as esperanças dos quadrados médios estão apresentados na Tabela 2.

TABELA 2. Esquema de análise de variância para o delineamento em látice em cada experimento.

Fontes de Variação	Graus de liberdade	E (QM)	
Repetição	$(r-1)$		Q_1
Bloco/Repetição	$(b-1)r$		Q_2
Tratamento(ajustado)	$(t-1)$	$\sigma_c^2 + r\sigma_p^2$	Q_3
Erro Efetivo	$r(t-b) - t + 1$	σ_c^2	Q_4
Total	$rt - 1$		

As análise dos dados foram feitas com o auxílio software MSTATC. Utilizou-se o quadrado médio do tratamento ajustado e quadrado médio do resíduo para compor o teste F. As médias obtidas foram ajustadas levando-se em consideração a recuperação da informação interblocos. Para o experimento que não ocorreu eficiência do Látice, analisou-se como Blocos Casualizados.

3.4.1. Estimativas dos Componentes de Variância e Parâmetros Genéticos e Fenotípicos

A partir das esperanças matemáticas dos quadrados médios, apresentados na Tabela 2, foram estimados os componentes de variância e os parâmetros genéticos e fenotípicos Tabela 3.

Os componentes da variância genética intrapopulacional foram obtidos do experimento em que foram avaliados os “topcrosses”, cujo testador foi a própria população CMS-39 e também as famílias S_2 *per se*. No caso dos testadores BR-201 e CMS-50, foram estimados os componentes da variância genética e fenotípica interpopulacional. (Tabela 3).

TABELA 3. Estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos e fenotípicos para cada experimento de avaliação de “topcrosses” e famílias S_2 *per se*.

Estimativas	Individual(topcrosses)	Expressão para as estimativas
$\hat{\sigma}_p^2$	Variância genética entre topcrosses	$\frac{Q_3 - Q_4}{r}$
$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	Variância fenotípica média entre topcrosses	$\frac{Q_3}{r}$
h^2_i	Herdabilidade no sentido amplo	$\frac{(Q_3 - Q_4) / r}{Q_4}$
CVp_i	Coefficiente de variação genético entre as medias dos <i>topcrosses</i>	$\frac{\hat{\sigma}_p}{\bar{X}} \cdot 100$

Em que :

$\hat{\sigma}_e^2$: Variância do erro experimental

r : Número de repetições

'j': Testador utilizado.

\bar{X} : Média dos “topcrosses”.

3.4.2. Estimativa do intervalo de confiança da herdabilidade

Foram calculados intervalos de confiança para as estimativas das herdabilidades, Limite Inferior e Superior de acordo com as expressões propostas por Knapp, et al. (1985), apresentadas na Tabela 4.

TABELA 4. Expressões utilizadas para cálculo dos intervalos de confiança das estimativas da herdabilidade.

LS	Limite superior de confiabilidade da estimativa da h^2	$LS = 1 - \left[\left(\frac{Q_3}{Q_4} \right) F_{1 - \alpha/2; g_{l_3} - g_{l_4}} \right]^{-1}$
LI	Limite inferior de confiabilidade da h^2	$LI = 1 - \left[\left(\frac{Q_3}{Q_4} \right) F_{\alpha/2; g_{l_3} - g_{l_4}} \right]^{-1}$

Em que : Q_3 e Q_4 : definidos na Tabela 2;

F: Valor tabelado ao nível de $1 - \alpha/2$;

α : Nível de significância (no caso 0,05)

g_{l_3} e g_{l_4} : Graus de liberdade de Q_3 (tratamento) e Q_4 (resíduo), respectivamente;

3.4.3. Capacidade de discriminação dos “topcrosses”

A eficiência dos testadores foi inicialmente avaliada através da estimativa do índice de diferenciação (D), Fasoulas (1983). Este índice corresponde a percentagem de contraste entre duas médias que foram significativas em relação ao total, fornecido pela seguinte expressão :

$$D = \frac{\sum_{i=1}^n m_i}{n(n-1)} 200,$$

em que:

D : Índice de diferenciação;

m_i : Número de tratamentos, “topcrosses” que superou estatisticamente;

n : Número de médias envolvidas.

3.4.4. Correlação de Spearman

Utilizou-se a estimativa da correlação classificatória de Spearman, Steel e Torrie (1980), para verificar o grau de coincidência nas classificações das S_2 em função do testador utilizado, de acordo com a seguinte expressão :

$$r_s = \frac{6\sum d^2_i}{(k-1)k(k+1)},$$

em que :

r_s : Coeficiente de correlação classificatória de Spearman.

k : Número de diferenças (d's)

d : Diferenças da ordem de classificação (posições), se o número de pares é grande, a estimativa deve ser testada usando critério da equação (t), apresentado a seguir:

$$t = r_s \cdot \sqrt{\frac{n-2}{1-r_s^2}}$$

3.4.5. Análise em dialelo parcial

A análise do dialelo parcial foi realizada através das médias dos tratamentos ajustados, utilizando modelo proposto por Griffing (1956), adaptado aos cruzamentos dialélicos parciais, por Geraldí e Miranda Filho (1988), onde foram avaliadas “pq” combinações híbridas, sendo “p” famílias S_2 (Grupo 1) e “q” testadores (Grupo 2), conforme Tabela 5. O modelo estatístico adotado foi :

$$Y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + \varepsilon_{ij},$$

em que:

Y_{ij} : valor médio da combinação híbrida entre o i-ésimo progenitor do grupo 1 e j-ésimo progenitor do grupo 2;

μ : Média geral;

g_i : Efeito da capacidade geral de combinação do i -ésimo progenitor do grupo 1;

g_j : Efeito da capacidade geral de combinação do j -ésimo progenitor do grupo 2;

s_{ij} : Efeito da capacidade específica de combinação entre progenitores de ordem i e j , dos grupos 1 e 2, respectivamente;

ε_{ij} : Erro experimental médio.

TABELA 5. Tabela dialélica parcial constituindo cruzamentos entre “ p ” famílias S_2 (Grupo-I) e “ q ” testadores (Grupo-II)

GrupoI/GrupoII	T1	T2	T3 (q)
1	Y_{11}	Y_{12}	Y_{1q}
2	Y_{21}	Y_{22}	Y_{2q}
...
64(p)	Y_{p1}	Y_{p2}	Y_{pq}

O esquema da Análise de Variância em dialelo parcial ao nível de médias, envolvendo famílias S_2 e testadores, para estudo da capacidade geral e específica de combinação, baseado apenas nos cruzamentos “topcrosses”, considerando o efeito das famílias S_2 como aleatório e efeito dos testadores como fixo, é mostrado na Tabela 6.

TABELA 6. Esquema da Análise de variância ao nível de médias para o dialelo parcial segundo o método de Griffing (1956), adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988).

FV	GL	QM	F
Trat (cruzamentos)	$pq-1$		
CGC _(G1)	$p-1$	QMG ₁	QMG ₁ /QMR
CGC _(G2)	$q-1$	QMG ₂	QMG ₂ /QMR
CEC	$(p-1)(q-1)$	QMS	QMS/QMR
Resíduo	m	QMR*	

em que :

QMR : Quadrado médio do resíduo, já dividido pelo número de observações que deram origem às médias da tabela dialélica;

m : Graus de liberdade associados ao QMR.

A análise dialélica foi realizada utilizando-se o programa “GENES” desenvolvido por Cruz (1997).

3.4.6. Estimativa da heterose relativa de cada “topcross”

A estimativa da heterose relativa de cada híbrido *topcross* foi obtida pela seguinte expressão :

$$h_{ij}\% = \frac{\overline{S_{ij}} - \overline{S_i}}{\overline{S_i}} 100$$

em que :

h_{ij} : Heterose do cruzamento famílias S_2 i com testador j ;

$\overline{S_{ij}}$: Média do “topcross” da família “i” com o “topcross ‘j’”.

$\overline{S_i}$: Média de cada família S_2 *per se*.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nesse trabalho foram consideradas várias características, como já mencionadas anteriormente. Contudo, ênfase será dada apenas para peso de espigas despalhadas. Os resultados das análises de variância e das médias das demais características estão apresentadas nas Tabelas 17 a 21, em apêndice.

4.1. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

Na experimentação agrícola é fundamental que os parâmetros sejam estimados com a maior precisão possível. Normalmente utiliza-se como indicador dessa precisão o coeficiente de variação experimental (CVe). As estimativas do coeficiente de variação neste estudo situaram-se entre 14,7% e 23,4%, sendo que apenas uma delas foi superior a 20%. Segundo Pimentel Gomes (1985), CVe entre 10 e 20% é considerado médio e acima de 20% é considerado alto. Já Scapin, et al. (1995), encontraram um CVe médio de 16,2% em levantamento baseado em 66 dissertações da área de genética e melhoramento na cultura do milho da Universidade Federal de Viçosa. Propuseram então, uma nova classificação do CVe, considerando como médios os valores no intervalo de 10,5 a 22% para peso de espigas.

Alguns fatores podem ter contribuído para que as precisões dos experimentos não fossem melhores. Um deles, e provavelmente o principal, é que foram utilizados apenas duas repetições. Sabe-se que o número de repetições tem efeito direto no quadrado médio do erro e consequentemente na precisão experimental, Steel e Torrie (1980). Como foi utilizada uma parcela experimental de apenas uma linha de três metros, a precisão pode ter sido reduzida. Vale ressaltar, contudo, que existem na literatura informações sobre a viabilidade da utilização de parcelas pequenas em avaliações na cultura do milho. Chaves (1985), utilizando famílias de meios

irmãos, concluiu que parcelas de $1,0 \text{ m}^2$ foram menos eficientes na discriminação entre tratamentos em comparação com parcelas de 5 m^2 . Constatou também que a combinação entre tamanho da parcela e o número de famílias avaliadas, levou a um tamanho ótimo de parcela entre 3 e 4 m^2 . Com esse tamanho de parcela, o ganho esperado com a seleção foi maximizado.

Uma segunda causa inerente ao material genético avaliado, é a grande variabilidade genética que é esperada dentro dos topcrosses das famílias S_2 , tanto *per se*, como em cruzamento. Toda a variação genética dentro da família é incluída no erro experimental. Numa situação como essa, a utilização de parcelas maiores que a utilizada no presente trabalho poderia atenuar o efeito dessa variação. Infelizmente, não foram encontradas na literatura informações sobre o tamanho de parcelas com famílias S_2 de milho. Há disponíveis resultados utilizando famílias de meios irmãos que demonstram a viabilidade da utilização de parcelas com as dimensões empregadas nesse experimento conforme já mencionado, Chaves (1985).

Deve-se ressaltar, que a estimativa do CVe quando se utilizou as famílias S_2 *per se* foi elevada, o que corrobora a observação anterior da variação dentro das famílias. Utilizando S_2 , devido a endogamia, há como já salientado uma grande variação dentro, que é mais acentuada que nos “topcrosses”. Essa variação acarreta forte competição dentro da parcela, fazendo inclusive que algumas plantas não produzam grãos. Além do mais, como a média das S_2 *per se* é menor, isso contribui para maior estimativa de CVe, pois o desvio padrão do erro é dividido por um valor menor.

A utilização do delineamento do látice foi uma boa estratégia, haja visto, que ele foi mais eficiente que o delineamento em blocos casualizados, em todas as situações exceto no “topcross” com BR-201.

Detectou-se diferenças significativas entre as famílias S_2 com todos os testadores e também *per se* (Tabela 7). Os desempenhos médios dos “topcrosses” dos diferentes testadores foram semelhantes entre si, porém bem superiores ao obtido pelas famílias *per se*, evidenciando a ocorrência de heterose nos “topcrosses”, como será realçado posteriormente.

TABELA 7. Resumo das análises de variância para peso de espigas despalhadas (g/parcela), correspondentes aos híbridos “topcrosses” oriundos dos 3 testadores e S_2 *per se*. Lavras, 1997.

F.V.	GL	QM			
		CMS-39	BR-201	CMS-50	S_2 (“per se”)
Trat.(ajust)	63,	400108,23**	816252,28.*	677881,78**	816252,28**
Erro efetivo	49 (63)***	182102,48	391007,95	336245,36	391012,95
Média		2775,36	2753,56	2899,90	1252,41
CV _e (%)		15,37	22,71	19,99	31,20
Ef. Látice		105,42	---	105,34	110,05

*, ** Significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, pelo teste de F respectivamente.

*** Grau de liberdade da análise do BR-201, analisado em blocos casualizados.

As distribuições de freqüências do peso médio de espiga despalhadas das famílias para cada testador e S_2 *per se*, são apresentadas na Figura 1. Constata-se que os “topcrosses” apresentaram variações semelhantes entre si. No caso do CMS-39 a amplitude de variação foi de 73%, para o CMS-50 foi de 100,2% e para o BR-201 foi de 107% da média das famílias. Quando se considerou as famílias *per se* a amplitude foi muito mais acentuada, chegando a 237% do valor da média.

Em se tratando da variância genética entre as famílias (σ_p^2), apresentadas na Tabela 8, vale ressaltar que há duas situações distintas. As estimativas envolvendo o S_2 *per se* e o “topcross” quando o testador foi a própria população (CMS-39), refere-se à variância genética intrapopulacional. Já aquelas referentes aos testadores BR-201 e CMS-50 são variâncias genéticas interpopulacional, Vencovsky (1987).

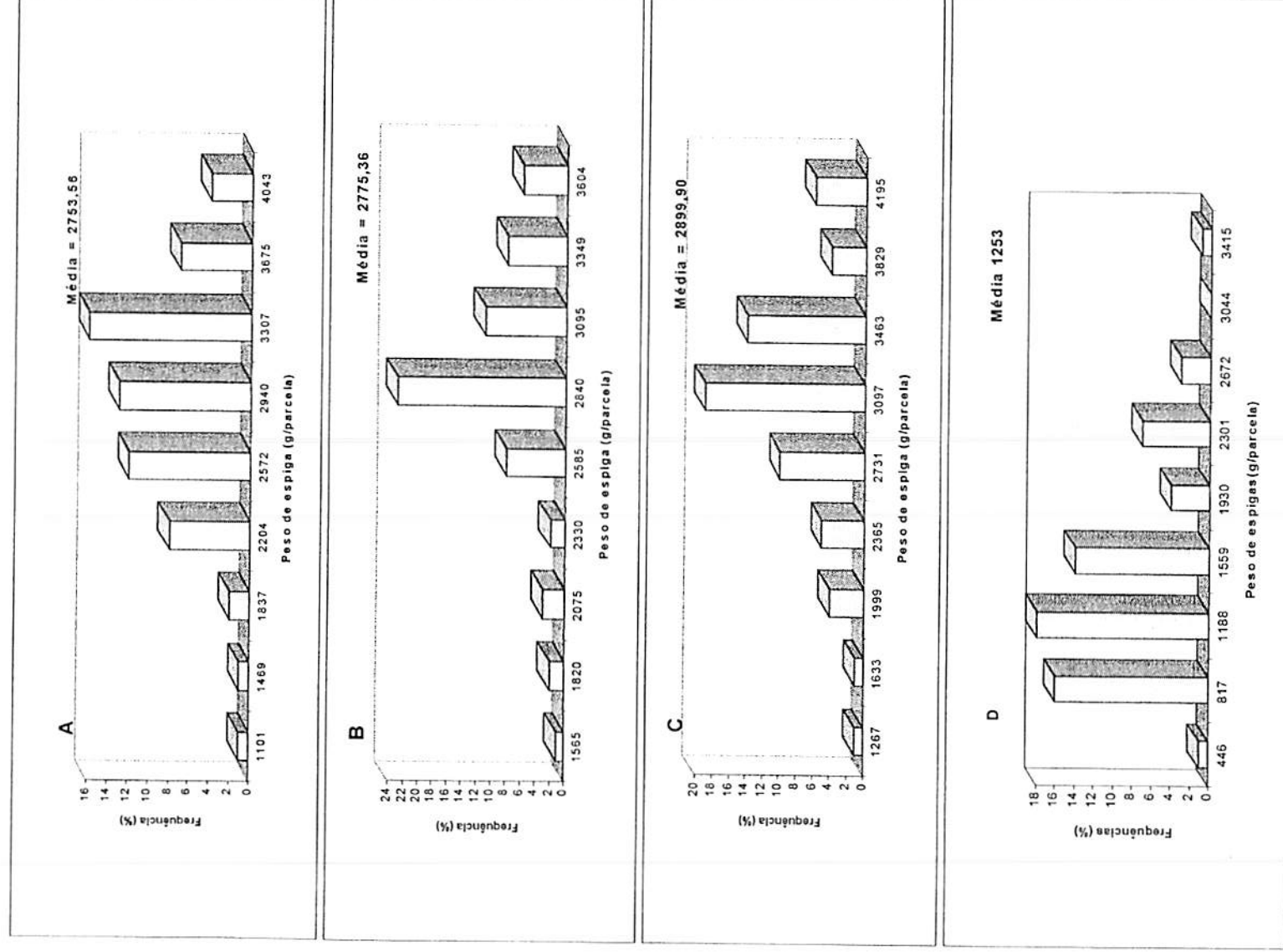


FIGURA 1. Distribuição de frequências para peso de espigas despalhadas (g/parcela), obtida dos experimentos "topcrosses": A(BR201), B(CMS-39), C(CMS-50); e D(*S₂-per se*). Lavras, 1997.

TABELA 8. Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos dos topcrosses $S_2 \times$ CMS-39, $S_2 \times$ BR-201, $S_2 \times$ CMS-50 e famílias S_2 *per se*, para peso de espiga despalhada (g/parcela). Lavras, 1997.

Parâmetro	CMS-39	BR-201	CMS-50	S_2 ("per se")
$\hat{\sigma}_p^2$	109002,87	212619,66	170818,21	301411,58
$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	200054,11	408126,14	338940,89	37776,56
CV_g	11,89	16,74	14,25	43,83
$h^2(\%)$	54,49	55,63	50,40	79,79
	(0,217-0,730)*	(0,236 - 0,737)*	(0,146 - 0,706)*	(0,652 - 0,880)*

* : Limites inferiores e superiores de confiabilidade das estimativas das herdabilidades (h^2).

Quando se compara as duas estimativas da variância genética intrapopulacional, verifica-se que aquela oriunda do S_2 é bem superior. Esse resultado é coerente com o que está contido nessas estimativas. No caso do CMS-39, a variância genética corresponde a variância entre famílias de meios irmãos ($\sigma_{p \text{ CMS-39}}^2$), e explora 7/16 da variância genética aditiva ($7/16 \sigma_A^2$), pois a expressão geral para progênies endogâmicas é dada por $\left(\frac{1+F}{4}\right) \hat{\sigma}_p^2$, Souza Júnior (1989), onde (F) corresponde ao coeficiente de endogamia, no caso de S_2 é igual a $\frac{3}{4}$.

Já quando se utilizou as famílias S_2 *per se*, tem-se segundo Souza Júnior (1989):

$$\hat{\sigma}_{S_2}^2 = 3/2 \sigma_A^2 + 1/2 \sigma_D^2 + 2 D_1 + 1/2 D_2 + 1/4 \check{H}, \text{ em que :}$$

σ_A^2 : variância genética aditiva, associada aos efeitos médios dos alelos;

σ_D^2 : variância genética de dominância, associada aos efeitos das interações intraalélicas;

D_1 : covariância genética entre os efeitos médios (aditivos) dos alelos e os efeitos de dominância dos homozigotos;

D_2 : variância genética dos efeitos de dominância dos homozigotos;

\check{H} : depressão por endogamia elevado ao quadrado.

Vale ressaltar que nesse caso, portanto, não é possível estimar σ_A^2 a partir apenas de um tipo de família, pois estão contidos também outros parâmetros .

Coerentemente com as observações anteriores, a estimativa da herdabilidade (h^2), quando se utilizou CMS-39, foi inferior às herdabilidades das famílias S_2 *per se*. Isto porque com o CMS-39 a estimativa de herdabilidade corresponde a herdabilidade entre médias de famílias no sentido restrito. O numerador da expressão de h^2 contém apenas $\frac{1}{4} \sigma^2_A$. Com as S_2 *per se*, o numerador da expressão de h^2 conterá também todos os componentes da variância genética entre famílias comentados anteriormente ($\frac{3}{2} \sigma^2_A + \frac{1}{2} \sigma^2_D + 2D_1 + \frac{1}{2} D_2 + \frac{1}{4} \check{H}$).

Quanto a confiabilidade das estimativas da herdabilidade, nota-se na Tabela 8, que para as famílias S_2 avaliadas “*per se*”, para um coeficiente de herdabilidade de 0,79 o intervalo de confiança foi de 0,65-0,88. Apesar deste grupo apresentar maior CVe, o intervalo é relativamente estreito, indicando assim boa precisão. Já no caso dos “topcrosses” entre S_2 e BR-201, para um coeficiente de herdabilidade de 0,50, o intervalo foi maior de - 0,15 a 0,70.

A estimativa de herdabilidade (h^2) utilizando o CMS-39 como testador é superior às relatadas na literatura utilizando famílias de meios irmãos intrapopulacional. Em levantamento realizado por Ramalho (1977), envolvendo 30 experimentos de avaliação com famílias de meios irmãos, a estimativa da herdabilidade para peso de grãos foi de 9,67% e apenas duas populações apresentaram h^2 superior a 20%. Já Vencovsky et al. (1988) analisando resultados de 58 experimentos envolvendo meios irmãos, encontraram valores de herdabilidade ao nível de indivíduos variando de 1,5 a 29,0% com h^2 média de 11,0%. A comparação dessas estimativas com as obtidas no presentetrabalho não são pertinentes, isto porque mesmo quando se utilizou famílias de meios irmãos nesse trabalho, as estimativas de herdabilidade foram ao nível de famílias e não ao nível de indivíduo, como as relatadas na literatura comentada.

Comparando-se as estimativas de variâncias interpopulacionais, a variância genética entre famílias de meios irmãos usando o CMS-50 [$\hat{\sigma}^2_{P(CMS-50)}$] e BR-201 [$\hat{\sigma}^2_{P(BR-201)}$], pode-se inferir que elas são semelhantes. Constatou-se então que esses dois testadores contribuíram igualmente para a liberação da variabilidade. As estimativas obtidas da herdabilidade são coerentes com essa observação, ou seja, também foram semelhantes nestes dois testadores.

Com relação às estimativas dos componentes da variância interpopulacional os resultados disponíveis são em menor número. Contudo, há alguns relatos no Brasil que mostram existir variabilidade aditiva interpopulacional indicando a possibilidade de sucesso com a seleção. A herdabilidade (h^2) ao nível de média de famílias para a seleção interpopulacional relatada por Pelicano

(1990) foi de 50% para BR-106 e 42% para a BR-105, ambas como fêmeas, o que comprova a possibilidade de sucesso com a seleção recorrente interpopulacional.

As estimativas da variância genética dos “topcrosses” interpopulacional $\hat{\sigma}_{P(CMS-50)}^2$ e $[\hat{\sigma}_{P(BR-201)}^2]$, foram superiores à $[\hat{\sigma}_{P(CMS-39)}^2]$ (intrapopulacional). Isto demonstra que a liberação de variabilidade utilizando testadores não relacionados é maior do que quando se utilizou a própria população.

Depreende-se pelos resultados apresentados que as estimativas de variância não possibilitaram discriminar o testador mais apropriado. Isso provavelmente ocorreu porque as estimativas de variâncias são normalmente associadas a erros acentuados.

4.2. Capacidade de combinação dos testadores

Para as estimativas da capacidade de combinação considerou-se um cruzamento dialelo parcial (Tabela 9). Constata-se que todas as fontes de variação foram significativas, indicando que ocorrem diferença entre as famílias e os testadores, tanto para a capacidade geral de combinação como específica.

TABELA 9. Análise do dialelo parcial das médias dos tratamentos ajustados de peso de espigas despalhadas (g/parcela), envolvendo famílias S_2 , testadores e “topcrosses”, para estudo da capacidade geral e específica de combinação. Lavras, 1997.

F.V.	G.L	Q.M.	($P \leq \alpha$)
CRUZAMENTOS (“topcrosses”)	191	633144,313**	0,0000
C.G.C. (G-I)	63	645111,875**	0,0001
C.G.C. (G-II)	2	796928,000	0,0801
C.E.C. (I x II)	126	624560,750**	0,0000
RESÍDUO	161	310763,094	

Coerentemente com a significância observada para o efeito da CGC do Grupo I, constata-se uma enorme variação nas estimativas de g_i entre as famílias S_2 . Destacaram-se as famílias de número 41, 15, 36 e 4, (Tabela 10) como sendo as que possuem maior capacidade

geral de combinação. O mais expressivo é o resultado da estimativa dos testadores. Verifica-se que a maior estimativa de CGC foi obtida pela variedade CMS-50.

Ocorreu também uma ampla variabilidade nas estimativas da capacidade específica de combinação (CEC) dos “topcrosses” de acordo com o testador (Tabela 11). Os maiores valores de capacidade específica de combinação foram observados para as família 52 quando em cruzamento com CMS-50 e a família 29 cruzada com CMS-39. As informações da capacidade específica de combinação (CEC) são importantes se algum dos testadores for utilizado para a extração de linhagens visando a produção de híbridos. Esse inclusive é o principal argumento para se utilizar como testador de famílias endogâmicas, uma população que esteja sendo utilizada como fonte de linhagem, mas que seja de grupo heterótico diferente, Hallauer e Miranda Filho (1988).

TABELA 10. Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (g_i e g_j) associados aos grupos I e II de acordo com modelo de Griffing (1956). Lavras, 1997.

EFEITO DA C.G.C. ASSOCIADO AO GRUPO I			
Famílias	Efeito	Famílias	Efeito
1	-257,86	33	-514,54
2	-163,52	34	-278,98
3	41,68	35	-260,55
4	491,40	36	503,87
5	203,49	37	-301,58
6	-95,07	38	209,45
7	-94,52	39	191,32
8	69,45	40	-137,21
9	183,86	41	729,58
10	429,76	42	283,25
11	-68,99	43	-574,73
12	-390,67	44	-416,24
13	-297,90	45	-149,65
14	-794,77	46	119,33
15	767,04	47	407,53
16	30,98	48	-49,32
17	-61,08	49	-251,79
18	161,76	50	98,25
19	516,65	51	76,91
20	196,42	52	126,66
21	-144,77	53	-169,35
22	396,84	54	-205,29
23	93,38	55	79,71
24	232,13	56	287,95
25	-505,06	57	222,13
26	234,07	58	34,80
27	0,77	59	366,61
28	-96,48	60	331,29
29	-358,42	61	-793,11
30	-255,71	62	-41,55
31	-123,85	63	223,56
32	-76,27	64	-413,09
ERRO PADRAO (G_i):		225,80	
ERRO PADRAO (G_i-G_i'):		321,85	
EFEITO DA CGC ASSOCIADO AO GRUPO II			
TESTADOR		EFEITO	
1 (BR-201)		-34,25	
2 (CMS-39)		-56,05	
3 (CMS-50)		90,30	
ERRO PADRAO (G_i):		40,23	
ERRO PADRAO (G_j-G_j'):		69,68	

TABELA 11. Estimativas dos efeitos das capacidades específicas de combinação (CEC) de cada cruzamento S_2 x testador e estimativas dos erros-padrão. Lavras, 1997.

EFEITO DA C.E.C.			
GRUPO I	GRUPO II (TESTADORES)		
(S_2)	1 (CMS-39)	2 (BR-201)	3(CMS-50)
1	213,17	-24,46	-188,71
2	583,77	533,51	-1117,27
3	-317,64	-316,19	633,83
4	-60,17	-94,30	154,48
5	-998,02	853,60	144,42
6	425,69	5,65	-431,34
7	178,42	106,88	-285,30
8	145,61	-427,63	282,02
9	390,54	-530,79	140,25
10	189,23	86,50	-275,73
11	673,72	-21,37	-652,34
12	121,11	-192,47	71,36
13	-165,31	617,48	-452,16
14	121,17	528,55	-649,72
15	-638,13	426,03	212,10
16	-1124,15	548,13	576,03
17	130,41	222,55	-352,96
18	199,61	-449,52	249,92
19	-268,94	681,51	-412,57
20	185,40	-795,90	610,50
21	118,98	-867,73	748,75
22	-229,89	-270,75	500,64
23	142,89	609,86	-752,75
24	283,17	-417,65	134,48
25	-434,46	253,99	180,48
26	-283,74	89,41	194,34
27	30,74	-96,22	65,48
28	860,80	-800,63	-60,17
29	943,59	183,56	-1127,15
30	482,67	-280,57	-202,10
31	-639,01	738,57	-99,56

Continuação da TABELA 11.

EFEITO DA C.E.C.			
(G- I)	GRUPO II (TESTADORES)		
(S ₂)	1(CMS-39)	2(BR-201)	3(CMS-50)
32	351,77	-424,98	73,22
33	14,41	-846,71	832,30
34	-218,69	626,13	-407,43
35	-619,67	606,16	13,51
36	66,61	-618,85	552,24
37	39,94	609,09	-649,03
38	-274,45	525,28	-250,83
39	271,00	-283,81	12,82
40	445,36	-244,52	-200,84
41	-195,43	175,68	19,75
42	-366,64	335,62	31,02
43	184,95	-756,22	571,28
44	65,78	-96,97	31,19
45	-143,21	613,55	-470,34
46	64,39	286,05	-350,44
47	-449,10	688,02	-238,92
48	-56,12	106,65	-50,53
49	364,29	-476,92	112,63
50	180,84	-235,12	54,28
51	-110,68	360,18	-249,50
52	-1274,68	360,49	914,19
53	16,37	-634,51	618,15
54	366,76	297,17	-663,93
55	161,03	44,72	-205,74
56	-352,02	-9,32	361,35
57	533,13	-996,34	463,22
58	-177,17	-7,53	184,58
59	-302,07	382,31	-80,24
60	-589,80	405,80	184,01
61	399,12	-921,75	522,63
62	123,31	-479,59	356,28
63	13,68	393,30	-406,97
64	205,76	-682,60	476,84
ERRO PADRÃO (S _{ij}) :		319,326	
ERRO PADRÃO (S _{ij} -S _{ik}) :		553,089	
ERRO PADRÃO (S _{ij} -S _{kj}) :		455,165	
ERRO PADRÃO (S _{ij} -S _{kl}) :		449,800	

4.3. Capacidade de discriminação dos testadores

Quando se avalia n tratamentos são possíveis a comparação de $n(n-1)/2$ contrastes 2 a 2. O índice de diferenciação “D” de Fasoulas (1983), fornece a proporção de contrastes significativos em relação ao total. Desse modo, o testador que conseguir discriminar maior número de famílias representará maior valor de “D”. No presente caso os testadores CMS-39, BR-201 e CMS-39 apresentaram valores semelhantes de “D”, 9,47 , 8,73 , 7,78 respectivamente, (Tabela 7). Infere-se que todos os testadores conseguiram discriminar praticamente o mesmo número de contrastes.

Na Tabela 12 são apresentadas também as médias dos “topcrosses” de todas as famílias S_2 . Embora não houvesse uma perfeita concordância na classificação das famílias em função do testador utilizado, constata-se que a melhor família identificada por cada testador, superou estatisticamente um número semelhante de tratamentos.

Vale ressaltar, que as famílias com maior estimativa de capacidade geral de combinação (CGC), como era de se esperar, estiveram de um modo geral entre as de maior média nos três testadores. A família 15 com maior CGC ficou na 2ª posição na ordem classificatória com o BR-201, 3ª com o CMS-50 e 28ª com o CMS-39. Outro exemplo é a família 41, com segunda colocação no valor de CGC, ocupou a 8ª posição na ordem classificatória com o CMS-39, 5ª com BR-201 e a 6ª com CMS-50.

TABELA 12. Capacidade de discriminação dos testadores, de acordo com o índice "D", e índice de performance (P), Fasoulas (1983) para peso de espigas despalhadas (PED), dos híbridos "topcrosses", baseado no teste de médias Duncan (0,05). Lavras, 1997.

Ordem de Classif.	CMS-39			BR-201			CMS-50		
	S ₂	PED	P	S ₂	PED	P	S ₂	PED	P
1	28	3540	21	19	3952	25	36	3956	24
2	57	3531	21	15	3947	25	52	3941	22
3	10	3394	16	47	3849	24	15	3879	18
4	11	3380	16	5	3811	22	22	3797	16
5	29	3361	14	41	3659	14	20	3707	14
6	9	3350	14	59	3502	10	41	3649	11
7	36	3346	14	60	3491	10	57	3585	8
8	41	3310	11	38	3488	10	3	3575	8
9	24	3291	11	23	3457	10	56	3549	8
10	39	3238	11	42	3372	8	4	3546	8
11	4	3207	11	63	3370	8	16	3507	8
12	2	3196	11	31	3368	8	21	3504	8
13	20	3157	10	16	3333	8	60	3415	4
14	18	3137	10	10	3270	6	53	3349	3
15	6	3106	10	52	3241	6	26	3328	3
16	40	3084	10	45	3217	5	18	3312	3
17	50	3054	8	51	3191	5	24	3267	3
18	32	3051	8	46	3159	5	8	3251	3
19	19	3023	6	4	3151	5	5	3248	3
20	55	3016	6	2	3124	5	9	3224	3
21	63	3013	6	34	3101	5	33	3218	3
22	23	3012	6	35	3099	5	62	3215	3
23	30	3002	6	26	3077	5	42	3214	3
24	8	2990	6	13	3073	5	59	3186	3
25	46	2959	6	37	3061	5	58	3119	3
26	22	2942	3	56	3032	5	39	3104	3
27	54	2937	3	17	2915	2	47	3069	3
28	15	2904	3	22	2880	2	10	3054	3
29	49	2888	2	55	2878	2	50	3052	3
30	7	2859	2	54	2845	2	19	3004	3
31	62	2857	2	48	2811	2	27	2966	3
32	17	2845	2	58	2781	2	64	2964	3
33	59	2840	2	7	2766	2	32	2897	3
34	27	2807	2	6	2664	2	43	2896	2
35	21	2750	2	11	2663	2	38	2859	2
36	51	2742	2	39	2661	2	48	2800	0
37	47	2734	1	27	2658	2	55	2774	0
38	1	2731	1	36	2639	2	49	2761	0
39	26	2726	1	50	2617	2	28	2743	0
40	56	2711	1	29	2579	0	51	2727	0
41	38	2710	1	24	2568	0	63	2716	0
42	42	2692	1	25	2502	0	31	2676	0
43	48	2670	0	14	2487	0	46	2669	0
44	58	2633	0	3	2479	0	35	2653	0
45	53	2622	0	1	2471	0	61	2629	0
46	64	2568	0	18	2466	0	12	2581	0
47	60	2517	0	9	2407	0	25	2575	0
48	37	2514	0	8	2395	0	40	2562	0
49	12	2506	0	40	2372	0	7	2520	0
50	3	2499	0	32	2252	0	44	2515	0
51	45	2482	0	44	2240	0	17	2486	0
52	44	2425	0	62	2232	0	1	2453	0
53	43	2386	0	30	2217	0	30	2442	0
54	61	2381	0	12	2170	0	6	2373	0
55	13	2312	0	20	2154	0	45	2280	0
56	34	2278	0	49	2025	0	23	2241	0
57	33	2275	0	57	1979	0	34	2213	0
58	14	2102	0	53	1950	0	11	2179	0
59	31	2013	0	28	1856	0	13	2150	0
60	5	1981	0	21	1741	0	54	2031	0
61	35	1895	0	64	1658	0	37	1949	0
62	25	1836	0	43	1423	0	2	1619	0
63	16	1682	0	33	1392	0	14	1455	0
64	52	1627	0	61	1039	0	29	1414	0

CMS-39 D=9,47

BR-201 D= 8,73

CMS-50 D=7,78

4.4. Estimativas de correlações entre médias das famílias S₂

Para certificar se ocorreu coincidência entre os testadores para classificação das famílias S₂ foi estimado o coeficiente de correlação classificatória de Spearman (Tabela 13). Constata-se que todas as estimativas não diferiram de zero, indicando assim, que a classificação das famílias foi diferente de acordo com o testador utilizado.

Esses resultados são coerentes com a significância da capacidade específica de combinação (Tabela 11). Verifica-se que o desempenho do “topcross” dependeu do testador utilizado, como já mencionado anteriormente. Esses valores da correlação estão de acordo com vários trabalhos apresentados na literatura, como o de Keller (1949), que encontrou baixa correlação entre o desempenho das famílias “topcrosses” quando utilizou diferentes testadores. O mesmo fato foi constatado por Lonquist e Runbaugh (1958). Estes avaliaram o mérito relativo de dois testadores, um de ampla base genética (parental), e um híbrido simples, obtendo uma estimativa de $r = -0,08$.

TABELA 13. Correlações de Spearman entre “topcrosses”, para produção de espiga despalhada, em g/parcela. Lavras, 1997.

	BR-201	CMS-50
CMS-39	-0.0852	0.1026
BR-201		0.0418

Green (1948) também comparou o valor relativo de dois testadores, uma variedade de baixa produção e outra de alta produção (híbrido duplo), e não encontrou também correlação alta entre os dois testadores, sugerindo utilizar na seleção a performance média dos “topcrosses” com ambos os testadores. Por outro lado Aguilar Moran (1990), avaliou linhagens S₆ de dois compostos de milho em cruzamento com quatro testadores de base genética estreita (duas linhagens e dois híbridos simples). Obteve estimativas das correlações de Spearman variando de 0,26 à 0,70. Embora esses valores sejam maiores do que os obtidos no presente trabalho, foram observadas discrepâncias de classificação entre os testadores.

Também era interesse verificar qual a associação entre o desempenho das famílias *per se* e dos “topcrosses”. As estimativas da correlação classificatória de Spearman e genética

(Tabela 14), novamente evidenciaram que esta associação foi nula em todos os casos. Mesmo quando foram consideradas as médias dos três “topcrosses”, o desempenho não foi coincidente.

TABELA 14. Correlações de Spearman e Genética entre famílias S_2 e híbridos “topcrosses” para peso de espiga despilhada em g/parcela. Lavras, 1997.

	(r = Spearman)	(r = Genética)
CMS-39	-0.0528	-0,1087
BR-201	-0.861	-0,1509
CMS-50	0.0395	-0,0658
Média dos “Topcrosses”		-0,1840

Esses resultados de um modo geral, concordam com inúmeros outros resultados relatados na literatura (Tabela 15). É particularmente expressiva a baixa correlação entre o desempenho das famílias S_2 *per se* e do “topcross” com o CMS-39 (Tabela 14), isto é, a correlação entre as famílias S_2 *per se* e o meio irmão interpopulacional, que como mencionado, foi nula também. Há de se ressaltar que, essa correlação pode ter sido baixa por algumas razões. A primeira delas é a baixa precisão experimental com que foram obtidas as médias especialmente das famílias *per se*. Uma segunda causa está relacionada a amostragem deficiente das famílias S_2 . Isto é, para representar estas famílias, foram utilizadas duas repetições com parcelas de três metros, ou seja, 30 plantas. Considerando a segregação dentro das famílias S_2 é possível que esse número não seja suficiente para representa-la. Infelizmente, não foram encontradas na literatura informações sobre o número de indivíduos para representar a família S_2 . Essa observação é também válida na amostragem dos indivíduos S_2 para a obtenção dos “topcrosses”. Esse erro amostral deve contribuir para reduzir as estimativas das correlações entre o desempenho do S_2 *per se* e em “topcross”.

Finalmente uma terceira causa da baixa correlação entre S_2 e meios irmãos, é a diferença na depressão endogâmica das famílias utilizadas. Esse fato contribui também para que não haja concordância no desempenho das famílias do S_2 *per se* e os respectivos meios irmãos.

TABELA 15. Estimativas da correlação entre o desempenho das linhagens e seus híbridos reportadas na literatura. Adaptado de Hallauer e Miranda Filho (1988).

Autores	r (produção)
Nilsson Leissner (1927)	0.05--0.46
Jorgenson e Brewbaker (1927)	0.08--0.50
Johson e Hayes (1936, 1939)	0.25--0.02
Jenkins(1929)	0.02--0.14
Lonquist e Lindsey (1964)	0.17--0.30
Genter e Alexander (1966)	0,15--0,61
Gama e Hallauer (1977)	(média de 0.22)
Buitrago (1996)	(0.18 -- 0.24),(0.56--0.57)

Comentários semelhantes foram feitos por Gama e Hallauer (1977). Esses autores conduziram estudos para linhagens não selecionadas e seus cruzamentos simples no desenvolvimento de híbridos do sintético Iowa (SSS). As correlações genéticas foram determinadas de oito caracteres e foram também pequenas em todas as instâncias para serem considerados preditivas. Coeficientes de correlações para produção por exemplo foram somente 0,09 e 0,11. Estes autores fazem considerações quanto a grande variação das estimativas de correlações em diferentes experimentos. Apresentam como possíveis causas o tamanho de amostra das populações, os tipos de cruzamentos avaliados e as diferenças ambientais em que as linhagens e híbridos são avaliados. Isto tudo pode minimizar as estimativas das correlações de linhagens e seus híbridos.

Buitrago (1996), procedeu comparação de três processos seletivos para identificação de linhagens superiores em duas populações de milho, (BR-105 e BR-106), obtendo correlações genéticas entre S_1 *per se* e “topcrosses” bem superiores entre as progênies da população BR-106 (0.56-0.57) quando comparadas às progênies da população BR-105 (0.18-0.24). Segundo o autor, estas discrepâncias foram devidas possivelmente à diferenças na estrutura genética nas populações.

Estudos teóricos foram realizados por Smith (1986) a respeito da relação entre linhagens *per se* e o comportamento dos “topcrosses” para examinar as possíveis razões para os baixos valores das correlações. Os resultados indicaram que, para caracteres condicionados por um grande número de locos mostrando dominância completa, as correlações entre linhagens *per*

se e o comportamento dos “topcrosses”, espera-se que seja menor que 0,5. Isso é devido aos efeitos mascaradores de alelos favoráveis dominante no testador. A baixa correlação entre linhagens *per se* e o comportamento dos “topcrosses” pode indicar que a quantidade de ação gênica não aditiva está afetando o comportamento dos “topcrosses”.

4.5. Estimativas da heterose de cada “topcross”

As estimativas da heterose relativa de cada “topcross” e a média destas heteroses em seus respectivos testadores, estão relacionados na Tabela 16. Observa-se uma grande variação entre as médias dos “topcrosses” e heteroses dentro de cada testador. A média das estimativas das heteroses quando se usou o CMS-50 foi superior aos demais, evidenciando assim uma maior complementariedade alélica com esse material. Em termos práticos representa que pode-se obter melhores combinações híbridas entre as S_2 e o CMS-50, quando comparado com os demais cruzamentos efetuados. Já o comportamento da média das heteroses do BR-201 e CMS-39 foram semelhantes a nível de um loco. As estimativas da heterose dentro de cada testador variaram, destaque positivo foi o desempenho das progênies 41, 15 e 46 que com todos os testadores obtiveram uma estimativa da heterose no mínimo 4 vezes superior ao desempenho *per se*.

Através da expressão da capacidade geral de combinação $CGC = \bar{C}_i - \bar{C} = (p_i - \bar{p}) [\alpha + (1 - 2t) \delta]$, apresentada por Vencovsky (1987), pode-se fazer inferências sobre as estimativas da heterose obtidas. Nesta expressão p_i é a frequência do alelo favorável na família S_2 considerada e \bar{p} a frequência alélica média do grupo de famílias avaliadas. Os demais componentes já foram definidos anteriormente.

Comparando os valores das médias de produção e a heterose dos “topcrosses”, dentro de cada testador, verifica-se que, como o testador é comum ao grupo analisado, a frequência t será constante. Sendo assim, as diferenças nas estimativas da capacidade de combinação é função direta da frequência alélica da família $(p_i - \bar{p})$. Com isso, altas capacidades de combinação ocorrerão, em geral, para aquelas famílias com maior frequência de alelos favoráveis (p_i). Dessa forma pode-se argumentar que as famílias 41, 15 e 46 mencionadas anteriormente possuem maior frequência de alelos favoráveis.

TABELA 16. Estimativa da heterose de cada "topcross" em relação as S_2 *per se*, média dos híbridos "topcrosses" em cada cruzamento com os testadores para peso de espigas despalhadas (g/parcela). Lavras, 1997.

Fam. S_{2i}	S_2 <i>per se</i>	CMS-39	Heterose (%)	BR-201	Heterose (%)	CMS-50	Heterose (%)
1	722,8	2730,7	277,8	2471,2	241,9	2453,3	239,4
2	2457,8	3195,6	30,0	3123,6	27,1	1619,1	-34,1
3	2532,3	2499,4	-1,3	2479,1	-2,1	3575,4	41,2
4	986,7	3206,6	225,0	3150,7	219,3	3545,8	259,4
5	1237,3	1980,8	60,1	3810,7	208,0	3247,8	162,5
6	1762,8	3106,0	76,2	2664,1	51,1	2373,5	34,6
7	831,3	2859,3	243,9	2765,9	232,7	2520,1	203,1
8	1354,2	2990,4	120,8	2395,4	76,9	3251,4	140,1
9	989,6	3349,8	238,5	2406,6	143,2	3224,0	225,8
10	805,7	3394,3	321,3	3269,8	305,8	3053,9	279,0
11	1342,3	3380,1	151,8	2663,2	98,4	2178,6	62,3
12	701,9	2505,8	257,0	2170,4	209,2	2580,6	267,6
13	2079,1	2312,1	11,2	3073,1	47,8	2149,8	3,4
14	2080,6	2101,8	1,0	2487,3	19,5	1455,4	-30,1
15	612,5	2904,3	374,2	3946,6	544,3	3879,0	533,3
16	1239,0	1682,2	35,8	3332,7	169,0	3506,9	183,0
17	682,2	2844,7	317,0	2915,0	327,3	2485,9	264,4
18	1769,0	3136,7	77,3	2465,8	39,4	3311,6	87,2
19	923,1	3023,1	227,5	3951,7	328,1	3004,0	225,4
20	1610,8	3157,2	96,0	2154,1	33,7	3706,8	130,1
21	1479,9	2749,6	85,8	1741,1	17,7	3503,9	136,8
22	1880,9	2942,3	56,4	2879,7	53,1	3797,4	101,9
23	1226,4	3011,6	145,6	3456,8	181,9	2240,5	82,7
24	1908,8	3290,7	72,4	2568,0	34,5	3266,5	71,1
25	662,0	1835,8	177,3	2502,5	278,0	2575,3	289,0
26	1390,9	2725,7	96,0	3077,0	121,2	3328,3	139,3
27	1294,2	2806,9	116,9	2658,1	105,4	2966,2	129,2
28	965,6	3539,7	266,6	1856,5	92,3	2743,3	184,1
29	943,0	3360,5	256,4	2578,7	173,5	1414,3	50,0
30	1464,7	3002,3	105,0	2217,3	51,4	2442,1	66,7
31	1089,2	2012,5	84,8	3368,3	209,3	2676,5	145,7
32	759,3	3050,9	301,8	2252,3	196,6	2896,9	281,5

Tabela 16. Continuação

Fam. S _{2i}	S2 <i>per se</i>	CMS-39	Heterose (%)	BR-201	Heterose (%)	CMS-50	Heterose (%)
33	3603,3	2275,2	-36,9	1392,3	-61,4	3217,7	-10,7
34	2653,1	2277,7	-14,1	3100,7	16,9	2213,5	-16,6
35	1166,8	1895,1	62,4	3099,2	165,6	2652,9	127,4
36	706,2	3345,8	373,8	2638,6	273,6	3956,0	460,2
37	649,9	2513,7	286,8	3061,1	371,0	1949,3	199,9
38	1833,2	2710,4	47,8	3488,3	90,3	2858,5	55,9
39	1627,5	3237,7	98,9	2661,1	63,5	3104,0	90,7
40	1981,6	3083,5	55,6	2371,8	19,7	2561,9	29,3
41	750,5	3309,5	341,0	3658,8	387,5	3649,2	386,3
42	1286,5	2692,0	109,2	3372,4	162,1	3214,2	149,8
43	447,5	2385,6	433,1	1422,6	217,9	2896,5	547,3
44	730,5	2424,9	232,0	2240,4	206,7	2514,9	244,3
45	1119,2	2482,5	121,8	3217,5	187,5	2279,9	103,7
46	419,0	2959,1	606,1	3158,9	653,8	2668,8	536,9
47	925,2	2733,8	195,5	3849,1	316,0	3068,5	231,6
48	1124,3	2669,9	137,5	2810,9	150,0	2800,1	149,0
49	2307,7	2887,9	25,1	2024,9	-12,3	2760,7	19,6
50	322,8	3054,5	846,2	2616,7	710,6	3052,4	845,5
51	1323,3	2741,6	107,2	3190,7	141,1	2727,3	106,1
52	1051,7	1627,3	54,7	3240,7	208,1	3940,8	274,7
53	956,7	2622,4	174,1	1949,7	103,8	3348,7	250,0
54	701,4	2936,8	318,7	2845,4	305,7	2030,7	189,5
55	823,5	3016,1	266,2	2878,0	249,5	2773,9	236,8
56	1589,1	2711,3	70,6	3032,2	90,8	3549,2	123,3
57	844,8	3530,6	317,9	1979,4	134,3	3585,3	324,4
58	969,1	2633,1	171,7	2780,8	187,0	3119,3	221,9
59	750,5	2839,9	278,4	3502,5	366,7	3186,3	324,5
60	1248,9	2516,8	101,5	3490,7	179,5	3415,2	173,4
61	1281,8	2381,4	85,8	1038,7	-19,0	2629,4	105,1
62	1493,5	2857,1	91,3	2232,4	49,5	3214,6	115,2
63	1151,6	3012,6	161,6	3370,4	192,7	2716,5	135,9
64	527,6	2568,0	386,7	1657,9	214,2	2963,7	461,7
Média	1252,31	2775,3	178,3	2753,5	174,4	2899,9	189,8
<i>Média</i>							
<i>per se</i>	<u>1252.31</u>	<u>3124.99</u>		<u>2390.46</u>		<u>2029.87</u>	

Outra comparação refere-se às estimativas da heterose relacional de cada “topcross”, ou seja, de cada família com os diferentes testadores. Agora, a parte da expressão $(p_i - \bar{p})$ será constante, pois a frequência alélica da família (p_i) é a mesma. Desta forma, a estimativa da capacidade geral de combinação dependerá diretamente da frequência de alelos favoráveis do testador (t), ou seja, da segunda parte da expressão, $(1 - 2t)$, considerando a presença dos efeitos dominância ($\delta \neq 0$). Verifica-se assim que quanto menor a frequência alélica no testador, maior será a estimativa da capacidade geral de combinação (CGC). Portanto, considerando as estimativas da capacidade geral de combinação obtidas para os três testadores, constata-se que o CMS-50 apresentou maior valor para CGC. Há de se considerar também que este mesmo testador foi o que apresentou menor média de produção *per se*, ou seja, menor frequência alélica, (Tabela 16). Os resultados obtidos estão coerentes com a teoria genética de que o melhor testador é aquele que possui menor frequência de alelos favoráveis, como é constantemente realçado na literatura, Hull (1945), Rawling e Thompson (1962), Hallauer e Miranda Filho (1988), Aguilar Moran (1990), Venkovsky e Barriga (1992).

5. CONCLUSÕES

- Só foi possível discriminar os testadores em função da capacidade de combinação e das estimativas das heteroses. A população CMS-50, a de menor média *per se* se destacou como melhor testador.
- As estimativas das correlações do desempenho das progênes nos diferentes testadores e também *per se* foram praticamente nulas, evidenciando que o comportamento das famílias em “topcross” varia com o testador, e que o seu comportamento *per se* não possibilita predizer o comportamento em combinações híbridas. Contudo, algumas progênes se destacaram tanto *per se* como em combinações híbridas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGUIAR, P. A. de. **Avaliação de progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambientes.** Lavras: UFLA, 1986. 69 p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- AGUILAR MORAN, J.F., **Comparação de testadores para avaliação da capacidade de combinação de linhagens de milho (*Zea mays* L.).** Piracicaba: USP/ ESALQ, 1990 (Tese-Doutorado Genética e Melhoramento de Plantas).
- ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético de plantas,** Rio Janeiro: Edgard Blucher, 1971. 381 p.
- ALLISON, J.C.S.; CURNOW, R.N. On the choice of tester parent for the breeding synthetic varieties of maise (*Zea mays* L.) **Crop Science**, Madison, v. 6, , p. 541-544, Nov./Dec 1966.
- BERNARDO, R. Correlation between testcross performance of lines at early and late selfing generations. **Theoretical and applied genetics**, Berlin, v.82, p. 17-21, May, 1991
- BUITRAGO, I. C. **Comparação de três processos seletivos para identificação de linhagens S₁ superiores em milho (*Zea mys* L.).** Piracicaba: USP/ESALQ,1996. 127 p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- CHAVES, L. J. **Tamanho de parcela para seleção de progênies de milho (*Zea mays* L.).** Piracicaba: USP/ESALQ, 1985. 148p. (Tese-Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)
- CRUZ, C. D. **Análise dialélica e correlações entre caracteres em combinações híbridas de linhagens endogâmicas de milho (*Zea mays* L.).** Viçosa: UFV, 1983. 56 p. (Dissertação-Mestrado Genética e Melhoramento de Plantas).
- CRUZ, C. D. **Programa GENES; aplicativo computacional em genética e estatística.** Viçosa: UFV, 1997. 442p.

- CRUZ, C. D., REGAZZI A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, Viçosa : UFV, 1994. 390p.
- DAVIS, R.L. Report of the plant breeder. **Agricultural Experiment Station**, Puerto Rico Experiment Station, 1927, p.14-15 .
- DAVIS, R.L. Maize crossing values in second generation lines . **Journal Agricultural. Research.**, Lahere v.48, p.339-359, 1934
- DANTAS, J.L.L., **Cruzamentos dialélicos parciais para avaliação de híbridos intermediários e entre duas populações de milho (*Zea mays* L.)**. Piracicaba: USP/ESALQ, 1992. p.216 (Tese- Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- EAST, E. M.; **Inbreeding in corn**. Connecticut Agricultural Experiment Station. 1908, p.419-428.
- FASOULAS, A. C. Rating cultivars and trials in applied plant breeding. **Euphytica**, Netherlands, v.32, n.3, p.939-943, Nov. 1983.
- FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: MacMillian Publishing, 1987. 525p.
- GAMA, E. E. G.; HALLAUER A. R., Relation between inbred and hybrid traits in maize. **Crop Science**, Madison, v.17, n.5, p. 703-706, Sept-Oct, 1977.
- GONÇALVES, P. S. **Esquema circulante de cruzamento para avaliação de linhagens de milho (*Zea mais* L.) ao nível interpopulacional**, Piracicaba: USP/ESALQ, 1987.140p. (Tese- Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)
- GERALGI, I. O., MIRANDA FILHO. J. B., Adapted models for analysis of combining ability of varieties in partialdiallel crosses. **Brasilian Journal Genetics**, São Bernardo do Campos, v.2, p.419-430, 1988.
- GREEN, J. M. Relative value of two testers for estimating top-cross performance in segregating maize progenies. **Journal of American Society of Agronomy**, Madison, v. 40, p. 45-57, 1948.
- GRIFFING, A. R. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. **Australian Journal Biological Science**, Victoria, v.9, p.463-493, 1956.
- HALLAUER, A.R., Methods used in developing maize inbreds. **Maydica**, Ames, v.35: p.1-16, October, 1990.

- HALLAUER, A.R. ; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2.ed. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468p.
- HALLAUER , A.R. Relation of gene action and type of tester in maize breeding procedures. **Corn and Sorghum Research Conference**, Washington, n.12, v.30: p.150-165.1975.
- HALLAUER e LOPES PEREZ, Comparisons among testers for evaluating lines of corn. **Proceeding of Annual Hybrid Corn Industry Research Conference**, Washington, v.34, p. 57-75, 1979.
- HALLAUER, A. R. ; RUSSELL, W. A. ; LAMKEY, K. R., Corn breeding. In: SPRAGUE, G. F.; DUDLEY. J. W.(eds). **Corn and corn improvement**. 3. ed. Madison: American Society of Agronomy, 1988. p.453-563. (Series Agronomy, 18).
- HORNER , E. S.; LUNDY, H. W.; LUTRYCK, M. C.; CHAPMAN, W. H. Comparisons of three methods of recurrent selection in maize. **Crop Science**, Madison. v.13 , p.485-489, 1973.
- HULL , F.H., Recurrent selection for specific combining ability in corn. **Agronomy Journal**, Madison, v. 37, p.134-45, 1945.
- IDE, F., **Avaliação da capacidade de combinação de progênies S₂ e S₅ de milho (Zea mays L.) obtidas do composto ESALQ VD-2**. Piracicaba: USP/ESALQ.1983. 66p. (Dissertação-Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- JENKINS, M.T.; BRUNSON, A.M., Methods of testing inbred lines of corn in crossbreed combinations. **Journal American Society Agronomy**, Madison, v. 24, p. 523-530, 1932.
- JENSEN S. D. et al. Combining ability studies in elite U.S. maize germoplasm. **Annual Hibrid Corn Sorghum Industry Reseach Conference**. Washington, v. 38, p. 87-96, 1983.
- JONES, D. F. The effect of inbreeding and crossbreeding upon development. **Connecticut. Agricultural. Experiment. Station. Buletin**, Washington, p. 1-100, 1918.
- KELLER, K. R. A comparison involving the number of, and relationship between testers in evaluating inbred lines of maize. **Agronomy Journal**, Madison, v.41, p.323-31, 1949.
- KNAPP, S. J., STROUP, W. W., ROSS, W. M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, v. 25, n.1, p. 192-4, Jan/Feb., 1985.

- LILE S. M.; HALLAUER A.R. Relation between S_2 and later generation testcrosses of two corn populations. **Journal of the Iowa Academy of Science Ames. Iowa.** v.101, n.1, p.19-23. 1994.
- LINDSTRON, E. W., Prepotency of inbred lines on comercial varieties of maize. **Journal of the American Society of Agronomy, Madison,** v.23, p. 652-661, 1931.
- LONQUIST , J. H., The effect of selection for combining ability within segregating lines of corn . **Agronomy Journal . Madison ,v.** p. 503-508, 1949.
- LONQUIST, J. H.; RUMBAUGH, M. D. Relative importance of test sequence for general and specific combining in corn breeding. **Agronomy Journal, Madison,** v. 50, p.541-44, 1958.
- MARTINS, C. da S. **Potencial genético de linhagens e híbridos de duas populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico.** Piracicaba: USP/ESALQ, 1986. 143p. (Dissertação- Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- MATZINGER, D. F. Comparation of three types of testers for evaluation of imbred lines of corn. **Agronomy Journal, Madison,** v.45, p. 493-495, 1953.
- MEDINA, S. A.V., **Avaliação de híbridos simples de milho (*Zea mays* L.) obtidos de linhagens de diferentes graus de endogamia,** Piracicaba: USP/ESALQ, 1990, p.210. (Tese-Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- MIRANDA FILHO, J. B. **Cruzamentos dialélicos e síntese de compostos de milho (*Zea mays* L.) com ênfase na produtividade e no porte da planta.** Piracicaba: USP/ESALQ, 1974.116p. (Dissertação- Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- MIRANDA FILHO, J. B. ; VIÉGAS G. P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS,G.P. **Melhoramento e produção do milho.**2.ed.Campinas: Fundação Cargill, 1987, v.1, p.277-340.
- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO J. B. Melhoramento de populações. IN: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P., **Melhoramento e produção do milho.** 2ª ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987, p. 217-265 .
- PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P., **Melhoramento e produção do milho.** 2.ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987., 409 p.
- PATERNIANI, E. Métodos tradicionais de melhoramento do milho. In: BULL, L. T.; CANTARELLA, H. **Cultura do milho: fatores que afetam a produtividade.** Piracicaba: POTAFÓS,1993, p.23-42.

- PELICANO, I. J.; **Potencial da interpopulação de milho (*Zea mays* L.) Br-105 x Br-106 para o melhoramento genético.** Piracicaba: USP/ESALQ, 1990, p.139.(Dissertação- Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- PENA NETO, A. M. **Avaliação da capacidade de combinação de progênies S₂ obtidas de compostos de milho (*Zea mays* L.).** Piracicaba: USP/ESALQ, 1982, p.62 (Dissertação- Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental.** 5ª ed. Piracicaba: Nobel, 1985. 466p.
- RAMALHO, M. A. P. **Eficiência relativa de alguns processos de seleção intra populacional no milho baseados em famílias não endógamas.** Piracicaba: USP/ESALQ. 1977. p.122 (Tese- Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- RAWLINGS, J. C.; THOMPSON, D. L. Performance level as criterion for the choice of maize tester. **Crop Science**, Madison, v.2, p. 217-220, May/June, 1962.
- RICHEY , F.D., Corn breeding gamete selection, the Oenothera method and relative miscellany. **Agronomy Journal**, Madison, v.39, p. 403-11, 1947.
- RISSI, R.; HALLAUER, A. R., Evaluation of four testers for evaluating maize (*Zea mays* L.) lines in a hybrid developmentt program. **Revista Brasileira de Genética, Ribeirão Preto**, v.14, n.2, p.467-481, June, 1991.
- RUSSEL , W. A. **Melhoramento de populações de milho como fonte de linhagens.** Campinas: Fundação Cargill, 1975. 53p.
- SCAPIN, C.A.; CARVALHO, C.G.P.; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n.5, p.683-686, maio,1995.
- SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General and specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of American Society of Agronomy**, Madison, v.34,n.6, p. 923-932, 1942.
- SMITH, O. S., Covariance between line per se and testcross performance. **Crop Science**, Madison, v. 26, n.3, p. 540-543, May/June, 1986.
- SOUZA Jr., C. L. de.; Contribuições da genética quantitativa para o melhoramento de plantas. In: **Simpósio Sobre Atualização em Genética e Melhoramento de Plantas.** Março, 1997. Lavras, UFLA. (no prelo).

- SOUZA JUNIOR., C.L. de. **Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal.** Piracicaba: FEALQ, 1989.134p.
- SOUZA JUNIOR., C.L. de. **Variabilidade genética em milho (*Zea mays* L.) e relações com a seleção recorrente intra e interpopulacional.** Piracicaba: USP/ESALQ, 1983, 151p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- SPRAGUE, G.F.; TATUM, L.A., General and specific combining ability in single cross of corn. **Journal of American Society of Agronomy**, Madison. v.34, p. 923-932, 1942.
- STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach.** 2 ed. New York: McGraw-Hill, 1980. 633p.
- TROYER, A. F. Breeding early corn. In: HALLAUER A. R., **Speciality corns**, Ames: CRC Press. 1994. p.342-396.
- VARGAS, M. A., **Eficiência da seleção visual e determinação do tamanho de parcela e do número de repetições para avaliação da produtividade de grãos em famílias S_1 e S_2 de milho (*Zea mays* L.).** Lavras: UFLA, 1996. 92p. (Dissertação- Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- VENKOVSKY , R., Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS,G.P., **Melhoramento e produção do milho.** 2 ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.137-274.
- VENKOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica aplicada no fitomelhoramento.** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.
- ZAMBEZI, B.T., Horner, E.S. Inbred line as testers for general combining ability in mayze, **Crop Science**, Madison. v. 26, n.5, p. 908-910, Sept./Oct. 1986.

APÊNDICES

TABELA 17. Resumo das análises de variâncias dos experimentos “topcrosses” e famílias S₂ *per se*, para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), estande final (SF), número de plantas tombadas + acamadas (PTA), número de espigas despalhadas (NED), umidade (U-%), peso de 100 grãos (P100G). Lavras-MG, 1997.

Caráter	Experimento	Fonte de Variação	QM	Média	CV
AE	CMS-39	Trat. ajust.	237.37 ^{ns}	139.18	8.6
	BR-201		461.23 ^{ns}	128.87	13.66
	CMS-50		197.06 ^{ns}	135.92	9.96
	S ₂		637.76*	101.28	14.36
AP	CMS-39	Trat. ajust.	306.85*	253.37	4.89
	BR_201		599.84 ^{ns}	231.32	8.87
	CMS-50		278.99 ^{ns}	247.42	5.73
	S ₂		1302.86*	198.0	8.41
SF	CMS-39	Trat. ajust.	5.09 ^{ns}	14.75	12.8
	BR-201		9.26*	15.07	14.49
	CMS-50		7.42 ^{ns}	14.09	15.87
	S ₂		19.44*	13.48	19.7
PTA	CMS-39	Trat. ajust.	9.16 ^{ns}	2.34	102.77
	BR-201		15.27*	3.51	83.42
	CMS-50		4.27 ^{ns}	1.52	128.04
	S ₂		8.74 ^{ns}	2.36	109.69
NED	CMS-39	Trat. ajust.	7.61*	14.96	14.45
	BR-201		19.87 ^{ns}	15.67	22.97
	CMS-50		16.41*	14.36	22.54
	S ₂		33.21**	13.55	30.34
U-%	CMS-39	Trat. ajust.	2.75 ^{ns}	22.32	8.46
	BR-201		8.61**	20.05	9.58
	CMS-50		6.13*	21.88	8.56
	S ₂		10.32 ^{ns}	20.56	13.86
P-100g	CMS-39	Trat. ajust.	47.97 ^{ns}	32.78	17.87
	BR-201		50.98 ^{ns}	30.59	19.67
	CMS-50		42.66 ^{ns}	33.17	16.69
	S ₂		28.51*	27.46	14.56

*** Significativo a 5 e 1% de probabilidade respectivamente.

ns: Não significativo.

TABELA 18. Médias ajustadas para as demais características analisadas nos “topcrosses” S₂ x CMS-39. Lavras, 1997.

	Alt. Esp.	Alt. Planta	Estande	Nº Pl. Aca	Nº Espigas	Um.(%)	P-100 grãos
1	121.04	244.32	15.51	-0.17	15.46	21.43	34.96
2	132.63	257.04	15.48	0.73	17.47	21.95	30.09
3	135.35	258.21	17.80	0.84	14.52	23.56	35.90
4	145.47	253.39	16.47	1.84	14.49	21.58	41.39
5	125.47	231.70	16.09	2.22	14.65	18.68	33.00
6	143.4 8	273.98	14.92	0.45	16.38	21.17	28.35
7	130.64	257.96	15.40	3.04	16.39	22.87	29.76
8	136.61	241.45	13.90	0.37	14.43	21.80	25.21
9	132.63	243.89	14.62	0.08	13.46	21.29	44.66
10	129.21	236.61	15.09	2.48	17.47	21.21	37.81
11	146.94	247.79	14.41	1.60	16.52	23.12	36.38
12	152.06	257.96	12.58	5.60	11.49	21.55	37.23
13	127.06	251.27	12.70	0.97	14.15	22.39	29.65
14	130.07	233.55	14.03	2.20	10.88	23.03	30.37
15	152.22	257.54	13.52	1.30	13.89	21.74	33.00
16	133.20	236.02	14.52	0.62	10.93	21.96	34.82
17	157.51	266.77	14.46	3.19	16.50	24.92	38.06
18	134.09	244.48	16.93	2.60	16.51	23.34	34.40
19	151.82	260.66	15.25	1.22	16.07	20.65	35.03
20	136.94	255.84	14.92	0.22	15.54	21.78	37.17
21	136.94	244.14	13.04	2.09	14.69	23.42	31.32
22	134.95	246.43	15.88	2.32	14.92	23.46	32.30
23	147.10	270.41	16.86	1.41	16.94	21.57	42.13
24	143.07	273.89	16.36	3.24	17.47	21.69	37.02
25	129.33	246.95	15.03	0.91	11.93	20.08	23.33
26	140.92	249.66	13.00	6.32	11.94	22.34	36.47
27	148.64	255.84	15.32	-0.05	13.99	19.65	27.66
28	143.76	251.02	14.49	4.44	16.47	22.68	35.73
29	123.76	239.32	15.61	0.31	16.12	23.03	28.70
30	151.77	246.61	15.94	3.04	16.35	22.57	38.83
31	138.93	250.59	12.92	2.63	12.37	22.62	24.85
32	139.90	254.07	15.42	-0.53	14.90	24.30	37.36
33	133.76	251.70	11.05	1.03	11.63	22.47	32.16
34	155.35	274.41	11.53	3.44	12.64	20.68	28.30
35	128.07	235.59	12.85	8.55	11.19	21.59	27.45
36	143.20	265.77	15.52	1.55	15.66	22.92	33.88
37	143.20	249.07	14.64	1.92	16.82	24.27	30.87
38	151.20	256.36	13.47	2.16	13.55	21.51	37.49
39	163.36	295.34	15.45	4.25	15.57	22.61	29.53
40	134.33	263.82	13.95	2.58	16.60	22.53	29.52
41	158.07	277.11	15.68	-0.17	14.49	22.46	41.36
42	164.66	274.82	14.16	1.23	14.50	21.87	30.14
43	152.39	271.00	16.48	2.34	14.06	24.08	31.13
44	132.51	246.18	15.15	2.84	15.03	22.26	29.69
45	117.51	249.48	13.77	1.72	13.18	22.76	36.08
46	145.51	251.77	15.60	2.95	15.41	24.30	31.75
47	147.67	250.75	15.08	1.04	15.43	22.40	32.26
48	118.64	249.23	14.58	1.37	14.97	22.53	31.81
49	144.50	260.50	14.88	4.08	18.23	22.60	32.62
50	141.08	258.21	14.86	10.48	15.24	21.72	28.39
51	138.81	254.39	17.68	2.60	16.29	21.48	32.69
52	123.93	239.57	8.352	1.10	8.771	24.85	38.09
53	128.93	232.87	16.47	4.97	15.92	21.70	39.22
54	151.94	250.16	14.80	0.70	16.15	23.54	32.55
55	144.09	259.14	12.78	1.30	13.67	23.24	43.76
56	150.07	262.62	12.28	1.62	14.20	21.67	34.94
57	145.76	270.25	15.20	0.79	17.14	22.81	38.69
58	137.34	247.96	14.68	1.69	14.65	22.43	22.85
59	155.07	259.14	15.00	1.31	14.20	22.24	34.13
60	140.19	254.32	15.67	0.81	12.67	23.52	35.82
61	125.19	237.62	14.29	3.68	12.33	22.71	38.10
62	138.20	244.91	12.62	2.41	15.06	23.95	36.17
63	150.35	258.89	16.10	1.01	17.57	22.06	25.30
64	131.32	242.37	14.10	9.33	13.61	23.78	26.61

TABELA 19. Médias ajustadas para as demais características analisadas nos “topcrosses” S₂ x Br-201. Lavras, 1997.

	Alt.Esp.	Alt. Planta	Estande	Nº Pl. Aca.	Nº Epigas	Um(%)	P-100 grão
1	119.33	219.96	11.94	1.96	12.72	21.04	30.25
2	132.99	235.65	14.94	1.44	16.44	19.76	33.13
3	127.12	228.22	13.23	1.92	16.24	19.67	30.49
4	135.80	235.90	14.50	2.40	20.91	13.84	30.52
5	133.90	234.58	17.44	0.91	18.99	19.35	30.95
6	135.95	235.09	16.67	2.00	18.07	19.44	28.65
7	128.83	228.96	16.52	1.48	17.13	17.95	34.02
8	133.27	237.90	14.09	1.86	13.43	20.59	32.81
9	106.79	210.28	15.82	2.51	13.96	22.52	24.81
10	135.45	195.97	16.32	2.49	18.68	19.34	30.88
11	115.45	213.53	17.10	0.97	18.98	22.15	27.61
12	78.27	176.21	13.88	4.45	12.16	20.52	35.00
13	136.37	239.90	16.32	5.46	17.74	18.53	38.38
14	128.41	225.41	14.05	4.55	16.31	18.92	26.32
15	136.30	249.28	15.89	1.03	17.38	19.33	37.98
16	130.73	233.22	17.96	1.91	20.67	21.67	34.53
17	147.85	253.09	14.56	3.11	12.60	14.91	24.99
18	136.51	243.78	14.56	3.59	14.82	19.73	25.93
19	136.51	236.34	17.84	5.07	21.12	21.53	27.69
20	84.33	184.02	15.12	9.55	16.30	18.81	31.07
21	107.42	207.71	11.06	7.06	13.38	19.12	26.11
22	129.47	233.22	15.29	1.65	16.95	18.70	24.03
23	137.35	242.09	19.63	3.13	20.52	23.02	25.05
24	101.79	201.03	20.20	3.01	16.81	20.76	30.28
25	110.31	211.40	14.05	4.56	12.76	19.89	28.33
26	113.97	217.09	16.55	0.05	16.48	19.80	30.76
27	133.97	239.66	15.33	1.53	16.29	18.51	21.75
28	96.79	207.34	11.60	4.01	12.96	18.68	26.42
29	134.89	241.03	13.05	1.02	13.54	22.09	32.19
30	131.93	236.53	13.27	6.11	13.61	21.88	32.40
31	129.82	240.41	15.62	0.59	16.68	23.10	36.48
32	149.26	249.34	14.19	8.97	15.47	20.64	30.51
33	130.80	231.08	11.27	8.52	9.847	18.98	26.38
34	134.47	236.77	14.77	1.51	13.06	14.20	22.86
35	124.47	224.34	15.06	0.49	16.87	18.70	36.32
36	142.28	247.02	12.83	5.97	17.04	21.98	27.74
37	130.38	235.71	12.77	-0.0	12.12	23.29	38.58
38	147.42	251.21	15.50	0.57	19.19	22.57	39.10
39	155.31	255.09	15.85	6.55	16.26	19.79	28.66
40	129.75	234.02	12.42	6.93	13.55	18.43	36.25
41	146.16	252.15	17.03	5.02	18.94	20.05	40.25
42	139.82	242.84	16.03	0.50	16.16	17.07	36.71
43	134.82	235.41	11.82	11.4	9.96	17.27	22.08
44	107.64	208.09	12.59	7.46	13.11	20.74	28.06
45	140.73	246.77	16.03	1.47	16.72	18.96	28.62
46	137.78	242.28	16.76	1.56	17.29	20.14	30.72
47	140.66	251.15	17.10	0.54	20.85	20.56	30.63
48	120.10	220.09	17.67	2.93	15.65	18.70	28.82
49	129.33	229.40	15.30	6.54	13.89	18.65	26.60
50	127.99	230.09	16.30	6.03	13.61	16.76	24.69
51	127.99	227.65	14.59	5.01	15.41	19.97	33.61
52	145.80	255.33	17.86	1.99	19.09	22.84	34.14
53	103.90	204.02	12.30	0.50	11.17	20.05	37.97
54	135.95	234.53	15.03	1.59	20.24	20.04	23.81
55	123.83	228.40	15.88	3.07	14.81	20.56	30.82
56	143.27	247.34	16.44	1.95	18.60	17.30	22.06
57	145.95	246.03	14.20	5.91	14.05	21.02	20.73
58	144.61	251.72	15.70	2.40	8.27	17.34	26.96
59	144.61	254.28	14.99	1.38	20.08	22.64	32.17
60	132.42	231.96	15.26	1.36	19.25	18.32	26.59
61	125.52	230.65	7.205	-0.13	8.33	23.33	29.54
62	132.57	236.15	15.93	8.96	11.40	21.61	39.53
63	150.45	260.03	14.77	0.44	18.97	20.13	30.83
64	124.89	228.96	14.84	6.82	14.26	22.57	34.15

TABELA 20. Médias ajustadas para as demais características analisadas nos “topcrosses” S₂ x CMS-50. Lavras, 1997.

	Alt.Esp	Alt. Planta	Estande	Nº Pl. Aca.	Nº Epigas	Um(%)	P-100 grão
1	140.73	257.15	14.70	3.47	13.05	24.94	36.63
2	126.35	233.42	11.93	0.74	11.84	23.19	33.47
3	137.59	253.25	13.63	-0.11	15.56	21.62	36.32
4	133.85	250.79	14.70	0.28	16.63	22.23	38.08
5	134.13	241.92	15.20	0.38	16.94	24.90	34.57
6	134.06	240.47	14.16	2.54	15.52	22.75	25.44
7	114.89	218.33	15.27	1.08	18.39	16.77	34.29
8	140.31	246.66	15.58	0.82	17.08	24.12	29.48
9	141.14	251.83	15.70	0.85	18.86	22.55	36.12
10	141.77	248.10	16.43	4.61	15.65	24.30	31.35
11	123.01	227.93	12.63	1.25	11.37	20.03	33.02
12	139.26	250.47	15.20	1.15	15.44	19.74	23.35
13	119.55	221.61	12.20	1.25	14.25	20.01	35.27
14	119.47	240.15	8.159	0.42	6.83	21.66	31.08
15	140.31	258.01	16.77	2.45	17.70	23.38	36.55
16	140.73	256.34	15.08	0.69	17.88	23.63	41.76
17	131.76	240.47	12.68	1.10	13.12	22.91	29.42
18	147.39	261.74	16.90	0.37	16.41	22.07	34.87
19	138.63	251.57	15.61	1.51	16.13	24.57	29.08
20	139.88	249.12	15.68	-0.09	17.70	22.91	31.75
21	135.16	250.25	15.68	0.51	15.51	22.17	38.80
22	150.09	258.80	15.13	1.17	16.59	18.92	37.05
23	140.92	256.66	14.25	4.21	10.96	23.65	27.72
24	141.34	244.98	14.56	0.95	15.15	21.59	38.40
25	127.54	244.91	13.41	0.72	11.38	25.17	35.27
26	128.17	246.18	15.63	0.99	16.67	23.82	40.89
27	134.41	246.01	13.84	0.13	13.89	22.95	32.12
28	130.66	233.55	11.91	1.02	12.96	21.36	27.86
29	134.44	253.19	9.410	2.13	5.78	24.33	35.84
30	135.87	243.24	15.36	1.29	11.35	23.28	23.95
31	151.71	266.10	13.98	7.33	14.72	20.30	36.09
32	147.12	254.42	11.79	1.07	13.41	23.15	33.18
33	165.73	272.70	15.18	1.73	17.42	21.91	38.95
34	146.35	248.97	14.90	2.50	13.71	24.37	20.16
35	127.59	238.80	14.11	0.14	11.93	22.00	27.59
36	148.85	271.34	15.68	0.53	16.50	19.91	35.25
37	119.13	237.47	15.18	3.14	10.81	22.67	36.20
38	149.06	266.02	14.63	0.80	14.89	22.72	37.49
39	154.89	258.88	13.75	0.84	14.26	20.05	31.31
40	150.31	252.21	14.06	1.58	11.95	19.39	39.25
41	147.81	275.01	14.04	0.04	14.65	18.66	42.34
42	148.44	261.28	14.77	0.31	15.94	22.02	31.97
43	149.68	261.11	13.97	0.45	15.16	20.45	32.50
44	130.93	238.65	11.54	0.35	11.73	22.66	31.23
45	131.22	249.78	9.545	-0.04	10.04	20.97	34.40
46	131.14	243.33	12.00	0.61	14.62	21.87	37.20
47	131.98	251.19	14.61	2.15	13.99	23.80	40.51
48	137.40	249.52	14.93	4.89	16.68	21.04	35.82
49	125.31	234.52	11.70	1.21	11.85	21.37	26.95
50	135.93	265.79	15.43	-0.0	15.14	19.13	30.57
51	132.18	240.62	14.63	2.61	14.36	22.46	36.07
52	138.43	248.16	15.70	0.01	19.43	21.87	36.15
53	133.71	249.30	15.70	1.61	17.74	19.73	32.45
54	133.64	242.84	9.66	1.78	9.326	20.88	24.23
55	119.47	220.70	15.77	1.81	16.19	21.01	32.40
56	149.89	249.03	15.58	1.06	18.88	21.05	33.00
57	133.85	248.56	16.49	0.43	18.02	21.43	36.48
58	129.47	249.84	16.72	1.19	16.31	22.28	34.54
59	140.72	254.67	14.42	0.83	16.03	23.21	36.11
60	141.97	252.21	15.49	0.23	17.10	24.12	28.72
61	152.25	273.34	15.99	5.83	16.91	24.59	33.05
62	147.18	251.89	16.45	2.50	14.99	22.44	32.80
63	133.01	244.75	16.56	0.03	10.86	21.66	34.99
64	143.43	243.08	16.88	0.78	18.05	23.311	28.14

TABELA 21. Médias ajustadas para as demais características analisadas nas S_2 per se Lavras, 1997.

	Alt.Esp	Alt. Planta	Estande	Nº Pl. Aca.	Nº Epigas	Um(%)	P-100 grão
1	104.87	200.38	11.36	2.49	7.89	20.08	28.41
2	109.57	210.71	16.30	1.03	17.05	17.66	29.28
3	134.42	235.74	15.71	0.97	17.68	19.58	30.82
4	80.15	180.64	10.35	0.51	11.02	19.40	26.37
5	94.26	180.90	11.61	-0.00	14.30	15.83	27.37
6	119.32	215.59	16.51	1.04	17.50	23.10	27.22
7	84.21	225.43	11.96	4.46	9.42	18.05	29.06
8	100.31	190.33	15.13	2.98	16.74	19.76	30.73
9	85.09	244.35	11.18	1.47	11.75	23.48	29.39
10	89.79	179.68	15.12	9.01	9.41	18.96	26.31
11	59.64	139.71	13.53	9.45	16.04	20.78	25.71
12	100.37	199.61	10.67	-0.00	9.88	23.00	27.36
13	109.48	204.87	16.43	0.92	18.65	17.48	31.69
14	124.54	229.56	14.33	3.02	16.85	20.20	32.70
15	89.43	179.40	12.28	3.94	6.78	24.95	28.77
16	80.53	154.30	14.45	1.96	14.11	20.96	32.62
17	110.53	204.15	10.14	3.04	9.49	23.28	31.72
18	110.24	204.48	12.58	2.53	16.15	19.66	26.07
19	80.09	179.51	8.99	1.97	9.28	21.38	25.56
20	95.81	199.40	15.13	2.51	14.62	19.61	26.33
21	94.93	179.66	10.88	0.44	11.39	18.88	31.08
22	104.98	194.35	14.79	3.04	14.09	20.70	30.42
23	94.87	199.20	12.73	0.96	15.02	23.35	27.19
24	80.97	179.09	14.91	0.98	14.35	22.56	27.35
25	55.26	159.56	10.81	3.00	10.92	21.76	23.21
26	94.96	189.89	16.25	4.04	14.08	17.93	29.20
27	79.81	169.92	14.16	0.98	17.71	22.35	25.30
28	80.53	169.81	12.80	2.53	14.05	18.08	24.39
29	84.65	175.07	11.05	1.46	10.32	20.26	25.94
30	114.71	194.76	12.96	5.55	17.02	23.17	27.23
31	84.59	184.61	12.40	1.48	9.957	17.63	26.72
32	80.70	169.51	11.57	3.49	11.28	19.14	26.18
33	164.48	280.69	19.13	1.02	24.51	22.68	29.80
34	134.19	226.02	18.06	3.05	17.67	18.15	26.63
35	84.04	166.05	14.98	2.50	13.79	20.07	25.99
36	89.76	175.95	15.12	4.54	13.64	18.60	21.67
37	98.88	186.20	14.37	1.47	9.914	23.98	20.22
38	93.93	180.90	16.78	0.07	21.61	15.39	14.55
39	113.82	205.74	18.22	0.49	17.04	18.75	21.58
40	109.93	230.64	16.39	3.51	14.87	21.16	23.28
41	100.54	189.97	14.20	2.02	10.09	24.53	26.90
42	120.24	225.30	11.64	0.06	11.75	20.11	26.00
43	85.59	130.33	6.558	3.00	6.385	20.53	25.86
44	105.81	195.23	9.196	2.54	9.22	20.05	21.37
45	89.93	180.48	11.95	0.47	13.5	19.93	30.87
46	84.99	180.18	7.85	2.07	3.20	19.74	21.35
47	94.88	185.02	10.80	1.49	12.12	16.30	32.16
48	90.98	179.92	11.97	0.51	10.45	20.76	28.11
49	80.83	159.64	14.36	0.01	12.14	20.08	21.39
50	107.53	211.97	3.30	1.54	2.79	17.26	29.41
51	100.38	175.00	15.71	2.99	15.92	20.18	18.86
52	86.11	169.90	16.35	9.53	12.77	14.50	22.79
53	70.22	165.15	7.11	-0.0	9.54	24.28	29.08
54	105.28	209.85	6.01	2.56	6.24	21.70	29.98
55	95.17	189.69	13.46	1.98	10.17	18.85	16.78
56	96.27	194.59	12.63	0.50	13.00	21.36	27.65
57	75.20	159.56	8.24	5.46	7.70	19.61	21.42
58	84.90	174.89	14.18	0.50	12.35	21.98	25.44
59	99.75	189.92	13.10	2.44	10.98	20.60	28.14
60	85.48	184.81	16.23	2.98	15.32	22.33	23.04
61	104.59	220.07	15.49	1.91	13.10	17.81	26.75
62	104.65	194.76	15.39	2.51	11.80	22.72	29.62
63	74.54	174.61	14.84	4.43	13.72	19.48	25.01
64	80.64	154.51	11.01	1.45	5.55	20.09	26.07