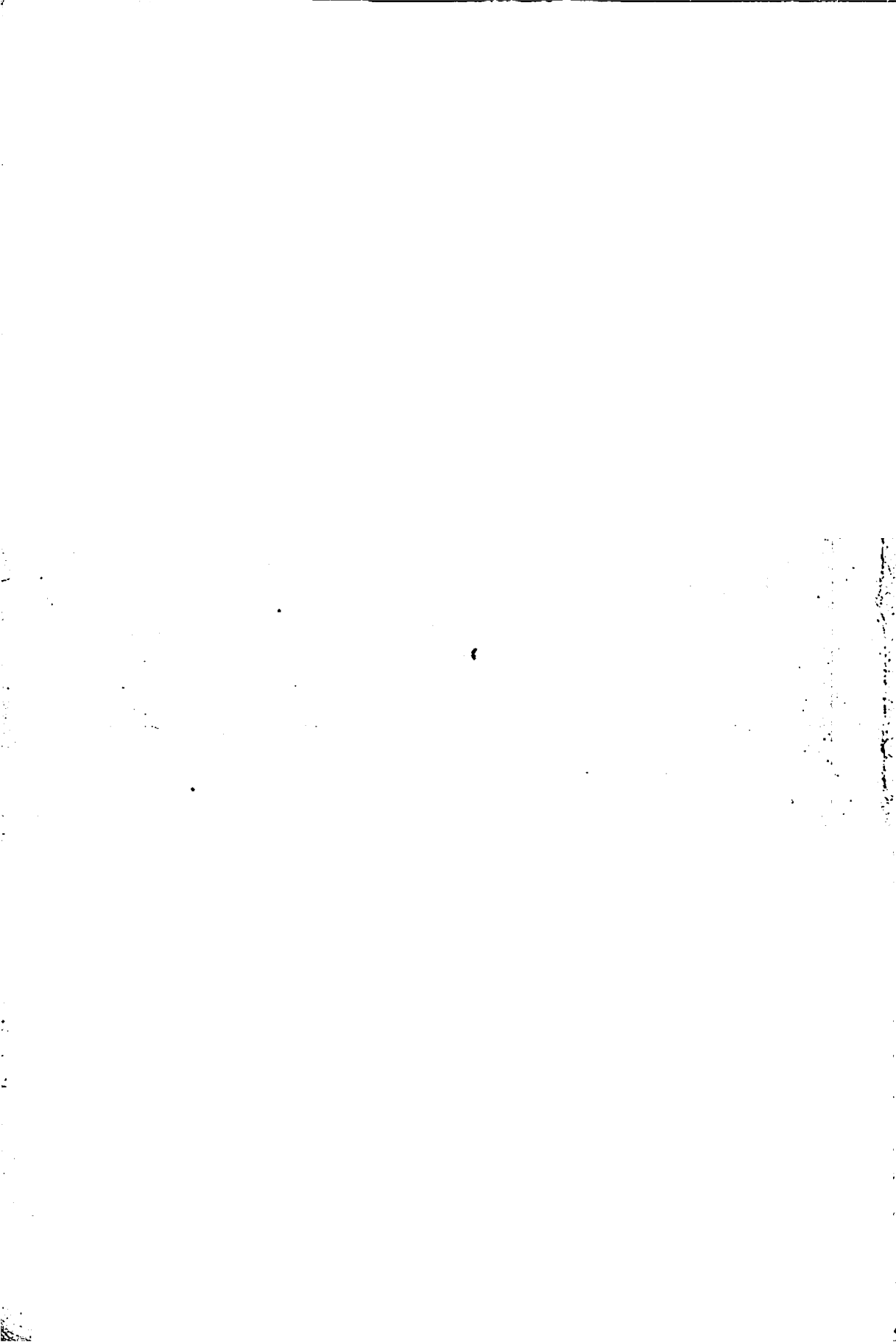




**ALTERNATIVA DE ESCOLHA DE  
POPULAÇÕES DE MILHO PARA  
EXTRAÇÃO DE LINHAGENS**

**MAX WENDELL DE PAULA LIMA**

**1999**



**MAX WHENDELL DE PAULA LIMA**

**ALTERNATIVA DE ESCOLHA DE POPULAÇÕES DE MILHO  
PARA EXTRAÇÃO DE LINHAGENS**

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

Orientadora  
Prof.<sup>a</sup> Dra. Elaine Aparecida de Souza

LAVRAS  
MINAS GERAIS - BRASIL  
1999

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da  
Biblioteca Central da UFLA**

Lima, Max Whendell de Paula

Alternativa de escolha de populações de milho para extração de linhagens/ Max Whendell de Paula Lima. -- Lavras : UFLA, 1999.

49 p. : il.

Orientadora: Elaine Aparecida de Souza.

Dissertação (Mestrado) – UFLA.

Bibliografia.

1. Milho. 2. Depressão por endogamia. 3. m + a. 4. Variabilidade. 5. População. 6. Linhagem. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD-633.153

**MAX WENDELL DE PAULA LIMA**

**ALTERNATIVA DE ESCOLHA DE POPULAÇÕES DE MILHO  
PARA EXTRAÇÃO DE LINHAGENS**

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

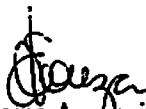
**APROVADA em 05 de agosto de 1999**

**Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho**

**UFLA**

**Prof. Dr. Daniel Furtado Ferreira**

**UFLA**



**Prof.ª Dra. Elaine Aparecida de Souza**

**UFLA**

**(Orientadora)**

**LAVRAS  
MINAS GERAIS - BRASIL  
1999**

**“A imaginação é mais importante que o saber”**

**Albert Einstein**

**Aos meus pais, Anatagildo Lucas de Lima e Maria Lucia de Paula Lima pelo amor, compreensão, paciência, apoio e, por sempre acreditarem em mim; aos meus irmãos, Whesley e Annalu por abdicarem da minha presença; a minha noiva Jeruza pela compreensão e paciência nas horas de mau humor e distância; aos meus 2<sup>os</sup> pais Joaquim e Hosana.**

**DEDICO**

## **AGRADECIMENTOS**

**A Deus por ser uma constante em minha vida;**

**Aos meus avós e familiares, por compreenderem minha ausência;**

**Aos amigos Mauro, Sandro, Claudio, Marlos e todos os outros que conquistei a confiança, no decorrer de minha vida, por não estar presente;**

**Aos amigos e companheiros de República (Marcus, Milton e Carlos), pela paciência nas horas de chatice, pela ajuda, pelo companheirismo e principalmente pela horas de descontração;**

**À minha Orientadora Elaine, pela orientação, paciência, ajuda, amizade, ensinamento e dedicação a mim despendido;**

**Ao Prof. Magno, pela grande força, orientação, ensinamento e compreensão;**

**Ao Prof. Kerr, pela amizade e principalmente por abrir meus olhos para a pesquisa;**

**A todos os amigos, companheiros e colegas do Departamento, pela ajuda, companheirismo e farra em mais esta etapa de minha vida;**

**Aos amigos do grupo do milho, pela grande amizade, ajuda e, pelas horas que passamos juntos, de ralação e descontração;**

**Aos Professores do curso, pela amizade e incentivo;**

**Aos funcionários do Departamento de Biologia, pela amizade e ajuda;**

**Aos funcionários da Biblioteca, pelo ótimo atendimento;**

**Aos amigos de Lavras que me ajudaram, Vanessa, Maria Cristina, Idarlei, Cristiane 1 e 2, Juliano, José Hortêncio, Anderson, etc.**

**A todos aqueles que de certa forma contribuíram para o meu engrandecimento, pois também são responsáveis pelo êxito deste trabalho.**

**À CAPES, pela bolsa concedida.**

## SUMÁRIO

	<b>Página</b>
RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	ii
1 INTRODUÇÃO.....	01
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	03
2.1 Propriedades Genéticas de uma População.....	03
2.2 Estimativas da depressão por endogamia e da heterose.....	06
2.3 Estimativas de $m + a$ .....	13
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	18
3.1 Locais.....	18
3.2 Material genético.....	18
3.3 Obtenção das populações.....	19
3.4 Avaliação das populações.....	19
3.5 Análise dos dados.....	21
3.5.1 Análise de variância.....	21
3.5.2 Estimativas de $m + a$ e $d$ .....	22
3.5.3 Estimativa da depressão por endogamia.....	23
3.5.4 Estimativas da herdabilidade ( $h^2$ ) e intervalos de confiança.....	23
4 RESULTADOS.....	25
5 DISCUSSÃO.....	34
6 CONCLUSÕES.....	41
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	42
ANEXOS.....	46



## RESUMO

LIMA, Max Whendell de Paula. Alternativa de escolha de populações de milho para extração de linhagens. Lavras: UFLA, 1999. 49p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)

O sucesso de um programa de melhoramento de milho visando a obtenção de híbridos está intimamente ligado à identificação da população mais promissora para a extração de linhagens. Entre os procedimentos que auxiliam os melhoristas nessa escolha, tem sido muito utilizado a estimativa de  $m + a$ , que corresponde à média de todas as linhagens na geração  $S_{\infty}$ ; porém, essa estimativa somente será útil se associada a uma medida da variância esperada dentro das mesmas. A dificuldade está em estimar esta variância em gerações mais precoces. Uma alternativa seria fazer inferência sobre a frequência de locos em heterozigose e, por conseguinte, da variabilidade liberada em gerações avançadas, por meio da estimativa da depressão por endogamia. Nesse contexto, esse trabalho objetivou detectar o quanto a estimativa da depressão causada pela endogamia pode refletir na variância entre as famílias nas gerações subsequentes. Para isso, foram obtidas populações segregantes  $S_0$ ,  $S_1$  e famílias  $S_{0,1}$  de quatro materiais comerciais: híbridos simples (C333B e Z8392), duplo (AG1051) e variedade (BR-105). As avaliações foram realizadas no ano agrícola 98/99, em duas localidades na Região Sul do Estado de Minas Gerais: Lavras e Ijaci. Foi conduzido um experimento para avaliação das 196 famílias  $S_{0,1}$  para cada população utilizando o delineamento látice simples  $14 \times 14$ , onde as parcelas constituíram-se de 1 linha de 3 metros. Adicionalmente, foi instalado um experimento em blocos casualizados com 4 repetições para avaliação simultânea das gerações  $F_1$ ,  $S_0$  e  $S_1$ , com parcelas de 4 linhas de 5 metros. A partir dos dados de produtividade de espigas despalhadas (kg/parcela) das gerações  $F_1$ ,  $S_0$  e  $S_1$ , foram obtidas as estimativas de  $m + a$  e  $d$  utilizando metodologia semelhante à proposta por Vencovsky (1987). Foram estimados os parâmetros genéticos e fenotípicos utilizando os dados de produtividade de espigas despalhadas (kg/parcela) obtidos com as famílias  $S_{0,1}$ . Constatou-se que houve uma boa associação ( $r=0,81$ ) entre a estimativa de  $m + a$  e a média das famílias  $S_{0,1}$ . A população  $S_0$  com maior potencial para a extração de linhagens foi a do híbrido duplo AG1051, pois apresenta alta estimativa de  $m + a$ . Não houve concordância entre as estimativas de  $d$  e  $h^2$ , indicando que a depressão por endogamia não é um bom indicador da variabilidade potencial da população.

---

\*Comitê Orientador: Elaine Aparecida de Souza - UFLA (Orientadora), Magno Antônio Patto Ramalho - UFLA.

## ABSTRACT

LIMA, Max Whendell de Paula. Choice Alternative of corn populations for extraction of lines. Lavras, 1999. 49p. (Dissertation - Masters in Genetics and Plant Breeding)\*

The success of a corn breeding program aiming to obtain hybrids is closely linked to the identification of the most promising population for extracting lines. Among the procedures which help the breeders in this choice, the estimate of  $m+a$  which corresponds to the mean of all the lines in the  $S_{00}$  generation has been much utilized, but that estimate will only be useful if associated with a measure of the variance expected within the same ones. The difficulty lies in estimating this variance in the earliest possible generations. An alternative would be to obtain inferences about the frequency of loci in heterozygosis and hence of the variability released in advanced generations by means of the estimate of inbreeding depression. In this context, this work aimed to detect how much of the estimate of the depression caused by inbreeding may reflect on the variance among families in the subsequent generations. Segregating  $S_0$ ,  $S_1$  populations and  $S_{0:1}$  families from four commercial materials were obtained: simple (C 333B and Z 8392), double (AG1051) hybrids and variety (BR - 105). The evaluations were realized in the agricultural year 1998/1999 in two locations in the southern region of the state of Minas Gerais: Lavras and Ijaci. An experiment was conducted for evaluating the 196  $S_{0:1}$  families for each population by utilizing the 14 x 14 simple lattice design. In addition, an experiment in randomized blocks with four replicates for simultaneous evaluation of the  $F_1$ ,  $S_0$  and  $S_1$  generations was established. From the dehydrated ear yield data (kg/plot) of the  $F_1$ ,  $S_0$  and  $S_1$  generations were obtained the estimates of  $m+a$  and by utilizing methodology similar to that proposed by Vencovsky (1987). The genetic and phenotypic parameters were estimated by utilizing the dehydrated ear yield data (kg/plot) obtained with the  $S_{0:1}$  families. It was found that there was a good association ( $r=0,81$ ) between the estimate of  $m+a$  and the mean of the  $S_{0:1}$  families. The  $S_0$  population with greatest potential for extracting lines was the one of AG1051, since they present high estimate of  $m+a$ . There was no agreement between the estimates of  $d$  and  $h^2$ , indicating that inbreeding depression is not a good indicator of the potential variability of the population.

---

\*Guidance Committee: Elaine Aparecida de Souza - UFLA (Major Professor), Magno Antônio Patto Ramalho - UFLA.

# 1 INTRODUÇÃO

O sucesso de um programa de melhoramento de milho visando a obtenção de híbridos está intimamente ligado à identificação da população mais promissora para a extração de linhagens. Entre os procedimentos que auxiliam os melhoristas nessa escolha, tem sido muito utilizada a estimativa de  $m + a$ , que corresponde à média de todas as linhagens na geração  $S_{\infty}$ . Esta metodologia proposta por Vencovsky (1987) permite avaliar o potencial das populações em gerações precoces, estimando  $m + a$ , utilizando o contraste entre as gerações  $S_0$  e  $S_1$ .

Deve ser enfatizado, contudo, que apenas a média das linhagens na geração  $S_{\infty}$  não possibilita avaliar o potencial das populações, pois é necessário que a maior estimativa de  $m + a$  esteja associada à maior variância entre as linhagens. Esta maior variância pode ser decisiva na escolha da melhor população para a extração de linhagens, uma vez que, se diferentes populações derem origem a linhagens com médias semelhantes, será escolhida aquela que apresentar maior amplitude de variação.

A estimativa da variância em gerações precoces é dificultada, pois os dados devem ser obtidos a partir de plantas individuais, o que gera problemas como a baixa precisão experimental e a dificuldade na obtenção dos dados. Uma alternativa seria a obtenção de informações sobre a frequência de locos em heterozigose na geração  $F_1$ . Para se ter inferência sobre a frequência de locos em heterozigose, uma possibilidade é a estimativa da depressão por endogamia. Isto porque, considerando todos os locos com o mesmo efeito, quanto maior a depressão maior a heterose e por consequência maior a frequência de locos em heterozigose. Assim, utilizando as gerações  $S_0$  e  $S_1$ , é possível estimar  $m + a$ , como já salientado, e a depressão por endogamia.

**Diante do exposto, foi realizado este trabalho com o objetivo de detectar o quanto a estimativa da depressão causada pela endogamia pode refletir na variabilidade entre as famílias nas gerações subsequentes.**

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 Propriedades Genéticas de uma população

Uma população de plantas de milho se enquadra perfeitamente bem dentro do conceito biológico de populações, isto é, um grupo de indivíduos da mesma espécie que ocupam o mesmo local, apresentam uma continuidade no tempo e possuem a capacidade de se interacasalar ao acaso, e, portanto, de trocar alelos entre si (Ramalho, Santos, Pinto, 1989).

Os conhecimentos das propriedades genéticas de uma população é fundamental no processo de escolha da população para se iniciar um programa de seleção recorrente ou a extração de linhagens, pelas razões que serão apontadas posteriormente. As propriedades genéticas de uma população podem ser conhecidas a partir de suas frequências alélicas e genotípicas. Infelizmente, isto só é possível de ser obtido para alguns poucos caracteres que são controlados por poucos genes e pouco influenciados pelo ambiente, ou seja, naqueles casos em que há uma correspondência perfeita entre fenótipo e genótipo.

Embora, como já mencionado, não seja possível obter informações sobre as frequências alélicas e genotípicas para a maioria dos caracteres, os modelos genéticos a partir de um loco com dois alelos auxiliam os geneticistas no conhecimento dessas propriedades e sendo, então, estas frequências extrapoladas para sistemas mais complexos. Considerando um gene  $B$  com dois alelos  $B$  e  $b$ , sendo a frequência do alelo  $B$  igual a  $p$  e do alelo  $b$  igual a  $(1 - p)$ , e considerando também  $m$  como o valor genotípico médio de  $BB$  e  $bb$ , tem-se  $\alpha$  como o desvio de  $BB$  e  $bb$  em relação a essa média, e  $\delta$  o desvio do heterozigoto ( $Bb$ ) em relação à mesma. Nessa situação, uma população em

equilíbrio de Hardy-Weimberg ( $S_0$ ) é constituída pelos genótipos  $BB$  na frequência  $p^2$ ,  $Bb$   $2p(1-p)$  e  $bb$   $(1-p)^2$ , então o seu valor genotípico médio será:  $\bar{P} = m + (2p-1)\alpha + 2p(1-p)\delta$ . Desta forma, para  $n$  locos, ignorando os efeitos epistáticos, tem-se:  $\bar{P} = m + \sum(2p-1)\alpha + \sum 2p(1-p)\delta$ ; substituindo  $\sum(2p-1)\alpha$  por  $a$  e  $\sum 2p(1-p)\delta$  por  $d$ , tem-se  $\bar{P} = m + a + d$ , onde  $a$  é o somatório da contribuição dos locos em homozigose em relação à média e  $d$  é a contribuição dos locos em heterozigose em relação à média (Vencovsky, 1987). Depreende-se, por essa expressão, que a média genotípica de uma população depende da frequência do alelo favorável ( $p$ ) dos desvios dos homozigotos ( $\alpha$ ) e dos heterozigotos ( $\delta$ ) em relação à média, como também do tipo de ação gênica, isto é, da presença de efeitos aditivos e de dominância, sendo estas últimas propriedades do gene e independente da população, visto que  $\alpha/\delta$  mede o grau de dominância.

Se uma população é submetida a sucessivas autofecundações, serão obtidas, no final,  $n$  linhagens, cuja frequência genotípica, para cada loco, será  $BB$  igual a  $p$  e  $bb$  igual a  $(1-p)$ . Desse modo, a média das  $n$  linhagens será fornecida por  $\bar{L} = m + p\alpha + (1-p)(-\alpha)$ , que é igual a  $m + (2p-1)\alpha$ . Para  $n$  locos, tem-se  $\bar{L} = m + \sum(2p-1)\alpha$ , ou seja,  $m + a$ . Depreende-se, então, que a estimativa de  $m + a$  permite inferir sobre a média das linhagens na geração  $S_\infty$ . Veja também que as comparações das estimativas de  $m + a$  de populações possibilita classificar as mesmas com relação à frequência de alelos favoráveis.

Há algumas alternativas para se obter informações sobre o tipo de ação gênica predominante no controle de um dado caráter (Hallauer e Miranda Filho, 1988). Um desses procedimentos de fácil aplicação é comparar a média de uma população  $S_0$  em relação à mesma população autofecundada  $S_1$ , isto é, verificar o efeito da endogamia. Já foi comentado que a população  $S_0$  é constituída dos genótipos  $BB$  na frequência  $p^2$ ,  $Bb$   $2p(1-p)$  e  $bb$   $(1-p)^2$ . A mesma população autofecundada terá a sua frequência do heterozigoto reduzida à metade, e conseqüentemente o  $S_1$  será constituído de  $BB = p^2 + 1/2[p(1-p)]$ ;  $Bb = p(1-p)$  e  $bb = (1-p)^2 + 1/2[p(1-p)]$ . Considerando  $n$  locos e a mesma restrição imposta ao modelo, tem-se que a média da geração  $\bar{S}_1 = m + a + 1/2d$ . Assim, o contraste  $\bar{S}_0 - \bar{S}_1 = 1/2d$  permite que se infira que a população só será afetada pela endogamia se existir dominância ( $d \neq 0$ ) e que esse efeito será tanto mais pronunciado quanto maior for a frequência de locos em heterozigose, partindo-se do pressuposto que todos os locos possuam o mesmo efeito.

Veja também, conforme mostrado por Vencovsky (1987), que o contraste  $2\bar{S}_1 - \bar{S}_0 = m + a$  permite, a partir de médias  $\bar{S}_0$  e  $\bar{S}_1$  de populações, estimar  $m + a$  e, por conseguinte, ter informações sobre as frequências alélicas das populações e estimar  $d$ , o que possibilita inferir sobre a presença de dominância e da frequência de locos em heterozigose.

Uma outra propriedade importante de uma população é a sua capacidade de combinação com outra. Essa capacidade pode ser estimada de vários modos, o mais frequente é por meio da estimativa do vigor híbrido ou heterose ( $h$ ). O conceito de heterose foi estabelecido por Shull (1908) e refere-se à superioridade

da geração  $\bar{F}_1$  híbrida em relação à média das populações genitoras ou da população com melhor desempenho.

Considerando novamente o modelo de um loco com dois alelos, pode-se mostrar que a heterose é fornecida por  $h = \delta y^2$  (Falconer, 1987), onde  $y$  mede a diferença nas frequências alélicas das duas populações, isto é, mede a divergência genética entre as mesmas. Assim, a heterose só ocorrerá se existir alguma dominância e as populações forem divergentes.

Pelo que foi comentado, a probabilidade de extração de linhagens superiores será tanto maior quanto maior for a frequência dos alelos favoráveis na população. Isto reflete na necessidade de se proceder o melhoramento populacional via seleção recorrente, que aumenta a frequência dos alelos favoráveis para posterior extração de linhagens. Na condução de um programa de seleção recorrente, a etapa mais decisiva é a escolha da população para iniciar o processo. Isto porque, se houver mudança da população durante o decorrer do processo seletivo, tudo o que foi feito anteriormente será perdido (Hallauer, 1990). Infere-se, então, que obter informações sobre as propriedades genéticas das populações é crucial tanto em um programa de seleção recorrente como de extração de linhagens.

## 2.2 Estimativas da depressão por endogamia e da heterose

Inicialmente, deve ser salientado que a ocorrência da depressão por endogamia é dependente da existência de heterose. Este termo pode ser descrito como o vigor de híbrido manifestado na geração  $F_1$ , derivada do cruzamento entre indivíduos genotipicamente divergentes. Em geral, o efeito principal esperado está relacionado a um aumento na expressão fenotípica. Porém, um



grande número de outros caracteres agrônômicos economicamente importantes são, também, melhorados por meio da heterose.

Hallauer e Miranda Filho (1988) realizaram um Levantamento sobre estimativas da heterose em milho, no decorrer das diferentes eras de melhoramento, num período de 1893 a 1979, envolvendo 611 genitores e 1394 combinações híbridas, que pode ser visualizado na Tabela 1. Observa-se que, durante todo o período abrangido, a heterose média foi de 19,5% e 8,2% em relação à média dos pais e ao pai superior, respectivamente. Ao considerarem o período anterior a 1932, os autores verificaram que 80,9% dos híbridos apresentaram heterose em relação à média dos pais, sendo esta, em média, 9,9%. Quando analisado o período após 1955, 90% dos híbridos apresentaram em média 21,6% de heterose em relação à média dos pais. Grande diferença foi observada comparando-se a heterose em relação ao pai superior, nos períodos anterior a 1932 e posterior a 1955, sendo a mesma, em média, de 0,0% e 10,0%, respectivamente. Esta pequena expressão da heterose com relação ao pai superior levou aos autores acreditarem ser este um fator importante e limitante na utilização de variedades cruzadas antes do desenvolvimento do híbrido duplo. Nota-se que a heterose não foi sempre observada, pois a porcentagem de híbridos que excederam ao pai superior foi de, 53% no período anterior a 1932, além do que 24,3% dos híbridos não excederam 5% do pai superior.

Estes autores comparam híbridos obtidos pelo cruzamento de variedades melhoradas via seleção recorrente e variedades não melhoradas, onde pôde ser constatado que 31% dos híbridos apresentaram em média mais de 16% de heterose em relação ao pai superior no caso das variedades melhoradas e 22,5% no caso das variedades não melhoradas (Tabela 1). Vale acrescentar que em ambos os casos 100% dos híbridos apresentaram heterose acima da média dos pais.

O melhoramento das populações é de grande importância, pois visa a fixação de alelos favoráveis. Schnell (1974) avaliou o progresso na produtividade de milho, de linhagens e seus respectivos híbridos, em 17 experimentos conduzidos entre 1916 a 1969, e mostrou que o incremento na produtividade dos híbridos nos últimos anos foi devido principalmente à fixação de alelos favoráveis nas linhagens parentais.

No Brasil, a heterose em milho foi quantificada em diversos trabalhos principalmente utilizando os cruzamentos dialélicos. De Moraes et al. (1991), trabalhando com 5 variedades de milho, obteve estimativas da heterose variando de -8% a 20%. A heterose para a produtividade de espigas de milho provenientes do inter-cruzamento de sete populações, encontrada por Gama et al. (1992), variou de -14,67% a 44,42%. Utilizando dados em t/ha da produtividade de espigas providas do inter-cruzamento de 28 populações de milho, Ferreira (1993) estimou a heterose, onde a mesma variou de -33,72% a 61,25% com relação à média dos pais. Ferrão et al. (1994), em seu experimento, encontraram heterose em milho com a extração de progênies endogâmicas no composto CMS 0508 e no sintético CMS 1215, variando de 0,34% a 26,43%. Já Souza Sobrinho, Ramalho e Souza (1998), trabalhando com 7 híbridos simples e 3 híbridos triplos, obtiveram estimativas da heterose variando de 55,8% a 81,4% da média dos respectivos híbridos. Destas estimativas obtidas pelos autores, acima já mencionadas, pode-se observar uma grande amplitude de variação quanto à capacidade específica de combinação dos diferentes materiais utilizados.

**TABELA 1: Resumo da comparação entre genitores de milho e seus respectivos híbridos em diferentes épocas e variedades originais e melhoradas.**

Fonte	Pais	Híbridos	Heterose média (%)		Híbridos					
			Média	Pai	Média dos pais (%)		Pai superior (%)			
			Pais	superior	Acima	Abaixo	Total	0-5	6-15	16
Richey (1922)	----	244	----	----	86,5	13,5	67,8	25,8	25,8	10,2
Dados (1893-1979)	611	1394	19,5	8,2	88,3	11,7	66,6	20,9	25,6	23,0
Anterior 1932	263	251	9,9	0,0	80,9	19,1	53,0	24,3	19,1	9,6
Após 1955	348	1143	21,6	10,0	90,0	10,0	69,7	20,0	27,2	26,5
Original	21	40	17,9	8,3	100,0	0,0	85,0	27,5	35,0	22,5
Melhorada	25	71	18,8	11,1	100,0	0,0	87,3	18,3	38,0	31,0

Como já mencionado, a heterose é um fator primordial para a ocorrência da depressão por endogamia, termo este empregado para designar um declínio na expressão do caráter, sendo quantificada na ordem de 50% de redução no vigor a cada geração endógama.

A depressão por endogamia depende do grau de dominância do caráter e do coeficiente de endogamia. As taxas de depressão por endogamia têm uma relação linear e negativa com o coeficiente de endogamia para a maioria dos caracteres (Falconer, 1989, Benson e Hallauer, 1994).

As taxas de depressão por endogamia variam entre as populações de mesma espécie devido a diferenças nas frequências alélicas e nos níveis de dominância (Hallauer e Sears, 1973). Logo, populações menos sensíveis à depressão por endogamia podem ser selecionadas como fonte potencial para extração de linhagens (Vianna et al., 1982; Lima, Miranda Filho e Gallo, 1984). Contudo, a depressão por endogamia também varia dentro das populações, isto é, os genótipos de uma população apresentam diferentes valores fenotípicos médios sob endogamia. Portanto, linhagens selecionadas com base no seu desempenho são aquelas cujos pais eram menos sensíveis à depressão por endogamia (Souza Júnior e Fernandes, 1997).

Souza Júnior e Fernandes (1997) derivaram a variância genética da depressão por endogamia bem como a predição da amplitude da depressão por endogamia em populações panmíticas. Estes autores concluíram que quanto maior o nível de dominância de um caráter, maior é a variância da depressão por endogamia, e que as magnitudes das mesmas devem ser menores em populações melhoradas ( $p > 0,6$ ) e não melhoradas ( $p < 0,4$ ) do que em compostos ( $p \approx 0,5$ ).

No Brasil, vários estudos têm sido conduzidos para avaliar a depressão endogâmica. Na Tabela 2 são apresentadas estimativas da depressão por endogamia obtidas por vários autores em experimentos conduzidos no período de 1973 a 1998. Dentre os valores obtidos pelos diversos pesquisadores, a

depressão por endogamia variou de 4,4 % (população E505) a 65 % (populações Flint e Pool 33), respectivamente. Observa-se, entre os materiais, uma grande amplitude de variação para esta estimativa. Nota-se que praticamente todos os autores utilizaram, em seus estudos, populações, com exceção de Silva e Pinto (1982), que utilizaram, além de populações, o híbrido duplo AG 504, e dos autores Souza Sobrinho, Ramalho e Souza (1998), que utilizaram híbridos simples e triplos.

TABELA 2: Estimativas da depressão por endogamia obtidas a partir do contraste das médias das gerações  $S_0$  e  $S_1$  para produção de milho, obtidas de diferentes populações e anos.

Populações	Locais	Depressão por Endogamia (%)	Fonte
BSSS (Comp.)	Iowa, Mississipi	32	Hallauer e Sears (1973)
Diploid Syn. OP (sint)	Urbana, Illinois	40	Cornelius e Dudley (1974)
Centralmex (var)		59,8	
Flint (comp.)		53,5	
Dente (comp.)		65,0	
AG 504 (HD)	Ponte Nova, MG	35,3	Silva e Pinto (1982)
UFV (var)		36,9	
Colômbia (var)		60,0	
Mezela Amail (nm)		39,0	
Suwan DMR (sint)		31,0	
Pool 21 (comp)	Sete Lagoas, MG	49,0	Vianna et al. (1982)
Pool 22 (comp)		38,0	
Pool 33 (comp)		65,0	
Reid (sint)		22,7	
Lancaster (sint)		27,7	
BSSSC0 (comp)	Iowa, Mississipi	44,4	Lamkey e Smith (1987)
BS13(S)C3 (comp)		17,7	
BSSS(R)C9 (comp)		26,4	

continua...

TABELA 2, Cont.

ESALQ PB2 (var)	Piracicaba, MG	43,8	Marques (1988)
ESALQ PB3 (var)	Piracicaba, MG	42,5	Marques (1988)
Dentado (comp.)	Vicosa, MG	32,6	Mauro (1990)
CMS-01 (pop)	Sete Lagoas, MG	41,8	Ferreira (1993)
CMS-02 (pop)		45,4	
CMS-03 (pop)		42,9	
CMS-04C (pop)		26,6	
BR-105 (var)		27,8	
BR-106 (var)		28,4	
BR-107 (var)		43,5	
BR-112 (var)		24,2	
CMS-14C (pop)		22,8	
CMS-15 (pop)		47,4	
CMS-39 (pop)	54,7		
ESALQ PB2 (var)	Ponta Grossa, PR	37,1	Terasawa Junior (1993)
ESALQ PB2 (var)	Rondonópolis, MT	44,0	
ESALQ PB3 (var)	Ponta Grossa, PR	42,3	
ESALQ PB3 (var)	Rondonópolis, MT	46,1	
BSS26 (comp)	Iowa, Mississipi	38,9	Benson e Hallauer (1994)
BSSCO (comp)		31,4	
BSS3(S)C3 (comp)		29,5	
BSSS(R)C9 (comp)		30,6	
BSCBIC0 (comp)		32,4	
BSCB(R)C9 (comp)		29,6	
ESALQ PB1 (var)	Piracicaba, SP	41,0	Packer et al. (1996)
ESALQ PB2 x ESALQ PB3	Piracicaba SP e Anhembi SP	14,3	Blandon (1996)
ITAO (var)	Anhembi, SP	37,3	Packer (1998)
E 504 (var)		34,1	
E 505 (var)		4,4	
EGO (var)		40,4	
ITAO (var)		34,2	
E 504 (var)		34,7	
E 504 (var)	Rio Verde, GO	26,0	
EGO (var)		29,2	

continua...

TABELA 2, Cont.

AG 9012 (HS)		27,9	
P 3069 (HS)		40,7	
C 901 (HS)		34,8	
C 909 (HS)		38,3	
C 333 (HS)	Lavras, MG	36,9	Sobrinho, Ramalho e Souza (1998)
Z 8392 (HS)	Lambari, MG	36,7	
Z 8452 (HS)	Ijaci, MG	31,6	
C 805 (HT)		28,4	
P 3041 (HT)		36,8	
AG 5011 (HT)		35,1	

comp.: composto; var: variedade; pop: população; sint: sintético HS: híbrido simples; HT: híbrido triplo; nm: não melhorado.

### 2.3 Estimativas de $m + a$

Como já mencionado, num programa de melhoramento é necessário que sejam escolhidas boas populações; e na identificação de populações de milho com bom potencial para a extração de linhagens, tem sido utilizado estimativa de  $m + a$ . Esta estimativa tem sido obtida em várias oportunidades e, portanto, foi realizado um levantamento das mesmas que é apresentado na Tabela 3.

Os valores das estimativas de  $m + a$ , obtidos por diversos autores (Tabela 3), apresentam grande amplitude de variação entre os diferentes materiais envolvidos. O mesmo também foi encontrado para as estimativas de  $d$ . A variação observada para as estimativas de  $m + a$  foram de -990 a 4.811 kg/ha e 7,80 a 67,25 g/planta e, para a estimativa de  $d$ , as mesmas variaram de 3 060 a 9.755 kg/ha e 7,70 a 173,60 g/planta. Em trabalho realizado por Vianna et al (1982), foram obtidas estimativas de  $m + a$  negativas para alguns materiais. Este fato indica a ocorrência de erros de estimação. Pode ser observado que as estimativas de  $m + a$  obtidas dos híbridos foram superiores aos demais materiais, o que indica haver nos híbridos uma maior frequência de alelos favoráveis.

Nota-se, também, uma ampla variação entre as estimativas de  $d$ , o que reflete em grande divergência genética entre os materiais utilizados pelos autores.

TABELA 3: Estimativas de  $m + a$  e  $d$  obtidas a partir das médias das gerações  $S_0$  e  $S_1$  para produção de espigas no Brasil, obtidas de diferentes populações e anos.

Populações	Local	$m + a$	$d$	Fonte
	kg/ha			
Mezela Amarilla (nm)		1160	4080	
Antigua x Vera Cruz 181		1150	3980	
Amarillo Cristalino (nm)		1230	4620	
Suwan DMR (Sint.)		1880	3060	
Eto x Illinois		-60	4960	
Amarillo del Bajio (nm)		1480	3380	
Antigua x Rep. Dominicana	Sete Lagoas,	1220	3080	Vianna et al. (1982)
Amarillo Subtropical (nm)	MG	-440	6120	
Pool 21 (Comp.)		150	5520	
Pool 22 (Comp.)		1340	4160	
Pool 25 (Comp.)		160	5860	
Pool 26 (Comp.)		1540	3860	
Pool 33 (Comp.)		-990	4260	
Pool 34 (Comp.)		-210	3340	
SRR-Duro (Comp.)		1510	4690	
7974 (HD)	Campinas,	2000	3360	Lima, Miranda Filho e Gallo (1984)
Cateto (Var.)	Ataliba Leonel,	2710	4090	
Asteca Prolífico (Sint.)	Ribeirão Preto,	2080	4950	
MEB RHCRI (Sint.)	Mococa,	620	6370	
MEB (Sint.)	(SP)	2780	3880	

continua...



TABELA 3, Cont.

		g/planta		
EE 1 (Var.)		9,87	85,28	Nass e Miranda filho (1995)
EC 4 (Var.)	Piracicaba, SP	13,45	120,20	
ESALQ PB-2 (Var.)	Ponta Grossa, PR	58,50	167,60	Terasawa Junior (1993)
ESALQ PB-2 (Var.)	Rondonópolis, MT	14,80	108,60	
ESALQ PB-3 (Var.)	Ponta Grossa, PR	49,90	173,60	
ESALQ PB-3 (Var.)	Rondonópolis, MT	7,80	90,00	
ITAÓ (Var.)		20,10	48,30	Packer (1998)
E 504 (Var.)		29,65	52,30	
E 505 (Var.)	Anhembi, SP	67,25	7,70	
EGO (Var.)		18,65	65,50	
ITAÓ (Var.)		33,40	72,40	
E 504 (Var.)		39,60	89,70	
E 505 (Var.)	Rio Verde, GO	58,15	63,00	
EGO (Var.)		49,00	68,60	
		kg/ha		
AG 9012 (HS)		4811,4	5805,9	Souza Sobrinho, Ramalho e Souza (1998)
P 3069 (HS)		2261,5	9754,7	
C 901 (HS)		3383,9	7623,9	
C 909 (HS)	Lavras,	2878,2	8996,9	
C 333 (HS)	Lambari,	3085,1	8293,1	
Z 8392 (HS)	Ijaci,	3322,1	8621,3	
Z 8452 (HS)	(MG)	4104,7	7147,3	
C 805 (HT)		4181,4	5773,3	
P 3041 (HT)		2985,3	8500,0	
AG 5011 (HT)		3261,9	7459,2	

nm: não melhorado; Sint.: sintético; Comp.: composto; Var.: variedade; HD: híbrido duplo; HT: híbrido triplo

Além das estimativas de  $m + a$  e  $d$ , alguns autores obtiveram valores para a relação  $m + a$  e  $d$  com o intuito de fazer a comparação entre duas populações; no entanto, é necessário enfatizar que esta forma de comparação

entre populações é questionável, pois elas só são comparáveis se as duas populações  $S_0$  possuírem a mesma média. Lima, Miranda Filho e Gallo, (1984), avaliando 32 populações de milho no Brasil, obtiveram o valor de 0,28 para a relação  $m + a$  e  $d$ .

Já Nass e Miranda Filho (1995), estudando duas populações semi-exóticas de milho, ESALQ-PB1 x ENTRELAÇADO 1 (EE1) e ESALQ-PB1 x CRAVO 4 (EC 4), obtiveram uma estimativa de 0,11 para a relação  $m + a$  e  $d$  para a produção de espigas destas populações. A relação entre  $m + a$  e  $d$  também foi obtida por Terasawa Junior (1993), sendo de 0,25 para a população ESALQ-PB2 e 0,19 para a população ESALQ-PB3.

Packer (1998), em seu trabalho, obteve valores para a relação entre as estimativas de  $m + a$  e  $d$  de 0,24 a 0,46 para as quatro populações avaliadas (ITAÓ, E504, E505, EGO). Este autor enfatiza que as estimativas de  $m + a$  e  $d$  são aceitáveis para populações melhoradas, onde a frequência dos alelos favoráveis é alta e, portanto, há uma menor expressão da carga genética. Já em populações pouco melhoradas, que apresentam alta carga genética com grande quantidade de alelos desfavoráveis. Estes, estando em homozigose, influenciarão de maneira muito mais drástica. Portanto, os resultados serão tendenciosos. Neste último caso, o autor conclui que o modelo com  $m + a$  e  $d$  é incompleto, não fornece conclusões precisas concernentes ao potencial agrônomo da população e sugere que o modelo seja aprimorado com a inclusão de epistase.

As estimativas de  $m + a$  e  $d$  também têm sido obtidas em plantas autógamas (Singh e Urrea, 1995; Oliveira, 1995; Abrel, 1997). Oliveira (1995), trabalhando com 4 populações de feijoeiro obtidas de cruzamentos biparentais, portanto frequência alélica 0,5, obteve, como resultado, que a maior estimativa de  $m + a$  foi obtida no cruzamento das cultivares A-114 x Flor de Mayo e que, portanto, é a população que possui a maior frequência dos alelos favoráveis em homozigose. Assim, uma população com maior estimativa de  $m + a$  possui, em

relação à outra, maior ocorrência de locos com os alelos favoráveis em homozigose.

Já Abreu (1997), trabalhando com quatro populações de feijão, também utilizando cruzamentos biparentais, obteve, como resultado, que as populações cujas linhagens terão maior média na geração  $F_{\infty}$  serão a Carioca x Flor de Mayo e Carioca x Brasil-2. Este autor obteve estimativas de  $d$ , onde os maiores valores foram observados nos cruzamentos IPA 7419 x A-114 e Brasil-2 x A-114, evidenciando a presença de dominância na manifestação do caráter. Como a estimativa de  $d$  refere-se à contribuição dos locos em heterozigose em relação à média dos pais, considerando todos os locos com efeitos iguais, pode-se inferir que as populações onde foram obtidas as maiores estimativas de  $d$  possuem maior número de locos em heterozigose. Assim, é esperado maior variação na geração  $F_2$  e demais gerações nessas populações. Portanto, as estimativas de  $m + a$  e  $d$  possibilitam obter todas as informações que os melhoristas necessitam para decidir quais populações segregantes serão mais promissoras. O ideal é que a população segregante associe altos valores de  $m + a$  e  $d$ , pois proporcionarão linhagens com média alta e grande variação, que é o principal objetivo dos melhoristas.

## **3 MATERIAL E MÉTODOS**

### **3.1 Locais**

Os experimentos foram conduzidos na área experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA), localizada na região sul do Estado de Minas Gerais, a 910 metros de altitude, 21°41'S de latitude e 45°00'W de longitude e na fazenda da FAEPE, no município de Ijaci - MG, localizada na região Sul do Estado de Minas Gerais, a 805 metros de altitude, 21°10'S de latitude e 45°55'W de longitude.

### **3.2 Material genético**

Foram utilizados três híbridos e uma variedade comerciais como genitores para a obtenção das populações segregantes  $S_0$  (exceto a variedade que já é uma população em equilíbrio),  $S_1$  e famílias  $S_{0:1}$ .

- híbrido simples C 333B;
- híbrido simples Z 8392;
- híbrido duplo AG 1051;
- e a variedade BR 105.

**TABELA 4: Características agronômicas dos materiais utilizados**

Características	C333B	Z8392	AG1051	BR105
Porte	alto	baixo	alto	baixo
Ciclo	semi precoce	precoce	normal	precoce
Tipo de grão	duro	semi duro	dentado	duro
Coloração do grão	alaranjado	alaranjado	amarelo	alaranjado

### **3.3 Obtenção das populações**

As gerações  $S_0$  dos híbridos simples e duplo foram obtidas a partir de polinização livre das plantas  $F_1$ , em campos isolados. Parte das sementes obtidas foram armazenadas e o restante, juntamente com as sementes  $S_0$  da variedade BR 105, foram semeadas para obtenção da geração  $S_1$  e das famílias  $S_{0:1}$ . O número de plantas para cada material foi de 700, das quais 500 autofecundações foram efetuadas por material.

Por ocasião da colheita, foram colhidas as espigas de cada planta autofecundada individualmente. Das espigas obtidas, foram escolhidas aleatoriamente 196 famílias  $S_{0:1}$  de cada material, sendo que 10 sementes de cada uma destas 196 famílias foram retiradas e posteriormente misturadas para constituir a população  $S_1$  de cada material.

### **3.4 Avaliação das populações**

Foram conduzidos 5 experimentos na Área Experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras, em Lavras - MG,

e 4 experimentos na Fazenda da FAEPE, em Ijaci - MG, perfazendo um total de 9 experimentos.

Para a avaliação das 196 famílias  $S_{0;1}$  de cada material, foram semeados, em Lavras e Ijaci, quatro experimentos nos dias 10/10/98 e 05/11/98, respectivamente, no delineamento de látice simples 14 x 14. As parcelas foram constituídas de 1 linha de 3 metros onde foram semeadas 10 sementes por metro linear, espaçadas de 0,90 metros.

As gerações  $F_1$ ,  $S_0$  e  $S_1$  dos híbridos simples e duplo e as gerações  $S_0$  e  $S_1$  da variedade foram avaliadas, em um mesmo experimento, em Lavras - MG, utilizando-se o delineamento em blocos casualizados com 4 repetições, sendo semeado no dia 10/10/98. Neste caso, as parcelas foram compostas por quatro linhas de 5 metros, espaçadas de 0,90 metros, colocando-se 10 sementes por metro linear.

Em todos os experimentos, após o desbaste foram deixadas 5 plantas por metro. A adubação de plantio foi feita de acordo com análise de solo para os locais, utilizando-se a fórmula 4-30-16 de N,  $P_2O_5$  e  $K_2O$ . A cobertura foi realizada com sulfato de amônio, tendo sido aplicado o equivalente a 200 kg/ha, 30 dias após a emergência. Os demais tratos culturais foram os normais para a cultura na região.

Na colheita, foram tomados os dados do peso de espigas despalhadas (kg/parcela), que foram ajustados para 15% de umidade. O ajuste do estande foi efetuado segundo metodologia proposta por Vencovsky e Barriga (1992).

### 3.5 Análise dos dados

#### 3.5.1 Análise de Variância

Os dados da produção de espigas despalhadas foram submetidos à análise de variância. No caso das famílias  $S_{0:1}$ , utilizou-se o modelo estatístico, considerando como fixa apenas a média:

$$y_{ijk} = \mu + r_i + b_{(i)j} + t_k + e_{ijk}$$

em que:

$Y_{ijk}$  : é o valor observado na parcela experimental que recebeu o tratamento k no bloco j da repetição i.

$\mu$  : é a média geral;

$r_i$  : é o efeito da repetição i, sendo  $i = 1, 2$ ;

$b_{(i)j}$  : é o efeito do bloco incompleto j dentro da repetição i, sendo  $j = 1, 2, \dots, 14$ ;

$t_k$  : é o efeito do tratamento k, sendo  $k = 1, 2, \dots, 196$ ;

$e_{ijk}$  : é o erro experimental da parcela que recebeu o tratamento k no bloco j da repetição i.

Posteriormente, foi efetuada a análise de variância conjunta para os dois locais, segundo o seguinte modelo estatístico, considerando como fixo o efeito da média :

$$y_{ikjs} = \mu + t_i + l_s + tl_{is} + r_{j(s)} + b_{k(js)} + e_{ikjs}$$

em que:

$Y_{ijk}$  : é a observação do tratamento i no bloco k, na repetição j, no local s;

$\mu$  : é a média geral;

$t_i$  : é o efeito do tratamento  $i$ , sendo  $i = 1, 2, \dots, 196$ ;

$l_s$  : é o efeito do local  $s$ , sendo  $s = 1, 2$ ;

$tl_{is}$  : é o efeito da interação tratamento  $i$  com local  $s$ ;

$r_{j(s)}$  : é o efeito da repetição  $j$  dentro do local  $s$ ;

$b_{k(j_s)}$  : é o efeito do bloco  $k$  dentro da repetição  $j$  e do local  $s$ ;

$e_{ijk_s}$  : é o efeito do erro efetivo.

Para os híbridos simples e duplo, suas gerações  $F_1$ ,  $S_0$  e  $S_1$ , e para a variedade, as gerações  $S_0$  e  $S_1$ , o modelo estatístico, considerando como fixa a média e o efeito do tratamento, foi:

$$y_{ij} = \mu + t_i + r_j + e_{ij}$$

em que:

$Y_{ij}$  : é o valor observado na parcela experimental que recebeu o tratamento  $i$  na repetição  $j$ .

$\mu$  : é a média geral.

$t_i$  : é o efeito do tratamento  $i$ , sendo  $i = 1, 2, \dots, 11$ ;

$r_j$  : é o efeito da repetição  $j$ , sendo  $j = 1, 2, 3, 4$ ;

$e_{ij}$  : é o erro experimental da parcela que recebeu o tratamento  $i$  na repetição  $j$ .

### 3.5.2 Estimativas de $m+a$ e $d$

A partir dos dados analisados, foram obtidas estimativas dos componentes de médias  $m+a$  e  $d$  utilizando procedimento semelhante ao apresentado por Vencovsky (1987). Como nesse caso existiam mais de dois tipos de populações, as estimativas de  $m+a$  e  $d$  foram obtidas pelo método dos quadrados mínimos, tendo como referência a população  $S_0$ . Desse modo,



$\bar{S}_0 = m + a_i + d_i$ ,  $\bar{S}_1 = m + a_i + 1/2d_i$  e  $\bar{F}_1 = m + a_i + 2d_i$  em que  $\bar{F}_1$ ,  $\bar{S}_0$  e  $\bar{S}_1$  são as médias das gerações  $F_1$ ,  $S_0$  e  $S_1$ , respectivamente, da população  $i$ ;  $a$  é a contribuição dos locos em homozigose de  $d$  é a contribuição dos locos em heterozigose.

### 3.5.3 Estimativa da depressão por endogamia

As estimativas da depressão por endogamia foram obtidas pela metodologia apresentada por Vencovsky (1987), por meio dos contrastes

$$\bar{F}_1 - \bar{S}_0 = d \text{ e } \bar{S}_0 - \bar{S}_1 = (1/2)d.$$

### 3.5.4 Estimativas da herdabilidade ( $h^2$ ) e intervalos de confiança

A partir das análises de variância individuais e conjunta para todas as populações, foram obtidas as estimativas de  $h^2$ , utilizando metodologia apresentada por Vencovsky e Barriga (1992) e seus respectivos intervalos de confiança (LI: limite inferior e LS: limite superior para  $1 - \alpha = 0,95$ ), de acordo com a metodologia de Knapp, Stroup e Ross (1985). Utilizando a simbologia apresentada na Tabela 1A, são mostradas, a seguir, as expressões para  $h^2$  e para os seus respectivos LI e LS dos intervalos de confiança:

$$h^2 = (Q_1 - Q_2)/Q_1 \text{ (herdabilidade ao nível de médias de famílias por local)}$$

em que:

$Q_1$ : quadrado médio de famílias;

$Q_2$ : quadrado médio do erro.

$$LI = \left\{ 1 - \left[ (Q_1/Q_2) F_{1-\alpha; 2; g1} \right]^{-1} \right\}$$

em que:

$F_{1-\alpha/2;gl_2,gl_1}$ : valor da distribuição de F para os graus de liberdade  $gl_2$  e  $gl_1$ , tal que a probabilidade de exceder este valor é de  $1-\alpha/2$ .

$$LS = \left\{ 1 - \left[ (Q_1/Q_2) F_{\alpha/2;gl_2,gl_1} \right]^{-1} \right\}$$

em que:

$F_{\alpha/2;gl_2,gl_1}$ : valor da distribuição de F para os graus de liberdade  $gl_2$  e  $gl_1$ , tal que a probabilidade de exceder este valor é de  $\alpha/2$ .

$$h^2 = (Q_4 - Q_5)/Q_4 \quad (\text{herdabilidade entre médias de famílias, para os dois locais})$$

em que:

$Q_4$ : quadrado médio de famílias;

$Q_5$ : quadrado médio da interação famílias x locais.

$$LI = \left\{ 1 - \left[ (Q_4/Q_5) F_{1-\alpha/2;gl_5,gl_4} \right]^{-1} \right\}$$

em que:

$F_{1-\alpha/2;gl_5,gl_4}$ : valor da distribuição de F para os graus de liberdade  $gl_5$  e  $gl_4$ , tal que a probabilidade de exceder este valor é de  $1-\alpha/2$ .

$$LS = \left\{ 1 - \left[ (Q_4/Q_5) F_{\alpha/2;gl_5,gl_4} \right]^{-1} \right\}$$

em que:

$F_{\alpha/2;gl_5,gl_4}$ : valor da distribuição de F para os graus de liberdade  $gl_5$  e  $gl_4$ , tal que a probabilidade de exceder este valor é de  $\alpha/2$ .

#### 4 RESULTADOS

O resumo das análises de variância individuais do desempenho das famílias  $S_{0:1}$  da produtividade de espigas despalhadas (t/ha), em Lavras e Ijaci, são apresentados na Tabela 2A. As estimativas dos CV's variaram de 15,83 a 20,76% e 19,28 a 21,58% nos experimentos conduzidos em Lavras e Ijaci, respectivamente. Verifica-se que, em ambos os locais, houve diferença significativa ( $P < 0,01$ ) entre as famílias para todas as populações

A maior eficiência do delineamento em látice, em relação ao delineamento de blocos casualizados, em Lavras, foi de 101,24% para a população BR-105, sendo que não houve eficiência para a população AG1051. Já em Ijaci, em todos os experimentos, houve eficiência do látice, sendo que, no caso da população C333B, foi de 122,34%, evidenciando, desta forma, que foi compensadora a utilização desse delineamento (Tabela 2A).

A produtividade média obtida na geração  $S_{0:1}$  foi de 6,78 t/ha e de 7,68 t/ha para a população C333B em Lavras e Ijaci, respectivamente. Para a população Z8392, esta produtividade média foi de 6,09 t/ha e 6,62 t/ha para os experimentos em ambos os locais, Lavras e Ijaci. No caso da população AG1051, em Lavras e Ijaci, a produtividade média foi de 6,96 t/ha e 6,74 t/ha, respectivamente. Já esta produtividade média para a população BR105 foi de 6,49 t/ha e 5,99 t/ha para os experimentos em Lavras e Ijaci, respectivamente (Tabela 2A). A distribuição de frequência das médias de todas as populações em ambos os locais são apresentadas nas Figuras 1 e 2.

No resumo da análise de variância conjunta, apresentada na Tabela 5, pode ser observada diferença altamente significativa ( $P \leq 0,01$ ) entre as famílias de todas as quatro populações. Apenas não houve significância para locais por parte da população AG1051. No que diz respeito à interação locais x famílias,

houve significância ( $P \leq 0,05$ ) apenas para as populações AG1051 e BR-105, indicando que, nestes casos, o comportamento das famílias não foi coincidente nos dois locais. Os CV's variaram de 18,46 a 20,35%. Com relação às médias, as mesmas variaram de 6,24 t/ha para a população BR-105 a 7,23 t/ha para a população C333B, e a distribuição de frequência das médias das famílias é mostrada na Figura 3.

O resumo da análise de variância das gerações  $F_1$ ,  $S_0$  e  $S_1$  para os híbridos simples e duplo e das gerações  $S_0$  e  $S_1$  para a variedade da produtividade de espigas despalhadas (t/ha) é apresentado na Tabela 3A. A precisão do experimento avaliada pelo coeficiente de variação (CV%) foi de 9,46%. Detectou-se diferença significativa entre os tratamentos pelo teste de F ( $P \leq 0,01$ ).

A produtividade média de espigas despalhadas das populações (Tabela 6) foi de 11,09 t/ha para a população Z8392, 13,14 t/ha para a população AG1051 e 13,41 t/ha para a população C333B, obtida na geração  $F_1$ . No caso da população BR105, a produtividade média só foi obtida a partir da geração  $S_0$  pelo fato de que esta variedade comercial se encontra em equilíbrio de Hardy-Weimberg. Já para a geração  $S_0$ , as médias obtidas variaram de 6,93 t/ha a 11,67 t/ha para as populações Z8392 e AG1051, respectivamente. Na geração  $S_1$ , foram obtidas médias variando de 5,72 t/ha (Z8392) a 7,25 t/ha (AG1051).

As estimativas da herdabilidade permitem a comparação da variabilidade genética liberada entre as famílias nas diferentes populações. Neste trabalho, as estimativas de  $h^2$  ao nível de médias de progênies por local obtidas foram altas, variando de 40% (Z8392) a 70% (C333B) e de 34% (Z8392) a 56% (AG1051) para os experimentos em Lavras e Ijaci, respectivamente (Tabela 2A). As herdabilidades entre as médias de progênies, estimadas para os dois locais, foram altas, variando de 44% para a população Z8392 a 69% para a população C333B (Tabela 5). As estimativas dos limites de confiança (95%) inferior e

superior para as herdabilidades foram estimados (Tabelas 2A e 5) e destacam-se os intervalos das populações Z8392 e BR-105, que foram maiores em relação às demais populações.

A existência de variabilidade também pode ser constatada na distribuição de frequências apresentadas nas Figuras 1,2,3. Observa-se que a população Z8392 de modo geral apresentou menor variação fenotípica e teve menor variância genética e herdabilidade em torno da média.

TABELA 5: Resumo da análise de variância conjunta da produtividade de espiga despalhada (t/ha) de 196 famílias  $S_{0:1}$  provenientes de 4 populações, em Lavras-MG e Ijaci-MG.

F.V.	G.L.	Q.M. POPULAÇÕES			
		C333B	Z8392	AG1051	BR-105
Locais (L)	1	156,488**	54,294**	9,218 <sup>ns</sup>	47,517**
Famílias (F)	195	6,859**	3,374**	6,036**	3,786**
L x F	195	2,112 <sup>ns</sup>	1,893 <sup>ns</sup>	2,469*	2,058*
Erro	338	1,783	1,674	1,893	1,564
C.V (%)		18,46	20,35	20,09	20,0
Médias (t/ha)		7,23	6,36	6,85	6,24
$h^2$ (%) <sup>1/</sup>		69,20	43,90	59,10	45,70
LI (%) <sup>2/</sup>		59,19	25,66	45,79	27,98
LS (%) <sup>3/</sup>		76,76	57,67	69,13	58,99

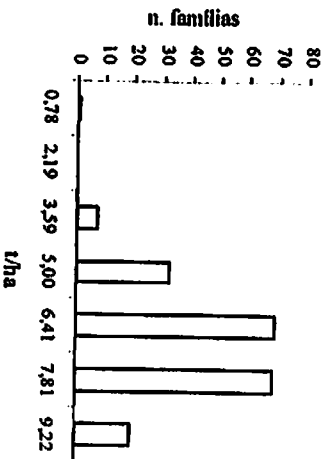
\* e \*\* - significativo pelo teste de F ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente; ns - não significativo pelo teste de F;

<sup>1/</sup> Herdabilidade entre médias de progênies, para os dois locais;

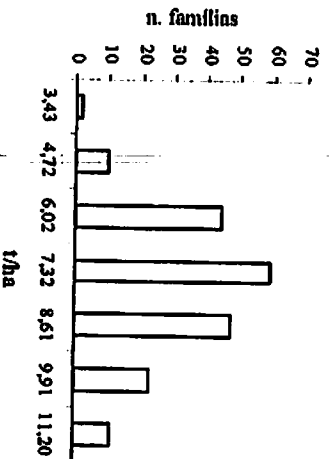
<sup>2/</sup> Limite inferior do intervalo de confiança para a herdabilidade; <sup>3/</sup> Limite superior do intervalo de confiança para a herdabilidade.

**TABELA 6: Produtividade média de espiga despalhada em t/ha, das gerações F<sub>1</sub>, S<sub>0</sub>, S<sub>1</sub> e S<sub>0:1</sub> de 4 populações em Lavras MG..**

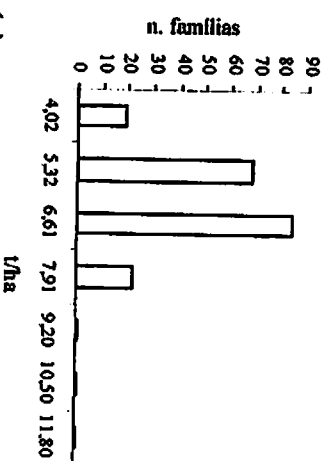
GERAÇÕES	POPULAÇÕES			
	C333B	Z8392	AG1051	BR-105
F <sub>1</sub>	13,42	11,09	13,14	---
S <sub>0</sub>	8,73	6,93	11,67	10,08
S <sub>1</sub>	6,69	5,72	7,25	6,99
S <sub>0:1</sub>	6,78	6,09	6,96	6,49



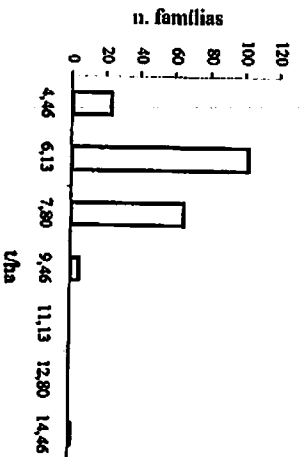
(a)



(b)

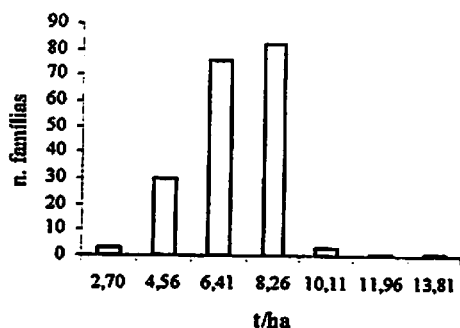


(c)

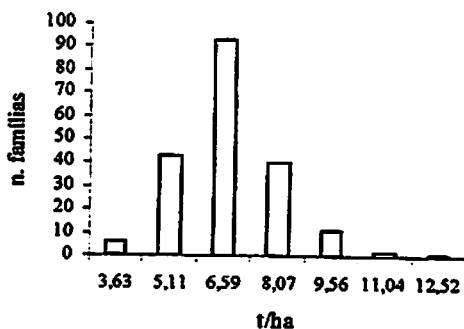


(d)

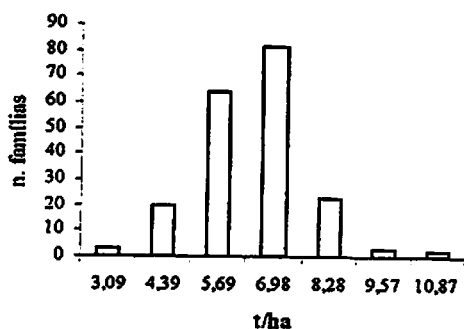
**FIGURA 1: Distribuição de frequência da produção de espigas despalhadas em t/ha, das famílias Sc1 das populações C333B e Z8392. (a) C333B - Lavras; (b) C333B - Ijaci; (c) Z8392 - Lavras; (d) Z8392 - Ijaci**



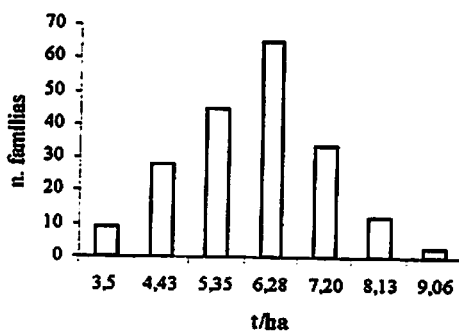
(a)



(b)



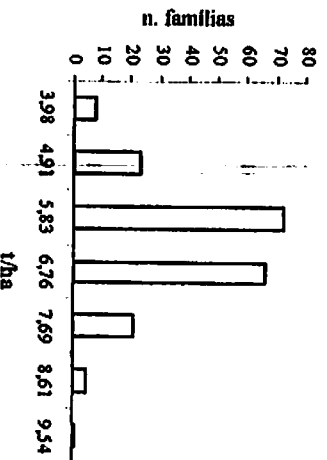
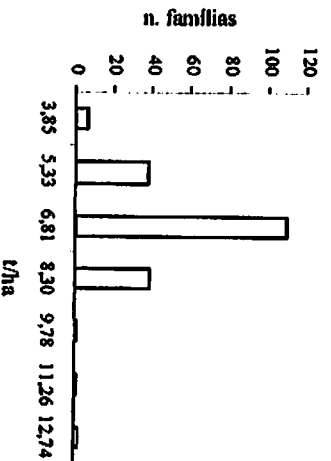
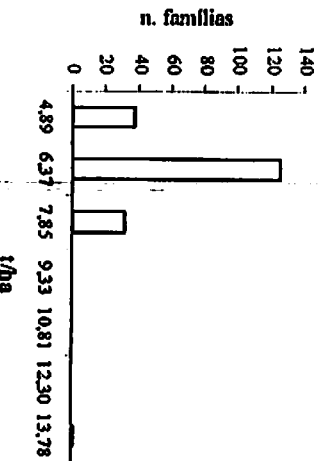
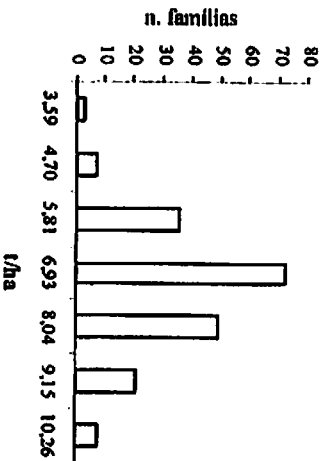
(c)



(d)

**FIGURA 2.** Distribuição de frequência da produção de espigas despalhadas em t/ha, das famílias  $S_{0;1}$  das populações AG1051 e BR-105. (a) AG1051 - Lavras; (b) AG1051 - Ijaci; (c) BR-105 - Lavras; (d) BR-105 - Ijaci.





**FIGURA 3.** Distribuição de frequência da análise conjunta da produção de espigas despalhadas em t/ha, das famílias So.1 das populações C333B (a), Z8392 (b), AG1051 (c) e BR-105 (d).

A estimativa de  $m + a$  permite prever a média de todas as linhagens possíveis de uma dada população na geração  $S_{\infty}$  (Vencovsky, 1987). No presente trabalho, foram obtidas estimativas de  $m + a$  (Tabela 7) em que as mesmas variaram de 3,64 a 6,51 para as populações Z8392 e AG1051, respectivamente. Para efeito de comparação entre as estimativas de  $m + a$  das populações duas a duas, foi aplicado o teste de t. Apenas os contrastes que continham a estimativa de  $m + a$  da população AG1051 foram significativos.

A autofecundação promove uma redução na frequência dos heterozigotos, na geração posterior, de 50%, e conseqüentemente redução de mesma ordem na heterose, o que leva à perda de vigor da produção, o que é denominado de depressão por endogamia. Nesse trabalho, foi detectada depressão por endogamia, para o caráter produção de espigas despalhadas, variando de 11,21% para a população AG1051 a 37,52% para a população Z8392, quando comparadas as gerações  $F_1$  e  $S_0$ , e de 17,47% para a população Z8392 a 37,84% para a população AG1051, quando comparadas as gerações  $S_0$  e  $S_1$  (Tabela 7). As estimativas de  $d$  (Tabela 7) variaram de 3,57 a 6,19 para as populações AG1051 e BR-105, respectivamente, sendo que as maiores estimativas foram obtidas nas populações BR-105 e C333B. A magnitude destas estimativas evidenciam a presença de dominância na manifestação do caráter, o que pode ser comprovado com a superioridade da média da geração  $F_1$  (Tabelas 6 e 7).

**TABELA 7: Estimativas dos componentes de média ( $m + a$  e  $d$ ) em t/ha e da depressão por endogamia, de 4 populações.**

Estimativas	POPULAÇÕES			
	C333B	Z8392	AG1051	BR-105
$m + a$	4,34 (0,54)	3,64 (0,54)	6,51 (0,54)	3,89 (0,98)
$d$	4,51 (0,41)	3,66 (0,41)	3,57 (0,41)	6,19 (1,24)
$F_1 - S_0$ (%)	34,92	37,52	11,21	—
$S_0 - S_1$ (%)	23,35	17,47	37,84	30,70

## 5 DISCUSSÃO

Inicialmente, é necessário salientar que o material experimental utilizado está entre os principais cultivares em uso na região. Foram envolvidos dois híbridos simples, um duplo e uma variedade de polinização livre para permitir a comparação na variabilidade genética que é liberada em populações com estrutura genética bem distinta.

Para a obtenção de estimativas fidedignas de parâmetros genéticos, é necessário que as informações sejam obtidas em experimentos com boa precisão. Como estimativa da precisão experimental, é normalmente utilizado o coeficiente de variação (CV). Neste trabalho, a precisão foi muito boa (CV=9,46%) para a avaliação simultânea das gerações  $F_1$ ,  $S_0$  e  $S_1$  (Tabela 3A). No caso dos experimentos de avaliação das famílias  $S_{0:1}$ , o CV foi maior (Tabelas 5 e 2A), porém ainda de magnitude comparável à média do que tem sido relatado com a cultura do milho (Scapim, De Carvalho e Cruz 1995). Vale salientar que pelo fato de se utilizar famílias endogâmicas, a diferença acentuada de vigor entre as plantas de uma mesma parcela e de parcelas diferentes pode refletir na precisão, mesmo assim, como já mencionado, o CV é semelhante ao obtido com famílias de meios irmãos e híbridos.

A estimativa de  $m + a$  possibilita inferir sobre a média das linhagens a serem obtidas na geração  $S_\infty$  (Vencovsky, 1987). Nesse contexto, no híbrido duplo AG1051 é esperado que as linhagens possuam maior média. O pior comportamento, embora não diferisse significativamente do híbrido simples C333B e da variedade BR-105, foi obtido pelo híbrido simples Z8392 (Tabela 7). Veja que se o híbrido duplo AG1051 for autofecundado, é esperado que suas linhagens sejam 79% e 67% superiores às do híbrido simples Z8392 e da variedade BR-105, respectivamente. Essa informação é muito útil, pois

possibilita avaliar o potencial da população para a extração de linhagens e tem sido frequentemente utilizada na cultura do milho ( Viana et al., 1982, Nass e Miranda Filho, 1995 e Packer, 1998) e em outra espécies, tais como feijão (Oliveira, 1995 e Abreu, 1997).

Quando se utiliza um híbrido simples, a estimativa de  $m + a$  corresponde também à média das duas linhagens que darão origem ao híbrido. Veja que o  $\alpha$  corresponde a  $(2p-1)\alpha$ ; assim, nos locos que estão segregando,  $p$  deverá ser 0,5 e, portanto, eles não interferem na estimativa de  $m + a$ . Logo, a contribuição do  $\alpha$  será restrita aos locos cuja constituição genotípica seja comum em ambas as linhagens. Se a frequência de locos em homozigose com alelos favoráveis for maior em um híbrido do que no outro, esse fato será observado na estimativa de  $m + a$ . No presente trabalho, como as estimativas desse parâmetro nos dois híbridos simples, C333B e Z8392, foram semelhantes, é provável que eles possuam proporção semelhante de locos em homozigose com alelos favoráveis para o caráter peso de espigas.

Quando se usa híbrido simples, a estimativa de  $m + a$  também possibilita inferir sobre a contribuição relativa dos locos em homozigose - desempenho das linhagens parentais- ao vigor híbrido. Infere-se, também, sobre as médias das duas linhagens genitoras, no caso dos híbridos C333B e Z8392, que a contribuição das linhagens foi semelhante, cerca de 33%, isto é,  $m + a$  dividido pela média obtida na geração  $F_1$  do híbrido correspondente. Souza Sobrinho, Ramalho e Souza (1998) estimaram a contribuição de  $m + a$  para sete híbridos simples comerciais e encontraram que o desempenho das linhagens "per se" variou de 18,6% a 44,2%. A heterose em relação à média dos pais foi de 108% e 101% para os híbridos C333B e Z8392, respectivamente. Contribuições semelhantes da heterose em relação a  $m + a$  foram obtidas por Souza Sobrinho, Ramalho e Souza (1998).

A média das famílias  $S_{0:1}$ , evidentemente por conter ainda muitos locos em heterozigose, pode não refletir bem a média das linhagens na geração  $S_{\infty}$ . Contudo, a correlação entre a estimativa de  $m+a$  e a média das famílias  $S_{0:1}$  de cada população foi alta ( $r=0,81$ ), indicando que  $m+a$  representa bem a média das famílias  $S_{0:1}$ . É provável que com as linhagens avaliadas nas mesmas condições, a correlação seja até maior. No caso do milho, não foi encontrado nenhum resultado a esse respeito, contudo, para o feijoeiro, a correlação de  $m+a$  e a média de famílias  $F_{5:7}$ , quando quase todos os locos estão em homozigose, foi de 0,97 (Abreu, 1997), realçando o que foi comentado anteriormente, e que o modelo genético adotado, sem efeitos epistáticos, foi adequado.

Como já comentado, a estimativa de  $m+a$  é muito útil, contudo ela não possibilita inferir sobre a variabilidade esperada entre as linhagens. Assim, duas populações podem dar origem a linhagens com a mesma média, no entanto, a amplitude de variação no desempenho dessas linhagens pode ser bem diferente. É evidente que será preferida a população que permita obter linhagens que apresentem entre si maior amplitude de variação. A variância fenotípica presente em gerações precoces é um indicativo da variabilidade potencial entre as linhagens na geração  $S_{\infty}$ . A estimativa da variância fenotípica deve ser obtida a partir de dados de plantas individuais. Contudo, esse fato traz, entre outros, os seguintes problemas: a baixa precisão da estimativa e a dificuldade na obtenção dos dados. Uma alternativa seria obter a estimativa da contribuição dos locos em heterozigose ( $d$ ). Isto porque, partindo-se do pressuposto que todos os locos tenham a mesma contribuição para o fenótipo, maior estimativa de  $d$  implica em maior frequência de locos em heterozigose e, desse modo, maior variância será esperada entre as linhagens, haja visto que o número de linhagens diferentes em  $S_{\infty}$  é fornecido por  $2^n$ , em que  $n$  é o número de locos segregantes. Se essa pressuposição for correta, a estimativa de  $d$  irá refletir a variância liberada na

geração  $S_{\infty}$ , e ela pode ser obtida envolvendo as gerações  $F_1$  e  $F_2 = S_0$  ou  $S_0$  e  $S_1$ , com pouco trabalho e boa precisão.

Para verificar esse fato, foi estimada a variância genética entre as famílias  $S_{0:1}$ , que corresponde à variância entre as famílias  $S_0$ . A comparação das estimativas da variância com o  $d$  fica prejudicada, pois as variâncias não são diretamente comparáveis, contudo, a estimativa da herdabilidade possibilita essas comparações.

Antes de proceder essas comparações, é necessário enfatizar que a herdabilidade entre famílias  $S_{0:1}$ , contem, no numerador da sua expressão,  $\sigma_A^2 + 1/4\sigma_D^2 + D_1 + 1/8D_2$  (Cockerham e Matzinger, 1985), pois a frequência alélica não deve ser 0,5, como o que ocorre para o híbrido duplo e a variedade, contendo, além de  $\sigma_A^2$  e  $\sigma_D^2$ , também os componentes  $D_1$  (covariância entre os efeitos aditivos e dominantes dos homozigotos) e  $D_2$  (variância dos efeitos de dominância nos homozigotos). Já na geração  $S_{\infty}$ , sendo a frequência alélica de 0,5, a herdabilidade conterá, no numerador da expressão,  $2\sigma_A^2$  e com  $p \neq q$ ,  $2\sigma_A^2 + 4D_1 + D_2$ . Assim, a herdabilidade entre famílias  $S_{0:1}$  subestima a herdabilidade esperada na geração  $S_{\infty}$ . Isso é fácil de ser visualizado considerando que na geração  $S_{0:1}$  ainda há um grande número de locos em heterozigose que irão segregar posteriormente, ampliando a variabilidade. Contudo, é esperado que populações com maior herdabilidade na geração  $S_{0:1}$  também o sejam em  $S_{\infty}$ .

Nesse trabalho, ficou evidenciado (Tabela 7) que as populações apresentaram variação genética de diferentes magnitudes. O híbrido Z8392 e a variedade BR105 apresentaram menores estimativas de  $h^2$ . Veja, inclusive, que o intervalo de confiança dessas estimativas ficou fora dos limites das estimativas de  $h^2$  das demais populações (Tabela 5 e 2A). Infere-se, então, que as populações AG1051 e C333B devem ser realmente superiores às demais. As

distribuições de frequências das médias (Figura 1,2 e 3) refletem esse fato. As estimativas de  $h^2$  obtidas foram de magnitude semelhante às relatadas na literatura (Grombacher, Russel e Guthrie, 1989; Pinto, 1996 e Packer, 1998).

Na literatura, há alguns relatos de estimativas da variância genética entre famílias para a população CMS-05 (BR105) utilizando famílias de meios irmãos. Nesses trabalhos, ficou evidenciado que essa população é muito promissora para o melhoramento devido a sua média e variabilidade disponível (Arias, 1995 e Takeda, 1997). No presente trabalho, a população BR-105 apresentou maior estimativa de  $d$ , que as demais populações, seguida pela população C333B (Tabela 7), e sua média, quando comparada às médias da geração  $S_0$  das populações AG1051 e C333B, por se encontrarem em equilíbrio, foi intermediária e, portanto, alta (Tabela 6).

A estimativa da correlação entre  $d$  e  $h^2$  envolvendo as quatro populações foi baixa ( $r=0,21$ ) indicando que a estimativa de  $d$  não forneceu a mesma informação da herdabilidade  $e$ , portanto, ela não foi uma boa medida da variabilidade existente na população. Este resultado é diferente do obtido por Abreu (1997) que trabalhando com quatro populações de feijão obteve uma correlação alta e positiva ( $r=0,97$ ) entre as estimativas de  $d$  e  $h^2$ .

Considerando que o  $d$  mede a contribuição dos locos em heterozigose  $e$ , portanto, os locos que estão segregando, a não associação entre  $d$  e  $h^2$  pode ser atribuída a alguns fatores. Uma provável explicação, é que as populações não apresentaram grande variação na estimativa de  $d$  e/ou  $h^2$ . Este fato em princípio foi observado, pois das quatro populações consideradas, em três delas as estimativas de  $d$  não diferiram significativamente. O mesmo comentário é válido para as estimativas de  $h^2$  que, embora de grandes magnitudes, apresentaram valores semelhantes. Este fato seria um argumento para que se continue buscando informações a esse respeito, visando a obtenção de resultados mais conclusivos.



A segunda explicação é que podem estar envolvidos locos com diferentes contribuições, isto é, em alguns cruzamentos embora a estimativa de  $d$  tenha sido grande, isto ocorreu porque um número restrito de locos seja responsável pelo vigor observado. Neste caso, o modelo adotado não seria adequado, pois este, considera que os locos tenham o mesmo efeito.

Uma terceira explicação seria devido a amostragem deficiente das famílias. Contudo, Pinto (1996) em seu trabalho mostra que 175 famílias  $S_{0:1}$  representam satisfatoriamente a população, e no presente trabalho foram utilizadas 196 famílias, que é um número acima do indicado.

Levando-se em conta a predição do potencial das linhagens associada a uma boa variabilidade, a estimativa de  $m+a$  permite a obtenção das informações que os melhoristas necessitam para tomar decisões sobre quais populações segregantes serão mais promissoras. Neste trabalho, as estimativas de  $m+a$  obtidas permitiram indicar que a população mais promissora foi a AG1051, por apresentar alto valor de  $m+a$ , pois proporcionará linhagens com média alta.

Depreende-se, então, que essa estimativa permitirá ao melhorista, a partir da avaliação simultânea das gerações  $S_0$  e  $S_1$ , obter informações precocemente da média entre as linhagens na geração  $S_{\infty}$ .

É necessário salientar que há, na literatura, controvérsias com relação à utilização do método, por este ser dependente do tipo de população a ser utilizada, como é o caso de Packer (1998), relatando que as estimativas de  $m+a$  e  $d$  não refletem de forma clara a estrutura genética quando se consideram populações com alta frequência de alelos desfavoráveis devido aos mesmos, quando em homozigose, interferirem de forma prejudicial na produtividade, muitas vezes pela ação epistática, o que leva a resultados tendenciosos. Já para populações com baixa frequência de alelos desfavoráveis, que já tenham passado por processos endogâmicos, tais estimativas são aceitáveis devido à menor

influência da carga genética. Este fato dificulta a comparação entre populações melhoradas e não melhoradas.

Como já mencionado, um dos objetivos dos melhoristas é a identificação de populações com melhor potencial para a extração de linhagens. Na fase de escolha das populações a serem utilizadas, são preferidos os materiais que já passaram por algum processo seletivo, ou seja, tiveram sua carga genética reduzida. Portanto, quando são utilizadas populações melhoradas e não melhoradas, as últimas podem não apresentar estimativas confiáveis de  $m + a + d$ , e isto as deixarão em desvantagem quando comparadas com as populações melhoradas e, então, serão eliminadas.

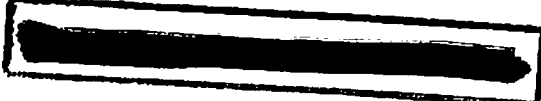
## 6 CONCLUSÕES

- A população  $S_0$  com maior potencial para a extração de linhagens é a do AG1051, pois apresentou alta estimativa de  $m + a$ .
- Não houve concordância entre as estimativas de  $d$  e da herdabilidade, indicando que a depressão por endogamia não é um bom indicador da variabilidade potencial da população.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, A. de F. B. Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais. Lavras: UFLA, 1997. 80p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- ARIAS, C. A. A. Componentes de variância e covariância genética relacionados à seleção recorrente intra e interpopulacional no milho (*Zea mays* L.). Piracicaba: ESALQ/USP, 1995. 139p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- BENSON, D. L.; HALLAUER, A. R. Inbreeding depression rates in maize populations before and after recurrent selection. *Journal of Heredity*, Iowa, v.85, n.2, p.122-128, Mar./Apr. 1994.
- BLANDÓN, S. C. Efeito da deriva genética sobre caracteres quantitativos em uma população de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba: ESALQ/USP, 1996. 90p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- COCKERHAM, C. C.; MATZINGER, D. F. Selection response based on selfed progenies. *Crop Science*, Madison, v.25, n.3, p.483-488, May/june 1985.
- CORNELIUS, P. L.; DUDLEY, J. W. Effects of inbreeding by selfing and full-sib mating in a maize population. *Crop Science*, Madison, v.14, n.4 p.815-819, June 1974
- DE MORAIS, A. R.; OLIVEIRA, A. C.; GAMA, E. E. G.; et al. A method for combined analysis of the diallel crosses repeated in several environments. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.26, n.3, p.371-381, mar. 1991
- FALCONER, D. S. *Introdução à genética quantitativa*. Tradução de Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa: UFV, 1987. 279p. Tradução de *Introduction to quantitative genetics*.
- FALCONER, D. S. *Introduction to quantitative genetics*. 3.ed. Harlow: Longman Scientific & Technical, 1989. 438p.

- FERRÃO, R. G.; GAMA, E. E. G.; DE CARVALHO, H. W. L.; et al. Avaliação da capacidade combinatória de vinte linhagens de milho em um dialelo parcial. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.29, n.12, p.1933-1939, dez. 1994.
- FERREIRA, D.F. Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos. Lavras: ESAL, 1993. 72p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- GAMA, E. E. G.; GUIMARÃES, P. E. O.; MAGNAVACA, R.; et al. Avaliação das capacidades geral e específica de combinação em sete populações de milho da América Latina. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.27, n.8, p.1167-1172, ago. 1992.
- GROMBACHER, A. W.; RUSSEL, W. A.; GUTHRIE, W. D. Effects of recurrent selection in two maize synthetics on agronomic trait of S<sub>1</sub> lines. *Maydica*, Bergamo, v. 4, n.4, p.343-352, Apr. 1989.
- HALLAUER, A. R. Methods used in developing maize inbred lines. *Maydica*, Bergamo, v.35, p.1-16, 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.; SEARS, J. H. Changes in quantitative traits associated with inbreeding in a synthetic variety of maize. *Crop Science*, Madison, v.13, n.3, p.327-330, May/June 1973.
- KNAPP, S. J.; STROUP, N. W.; ROSS, W. M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. *Crop Science*, Madison, v.25, n.2, p.192-194, Mar./Apr. 1985.
- LAMKEY, K. R.; SMITH, O. S. Performance and inbreeding depression of populations representing seven eras of maize breeding. *Crop Science*, Madison, v.27, n.4, p.695-99, July/Aug. 1987.
- LIMA, M.; MIRANDA FILHO, J. B.; GALLO, P. B. Inbreeding depression in brazilian populations of maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, Bergamo, v.29, p.203-215, 1984.

- 
- MARQUES, J. R. B. Seleção recorrente com endogamia em duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba: ESALQ/USP, 1988. 145p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- MAURO, S. M. Z. Avaliação da variabilidade genética e do potencial do composto dentado para seleção recorrente recíproca em milho (*Zea mays* L.). Viçosa: UFV, 1990. 95p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento).
- NASS, L. L.; MIRANDA FILHO, J. B. Inbreeding depression rates of semi-exotic maize (*Zea mays* L.) populations. *Revista Brasileira de Genética*, v.18, n.4, p.585-592, Dec. 1995.
- OLIVEIRA, L. B. Alternativas na escolha dos parentais em um programa de melhoramento de feijoeiro. Lavras: UFLA, 1995. 67p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- PACKER, D. Variabilidade genética e endogamia em quatro populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba: ESALQ/USP, 1998. 102p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- PACKER, D.; REGITANO NETO, A.; MIRANDA FILHO, R. J. Estudo de progênies endogâmicas da população ESALQ/USP PB-1 de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 21., 1996, Londrina. Resumos... Londrina: ABMS/IAPAR-PR, 1996. p.99.
- PINTO, R. M. C. Tamaho da amostra para seleção recorrente com progênies  $S_1$  em milho. Piracicaba: ESALQ/USP, 1996. 92p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. B. Genética na agropecuária. 6.ed. São Paulo:Globo, 1989. 359p.
- SCAPIM, C. A.; DE 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.
- SCHNELL, F. W. Trends and problems in breeding methods for hybrid com. *Porc. British Poultry Breeders Round Table*, Birmingham, England, v.16 p.86-98, 1974

- SHULL, G. H. The composition of a field of maize. *American Breeders Association Report*, Washington, v.4, p.296-301, 1908.
- SILVA, J. C.; PINTO, L. R. Depressão causada pela endogamia em seis variedades de milho (*Zea mays* L.) opaco-2. *Revista Ceres*, Viçosa, v.29, n.162, p.164-75, 1982.
- SINGH, S. P.; URREA, A. C. Inter- and intraracial hybridization and selection for seed yield in early generations of common bean, *Phaseolus vulgaris* L. *Euphytica*, Wageningen, v.81, n.2, p.131-137, June 1995.
- SOUZA JÚNIOR, C. L.; FERNANDES, J. S. C. Predicting the range of inbreeding depression of inbred lines in cross-pollinated populations. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.20, n.1, p.35-39, Mar. 1997.
- SOUZA SOBRINHO, F. S.; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, J. C. Heterose de alguns híbridos em uso na região sudeste. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 22., 1998, Recife. *Resumos exp...* Recife: ABMS/IAPA/EMBRAPA MS, 1998. cd.
- TAKEDA, C. Estimativas dos efeitos da seleção recorrente intra e interpopulacional em linhagens de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba: ESALQ/USP, 1997. 133p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- TERASAWA JUNIOR, F. Seleção recorrente com endogamia em duas populações de milho: avaliação quantitativa e perspectivas para seleção de híbridos. Piracicaba: ESALQ/USP, 1993. 169p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEIGA, G. P., eds. *Melhoramento e produção do milho no Brasil*. 2.ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.122-201.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486p.
- VIANNA, R. T.; GAMA, E. E. G.; NASPOLINI FILHO, V.; et al. Inbreeding depression of several introduced populations of maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, Bergamo, v.27, n.1, p.151-157, Jan. 1982.

## ANEXOS

Anexo A

Página

TABELA 1A	Esquema das análises de variância para produtividade de espigas despalhadas, utilizando totais de parcela. ....	47
TABELA 2A	Resumo da análise de variância da produtividade de espigas despalhadas (t/ha) das 196 famílias $S_{0:1}$ provenientes de 4 populações, avaliadas em Lavras, MG e Ijaci, MG. ....	48
TABELA 3A	Resumo da análise de variância do Delineamento de Blocos Casualizados, da produtividade de espigas despalhadas (t/ha) das gerações $F_1$ , $S_0$ e $S_1$ , avaliadas em Lavras-MG. ....	49



**TABELA 1A: Esquema das análises de variância para produtividade de espigas despalhadas, utilizando totais de parcela.**

<b>Análises individuais</b>			
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>QM</b>	<b>E(QM)</b>
Progênes	$gl_1$	$Q_1$	$\sigma_c^2 + 2\sigma_{ps}^2$
Erro	$gl_2$	$Q_2$	$\sigma_c^2$
<b>Análise conjunta</b>			
Locais (L)	$gl_3$	$Q_3$	—
Progênes (P)	$gl_4$	$Q_4$	$\sigma_c^{2'} + 2\sigma_{pl}^2 + 4\sigma_p^2$
P x L	$gl_5$	$Q_5$	$\sigma_c^{2'} + 2\sigma_{pl}^2$
Erro médio	$gl_6$	$Q_6$	$\sigma_c^{2'}$

$\sigma_c^2$  e  $\sigma_c^{2'}$  : Variâncias do erro experimental das análises individuais e conjunta;

$\sigma_{ps}^2$  : Variância genética entre progênes no local S;

$\sigma_p^2$  : Variância genética entre progênes independente de local;

$\sigma_{pl}^2$  : Variância da interação progênes por locais.

TABELA 2A: Resumo da análise de variância da produtividade de espigas espalhadas (t/ha) das 196 famílias S<sub>0:1</sub> provenientes de 4 populações, avaliadas em Lavras - MG e Ijaci - MG.

FV	GL	LAVRAS			
		QM POPULAÇÕES			
		C333B	Z8392	AG1051	BR-105
Famílias	195	3,868 **	2,661 **	4,678 **	3,155 **
Erro	169	1,152	1,591	2,085	1,454
C.V.(%)		15,83	20,71	20,76	18,58
Ef. látice		100,20	100,67	—	101,24
Médias (t/ha)		6,78	6,09	6,96	6,49
h <sup>2</sup> (%)		70,22	40,21	55,43	53,91
LI (%)		60,17	20,04	40,94	38,37
LS (%)		77,80	55,43	66,37	65,54
IJACI					
Famílias	195	5,117 **	2,620 **	3,827 **	2,689 **
Erro	169	2,414	1,742	1,687	1,674
C.V.(%)		20,23	19,94	19,28	21,58
Ef. látice		122,34	104,87	105,32	107,68
Médias (t/ha)		7,68	6,62	6,74	5,99
h <sup>2</sup> (%) <sup>1/</sup>		52,82	33,51	55,92	37,75
LI (%) <sup>2/</sup>		36,91	11,08	41,05	16,75
LS (%) <sup>3/</sup>		64,83	50,44	67,14	53,59

\*\* - Significativo pelo teste de F ao nível de 1% de probabilidade;

<sup>1/</sup> Herdabilidade ao nível de médias de progênies por local;

<sup>2/</sup> Limite inferior do intervalo de confiança para a herdabilidade;

<sup>3/</sup> Limite superior do intervalo de confiança para a herdabilidade.

**TABELA 3A: Resumo da análise de variância do Delineamento de Blocos Casualizados, da produtividade de espigas despalhadas (t/ha) das gerações F<sub>1</sub>, S<sub>0</sub> e S<sub>1</sub>, avaliadas em Lavras-MG.**

F.V.	G.L.	S.Q.	Q.M.
Bloco	3	7,716	2,572 *
Tratamento	10	304,76	30,476 **
Erro	30	22,95	0,765
<b>Total</b>	<b>43</b>	<b>1.086,83</b>	
C.V. (%)	9,46		
Média (t/ha)	9,246		

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