

**POTENCIAL DE HÍBRIDOS SIMPLES DE
MILHO PARA EXTRAÇÃO DE LINHAGENS**

ODAIR BISON

2001

51733

MFV-38498

ODAIR BISON

**POTENCIAL DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO
PARA EXTRAÇÃO DE LINHAGENS**

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

Orientador

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
2001

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

Bison, Odair

Potencial de híbridos simples de milho para extração de linhagens / Odair
Bison. -- Lavras : UFLA, 2001.

73 p. : il.

Orientador: Magno Antonio Patto Ramalho.

Dissertação (Mestrado) – UFLA.

Bibliografia.

1. Milho. 2. Componente de média. 3. Componente de variância. 4. Genética
quantitativa. 5. Melhoramento genético vegetal. I. Universidade Federal de
Lavras. II. Título.

CDD-633.153

-631.53

ODAIR BISON

**POTENCIAL DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO
PARA EXTRAÇÃO DE LINHAGENS**

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

APROVADA em 16 de fevereiro de 2001.

Dr. Mauricio Ballesteiro Pereira

UFRRJ/IB

Dr. João Cândido de Souza

UFLA/DBI



Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

UFLA/DBI

(Orientador)

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL

“Se teus projetos são para um ano - semeia o grão.

Se são para dez anos - planta uma árvore.

Se são para cem anos - instrua o povo.

Semeando uma vez o grão - colherás uma única vez, plantando uma árvore - colherás dez vezes, instruindo o povo - colherás cem vezes.

Se deres um peixe a um homem - ele comerá uma única vez, se porém o ensinares a pescar - ele comerá a vida inteira”.

Kuan-tsu.

Aos meus pais, Oldir e Irene.

Ao meu padrinho, Diogenes.

Ao meu irmão, Olivar.

À minha cunhada, Elisete.

À minha sobrinha, Eduarda.

À minha namorada, Lilian.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por mais esta etapa vencida.

À Universidade Federal de Lavras (UFLA), pela oportunidade concedida.

Ao CNPq pela bolsa de estudos.

Ao professor Magno Antonio Patto Ramalho, pelo exemplo de dedicação e persistência no trabalho, pela amizade e dedicada orientação, pelos ensinamentos transmitidos e pelo estímulo em buscar sempre mais conhecimento.

Aos demais professores do curso de Genética e Melhoramento de Plantas da UFLA, César A.B.P. Pinto, João Bosco dos Santos, Ângela de Fátima B. Abreu, Renzo G. Von Pinho e Samuel P. de Carvalho, pelos conhecimentos transmitidos, que me proporcionaram uma boa formação.

Ao professor João Cândido de Souza e ao pesquisador Pedro Hélio E. Ribeiro, pela amizade e colaboração na montagem dos experimentos.

Aos professores Mauricio Ballesteiro Pereira, Elizabeth B.B. Pereira, Leonardo Oliveira Medici e Nídia Majerowicz, da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, pela orientação durante a graduação, pela amizade e pelo incentivo para que eu fizesse o curso de Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas.

Ao meu padrinho, Diogenes Colombo, pela amizade e incentivo durante a graduação e o mestrado.

Aos meus pais, Oldir e Irene Bison, pela educação, carinho e incentivo na minha profissão.

À minha namorada, Lilian Rangel de Castilhos, que também me incentivou a fazer o mestrado, me deu força nas horas difíceis, compreendeu a minha ausência e pelo amor e carinho dedicados.

Ao colega Francislei Vitti Raposo, pela amizade, pelos conselhos e pela ajuda durante a realização deste curso.

Aos demais colegas do curso de Genética e Melhoramento de Plantas: Eduardo Lambert, Vanderlei, Sidney, Eigo, Juliana, Juliane, Fábria, Paulo Sérgio, Marilaine, Ana Luiza, Roselaine, Janaina, Antônio Carlos, Antônio Gilson, José Eustáquio, Jair, Hélia, Flávia França, Flávia Avelar, João Luís, Fausto, Carlos Ledo, Maximilian, Vânia, Sandro, Máira, Marcos, Déa, Maria Cristina, Maria Gabriela, Nelcimar, Dyeme, Geovani Alves, Geovani Amaro, Eduardo Bignotto, Paulo Alencar, Patrícia, Glauco, André, Isabela e Lilia, pelo convívio, ajuda e amizade.

Aos alunos de iniciação científica, Rogério, Fernanda, Luciano, Adriano, Ronaldo e Agnaldo, pela ajuda na condução dos experimentos.

Aos funcionários do Departamento de Biologia: Francisco, Irondina, Rosângela, Zélia, Elaine e Rafaela, pela atenção dedicada.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	ii
1 INTRODUÇÃO.....	01
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	03
2.1 Obtenção de híbridos.....	03
2.1.1 Escolha da(s) população(ões) para extração de linhagens.....	13
2.1.2 Obtenção de linhagens.....	16
2.1.3 Avaliação da capacidade de combinação das linhagens.....	19
2.2 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos utilizando famílias endogâmicas.....	20
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	29
3.1 Material genético.....	29
3.2 Obtenção das famílias.....	29
3.3 Local.....	29
3.4 Delineamento experimental.....	29
3.5 Condução do experimento.....	30
3.6 Características avaliadas.....	30
3.7 Análise de variância dos dados.....	31
3.8 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos.....	32
3.9 Estimativa do ganho esperado com a seleção.....	36
3.10 Correlações genéticas entre os caracteres.....	37
3.11 Resposta correlacionada à seleção.....	37
3.12 Predição do potencial das populações na obtenção de linhagens superiores.....	38
4 RESULTADOS.....	40
5 DISCUSSÃO.....	53

6 CONCLUSÕES.....	61
7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	62
ANEXOS.....	71

RESUMO

BISON, Odair. **Potencial de híbridos simples de milho para extração de linhagens.** Lavras: UFLA, 2001. 73p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)*

Uma das opções de populações para a extração de linhagens é a utilização de híbridos simples comerciais, isto porque são adaptados e provavelmente concentram alta frequência de alelos favoráveis já fixados e, mesmo nos locos que estão segregando, a frequência de alelos favoráveis é 0,5. Assim, a identificação de populações derivadas de híbridos simples promissoras para a extração de linhagens é uma estratégia para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento. Com essa finalidade, foi realizado o presente trabalho, visando à estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos de populações derivadas de dois híbridos simples comerciais. Para isso, foram avaliadas 169 famílias $S_{0.1}$ derivadas do híbrido AG9012 e o mesmo número do C333, durante a safra agrícola de 1999/2000, na área experimental do Departamento de Biologia da UFLA, em Lavras - MG. As famílias foram avaliadas em dois látices simples 13x13, sendo as parcelas constituídas por uma linha de 3m. As características avaliadas foram incidência de *Phaeosphaeria maydis* em duas épocas, utilizando uma escala diagramática com notas variando de 1 a 9, em que 1 representava ausência de sintomas e 9 mais de 80% de área foliar afetada, altura de plantas, altura de espigas e produtividade de espigas despilhadas. As estimativas da média, variância genética, herdabilidade e ganho esperado com a seleção possibilitam inferir que há condições de se obter sucesso com a seleção recorrente. Também foi constatado que há possibilidade de se obterem linhagens com bom desempenho *per se* e que a população derivada do C333 foi a mais promissora, por associar resistência a *Phaeosphaeria maydis*, possuir média mais alta e maior probabilidade de obtenção de linhagens superiores.

* Orientador: Magno Antonio Patto Ramalho - UFLA

ABSTRACT

BISON, Odair. Potential of maize single hybrids to generate inbred lines. Lavras: UFLA, 2001. 73p. (Dissertation - Master in Genetics and Plant Breeding)*

Populations derived from commercial single hybrids are one of the breeder options for inbred line extraction because of their adaptation and probable high frequency of loci with fixed favorable alleles. Even the segregating loci carry favorable alleles at a frequency of 0.5. Therefore, identification of promising single hybrid populations for inbred line extraction is strategic to increase the efficiency of breeding programs. The present study was carried out to estimate genetic and phenotypic parameters of populations derived from two commercial single hybrids. Two sets of 169 $S_{0.1}$ families derived from the AG9012 and C333 hybrids were assessed during the 1999/2000 growing season in the experimental area of the Biology Department at UFLA in Lavras, MG. The families were assessed in two simple 13×13 lattices in 3 m single row plots. The assessed traits were: a) incidence of *Phaeosphaeria maydis* in two sowing periods using a diagrammatic scale with scores from 1 to 9, where one and nine represented absence of symptoms and more than 80% of leaf area affected, respectively; b) plant height; c) ear height; and, d) de-hulled ear yield. The estimates of the means, genetic variances, heritabilities and expected gains from selection suggest that progress can be obtained with recurrent selection. It was also detected that inbred lines with good "per se" performance can be obtained. The C333 hybrid derived population was the most promising for breeding purposes due to its resistance to *Phaeosphaeria maydis* associated with a higher mean and greater potential to generate superior inbred lines.

* Adviser: Magno Antonio Patto Ramalho - UFLA

1 INTRODUÇÃO

A obtenção de híbridos foi a principal causa do espetacular aumento em produtividade de grãos na cultura do milho, possibilitando, mesmo com a redução da área cultivada, atender à demanda crescente da população, a qual foi observada no último século. O desafio está em continuar produzindo novos híbridos que possam substituir com vantagens os existentes.

Em um programa de obtenção de híbridos estão envolvidas pelo menos quatro etapas: a escolha das populações, a obtenção das linhagens, a avaliação da capacidade de combinação das mesmas e teste extensivo das combinações híbridas obtidas (Paterniani e Campos, 1999). Dessas etapas, a escolha das populações a serem autofecundadas é de fundamental importância, pois todo sucesso depende dela.

Na escolha das populações, é importante saber que o desempenho de um híbrido depende da contribuição das linhagens *per se* e da heterose entre elas (Vencovsky e Barriga, 1992). Então, deve-se levar em consideração a probabilidade de obter linhagens com alta produtividade e com boa heterose quando cruzadas. A avaliação do potencial das populações para a obtenção de linhagens produtivas pode ser realizada por meio da estimativa de $m+a'$ (Vencovsky, 1987), procedimento que tem sido amplamente utilizado na cultura do milho (Packer, 1998; Lima, 1999; Souza Sobrinho, Ramalho e Souza, 2000).

Essa estimativa, embora muito útil, apresenta a restrição de não considerar a variabilidade existente entre as linhagens. Um procedimento que possibilita obter esta informação é o método de Jinks e Pooni (1976), que estima a probabilidade de obter linhagens que superem um determinado nível de produtividade na geração F_{∞} . Essa metodologia tem sido muito utilizada no melhoramento de plantas autógamas (Otubo et al., 1996; Abreu, 1997; Santos,

2000), contudo, não foram encontrados relatos sobre sua utilização na cultura do milho. No caso da heterose, essa é função da divergência genética e da existência de dominância no controle do caráter (Falconer e Mackay, 1996). Assim, deve-se procurar identificar populações que sejam mais divergentes.

Na cultura do milho, há inúmeras opções de populações que podem ser utilizadas pelos melhoristas. Entre as mais promissoras estão aquelas derivadas de híbridos simples comerciais, porque são adaptados e, por consequência, devem possuir uma grande proporção de locos favoráveis já fixados e também locos segregando com a frequência alélica 0,5. Assim, essas populações associam média alta das linhagens na geração S_{∞} e grande variabilidade entre elas para a seleção. Embora o emprego de híbridos simples seja promissor, não foram encontrados relatos sobre sua utilização para a extração de linhagens no Brasil. Contudo, tal prática é freqüente em outros países (Hallauer, 1990; Troyer, 1999).

Como há inúmeras opções de híbridos simples comerciais, é importante avaliar o potencial desses híbridos para a extração de linhagens e também para a seleção recorrente. Do exposto, foi realizado o presente trabalho, com o objetivo de verificar o potencial de populações derivadas de dois híbridos simples, por meio das estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, para a condução de um programa de melhoramento.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Obtenção de híbridos

O termo híbrido pode ser definido como a geração F_1 ou a primeira geração proveniente do cruzamento entre variedades de polinização aberta, linhagens endogâmicas ou outras populações geneticamente divergentes (Borém, 1998).

Com a utilização de híbridos, os melhoristas estão interessados em capitalizar a heterose ou o vigor de híbrido, que é a superioridade do F_1 em relação ao melhor pai ou em relação a média dos pais. O termo heterose foi criado por Shull, em 1914, ao observar que plantas heterozigóticas de milho eram mais vigorosas, produtivas e mais resistentes às pragas e doenças do que as homozigóticas (Paterniani e Campos, 1999).

Entre as vantagens da utilização de híbridos estão: 1) associar características de distintos genitores; 2) obter genótipos superiores em um prazo relativamente curto; 3) utilizar interações alélicas na geração híbrida; 4) produzir genótipos uniformes; 5) menor interação dos híbridos x ambientes e 6) produzir semente de milho híbrido em escala comercial, com reflexos gerais favoráveis sobre a economia da região (Paterniani, 1974). Há vários tipos possíveis de híbridos que se destacam (Miranda Filho e Viégas, 1987):

1) top-cross - resulta do cruzamento entre uma linhagem endogâmica e uma cultivar 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 para utilização em híbridos;

2) híbrido simples - é obtido mediante o cruzamento de duas linhagens endogâmicas. Em geral, é mais produtivo do que os outros tipos de híbridos, apresentando grande uniformidade de plantas e de espigas. A semente tem um

custo de produção mais elevado, porque é produzida nas linhagens que, por serem endogâmicas, exibem produção mais baixa;

3) híbrido simples modificado - utiliza-se como genitor feminino o híbrido entre duas linhagens afins da mesma família, isto é, $(A \times A')$ e, como genitor masculino, uma linhagem (B) ou também um híbrido entre linhagens afins $(B \times B')$. Nestes casos, o custo de produção de sementes é reduzido porque o genitor feminino apresenta um certo vigor que se manifesta em maior produção;

4) híbrido triplo - é obtido do cruzamento de um híbrido simples $(A \times B)$ com uma terceira linhagem (C). Também pode ser obtido sob a forma de híbrido modificado, isto é $(A \times B) \times (C \times C')$;

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

6) híbrido múltiplo - são produzidos mediante a utilização de 5, 6 ou mais linhagens. Têm sido muito pouco utilizados comercialmente e sua principal vantagem reside na maior variabilidade genética, que pode resultar em maior amplitude de adaptação. As gerações mais avançadas de um híbrido múltiplo podem ser utilizadas como fonte de novas linhagens;

7) híbrido intervarietal - os híbridos intervarietais podem ser utilizados comercialmente, pois permitem o aproveitamento da heterose, sem a necessidade de obtenção de linhagens. Apresentam, portanto, a vantagem de facilidade de obtenção, além de exibirem uma maior capacidade de adaptação, devido à maior variabilidade genética em relação aos híbridos de linhagens. As gerações avançadas dos híbridos intervarietais podem ser utilizadas como populações base para o melhoramento interpopulacional.

A proposta original da utilização de milhos híbridos foi feita por Shull, em 1908, ao constatar que o milho perdia seu vigor com a autofecundação e que

este vigor era restaurado por meio da hibridação (Paterniani e Campos, 1999). A partir deste fato foi sugerido realizar várias autofecundações até atingir a homozigose (linhagens) e posterior cruzamento para a obtenção da geração F_1 híbrida. Esta proposta baseava-se no uso de híbrido simples, não sendo adotada de imediato porque as linhagens apresentavam baixo vigor e produtividade, aumentando muito o preço das sementes híbridas.

Com a proposta de utilização do híbrido duplo feita por Jones, em 1918, tornou-se economicamente viável a produção comercial de sementes híbridas porque os híbridos simples produzem bem mais do que as linhagens e, por isso, o milho híbrido tornou-se mais barato (Paterniani e Campos, 1999). A partir desta proposta, várias empresas e pesquisadores americanos se empenharam em obter milhos híbridos comerciais para fornecer aos agricultores em substituição às variedades, sendo que os primeiros híbridos foram produzidos no início da década de 1920.

Um fato curioso relatado por Wych (1988) é que o primeiro despendoamento para a produção de um híbrido comercial foi feito por uma mulher, Ruth Kurtzweil, que, sozinha, despendeu um campo de produção de sementes de milho híbrido no Estado de Iowa, em 1923, sendo ela irmã de George Kurtzweil, dono da primeira empresa a produzir sementes híbridas. Este autor também relata que os primeiros híbridos duplos adaptados à região do Corn Belt foram aceitos vagarosamente. Somente a partir de 1936 os fazendeiros aceitaram rapidamente os milhos híbridos porque eles tiveram uma performance superior em ambientes de estresse por seca em 1934 e 1936 e, com isso, a demanda por sementes híbridas aumentou. Os híbridos duplos foram plantados até 1960, quando os híbridos simples começaram a ser plantados e rapidamente ocuparam toda a área com milho nos Estados Unidos (Troyer, 1999). Atualmente, todo o milho cultivado nos Estados Unidos é híbrido simples e isso só foi possível devido aos esforços dos melhoristas na obtenção de linhagens

mais vigorosas e produtivas, diminuindo o custo de produção e facilitando sua manutenção.

Inúmeros trabalhos foram realizados visando à quantificação do progresso genético, devido a introdução do milho híbrido na agricultura americana (Russell, 1984; Duvick, 1994; Troyer, 1999). Em todos estes trabalhos ficou evidenciado que ocorreu expressivo aumento na produtividade de grãos por área. Troyer (1999) mostra que a produtividade média passou de 1,3 t/ha em 1930 a 8,3 t/ha em 1999, sendo que o aumento da produtividade de grãos foi de 63,1 kg/ha/ano no período de 1930 a 1960 e de 110,4 kg/ha/ano, no período de 1960 a 1999. Outras estimativas nos Estados Unidos apontam ser a introdução de novas cultivares híbridas responsável por mais de 50% no aumento da produtividade de grãos. Este aumento na produtividade se deu, em grande parte, pelo aumento da tolerância aos estresses bióticos (pragas e doenças), aos estresses abióticos (tolerância ao frio, à seca e à alta densidade de plantas) e à alta estabilidade de produção (Duvick e Cassman, 1999).

O Brasil foi o segundo país a utilizar o milho híbrido comercialmente, graças aos trabalhos de pesquisa com híbridos iniciados pelo Instituto Agrônomo de Campinas-IAC, em 1932 e pela Universidade Federal de Viçosa-UFV, em 1934, tendo o primeiro híbrido duplo sido lançado em 1939, pelo IAC (Paterniani, Nass e Santos, 2000). A partir deste momento, outras instituições públicas e empresas privadas passaram a desenvolver programas de melhoramento, visando à obtenção de híbridos no Brasil. A maioria das empresas não possuía programas de melhoramento e utilizava híbridos desenvolvidos pelas instituições públicas de pesquisas, inicialmente os do IAC e, posteriormente, os da EMBRAPA. Mais recentemente, com o advento dos transgênicos de milho, houve aquisição e fusão de algumas empresas e a produção de sementes está atualmente concentrada em um número muito restrito de empresas multinacionais (Ramalho, 1999).

O sucesso dos programas de melhoramento de milho no Brasil também foi expressivo, comparável ao obtido em outros países. Os resultados apresentados na Tabela 1, envolvendo trabalhos conduzidos utilizando algumas metodologias de estimativa do progresso genético, evidenciam esse fato.

Os concursos de produtividade promovidos pela EMATER-MG, de 1978 a 1994, mostram um acréscimo médio em produtividade de 153,4 kg/ha/ano, sendo que este aumento de produtividade deveu-se ao melhoramento genético e também à melhoria do manejo da cultura (Vencovsky e Ramalho, 2000).

Para se situar com relação à perspectiva da produção de sementes no Brasil, é necessário enfatizar que a produção de milho é agrupada em cinco categorias de agricultores, descritas por Duarte (2000) da seguinte forma:

Segmento A - composto por agricultores profissionais, altamente tecnificados, cujos fatores de produção estão sob controle e que não se importam em pagar mais por alta qualidade/produtividade. Utilizam híbridos simples de melhor produtividade e alguns triplos de alta produtividade. Este segmento representa 13,1% do mercado de sementes.

TABELA 1. Estimativa do progresso genético com a cultura do milho no Brasil.

Anos	Aumento de produtividade (kg/ha/ano)	Autores
1964-1983	72-109 (PE) ^{IV}	Vencovsky et al., (1986)
1946-1986	60 (PG)	Paterniani (1990)
1970-1990	31-51 (PG)	Araujo (1995)
1964-1993	123 (PE)	Fernandes e Franzon (1997)

^{IV} PE - Peso de espigas; PG - Peso de grãos

Segmento B - composto por agricultores cujos fatores de produção estão em grande parte controlados. Os produtos são, principalmente, híbridos triplos com produtividade inferior aos simples e alguns duplos de alta produtividade. Representa 31,4% do mercado.

Segmento C - é um segmento composto basicamente por agricultores cujos fatores de produção são apenas parcialmente controlados. Os produtos básicos são os híbridos duplos e algumas variedades. O segmento representa cerca de 47,6% do mercado.

Segmento D - é o segmento de baixa tecnologia, cujos fatores de produção estão com pouco controle, e utilizam somente algumas variedades. Representa 7,9% do consumo de sementes.

Segmento E - composto por agricultores que praticam agricultura de subsistência, com nenhum controle dos fatores de produção. Utilizam somente sementes de paiol.

Para atender a esses segmentos, a maioria dos milhos cultivados atualmente são híbridos duplos. Contudo, há uma oferta crescente de híbridos simples e triplos de alta produtividade no mercado e há interesse das multinacionais do setor em se concentrarem nestes tipos de híbridos.

Em uma população que se reproduz por acasalamentos ao acaso (alógamas), todos os indivíduos são híbridos simples, oriundos da união ao acaso de dois gametas diferentes. Se for medida a produção individual de cada um desses indivíduos, tem-se uma distribuição normal. A idéia é identificar os híbridos que se situam na extremidade direita dessa distribuição e perpetuá-los. Para isto são necessárias as seguintes etapas: 1) escolha de populações; 2) obtenção de linhagens; 3) avaliação da capacidade de combinação das linhagens; 4) síntese dos melhores híbridos para serem avaliados nos ensaios de competição de cultivares; 5) perpetuação dos híbridos que se destacaram nos ensaios.

A obtenção de híbridos, por si só, não é um processo de melhoramento, pois não aumenta a frequência de alelos favoráveis na população; ela apenas identifica as melhores combinações que serão então perpetuadas (Paterniani, 1974). É necessário, então, melhorar as populações para aumentar a frequência de alelos favoráveis e, assim, aumentar a probabilidade de ocorrência de combinações superiores. Estudos do progresso na produtividade do milho envolvendo linhagens e seus respectivos híbridos foram relacionados por Wricke e Weber (1986). Os autores relataram os resultados de Schnell (1974), ao analisar 17 experimentos conduzidos entre 1916 e 1969, nos quais o autor verificou que o aumento da produtividade dos híbridos nos últimos anos foi devido principalmente ao melhor desempenho das linhagens parentais e não ao aumento da heterose.

Um estudo semelhante foi realizado por Lamkey e Smith (1987), em que foram avaliadas populações anteriores à década de 1930 e populações formadas pelo intercruzamento de linhagens de cada década de melhoramento, desde 1930 até 1980. Neste trabalho também foi verificado que a produtividade dos híbridos recentes aumentou devido a melhoria no desempenho das linhagens e que a taxa de depressão por endogamia permaneceu quase constante, indicando, assim, que a heterose praticamente não se alterou. Esses resultados comprovam a importância do melhoramento de populações para posterior obtenção de linhagens.

A comparação de híbridos simples, triplos e duplos com relação à uniformidade, à estabilidade e à produtividade de grãos envolvendo um mesmo conjunto de linhagens foi citada por Wricke e Weber (1986), reportando trabalhos realizados por Schnell, em 1974. Foi verificado que o grau de uniformidade foi maior nos híbridos simples, seguidos pelos híbridos triplos e duplos. Esta maior uniformidade dos híbridos simples é uma vantagem para os agricultores, principalmente quando as cultivares são estáveis nos vários

ambientes e ao longo dos anos. Os híbridos duplos foram mais estáveis que os triplos e que os simples porque eles se constituem de uma mistura de genótipos. Resultados semelhantes com relação à estabilidade foram apresentados por Becker e León (1988). Contudo, estes autores salientam que é possível selecionar para estabilidade em todos os tipos de híbridos.

A comparação dos três tipos de híbridos de linhagens com relação à produtividade nem sempre é muito fácil, pois eles diferem em origem com relação à empresa e também, quando de uma mesma empresa, podem diferir com relação às populações envolvidas na obtenção das linhagens. Entretanto, teoricamente pode-se comparar o desempenho, considerando que em uma população, como já mencionado, há milhares de híbridos simples e estes seguem uma distribuição normal.

Utilizando as propriedades da distribuição normal, Wricke e Weber (1986) apresentaram os valores constantes da Tabela 2, que mostram o número de desvios padrões acima da média que os oito melhores híbridos simples da população devem ter, considerando diferentes tamanhos de amostra.

Se for considerada uma amostra com 400 híbridos simples, o melhor deles deve ter desempenho 2,97 desvios padrões (σ) acima da média, já o segundo melhor 2,66 σ e assim por diante. A partir dos dados dessa Tabela, pode-se fazer inferência sobre o desempenho relativo do melhor híbrido simples em relação ao melhor híbrido triplo ou duplo.

Assim, considerando $n = 400$, o melhor híbrido triplo terá na sua constituição três linhagens (A, B e C) e no campo de produção dois híbridos simples, ou seja, por exemplo AB e AC, já o híbrido duplo terá quatro linhagens (A, B, C e D) e supondo que fosse proveniente do cruzamento (AB) x (CD), a média prevista será a dos quatro híbridos simples não parentais, isto é, AC, AD, BC e BD. Supondo que a média dos n híbridos seja de 5 toneladas por hectare (t/ha) e com desvio padrão de 2 t/ha, a produtividade esperada do melhor híbrido

TABELA 2. Desvios padrões acima da média dos oito melhores híbridos simples, no caso de uma distribuição normal e um tamanho de amostra igual a n (Fouilloux, 1980).

Classificação	n = 25	n = 50	n = 100	n = 200	n = 400
1	1,97	2,25	2,51	2,75	2,97
2	1,52	1,85	2,15	2,41	2,66
3	1,26	1,63	1,95	2,23	2,49
4	1,07	1,46	1,80	2,10	2,37
5	0,91	1,33	1,68	1,99	2,28
6	0,76	1,22	1,59	1,91	2,20
7	0,64	1,12	1,51	1,84	2,13
8	0,52	1,03	1,43	1,78	2,08

simples será de $5 + 2 \times 2,97 = 10,94$ t/ha, o híbrido triplo seria de $5 + (2 \times 2,97 + 2 \times 2,66)/2 = 10,63$ t/ha e o híbrido duplo seria de $5 + (2 \times 2,97 + 2 \times 2,66 + 2 \times 2,49 + 2 \times 2,37)/4 = 10,245$ t/ha. Nessa condição, o melhor híbrido simples teria desempenho 2,9% acima do melhor triplo e 6,78% acima do melhor híbrido duplo. Como se observa, a diferença não é tão expressiva. Além do mais, como os próprios Wricke e Weber (1986) comentam, a chance de errar na escolha do melhor híbrido simples é maior do que do melhor híbrido duplo.

Outro fato que comprova a pequena diferença entre os tipos de híbridos em produtividade, é a investigação relacionada por Wricke e Weber (1986), envolvendo cinco experimentos para comparação entre os híbridos simples, triplos e duplos. Foi constatado em dois experimentos que os híbridos simples foram mais produtivos, superando os híbridos triplos em 5% e os híbridos duplos em 7%. Em um experimento, os híbridos simples não diferiram dos híbridos triplos em produtividade e esses superaram os híbridos duplos em 3,5%. Nos outros dois experimentos, os híbridos triplos foram os mais produtivos,

superando os híbridos simples em 1,5% e os híbridos duplos em 1%. Trabalhos de avaliação de híbridos conduzidos no Brasil também apresentam resultados semelhantes. Em um desses trabalhos, Ribeiro (1998) comparou cinco híbridos simples, cinco híbridos triplos, cinco híbridos duplos e cinco variedades em 36 ambientes e constatou que, em média, os híbridos triplos foram mais produtivos, superando os híbridos simples em 10%, os híbridos duplos em 7,3% e as variedades em 17,5%.

O melhoramento de qualquer espécie é um acúmulo de vantagens, isto é, acúmulo de alelos favoráveis. Além do mais, os melhoristas devem saber hoje quais serão os problemas futuros e lançar híbridos cada vez melhores para atender às expectativas dos agricultores. Magnavaca (1998) comenta que é importante para uma empresa responder rapidamente aos progressos dos concorrentes, por meio de novos produtos e estar sempre com novidades para sua clientela.

Os híbridos modernos de milho, além de serem cada vez mais produtivos, mais uniformes, resistentes ao quebraamento do colmo e ao tombamento de plantas, devem ser desenvolvidos para condições de alta densidade de plantas pela seleção anterior para prolificidade em baixas densidades. Seleção para precocidade e altos teores de nitrogênio no solo também tem sido priorizada. Para isto, milhares de novos híbridos são testados anualmente em centenas de locais para se identificar os mais promissores (Troyer, 1990; Duvick e Cassman, 1999).

Os danos causados por doenças foliares na cultura do milho vêm aumentando nos últimos anos, principalmente pelo incremento de áreas de plantio direto e pelo cultivo de segunda época, conhecido como safrinha. Dentre estas doenças, podemos destacar a mancha foliar de *Phaeosphaeria maydis*, que tem causado uma expressiva redução na produtividade de grãos, principalmente em cultivos tardios (Fernandes e Oliveira, 1997). Este patógeno instalou-se no

Brasil na década de 1980 e sua incidência e severidade aumentaram bastante na década de 1990, podendo ser encontrado atualmente em praticamente todas as regiões produtoras de milho do país (Fernandes e Oliveira, 1997).

O agente causal da mancha foliar de *Phaeosphaeria* foi descrito primeiramente como sendo um fungo (Fantin, 1994), contudo, ainda restam dúvidas sobre a verdadeira identidade deste patógeno. Os sintomas desta doença são folhas com lesões necróticas de cor de palha (ou esbranquiçadas), com formas variando de circulares a elípticas com diâmetro oscilando de 0,3 a 1 cm. No início, essas lesões são aquosas de cor verde-claro e, com a evolução da doença, a frutificação do fungo pode ser observada no centro das lesões. Em geral, os sintomas aparecem primeiro nas folhas inferiores, progredindo rapidamente em direção ao ápice da planta, sendo mais severos após o pendoamento (Fernandes e Oliveira, 1997).

O controle químico desta doença é uma prática bastante onerosa e, portanto, o desenvolvimento de cultivares resistentes é uma alternativa importante para o aumento na produtividade de grãos (Pegoraro et al., 2000). A realização de uma seleção eficiente depende do entendimento da herança da resistência e da variabilidade genética existente. Os trabalhos encontrados na literatura mostram que a herança da resistência ainda não foi elucidada, mas que predominam os efeitos aditivos e que existe grande variabilidade genética entre linhagens e cultivares de milho, possibilitando assim se obter sucesso com a seleção (Paterniani et al., 1998; Pegoraro et al., 2000).

2.1.1 Escolha da(s) população(ões) para extração de linhagens

O sucesso de um programa de obtenção de híbridos depende principalmente da(s) população(ões) a serem utilizadas na extração das linhagens. Assim, a escolha das populações é o ponto de partida de qualquer programa de melhoramento com essa finalidade. O desempenho da geração F₁

de um híbrido é função, $F_1 = m+a' + d$, em que $m+a'$ é a contribuição dos locos em homozigose já fixados e d é o desvio dos heterozigotos em relação a média. Assim, o $m+a'$ depende do desempenho das linhagens *per se* e o d depende da divergência entre as linhagens e da existência de dominância no controle do caráter. Do exposto, para se obter bons híbridos, é necessário bom desempenho das linhagens *per se* (maior $m+a'$) e que elas sejam divergentes (maior d). Na escolha das populações deve-se dar ênfase à possibilidade de extração de linhagens que associem média alta e maior divergência possível.

Os métodos de escolha de populações devem enfatizar esses dois aspectos. Na literatura, há algumas informações a esse respeito. Entre os mais utilizados estão os cruzamentos dialélicos que, dependendo da metodologia utilizada na análise, possibilitam obter informações sobre a capacidade geral de combinação (CGC), a capacidade específica de combinação (CEC) e também da heterose. Detalhes sobre o uso dos cruzamentos dialélicos são encontrados em Hallauer e Miranda Filho (1988).

Uma alternativa menos trabalhosa que pode ser empregada na escolha de populações é a estimativa de $m+a'$, proposta por Vencovsky (1987). Se uma população for submetida a sucessivas autofecundações, serão obtidas n linhagens no final, cuja frequência genotípica para cada loco BB será 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 $\bar{L} = m + \sum(2p-1)\alpha = m+a'$. Então, a estimativa de $m+a'$ possibilita classificar as populações com relação ao potencial de extração de linhagens com bom desempenho *per se*, como já mencionado.

É importante comentar que a população utilizada para a extração de linhagens pode ser uma variedade de polinização livre ou uma geração S_0 de um sintético ou híbrido duplo e, nesse caso, a frequência dos alelos favoráveis pode assumir qualquer valor entre 0 e 1. A população também pode ser derivada de

um híbrido simples. Assim, nos locos que estão segregando, a frequência alélica será necessariamente de 0,5 e nos locos fixados, 0 ou 1. Nesse caso, a estimativa de $m+a'$ irá refletir a média das duas linhagens parentais. Em um modelo sem epistasia, o valor corresponderá também à média das n linhagens possíveis se a população derivada do híbrido simples for autofecundada por inúmeras gerações.

No caso do milho, há inúmeros relatos da estimativa de $m+a'$ na comparação de populações (Terasawa Junior, 1993; Packer 1998; Lima, 1999; Souza Sobrinho, Ramalho e Souza, 2000). Lima (1999) procurou associar a estimativa de $m+a'$ e d de populações de milho para avaliar simultaneamente a média das linhagens possíveis de uma população e a variabilidade entre elas. Para isso, comparou quatro populações em equilíbrio, derivadas de dois híbridos simples, um híbrido duplo e uma variedade. O autor avaliou as gerações S_0 , S_1 e também a F_1 dos híbridos. Simultaneamente, avaliou 196 famílias derivadas de cada uma dessas populações. Foi constatado que houve boa associação entre a estimativa de $m+a'$ e a média das famílias $S_{0:1}$ e que não houve concordância entre as estimativas de d e herdabilidade, mostrando que a depressão por endogamia não foi uma boa indicadora da variabilidade potencial das populações. Por estes resultados, pode-se perceber a dificuldade que existe para avaliar precocemente a variabilidade das populações. A estimativa de $m+a'$, embora fosse proposta para alógamas (Vencovsky, 1987), também tem sido bastante utilizada em plantas autógamas, como feijão (Singh e Urrea, 1995; Oliveira et al., 1996; Abreu, 1997).

Uma outra alternativa para verificar o potencial das populações para a extração de linhagens que considera tanto a média como a variação da população, é o método de Jinks e Pooni (1976). Este método permite estimar a probabilidade de se obter linhagens superiores a um determinado padrão na geração F_{∞} , levando em consideração as estimativas da média e variância das

gerações iniciais. Com isso, pode-se descartar as populações segregantes pouco promissoras logo no início do programa, economizando tempo e recursos. As informações que confirmam a sua eficiência já foram obtidas para espécies autógamas como trigo (Snape, 1982), soja (Toledo, 1989; Triller, 1994), feijão (Otubo et al., 1996; Abreu, 1997) e arroz (Santos, 2000). Contudo, não foram encontrados relatos de seu emprego na cultura do milho.

2.1.2 Obtenção de linhagens

Uma vez identificadas as populações, o próximo passo é a obtenção das linhagens. De início, é importante lembrar que, considerando o grande número de locos segregando, em qualquer população de plantas o número de linhagens possíveis é enorme, ou seja, 2^n , em que n é o número de locos segregando. O principal objetivo dos melhoristas é identificar apenas as linhagens mais promissoras. Para isso, existem algumas alternativas.

Um dos aspectos que devem ser considerados na obtenção de linhagens é a amostragem da população, devido ao número limitado de linhagens que se pode administrar num programa. O tamanho da amostra está diretamente associado à variabilidade da população a ser amostrada (Paterniani e Campos, 1999). Quando se utiliza uma população de base genética ampla, deve-se tomar maior cuidado com a amostragem porque, quanto menor a amostragem, menor a probabilidade de se encontrar linhagens superiores. Nestas populações, geralmente a frequência de genótipos superiores não ultrapassa a 1% e não compensa fazer sucessivas amostragens de uma mesma população. O ideal é fazer uma amostragem grande de uma só vez. Paterniani e Campos (1999) relatam que Bauman (1981), pesquisando a opinião de 130 melhoristas americanos, concluiu que 500 é o número de indivíduos necessários para representar bem uma população.

Dentre os métodos de obtenção de linhagens, o método padrão que é semelhante ao método genealógico comumente empregado em plantas autógamas (Fehr, 1987; Borém, 1998) ainda é o mais utilizado, sendo os demais, na sua maioria, modificações deste. Este método consiste em autofecundar centenas de plantas selecionadas na população escolhida, com posterior semeadura dos descendentes de cada espiga autofecundada em fileiras de 5 metros de comprimento, em que algumas plantas serão novamente autofecundadas para a seleção de 1-3 espigas por família. Este processo é repetido por 5-7 gerações, fazendo-se sempre a seleção entre e dentro das famílias por meio de seus fenótipos (Paterniani e Campos, 1999).

Um outro método que possibilita avaliar um maior número de famílias, semelhante ao método SSD (single seed descent) utilizado em plantas autógamas é o da cova única. Nesse método, cada família (S_0 , S_1 , etc.) é representada por uma única cova. O método da cova única foi proposto levando-se em consideração o problema de amostragem. Esse método difere do método padrão porque cada progênie é representada por uma única cova com 1-3 plantas em vez de uma linha de 5 metros. Com isso, reduz-se a área experimental, facilitando a avaliação de um maior número de famílias (Paterniani e Campos, 1999).

O método dos híbridos crípticos foi proposto com o objetivo de obter linhagens e híbridos simples simultaneamente. Este método requer plantas prolíficas, em que a primeira espiga é cruzada e a segunda é autofecundada. As sementes das famílias de irmãos germanos (híbridos crípticos) obtidos pelo cruzamento de plantas individuais não endogâmicas serão avaliadas em ensaios com repetições. As famílias $S_{0:1}$ correspondentes às melhores combinações serão plantadas aos pares para serem cruzadas e autofecundadas obtendo-se a nova geração. Com a repetição deste esquema, chega-se à homozigose desejada nas linhagens e a um híbrido simples. Porém, nada impede que as linhagens sejam

cruzadas fora do esquema inicial (Paterniani e Campos, 1999). Embora o método seja teoricamente correto, a exigência de plantas prolíficas dificulta a sua implementação, sobretudo em gerações mais avançadas de endogamia.

Pode-se também promover o melhoramento de linhagens, isto é, solucionar alguns defeitos que determinadas linhagens possuem. O processo mais utilizado para isto é o retrocruzamento. Este método consiste no cruzamento da linhagem, genitor recorrente, com outra que apresenta o fenótipo desejado para o caráter em questão. A geração F_1 é retrocruzada novamente com o genitor recorrente, selecionado-se o fenótipo desejado. O processo é repetido até que se recupere praticamente toda a constituição da linhagem, exceto no loco em que ela era deficiente (Paterniani e Campos, 1999).

Outro procedimento que pode ser utilizado para a reciclagem de linhagens é o melhoramento convergente. Este método consiste no cruzamento da F_1 com ambos os genitores. Dois ou três retrocruzamentos levam à obtenção de materiais com características muito semelhantes aos respectivos genitores. Os materiais segregantes que apresentam as características desejadas são então autofecundados para obtenção de linhagens (Paterniani e Campos, 1999).

A seleção gamética também pode ser utilizada para o melhoramento de linhagens e envolve o cruzamento de uma linhagem com uma variedade de polinização aberta. As plantas F_1 são autofecundadas e, ao mesmo tempo, cruzadas com um testador, sendo que os cruzamentos testes serão avaliados utilizando como testemunha a F_1 do cruzamento entre a linhagem original e o testador. As famílias que se destacaram são as que receberam gametas favoráveis da variedade. Utilizando sementes autofecundadas da referida planta F_1 , o processo de autofecundação continua até atingir a homozigose completa, quando é esperado que ocorram linhagens superiores (Paterniani e Campos, 1999).

2.1.3 Avaliação da capacidade de combinação das linhagens

A avaliação da capacidade de combinação das linhagens é uma das etapas mais difíceis da obtenção de híbridos, por isso tem recebido bastante atenção dos melhoristas, principalmente durante a condução dos experimentos, que necessitam ter boa precisão (Paterniani e Campos, 1999).

O procedimento mais utilizado para avaliação da capacidade de combinação é o top-cross, isto é, o cruzamento das famílias com um testador. O primeiro questionamento é qual o testador a ser utilizado. Vencovsky (1987) comenta que, considerando um loco, a capacidade de combinação (CC) é obtida pela seguinte expressão: $CC = (p_i - p) [\alpha + (1-2t)\delta]$, em que p_i é a frequência do alelo favorável para o referido loco na linhagem ou família sob avaliação, p é a frequência alélica média das linhagens ou famílias, t é a frequência alélica do testador, α é o desvio dos locos em homozigose em relação à média e δ é o desvio do heterozigoto em relação à média. Por esta expressão, percebe-se que a CC é função direta da diferença nas frequências alélicas entre a linhagem a ser testada e a média da população, bem como da frequência alélica do testador (nos casos em que ocorre dominância no controle do caráter). Comentando a respeito da escolha do testador, Souza Júnior (1999) reporta o trabalho de Smith (1986) e salienta que o tipo ideal de testador é aquele que vai ser utilizado para produção do híbrido. Assim, o ideal é sempre utilizar linhagens elites ou híbridos simples superiores.

Outro questionamento é a respeito do momento de iniciar o top-cross. Informações a esse respeito foram apresentadas por Bernardo (1991). Segundo este autor, a eficiência da seleção precoce é função da correlação entre o desempenho fenotípico das linhagens na geração de avaliação e o desempenho genotípico em gerações avançadas. Esta correlação é resultado da correlação genética entre linhagens na geração de avaliação e gerações avançadas, multiplicada pela raiz quadrada da herdabilidade do caráter na geração de

avaliação. Por essa informação infere-se que o teste para a capacidade de combinação pode ser iniciado em gerações bem precoces como S_3 ou até mesmo S_2 .

Outra forma de se avaliar a capacidade de combinação é por meio dos cruzamentos dialélicos, que se baseiam no cruzamento das n linhagens duas a duas. Estes cruzamentos dialélicos permitem a obtenção de estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC), além de estudo detalhado da heterose (Miranda Filho e Viégas, 1987). Como o número de linhagens é normalmente grande, é praticamente impossível obter e avaliar todas as combinações possíveis. A alternativa para atenuar este problema é a utilização de dialelos parciais e circulantes, que reduzem o número de híbridos a serem avaliados (Veiga, 1998).

2.2 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos utilizando famílias endogâmicas

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos auxiliam os melhoristas na tomada de decisões a respeito do método de melhoramento a ser empregado e como melhorar sua eficiência. Essas estimativas podem ser obtidas utilizando componentes de médias e/ou variâncias. O emprego da variância é preferido, uma vez que o uso de médias pode conduzir a conclusões errôneas, já que neste caso, se os alelos dominantes atuarem em sentidos opostos nos vários locos, o efeito final é pequeno ou nulo. Quando se trabalha com variância, os efeitos individuais de cada loco são elevados ao quadrado, não havendo possibilidades de eles se anularem, como no caso do uso de médias. A variância permite ainda que sejam estimadas a herdabilidade e o ganho com a seleção (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993).

As bases teóricas da decomposição da variância genética foram estabelecidas por Fisher logo no início do século, para uma população panmítica

(alógama), em três componentes: a) variância genética aditiva (σ_A^2), que é devida aos efeitos médios aditivos dos alelos; b) variância genética de dominância (σ_D^2), que é devida aos efeitos das interações alélicas; c) variância genética epistática (σ_{AA}^2 , σ_{AD}^2 , etc.), que é devida aos efeitos das interações entre locos.

Posteriormente, outras contribuições foram feitas a esse respeito, incluindo o efeito da endogamia nos componentes da variância. Souza Júnior (1989) fez um relato desses trabalhos e apresentou a decomposição da variância e covariância genética em populações com qualquer nível de endogamia (F). O autor relata que, para uma população em equilíbrio de Hardy-Weinberg e de ligação, desconsiderando os efeitos epistáticos, na presença de endogamia a variância genética (σ_G^2) pode ser decomposta em:

$$\sigma_G^2 = (1 + F) \sigma_A^2 + (1 - F) \sigma_D^2 + 4FD_1 + FD_2 + F(1 - F)H$$

A variância genética é função do coeficiente de endogamia F e, além da variância genética aditiva e de dominância, ocorrem ainda os componentes genéticos D_1 , D_2 e H. Estes três componentes só são incluídos no modelo quando há endogamia ($F \neq 0$) e quando as frequências alélicas são diferentes ($p \neq q$), em que D_1 é a covariância genética entre os efeitos médios (aditivos) dos alelos e os efeitos de dominância dos homozigotos, D_2 é a variância genética dos efeitos de dominância dos homozigotos e H é a depressão por endogamia elevado ao quadrado. O D_1 é o único componente da variância genética que pode ser negativo, por se tratar de uma covariância.

Pela expressão da variância genética é possível inferir que, com o aumento da endogamia, é maior a participação da σ_A^2 , D_1 e D_2 , que são os componentes da variação que fazem parte do numerador da expressão do ganho com a seleção. Na geração S_∞ , quando se tem uma mistura de linhagens, a

variância genética conterà: $\sigma_G^2 = 2\sigma_A^2 + 4D_1 + D_2$. Se a freqüência alélica for 0,5, como já salientado não ocorrem D_1 e D_2 e, então, a σ_G^2 entre linhagens conterà apenas $2\sigma_A^2$. Assim, quando se trabalha com uma característica de baixa herdabilidade, como é o caso da produtividade de grãos, o uso de famílias endogâmicas pode ser recomendado para o melhoramento de populações devido ao fato de a endogamia aumentar a variância genética aditiva entre as famílias e permitir maior progresso com a seleção (Paterniani e Miranda Filho, 1987).

A variância genética entre famílias $S_{0:1}$ corresponde à covariância entre irmãos $S_{0:1}$'s e contém: $\sigma_{G_{S_{0:1}}}^2 = \sigma_A^2 + 1/4\sigma_D^2 + D_1 + 1/8 D_2$, isto para qualquer freqüência alélica inicial. Já a variância genética dentro das famílias $S_{0:1}$ é obtida pela diferença entre a variância genética total e a variância entre $S_{0:1}$, que corresponde a: $\sigma_{Gd_{S_{0:1}}}^2 = 1/2\sigma_A^2 + 1/4\sigma_D^2 + D_1 + 3/8D_2 + 1/4H$. Quando as freqüências alélicas iniciais forem iguais a 0,5, a variância genética entre famílias $S_{0:1}$ passa a ser: $\sigma_{G_{S_{0:1}}}^2 = \sigma_A^2 + 1/4\sigma_D^2$ e a variância genética dentro das famílias $S_{0:1}$: $\sigma_{Gd_{S_{0:1}}}^2 = 1/2\sigma_A^2 + 1/4\sigma_D^2$ (Souza Júnior, 1989).

Na obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos podem ser utilizados alguns procedimentos como os delineamentos especiais propostos por Comstock e Robinson (1948), os cruzamentos dialélicos e o uso de experimentos de seleção. Utilizando esses procedimentos, várias estimativas já foram obtidas. Um levantamento destas estimativas para a cultura do milho foi apresentado por Hallauer e Miranda Filho (1988), os quais constataram que, na média de 99 experimentos, para a produtividade de grãos, a estimativa da variância genética aditiva ($\sigma_A^2 = 469,1 \pm 174,3$ (g/planta)²) foi superior a da variância genética de dominância ($\sigma_D^2 = 286,8 \pm 210,0$ (g/planta)²). Os autores comentam que, desconsiderando a ligação e a epistasia, a variância aditiva foi

responsável por 61,2% da variação genética presente nas populações de milho e a variância de dominância por 38,8%. Para outros caracteres, apesar do número de experimentos ser menor, observou-se que a participação da σ_D^2 é ainda menos expressiva. Esses resultados mostram para os melhoristas de milho que há possibilidade de incremento na média populacional por meio da seleção e que a presença de dominância, apesar de ser em menor proporção, é suficiente para explicar o vigor híbrido que tem sido observado.

No Brasil, a maioria das estimativas de variância genética aditiva foi obtida da avaliação de famílias de meio-irmãos. Levantamentos a esse respeito foram apresentados por Ramalho (1977) e Vencovsky, Miranda Filho e Souza Júnior (1988). Na Tabela 3 são apresentados os resultados médios desses levantamentos e também algumas estimativas mais recentes.

Mais recentemente, têm sido utilizadas famílias endogâmicas $S_{0.1}$. Nesse caso, como já visto, entre as famílias $S_{0.1}$, além de σ_A^2 ocorrem também σ_D^2 , D_1 e D_2 , uma vez que o F é diferente de zero. Quando se utiliza população derivada

TABELA 3. Estimativas da variância genética aditiva (g/planta)² relativas à média de famílias, para produtividade de grãos, utilizando famílias de meio-irmãos de milho no Brasil.

Valores de σ_A^2	Amplitude (σ_A^2)	Estimativas	Referência
320	51-758	30	Ramalho (1977)
309	41-753	58	Vencovsky, Miranda Filho e Souza Júnior (1988)
448	285-594	3	Packer (1991)
409	376-442	2	Arias (1995)
246	103-322	3	Carvalho et al., (1999)

de híbrido simples, como $p = q = 0,5$, não ocorrem D_1 e D_2 , apenas σ_A^2 e σ_D^2 (Souza Júnior, 1989). Mesmo assim, com apenas um tipo de família não é possível separar esses dois componentes, a menos que se considere um determinado grau de dominância, como foi feito por Terasawa Junior (1993). Este autor apresentou as estimativas de variância genética aditiva para as populações ESALQ PB-2 (C3) e ESALQ PB-3 (C3), no quarto ciclo de seleção recorrente com famílias $S_{0:1}$, supondo igualdade de frequências alélicas ($p = q = 0,5$ para locos segregantes) e as relações $\sigma_D^2/\sigma_A^2 = 1,0$ e $\sigma_D^2/\sigma_A^2 = 0,5$ para a produtividade de grãos. Os valores médios de σ_A^2 encontrados para estas populações foram de $153,3$ (g/planta)² com amplitude de $116,6 - 190$ (g/planta)², considerando $\sigma_D^2/\sigma_A^2 = 1,0$, e $170,3$ (g/planta)² com amplitude de $129,5 - 211,2$ (g/planta)², considerando $\sigma_D^2/\sigma_A^2 = 0,5$. Como se pode observar, as estimativas de variância aditiva entre famílias $S_{0:1}$ foram inferiores às obtidas entre famílias de meio-irmãos. Uma possível explicação para isto é que as frequências alélicas nas referidas populações eram diferentes de $0,5$ e, deste modo, os componentes D_1 e D_2 também passariam a fazer parte da variância genética, como mencionado anteriormente. Como o D_1 pode ser negativo, ele pode ter contribuído para diminuir a variância entre as famílias $S_{0:1}$, como comentado por Lamkey e Hallauer (1987) e, com isso, a estimativa da variância aditiva foi subestimada.

Embora as comparações das estimativas da variância genética aditiva sejam difíceis devido às diferenças nas populações estudadas, do número de famílias avaliadas e à precisão experimental, pode-se inferir que existe suficiente variabilidade genética aditiva nas populações comumente utilizadas pelos melhoristas brasileiros.

A herdabilidade (h^2) é uma estimativa fundamental para os melhoristas, pois permite estimar a proporção da variância genética em relação à variância

fenotípica (h^2 no sentido amplo) ou a proporção da variância aditiva em relação à variância fenotípica (h^2 no sentido restrito). Dessa forma, ela mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo. Devido a isso, a herdabilidade participa de quase todas as fórmulas relacionadas com a predição de ganhos dos métodos de melhoramento e também das decisões práticas tomadas pelos melhoristas (Hallauer e Miranda Filho, 1988).

A estimativa de h^2 pode ser obtida por indivíduo ou média de famílias, possibilitando comparar o potencial das populações para a seleção. Um levantamento das estimativas de h^2 por média de famílias $S_{0.1}$ pode ser encontrado nas Tabelas 4 e 5.

TABELA 4. Estimativas de herdabilidade média (h^2) envolvendo famílias $S_{0.1}$ para produtividade de grãos e de espigas, na cultura do milho.

Característica	h^2 (%)	Limites (h^2)	Estimativas	Referência
Peso grãos	81,2	-	8	Hallauer e Miranda Filho (1988)
Peso grãos	79,8	74,8-83,9	19	Lamkey e Hallauer (1987)
Peso grãos	62,9 [≡]	-	2	Terasawa Junior (1993)
Peso grãos	70,0 [≡]	-	2	Terasawa Junior (1993)
Peso espigas	85,0	76,0-90,0	2	Buitrago (1996)
Peso grãos	68,4	-	5	Weyhrich, Lamkey e Hallauer (1998)
Peso espigas	71,1	49,0-82,9	4	Packer (1998)
Peso espigas	54,5	43,9-69,2	4	Lima (1999)
Peso espigas	66,9	53,1-76,7	2	Pinto, Lima Neto e Souza Júnior (2000)

[≡] $\sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 1,0$; [≡] $\sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 0,5$

TABELA 5. Estimativas de herdabilidade média (h^2) envolvendo famílias $S_{0:1}$ para altura de plantas e altura de espigas, na cultura do milho.

Característica	h^2 (%)	Limites (h^2)	Estimativas	Referência
Altura plantas	88,4 ^{al}	-	2	Terasawa Junior (1993)
Altura plantas	81,5	69,0-90,0	2	Buitrago (1996)
Altura plantas	78,1	69,0-85,7	4	Packer (1998)
Altura plantas	57,0	43,2-67,9	2	Pinto, Lima Neto e Souza Júnior (2000)
Altura espigas	84,6 ^{al}	-	2	Terasawa Junior (1993)
Altura espigas	81,0	64,0-91,0	2	Buitrago (1996)
Altura espigas	76,2	69,3-83,6	4	Packer (1998)
Altura espigas	60,5	48,0-70,3	2	Pinto, Lima Neto e Souza Júnior (2000)

^{al} $\sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 0,2$

Cabe aqui salientar que, com exceção das estimativas de h^2 obtidas por Terasawa Junior (1993), as demais estimativas apresentadas envolvendo famílias $S_{0:1}$ foram obtidas no sentido amplo, devido a dificuldade em isolar a variância aditiva.

A expressão do ganho com a seleção (GS) depende do diferencial de seleção (ds) e da herdabilidade do caráter, ou seja, $GS = ds \times h^2$. Como $h^2 = \frac{COV(x,y)}{\sigma_x^2}$, em que: $COV(x,y)$ é a covariância genética entre pais e filhos e σ_x^2 é a variância fenotípica dos pais, o GS será: $GS = ds \frac{COV(x,y)}{\sigma_x^2}$. O diferencial de seleção pode ser truncado ou não. Quando for truncado, são selecionados todos os indivíduos acima ou abaixo de um determinado valor.

Neste caso, ele pode ser expresso em unidades de desvios fenotípicos estandardizados, isto é, $i = ds / \sigma_x$, em que o i mede o número de desvios padrões com que a média dos indivíduos selecionados excede a média da população original e σ_x é o desvio padrão fenotípico da unidade de seleção.

Assim, a expressão do ganho esperado passa a ser: $GS = i \frac{COV(x,y)}{\sqrt{\sigma_x^2}}$ (Souza

Júnior, 1989).

Com isso, podem-se utilizar as propriedades da distribuição normal para fins de investigação do potencial genético de populações para o melhoramento e também fazer comparações entre processos seletivos, pois o valor de i (diferencial de seleção estandardizado) é encontrado em tabelas e é função apenas da porcentagem de indivíduos selecionados (Souza Júnior, 1989). Este mesmo autor, utilizando a expressão geral do ganho com a seleção, demonstra que o ganho esperado com a seleção entre famílias $S_{0.1}$ é fornecido pela seguinte

expressão: $GS = i \frac{\sigma_A^2 + 1/2D_1}{\sqrt{\sigma_{F_{S_1}}^2}}$, em que i , σ_A^2 e D_1 já foram definidos

anteriormente e $\sigma_{F_{S_1}}^2$ é a variância fenotípica das famílias $S_{0.1}$. Um levantamento da resposta à seleção com famílias $S_{0.1}$ pode ser encontrado na Tabela 6, onde se pode observar que o ganho variou de 2,7 a 9,8% por ciclo.

TABELA 6. Estimativas do ganho esperado com a seleção para a produtividade de grãos e espigas, usando famílias S₁.

Ganho/ciclo (%)	Número de populações	Ciclos de seleção	Referência
9,1 (PG) ^{1/}	7	2,7	Lamkey e Hallauer (1987)
6,6 (PG)	1	3	Livini et al., (1992)
6,0 (PG)	1	2	Carson e Wicks III (1993)
8,8 ^{2/} (PE)	2	1	Terasawa Junior (1993)
9,8 ^{3/} (PE)	2	1	Terasawa Junior (1993)
4,5 (PE)	2	1	Takeda (1997)
2,7 (PG)	1	4	Weyhrich, Lamkey e Hallauer (1998)

^{1/} PG - Peso de grãos; PE - Peso de espigas; ^{2/} $\sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 1,0$; ^{3/} $\sigma_D^2 / \sigma_A^2 = 0,5$

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material genético

Foram utilizadas populações segregantes dos híbridos simples comerciais AG9012 e C333. O AG9012 é um híbrido superprecoce, de grãos duros avermelhados, com alto potencial de produção, stay green acentuado, porte baixo, ótimo empalhamento e elevada proporção de espigas dobradas. Este híbrido é recomendado para plantio mais cedo porque ele é suscetível a *Phaeosphaeria maydis* e a *Puccinia polysora*. O C333 é um híbrido de ciclo normal, de grãos semiduros amarelo-alaranjados, com alto potencial de produção, porte médio, resistente às principais moléstias que atacam a cultura do milho e possui boa tolerância à acidez do solo.

3.2 Obtenção das famílias

Na geração $F_2 = S_0$ de cada híbrido simples, cerca de 300 plantas foram autofecundadas e, após a colheita, foram escolhidas ao acaso 169 famílias $S_{0.1}$.

3.3 Local

Os experimentos foram conduzidos na área experimental do Departamento de Biologia da UFLA, no município de Lavras-MG, durante a safra agrícola de 1999/2000, em sucessão à cultura do feijão, sendo o solo classificado como Latossolo Vermelho Distrófico, fase cerrado. O referido local possui uma altitude de 910m, uma latitude de $21^{\circ}14'S$ e longitude de $45^{\circ}00'W$.

3.4 Delineamento experimental

Foram conduzidos dois experimentos distintos, situados próximos, um do outro, sendo um para cada população. O delineamento utilizado em ambos os

casos foi um látice simples 13 x 13. As parcelas foram constituídas por uma linha de 3m com 5 plantas/m após o desbaste e o espaçamento entre linhas foi de 0,9m.

3.5 Condução do experimento

Os experimentos foram instalados no dia 6 de dezembro de 1999. Na adubação de semeadura foram aplicados o equivalente a 400 kg/ha da fórmula 8:28:16 + Zn de N, P₂O₅ e K₂O e, em cobertura, foi aplicado o equivalente a 80 kg/ha de nitrogênio quando as plantas se encontravam no estágio de 4-6 folhas. A fonte de nitrogênio utilizada foi o sulfato de amônio. Os demais tratamentos culturais foram os normalmente recomendados para a cultura na região.

3.6 Características avaliadas

As características avaliadas foram:

- **estande final** - número total de plantas existentes em cada parcela, por ocasião da colheita, incluindo plantas acamadas e quebradas;
- **altura de plantas** - média da altura de três plantas competitivas e representativas de cada parcela, em cm, do nível do solo até a ponta do pendão;
- **altura de espigas** - média da altura das espigas nas mesmas três plantas da parcela onde foi medida a altura das plantas, em cm, do nível do solo até o ponto de inserção da primeira espiga (espiga superior);
- **incidência de *Phaeosphaeria maydis*** - para verificar a incidência deste patógeno foi realizada uma avaliação visual, utilizando-se a escala diagramática proposta pela Agrocerec (1996), considerando a parcela como um todo (Tabela 7). A avaliação da incidência deste patógeno foi realizada em duas épocas, sendo a primeira aos 93 dias após a semeadura e a segunda aos 104 dias após a semeadura. Esta avaliação só foi realizada nas famílias do AG9012 porque as famílias do C333 mostraram-se resistentes a este patógeno;

TABELA 7. Escala diagramática para avaliação da intensidade de *Phaeosphaeria maydis*.

Nota	1	2	3	4	5	6	7	8	9
% área foliar afetada	0	1	10	20	30	40	60	80	>80
Tipo de reação	AR ^U	R	R	MR	MR/MS	MS	S	S	AS

^U AR - Alta resistência; R - Resistente; MR - Mediana resistência; MS - Mediana suscetibilidade; S - Suscetível; AS - Alta suscetibilidade.

- produtividade - peso de espigas despalhadas em g/parcela. Os dados referentes a esta característica foram corrigidos para a unidade padrão de 13%, utilizando-se a seguinte expressão:

$$P_{13} = \frac{PC(100 - U)}{87}$$

em que:

P_{13} : é o peso de espigas despalhadas corrigido para a unidade padrão de 13%;

PC: é o peso de espigas sem a correção;

U: é a umidade dos grãos na ocasião da pesagem das espigas, em porcentagem.

Para se obter a umidade dos grãos, foram amostrados 10% das parcelas no momento da pesagem.

3.7 Análise de variância dos dados

Na análise dos dados em cada experimento, utilizou-se o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = m + p_i + r_j + b_{k(i)} + e_{(ijk)}$$

em que:

Y_{ijk} : valor observado na parcela que recebeu a família i, no bloco k, dentro da repetição j;

m: média geral do experimento;
p_i: efeito aleatório da família *i* (*i*=1,2,3,...,169);
r_j: efeito da repetição *j* (*j*=1 e 2);
b_{k(j)}: efeito do bloco *k* dentro da repetição *j* (*k*=1,2,3,...,13);
e_(ijk): erro experimental associado a observação *Y_{ijk}*, tendo, $e_{(ijk)} \cap N(0, \sigma^2)$.

Antes de se fazer a análise de variância para peso de espigas despalhadas, foi realizada a análise de variância para o estande final em cada experimento. Como foram detectadas diferenças significativas para esta característica, não foi possível corrigir a produtividade utilizando o estande como covariável.

O esquema da análise de variância é mostrado na Tabela 8.

3.8 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

As estimativas dos componentes de variância foram obtidas utilizando as esperanças dos quadrados médios apresentadas na Tabela 8.

TABELA 8. Esquema da análise de variância com as respectivas esperanças dos quadrados médios.

FV	GL	QM	E(QM)
Tratamentos ajustados	GL ₁	Q ₁	$\sigma_e^2 + r\sigma_G^2$
Erro efetivo	GL ₂	Q ₂	σ_e^2

r: número de repetições; σ_e^2 : variância do erro; σ_G^2 : variância genética

Variância genética entre famílias (σ_G^2) pelo estimador:

$$\sigma_G^2 = \frac{Q_1 - Q_2}{r}$$

O desvio padrão da σ_G^2 foi estimado pela expressão apresentada por Ramalho, Ferreira e Oliveira (2000):

$$s(\sigma_G^2) = \frac{1}{r^2} \left(\frac{2(Q_1)^2}{GL_1 + 2} + \frac{2(Q_2)^2}{GL_2 + 2} \right)^{1/2}$$

Variância fenotípica entre média de famílias (σ_F^2) pelo estimador:

$$\sigma_F^2 = \frac{Q_1}{r}$$

Variância genética aditiva entre famílias considerando diferentes graus de dominância ($\sigma_{A_i}^2$):

A variância genética entre famílias $S_{0,1}$ proveniente de população com frequência alélica dos locos segregantes igual a 0,5 contém: $\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + 1/4 \sigma_D^2$. Sendo assim, não é possível isolar a variância genética aditiva utilizando um único tipo de família, a não ser que se coloque alguma suposição a respeito da interação alélica predominante. No caso, foram consideradas três situações, ou seja, três tipos de interação alélica, isto é, dominância completa ($\delta = \alpha$), dominância parcial ($\delta = 1/2\alpha$) e ausência de dominância ($\delta = 0$). Para exemplificar, seja o gene B, com os alelos B e b, cujos valores genotípicos são:

$$BB = m + \alpha$$

$$Bb = m + \delta$$

$$bb = m - \alpha$$

em que:

m: ponto médio entre as duas linhagens parentais;

α : afastamento dos homozigotos em relação à média;

δ : desvio do heterozigoto em relação à média.

Considerando uma população com frequência alélica dos locos de 1/2, tem-se:

$$\sigma_A^2 = 1/2\alpha^2 \text{ e } \sigma_D^2 = 1/4\delta^2 \text{ (Ramalho, Santos e Zimmermann, 1993).}$$

Considerando a interação alélica de dominância completa, tem-se $\delta = \alpha$ e então:

$$\sigma_D^2 = 1/4\delta^2 = 1/4\alpha^2$$

Desse modo, a variância genética entre as famílias $S_{0:1}$ conterà:

$$\sigma_G^2 = \sigma_{A_i}^2 + 1/4 \sigma_D^2 = 1/2\alpha^2 + 1/4 \times 1/4\delta^2. \text{ Fazendo } \delta^2 = \alpha^2, \text{ tem-se}$$
$$\sigma_G^2 = 1/2\alpha^2 + 1/4 \times 1/4\alpha^2 = 9/16 \alpha^2 = 1,125 \sigma_{A_i}^2. \text{ Assim, o estimador da}$$

variância aditiva será: $\sigma_{A_i}^2 = \sigma_G^2 / 1,125 = (Q_1 - Q_2) / (1,125 \cdot r)$.

De modo análogo, para dominância parcial $\delta = 1/2\alpha$, então $\sigma_G^2 = \sigma_{A_i}^2 + 1/4 \sigma_D^2 = 1/2\alpha^2 + 1/4 \times 1/4\delta^2$. Fazendo $\delta^2 = 1/4\alpha^2$, tem-se $\sigma_G^2 = 1/2\alpha^2 + 1/4 \times 1/4 \times 1/4\alpha^2 = 33/64 \alpha^2 = 1,03125 \sigma_{A_i}^2$. Assim, o estimador da variância aditiva será:

$$\sigma_{A_i}^2 = \sigma_G^2 / 1,03125 = (Q_1 - Q_2) / (1,03125 \cdot r).$$

Já na ausência de dominância, $\delta = 0$, então, o estimador da variância aditiva será: $\sigma_{A_i}^2 = \sigma_G^2$.

Herdabilidade no sentido amplo nas médias de famílias (h_a^2)

A herdabilidade no sentido amplo foi estimada utilizando a metodologia apresentada por Vencovsky e Barriga (1992).

$$h_a^2 = \frac{Q_1 - Q_2}{Q_1}$$

O intervalo de confiança da herdabilidade foi obtido pela expressão de Knapp, Stroup e Ross (1985) da seguinte forma:

Limite inferior (LI)

$$LI = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{Q_1}{Q_2} \right) \cdot F_{1-\alpha/2}(GL_2; GL_1) \right]^{-1} \right\}$$

Limite superior (LS)

$$LS = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{Q_1}{Q_2} \right) \cdot F_{\alpha/2}(GL_2; GL_1) \right]^{-1} \right\}$$

$F_{1-\alpha/2}$ e $F_{\alpha/2}$: Valor de F tabelado, com a probabilidade de $1-\alpha/2$ e $\alpha/2$ e com GL_1 e GL_2 graus liberdade.

Herdabilidade no sentido restrito nas médias de famílias ($h_{F_1}^2$) pelo estimador:

$$h_{F_1}^2 = \frac{\sigma_{A_i}^2}{\sigma_F^2}$$

Coefficiente de variação genético entre famílias (CV_G) pelo estimador:

$$CV_G = \frac{100 \sqrt{\sigma_G^2}}{\bar{x}}$$

Sendo \bar{x} a média geral do experimento.

3.9 Estimativa do ganho esperado com a seleção (GS)

O ganho esperado na produtividade de espigas, considerando um esquema de seleção recorrente entre as famílias $S_{0:1}$, com seleção em ambos os sexos, foi estimado pela seguinte expressão (Vencovsky e Barriga, 1992):

$$GS = i \frac{\sigma_{A_i}^2}{\sqrt{\sigma_F^2}}$$

em que:

i : diferencial de seleção estandardizado considerando a seleção de 34 famílias $S_{0:1}$, ou seja, utilizando uma intensidade de seleção de 20,12%, em que $i = 1,3964$.

Para se estimar o ganho esperado com a seleção, a variância aditiva foi calculada considerando dominância completa, dominância parcial e ausência de dominância no controle dessa característica, como já comentado.

A estimativa do ganho com a seleção também foi obtida da seguinte forma: $GS = h_r^2 \cdot ds$

em que:

h_r^2 : herdabilidade no sentido restrito considerando diferentes graus de dominância;

ds : diferencial de seleção, isto é, média das 34 famílias mais produtivas de cada população menos a média original da população.

3.10 Correlações genéticas entre os caracteres (r_G)

As correlações genéticas entre os caracteres avaliados foram obtidas no programa Genes, pela análise de variância utilizando-se o procedimento láctice modificado. Estas correlações foram estimadas pela seguinte expressão (Vencovsky e Barriga, 1992):

$$r_{G_{x,y}} = \frac{COV_{G_{x,y}}}{\sqrt{\sigma_{G_x}^2 \cdot \sigma_{G_y}^2}}$$

em que:

$COV_{G_{x,y}}$: covariância genética entre os caracteres x e y;

$\sigma_{G_x}^2$ e $\sigma_{G_y}^2$: são as variâncias genéticas do caráter x e y, respectivamente.

3.11 Resposta correlacionada à seleção (RC)

A resposta correlacionada na altura de plantas, altura de espigas e notas de *Phaeosphaeria maydis*, com a seleção efetuada na produtividade de espigas, foi obtida pelo estimador (Vencovsky e Barriga, 1992):

$$RC_{y,x} = i \frac{COV_{G_{x,y}}}{\sqrt{\sigma_{F_x}^2}}$$

em que:

$RC_{y,x}$: resposta correlacionada em y pela seleção praticada no caráter x;

$\sigma_{F_x}^2$: variância fenotípica do caráter produtividade de espigas.

3.12 Predição do potencial das populações na obtenção de linhagens superiores

Para fazer a predição do potencial das populações na obtenção de linhagens superiores, foi utilizada a metodologia de Jinks e Pooni (1976). Esta metodologia baseia-se no fato de que, para caracteres quantitativos, a distribuição fenotípica das n linhagens na geração S_{∞} seguem uma distribuição normal. Assim, a probabilidade de obtenção de linhagens que superem um determinado padrão pode ser predita com base na área direita ou esquerda, dependendo do caráter, de um determinado valor de x na abscissa da distribuição normal. Isso pode ser obtido pela expressão:

$$Z = \frac{\bar{X}_i - \bar{X}_j}{s}$$

em que:

\bar{X}_i : média do caráter em uma linhagem de referência (\bar{L}). No caso presente foi considerado o valor de $\bar{X}_i = 1500 \text{ g/parcela} = 5550 \text{ kg/ha}$;

\bar{X}_j : média das n linhagens na geração S_{∞} . Se as duas linhagens parentais são completamente contrastantes $\bar{X}_j = m$. Contudo, é esperado que elas possuam locos não segregantes. Nesse caso, $\bar{X}_j = m + a'$. Quando se tem um cruzamento biparental, esse valor pode ser predito pelo desempenho médio das duas linhagens parentais $(\bar{L}_i + \bar{L}_j)/2$. Como nesse caso não se dispõem das linhagens parentais, a estimativa da média das linhagens é igual a $m + a'$. Para se obter essa estimativa utilizou-se o procedimento apresentado por Vencovsky (1987), partindo-se de dados experimentais obtidos com esses dois híbridos, no mesmo local, por Souza Sobrinho, Ramalho e Souza (2000), cujo detalhamento é apresentado no Anexo 1;

s: desvio padrão fenotípico entre as linhagens na geração S_{∞} . Na geração S_{∞} têm-se n linhagens e a variância fenotípica (σ_L^2) entre elas é fornecida por: $\sigma_L^2 = 2\sigma_A^2 + \sigma_E^2$, em que σ_E^2 é a variância ambiental. Para fins de cálculo, considerou-se a σ_E^2 como sendo idêntica à variância do erro efetivo (σ_e^2) porque não foi feita avaliação dentro das famílias. Assim, a σ_e^2 contém também a variação genética dentro das famílias $S_{0:1}$. A estimativa do Z , que fornece a probabilidade de obtenção de linhagens que superem um determinado padrão foi obtida pela seguinte expressão:

$$Z = \frac{\bar{L} - (m + a')}{\sqrt{\sigma_L^2}} = \frac{1500 - (m + a')}{\sqrt{2\sigma_A^2 + \sigma_e^2}}$$

4 RESULTADOS

Os resumos das análises de variância para as características avaliadas são apresentados nas Tabelas 9, 10 e 11. O delineamento em látice foi mais eficiente do que o de blocos casualizados para todas as características. A superioridade em relação aos blocos casualizados variou de 3%, para a produtividade de espigas despalhadas com as famílias do C333 a 32,8% para a incidência de *Phaeosphaeria maydis*, na primeira avaliação das famílias do AG9012. Isso indica que, para este último caráter, como a distribuição dos patógenos nem sempre é uniforme na área experimental, o delineamento de látice foi uma boa opção.

A precisão experimental avaliada pelo coeficiente de variação pode ser considerada média, especialmente para a produtividade de espigas despalhadas, que foi cerca de 20% para as duas populações. Chamam atenção os coeficientes de variação obtidos na avaliação de *Phaeosphaeria maydis*, que foram inferiores a 15%, indicando que a avaliação desse patógeno por meio de notas foi eficaz.

Detectaram-se diferenças significativas entre as famílias ($P < 0,01$) para todos os caracteres avaliados, nas duas populações, evidenciando a existência de variabilidade entre as famílias. A produtividade média de espigas despalhadas das famílias do AG9012 (1078 g/parcela) foi inferior à obtida com o C333 (1347 g/parcela). O contrário ocorreu no caso da altura de plantas e altura de espigas, que foram maiores no AG9012. A incidência de *Phaeosphaeria maydis* só foi avaliada nas famílias do AG9012, uma vez que o C333 é resistente, não se constatando diferença na incidência do patógeno entre as famílias. A nota média foi 4,6 na primeira avaliação e 6,5 na segunda avaliação, indicando uma grande incidência de *Phaeosphaeria maydis*.

TABELA 9. Resumos das análises de variância para produtividade de espigas despalhadas (g/parcela), altura de plantas e altura de espigas (cm), obtidas na avaliação das famílias *Sc*₁ da população de AG9012.

QM					
FV	GL	Peso espigas (g/parcela)	Altura plantas (cm)	Altura espigas (cm)	
Repetições	1	478076,493	1491,294	85,513	
Trat. ajustados	168	272238,542**	683,648**	205,472**	
Erro efetivo	144	44481,658	230,965	83,271	
Média		1077,98	191,66	76,38	
Efic. látice (%)		122,12	108,74	112,93	
CVe (%)		19,56	7,92	11,94	

** - significativo pelo teste de F a 1% de probabilidade.

TABELA 10. Resumos das análises de variância para notas de incidência de *Phaeosphaeria maydis* com 93 dias (1ª avaliação) e 104 dias após a semeadura (2ª avaliação), obtidas na avaliação das famílias *Sc*₁ da população de AG9012.

QM					
FV	GL	<i>P. maydis</i> (1ª avaliação)	<i>P. maydis</i> (2ª avaliação)		
Repetições	1	18,329	3,729		
Trat. ajustados	168	1,831**	1,755**		
Erro efetivo	144	0,414	0,502		
Média		4,57	6,54		
Efic. látice (%)		132,83	105,65		
CVe (%)		14,05	10,83		

** - significativo pelo teste de F a 1% de probabilidade.

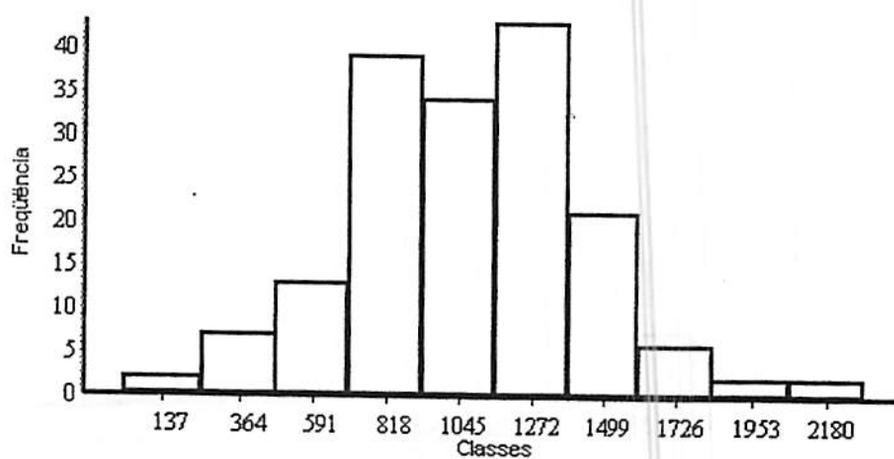
TABELA 11. Resumos das análises de variância para produtividade de espigas despalhadas (g/parcela), altura de plantas e altura de espigas (cm), obtidas na avaliação das famílias $S_{0,1}$ da população do C333.

FV	GL	QM		
		Peso espigas (g/parcela)	Altura plantas (cm)	Altura espigas (cm)
Repetições	1	1288407,646	8469,712	999,698
Trat. ajustados	168	337504,967**	610,847**	180,142**
Erro efetivo	144	77582,087	317,758	107,653
Média		1347,01	182,17	57,91
Efic. látice (%)		102,98	112,37	115,43
CVe (%)		20,67	9,78	17,91

** - significativo pelo teste de F a 1% de probabilidade.

A existência de variabilidade entre as famílias é realçada pelas distribuições de freqüências das médias observadas para as diferentes características (Figuras 1 a 4). Para a produtividade de espigas despalhadas, a amplitude de variação foi alta, superando em 89% a média geral das famílias, no caso da população derivada do AG9012, o mesmo ocorrendo para a população do C333. No caso das notas de *Phaeosphaeria maydis*, também a amplitude de variação foi acentuada, chegando, na primeira avaliação, a superar a média em 11%. Para a altura de plantas e altura de espigas, embora a amplitude da variação não chegasse a superar a média, ela foi alta. Com isso, verifica-se que existe suficiente variabilidade entre as famílias nestas populações, para que sejam obtidos ganhos com a seleção em todas as características.

a)



b)

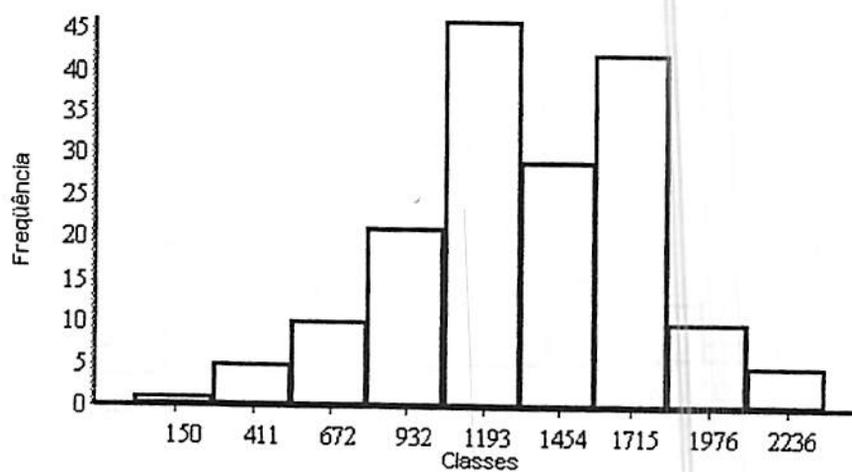


FIGURA 1. Distribuição de frequência para peso de espigas despalhadas (g/parcela), nas famílias $S_{0.1}$ do AG9012 (a) e do C333 (b).

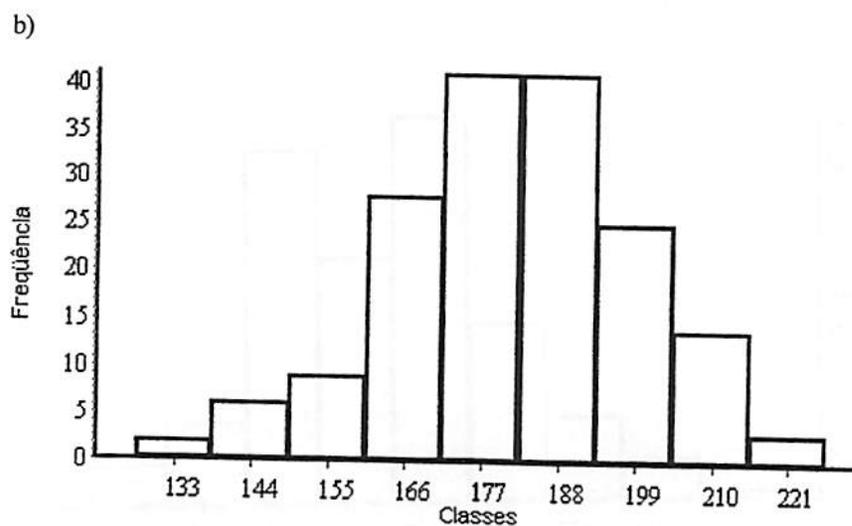
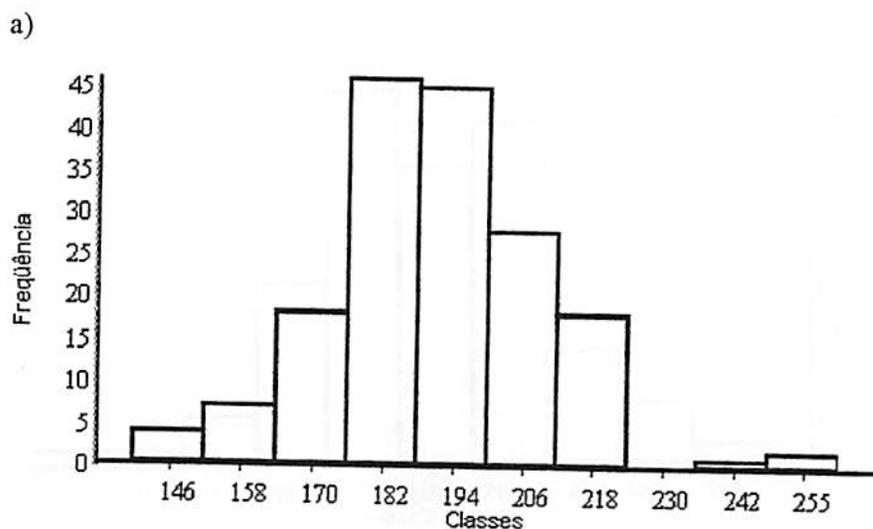
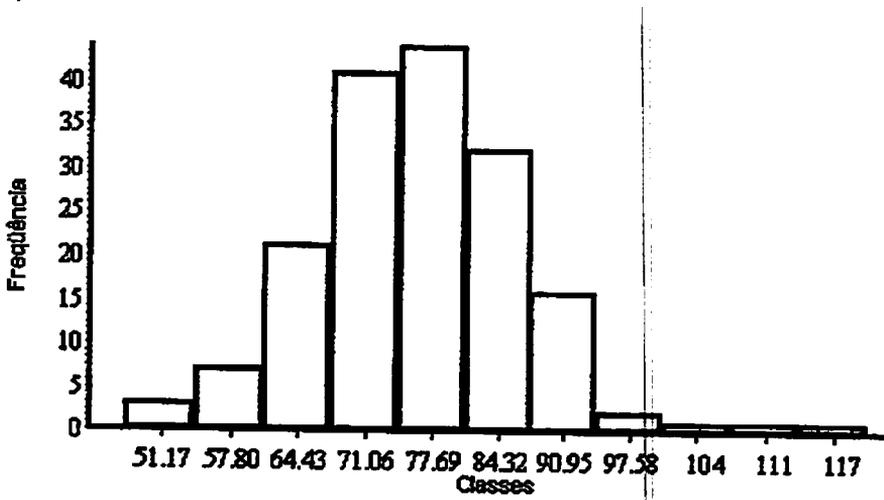


FIGURA 2. Distribuição de frequência para altura de plantas (cm), nas famílias $S_{0.1}$ do AG9012 (a) e do C333 (b).

a)



b)

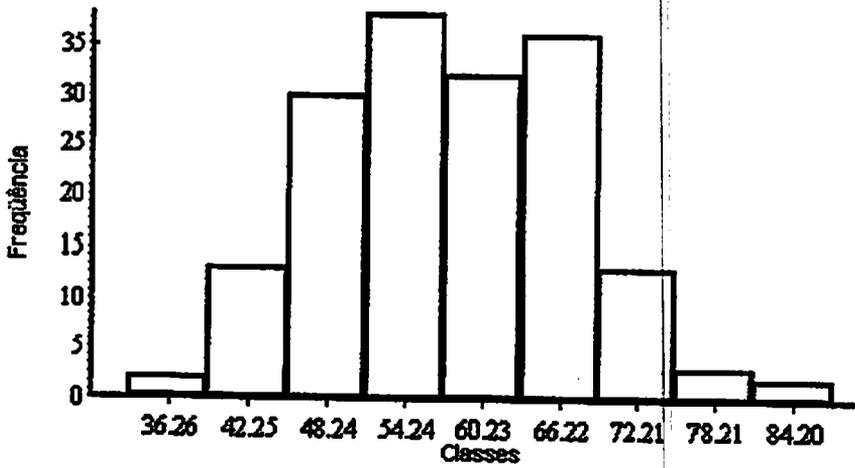
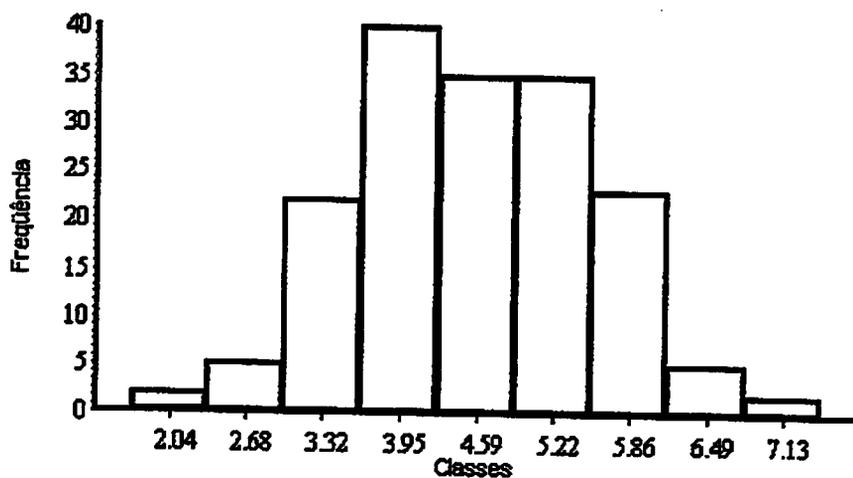


FIGURA 3. Distribuição de frequência para altura de espigas (cm), nas famílias $S_{0.1}$ do AG9012 (a) e do C333 (b).

a)



b)

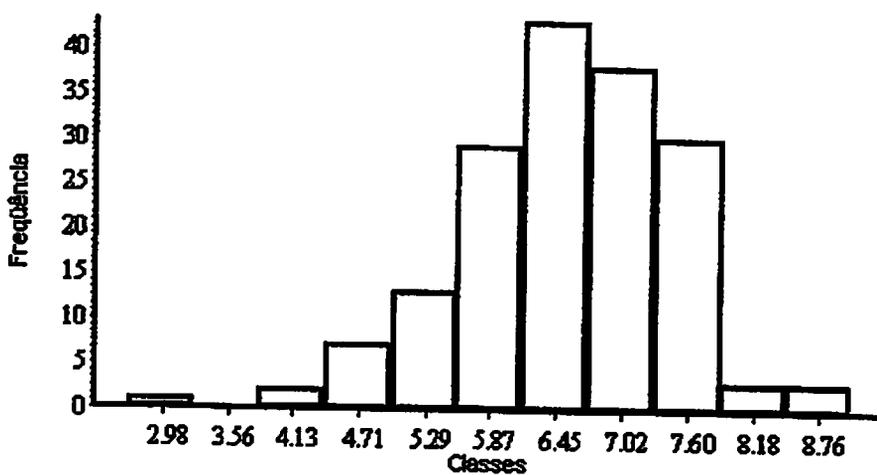


FIGURA 4. Distribuição de freqüência para notas de incidência de *Phaeosphaeria maydis*, aos 93 dias após a semeadura - 1ª avaliação (a) e aos 104 dias após a semeadura - 2ª avaliação (b), nas famílias $S_{0.1}$ do AG9012.

Observe que as estimativas do coeficiente de variação genético variaram entre as características, tendo sido maior para produtividade de espigas do AG9012 ($CV_G = 31,30\%$) e menor para a altura de plantas do C333 ($CV_G = 6,64\%$), realçando novamente a existência de variabilidade para todos os caracteres (Tabelas 12 e 13).

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) para a seleção entre média das famílias também indicam a possibilidade de sucesso com a seleção em ambas populações para todos os caracteres (Tabelas 12 e 13). No caso da produtividade de espigas despalhadas, a h_a^2 foi de 83,7% para as famílias derivadas do AG9012 e 77,0% para as do C333. Ressalta-se que os erros associados a essas estimativas foram de pequena magnitude, haja vista os

TABELA 12. Estimativas da variância genética (σ_G^2), desvio padrão da variância genética [$s(\sigma_G^2)$], variância fenotípica (σ_F^2), herdabilidade média no sentido amplo (h_a^2), limites inferiores (LI) e superiores (LS) da herdabilidade e coeficientes de variação genético (CV_G) obtidos na avaliação de famílias $S_{0.1}$ da população do AG9012.

Parâmetros	Peso espigas (g/parcela)	Altura plantas (cm)	Altura espigas (cm)	<i>P. maydis</i> (1ªavaliação)	<i>P. maydis</i> (2ªavaliação)
$\hat{\sigma}_G^2$	113878,444	226,341	61,101	0,708	0,626
$s(\hat{\sigma}_G^2)$	7495,964	19,731	6,081	0,051	0,050
$\hat{\sigma}_F^2$	136119,273	341,823	102,736	0,915	0,877
h_a^2 (%)	83,66	66,21	59,47	77,39	71,38
LI h_a^2 (%)	77,63	53,75	44,52	69,05	60,84
LS h_a^2 (%)	88,11	75,42	70,51	83,54	79,18
CV_G (%)	31,30	7,85	10,23	18,39	12,10

Quando se avaliam vários caracteres ao mesmo tempo e eteta-se a seleção considerando apenas um deles, é possível estimar a resposta esperada com a seleção para os outros caracteres, ou seja, é possível obter a estimativa da resposta correlacionada à seleção. As estimativas obtidas são apresentadas na Tabela 14. Constatou-se que, para a população do AG9012, sendo a seleção realizada para a produtividade de espigas despalhadas, haveria um incremento na altura de plantas e de espigas superior a 5% e uma redução nas notas de *Phaeosphaeria* de 3,8% na primeira avaliação e 1,8% na segunda. Esses resultados são evidentemente coerentes com as estimativas da correlação

os limites obtidos para a h_a^2 das famílias do C333. AG9012, a amplitude de variação foi de apenas 12,5%, o mesmo ocorrendo com limites de variação das estimativas de h_a^2 , pois, no caso das famílias do

Parâmetros	Peso espigas (g/parcela)	Altura plantas (cm)	Altura espigas (cm)
σ_g^2	129961,439	146,545	36,244
$s(\sigma_g^2)$	9429,225	18,995	5,812
σ_f^2	168752,482	305,423	90,071
h_a^2 (%)	77,01	48,00	40,24
LI h_a^2 (%)	68,53	28,79	18,19
LS h_a^2 (%)	83,27	62,14	56,51
CV _g (%)	26,76	6,64	10,39

TABELA 13. Estimativas da variância genética (σ_g^2), desvio padrão da variância genética [$s(\sigma_g^2)$], variância fenotípica (σ_f^2), herdabilidade média no sentido amplo (h_a^2), limites inferiores (LI) e superiores (LS) da herdabilidade e coeficientes de variação genético (CV_g) obtidos na avaliação de famílias S₀₁ da população do C333.

genética (r_G) entre os caracteres, em que se observou que as correlações entre peso de espigas e altura foram positivas e, com a ocorrência de *Phaeosphaeria maydis*, negativas (Tabela 15).

TABELA 14. Resposta correlacionada na altura de plantas, altura de espigas e incidência de *Phaeosphaeria maydis* com a seleção para produtividade de espigas.

População	$\hat{C}OV_G$	RC (%)
AG9012	$(y, x)^{II} = 3424,822$	6,76
	$(z, x) = 1162,513$	5,76
	$(w_1, x) = -45,438$	-3,76
	$(w_2, x) = -31,410$	-1,82
C333	$(y, x) = 2281,442$	4,26
	$(z, x) = 1083,467$	6,36

^{II} x: produtividade de espigas; y: altura de plantas; z: altura de espigas; w_1 : notas de *Phaeosphaeria maydis* (1ª avaliação); w_2 : notas de *Phaeosphaeria maydis* (2ª avaliação).

TABELA 15. Estimativas das correlações genotípicas entre as características avaliadas, nas famílias $S_{0,1}$ da população do AG9012 e do C333.

População	Caráter	Altura plantas	Altura espigas	<i>P. maydis</i> (1ª avaliação)	<i>P. maydis</i> (2ª avaliação)
AG9012	Peso espigas	0,6746	0,4407	-0,1600	-0,1176
	Altura plantas	-	0,7569	-0,0195	-0,0742
	Altura espigas	-	-	0,0534	-0,0547
	<i>P. maydis</i> (1ª avaliação)	-	-	-	0,9346
C333	Peso espigas	0,5228	0,4992	-	-
	Altura plantas	-	0,6263	-	-

Chamam a atenção as estimativas negativas da correlação entre peso de espigas e notas de *Phaeosphaeria maydis* que, embora não sejam de grande magnitude, possibilitam inferir que ela foi maior na 1ª avaliação. Destaque também para a estimativa da r_G entre as avaliações de *Phaeosphaeria maydis* que foi bastante elevada, indicando haver uma correspondência quase perfeita entre as notas da 1ª e da 2ª avaliação.

Quando uma população está sendo trabalhada visando à obtenção de linhagens, é importante avaliar o mais precocemente possível o seu potencial para esta finalidade. Com esse intuito foram estimados os parâmetros $m+a'$ e a probabilidade de se obter linhagens que superem um determinado padrão (Tabela 16). Consta-se que ambas as populações apresentam praticamente a mesma estimativa de $m+a'$. Contudo, a probabilidade de obtenção de linhagens que produzam acima de 1500 g/parcela (5550 kg/ha) foi bem superior na população derivada do C333, evidenciando o maior potencial desta população.

TABELA 16. Estimativas de $m+a'$, variância aditiva considerando diferentes graus de dominância ($\sigma_{A_i}^2$), distribuição normal estandardizada (Z) e a probabilidade de obtenção de linhagens que superem a $\bar{L}=1500$ g/parcela.

População	$m+a'$ (g/parcela)	Grau de dominância	$\hat{\sigma}_A^2$ (g/parcela) ²	Z	Pr. $Z > \bar{L}$ (%)
AG9012	810	$\delta = \alpha$	101225,284	1,39	8,23
		$\delta = 1/2\alpha$	110427,582	1,34	9,01
		$\delta = 0$	113878,444	1,32	9,34
C333	833	$\delta = \alpha$	115521,279	1,20	11,51
		$\delta = 1/2\alpha$	126023,214	1,16	12,30
		$\delta = 0$	129961,439	1,15	12,51

O ganho esperado com a seleção foi estimado considerando um esquema de seleção recorrente com a avaliação de famílias $S_{0,1}$. Como já comentado, entre famílias $S_{0,1}$ além da variância aditiva, ocorre também variância de dominância, que não é transmitida pela seleção e não em condições de ser isolada, avaliando-se apenas um tipo de família como ocorreu neste trabalho. Para se poder fazer a inferência, optou-se por considerar três situações, ou seja, com ausência de dominância, $\delta = 0$; com dominância parcial, $\delta = 1/2\alpha$ e dominância completa, $\delta = \alpha$, no controle do caráter (Tabela 17). Inicialmente é preciso enfatizar que a diferença nas estimativas da variância aditiva obtida por essas três situações é pequena, sobretudo porque entre as famílias $S_{0,1}$ ocorre apenas 1/4 da variância de dominância. Como já previsto, a estimativa do ganho esperado com a seleção foi alta, chegando a 40% da produtividade média de espigas despalhadas no caso do AG9012, considerando ausência de dominância (Tabela 17). Mesmo nos demais casos, o ganho esperado foi muito expressivo.

Considerando a estimativa do ganho com a seleção recorrente para a produtividade de espigas obtida pela multiplicação do coeficiente de h_r^2 com o diferencial de seleção (ds), verifica-se que este ganho foi semelhante ao obtido utilizando-se a intensidade de seleção padronizada, o que comprova que os dados possuem distribuição normal (Tabela 17).

TABELA 17. Ganho esperado na produtividade de espigas despalhadas, com a seleção de 20,12% das famílias $S_{\alpha,1}$ das populações do AG9012 e do C333 ($i = 1,3964$) e também utilizando o diferencial de seleção (ds), considerando dominância completa ($\delta = \alpha$), dominância parcial ($\delta = 1/2\alpha$) e também ausência de dominância ($\delta = 0$) no controle desta característica.

População	Grau de dominância	Parâmetros estimados			
		\hat{G}_A^2 (g/parcela) ²	h_r^2 (%)	GS_i (%)	GS_{ds} (%)
AG9012	$\delta = \alpha$	101225,284	74,36	35,54	34,37
	$\delta = 1/2\alpha$	110427,582	81,12	38,77	37,50
	$\delta = 0$	113878,444	83,66	39,98	38,67
C333	$\delta = \alpha$	115521,279	68,46	29,15	26,69
	$\delta = 1/2\alpha$	126023,214	74,68	31,80	29,11
	$\delta = 0$	129961,439	77,01	32,80	30,02

5 DISCUSSÃO

As duas populações utilizadas nesse trabalho são derivadas de dois híbridos simples, o AG9012 e o C333, que são recomendados em grande parte do Brasil, sendo desenvolvidos em programas de seleção conduzidos em regiões bem distintas do Sul de Minas. Portanto, é provável que seja possível, por meio da condução de um programa de seleção recorrente específico para esta região, a obtenção em curto prazo de uma população que supere em desempenho as populações originais.

No melhoramento de milho, o emprego de populações derivadas de híbridos, especialmente híbridos simples é pouco divulgado. É provável que as empresas privadas produtoras de sementes híbridas utilizem este tipo de população com relativa frequência, porém, os trabalhos normalmente não são publicados. Contudo, há relatos de que, especialmente nos Estados Unidos, a extração de linhagens de híbridos é uma prática comum as quais são denominadas de linhagens de segundo ciclo (Hallauer, Russell e Lamkey, 1988; Hallauer, 1990; Troyer, 1999).

Não foi encontrado nenhum relato do emprego de população derivada de híbrido para a seleção recorrente. Esse tipo de população tem algumas vantagens, tais como o fato de serem adaptadas, pois elas só são recomendadas se os híbridos tiverem um bom desempenho nos experimentos conduzidos na região. Além do mais, é provável que possuam um grande número de locos em heterozigose, devido ao vigor que manifestam e, portanto, é esperado que apresentem grande variabilidade. Desse modo, associam os dois aspectos que qualquer melhorista utiliza na escolha de uma população, isto é, média alta e grande variação.

Nos programas de seleção recorrentes conduzidos no Brasil, o método mais utilizado é o de famílias de meio-irmãos e inúmeros trabalhos foram realizados com esse tipo de família (Tabela 3). O uso de famílias $S_{0.1}$ é pouco freqüente e só mais recentemente é que elas têm recebido atenção (Pinto, Lima Neto e Souza Júnior, 2000).

Uma das desvantagens do emprego de famílias $S_{0.1}$ é a depressão por endogamia. Essa depressão normalmente reduz acentuadamente o vigor das plantas e, em alguns casos, há manifestação de alelos letais, por eles estarem encobertos nos heterozigotos. Com isso, há redução no estande e uma grande variação dentro das famílias, o que contribui para que a precisão experimental com esse tipo de família seja prejudicada. Entretanto, neste trabalho, para a produtividade de espigas despalhadas, a precisão avaliada pelo coeficiente de variação experimental (C_{Ve}) pode ser considerada média (C_{Ve} = 20%). Este valor é superior ao que tem sido relatado nos experimentos de avaliação de híbridos (Ribeiro, 1998; Gonçalves et al., 1999; Souza Sobrinho, Ramalho e Souza, 2000), contudo, é semelhante ao que tem sido relatado com avaliação de famílias de meio-irmãos (Vencovsky, Miranda Filho e Souza Júnior, 1988; Palomino, 1998).

Comparando também os C_{Ve}'s obtidos para produtividade de espigas com os de outros trabalhos em que foram avaliadas famílias endogâmicas, pode-se constatar que eles foram similares. Em um destes trabalhos, Pinto, Lima Neto e Souza Júnior (2000) avaliaram diferentes números de famílias $S_{0.1}$ (25 a 200) nas populações BR105 e BR106 e obtiveram C_{Ve}'s variando de 19,2 a 20,9%. Em outro trabalho, realizado no Sul de Minas, foram avaliadas 196 famílias $S_{0.1}$ derivadas de híbridos simples, duplos e variedades, obtendo-se C_{Ve}'s variando de 18,5 a 20,4% (Lima, 1999).

Só mais recentemente é que as doenças foliares têm recebido maior atenção dos melhoristas brasileiros. Em função desse fato não há muitos relatos

da avaliação de doenças por meio de notas, em experimentos utilizando famílias. Os resultados obtidos neste trabalho mostram que a distribuição do patógeno não foi aleatória no campo como atesta a eficiência do delineamento de látice e que a precisão experimental pode ser considerada boa. Vale ressaltar que, na primeira avaliação, quando a incidência do patógeno estava na fase inicial à precisão foi menor. Isto é esperado pelo fato já mencionado da distribuição não ser uniforme. Contudo, na segunda avaliação, quando em praticamente toda a área experimental era constatada a presença do patógeno, o CVe foi de apenas 10,8%, evidenciando que o emprego de notas foi eficiente na avaliação desse patógeno. No Brasil, alguns resultados já foram obtidos para avaliação de *Phaeosphaeria maydis* utilizando híbridos e com valores do CVe's semelhantes aos relatados nesse trabalho (Paterniani et al., 1998; Duarte, Souza e Corte, 1999; Pegoraro et al., 2000).

Um questionamento freqüente é com relação ao número de famílias $S_{0.1}$ que se deve utilizar para representar a população e assim obter estimativas fidedignas das suas propriedades genéticas. Nesse trabalho foram avaliadas 169 famílias, valor muito semelhante ao considerado por Pinto, Lima Neto e Souza Júnior (2000) que, utilizando famílias $S_{0.1}$, verificaram que, para a produtividade de espigas, o ideal seria a avaliação de 175 famílias e, para a altura de plantas e de espigas, seria de 125 famílias porque, a partir disso, as estimativas de variância genética, herdabilidade e seus intervalos de confiança estabilizaram-se.

A produtividade média de espigas despalhadas foi equivalente a 3990 kg/ha para o AG9012 e de 4990 kg/ha para o C333. Essa produtividade pode ser considerada boa, sobretudo porque foram avaliadas famílias $S_{0.1}$ e que, portanto, em relação à geração F_1 do híbrido, elas tiveram uma redução de 75% da heterose. É oportuno enfatizar que Souza Sobrinho, Ramalho e Souza (2000), avaliando esses dois híbridos, constataram que a heterose foi responsável por 57,4% da produtividade de espigas do AG9012 e de 70,7% do C333 (Anexo 1).

Assim, é esperado que uma redução de 75% nos valores da heterose levem a uma queda acentuada na produtividade das famílias $S_{0.1}$. Além do mais, a época de semeadura recomendada para a cultura do milho na região é de 15 de outubro a 15 de novembro. Há relatos, inclusive de que, a partir de 15 de outubro, ocorre redução expressiva na produtividade com cada dia de atraso na semeadura (Souza, 1989; Avelar et al., 1996; Ribeiro, 1998). Como a instalação deste experimento só ocorreu no dia 6 de dezembro, esse fato prejudicou o desempenho das famílias.

A amplitude de variação no desempenho médio das famílias com relação à produtividade de espigas, como era esperado pelas razões já expostas, foi muito grande para ambas populações (Figura 1). Isso mostra ser uma condição muito favorável para a seleção de famílias com maior potencial produtivo. No caso da altura de plantas e de espigas, a variação não foi tão acentuada, mas o suficiente também para mostrar a possibilidade de sucesso com a seleção nestes dois caracteres (Figuras 2 e 3).

Apenas as famílias da população AG9012 se mostraram variáveis com relação a *Phaeosphaeria maydis* (Figura 4). No caso do C333, não foram constatadas diferenças entre as famílias que justificassem a sua avaliação. Em um trabalho de avaliação de híbridos, constatou-se que o C333 foi o mais resistente a este patógeno (Dudienas et al., 2000). Em outro trabalho, avaliando híbridos e variedades, o AG9012 foi o mais suscetível a esta doença e o C333B o mais resistente (Duarte, Souza e Corte, 1999). O fato de as famílias do C333 não terem diferido na ocorrência deste patógeno é uma provável indicação de que as duas linhagens parentais apresentam bom nível de resistência. A nota média de ocorrência de *Phaeosphaeria maydis* foi de 6,5 na segunda avaliação, indicando que a incidência foi elevada, o que mais uma vez realça o fato de que o AG9012 é suscetível. Contudo, entre famílias, constatou-se notas variando de

3,0 a 8,8, evidenciando que também para esse caráter há possibilidade de sucesso com a seleção.

Uma outra evidência do potencial dessas populações para a seleção é a estimativa da herdabilidade (h^2). As estimativas da h^2 média obtidas para a produtividade de espigas foram de magnitudes elevadas (83,7% para o AG9012 e 77,0% para o C333), valores estes semelhantes aos relatados por outros autores para esse caráter utilizando o mesmo tipo de famílias (Tabela 4). Vale ressaltar que como a variância genética entre famílias $S_{0:1}$ ($\sigma_{G_{S_{0:1}}}^2$) derivadas de híbridos simples contém : $\sigma_{G_{S_{0:1}}}^2 = \sigma_A^2 + 1/4 \sigma_D^2$, infere-se que as estimativas obtidas são no sentido amplo, uma vez que contém também a variância de dominância que não é transmitida com a seleção recorrente. Por isso, foram estimadas também as h^2 no sentido restrito, considerando diferentes graus de dominância ($\delta = \alpha$; $\delta = 1/2\alpha$; $\delta = 0$).

Na literatura especializada são encontrados relatos de que a ocorrência de dominância é importante para a produtividade de grãos de milho (Garay, Igartua e Alvarez, 1996). No levantamento realizado por Hallauer e Miranda Filho (1988), utilizando dados de 99 experimentos, constatou-se que a relação σ_D^2/σ_A^2 foi de 0,61. Para verificar qual a implicação da ocorrência de dominância no presente trabalho, optou-se por estimar a σ_A^2 , considerando a ocorrência de dominância completa (gmd = 1,0), dominância parcial (gmd = 0,5) e ausência de dominância (gmd = 0). Observou-se que, mesmo quando se considerou dominância completa, as estimativas de h^2 continuaram elevadas, mostrando que, de fato, as populações envolvidas possuem grande variabilidade, em condições de serem exploradas pela seleção.

Já para a altura de plantas e altura de espigas, as estimativas da h^2 foram consideradas médias, sendo estas inferiores às relatadas na literatura

(Tabela 5), principalmente para as famílias derivadas do C333. Vale salientar que as menores estimativas de h_a^2 para o C333 devem estar associadas à menor precisão experimental obtida na avaliação destas características. As estimativas de h_a^2 para nota de *Phaeosphaeria maydis* também apresentaram magnitudes elevadas, sendo semelhantes às obtidas por Von Pinho (1998) para incidência de *Puccinia polysora* e por Pacheco et al. (2000) para a incidência de *Phaeosphaeria maydis*. Isto sugere que é possível selecionar genótipos resistentes em populações segregantes para esta característica.

As estimativas do ganho esperado com a seleção foram pelas razões já apresentadas, elevadas e bem superiores às relatadas na literatura (Tabela 6). Vale ressaltar que as estimativas foram obtidas utilizando-se a intensidade de seleção padronizada (i) e também o diferencial de seleção (ds), tendo os resultados sido muito semelhantes (Tabela 17). Isso ocorre quando as médias das famílias se ajustam bem à distribuição normal. A distribuição de frequência da produtividade de espigas apresentada na Figura 1 comprova esse fato.

Pelo exposto, é esperado que a seleção recorrente intrapopulacional contribua para aumento expressivo na média destas populações em curtíssimo prazo.

As estimativas das correlações genéticas obtidas entre a produtividade de espigas e alturas foram de grande magnitude e positivas, semelhante às normalmente relatadas (Scapim, 1994). Já as correlações envolvendo as notas de *Phaeosphaeria maydis* só foram de grande magnitude entre as duas avaliações. Este resultado indica que apenas uma avaliação seria suficiente para a seleção de famílias resistentes a este patógeno. As estimativas das correlações entre notas de *Phaeosphaeria maydis* e produtividade de espigas, embora não fossem de grande magnitude, nos dois casos foram negativas, indicando que este patógeno afeta a produtividade de espigas das plantas.

As estimativas das correlações explicam as respostas correlacionadas à seleção obtidas. A seleção para a produtividade de espigas contribuirá para o aumento na altura de plantas e de espigas, porém, haverá redução na incidência de *Phaeosphaeria maydis* (Tabela 14). Quando a seleção é feita com base em apenas uma característica, é possível fazer inferências sobre as alterações que ocorrem nas demais características por meio da resposta correlacionada à seleção. Assim, neste trabalho, a seleção de famílias mais produtivas faria com que a incidência de *Phaeosphaeria maydis* fosse reduzida, principalmente na primeira avaliação, devido à maior correlação genotípica entre peso de espigas e as notas de *Phaeosphaeria maydis* nesta época (Tabela 15). Isto indica, pelo menos em princípio, que as avaliações precoces são mais favoráveis para a seleção de genótipos mais resistentes. O fato de a correlação entre as características mencionadas não ter sido de magnitude elevada evidencia que esta doença não afetou a produtividade de espigas. Entretanto, alguns autores encontraram correlação mais elevada entre estas características, como a obtida por Pegoraro et al. (1998).

O desempenho de um híbrido comercial é função de $m+a'$ e d , ou seja, do desempenho das linhagens *per se* ($m+a'$) e da heterose entre elas (d). Assim, uma população será promissora para um programa de obtenção de híbridos se ela tiver potencial para a extração de linhagens produtivas. Desse modo, a avaliação do potencial das populações o mais precoce possível para a extração de linhagens é uma opção que permite aos melhoristas concentrarem esforços apenas nas populações superiores.

Na literatura, especialmente sobre plantas autógamas, existem procedimentos que podem ser utilizados na escolha de populações (Baezinger e Peterson, 1991). Um desses procedimentos é a metodologia de Jinks e Pooni (1976), que avalia a probabilidade da população na geração F_{∞} produzir linhagens que superem um determinado padrão. Essa metodologia foi utilizada

para comparar as populações derivadas do AG9012 e do C333 (Tabela 16). Verifica-se que a probabilidade de obtenção de linhagens com produtividade superior a 5550 kg/ha foi superior no C333, independente do nível de dominância considerado.

6 CONCLUSÕES

- As populações derivadas dos dois híbridos simples comerciais associaram média alta e grande variação genética, sendo, portanto, promissoras para seleção ou extração de linhagens.

- A população derivada do C333 foi a mais promissora, por associar resistência a *Phaeosphaeria maydis*, possuir média mais alta e maior probabilidade de obtenção de linhagens superiores.

7 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, A. de F.B. **Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais.** Lavras: UFLA, 1997. 79p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- AGROCERES. **Guia Agroceres de sanidade.** São Paulo: Sementes Agroceres, 1996. 72p.
- ARAUJO, J.S. de. **Ganhos genéticos obtidos em híbridos e variedades de milho representativos de três décadas de melhoramento no Brasil.** Lavras: UFLA, 1995. 64p. (Dissertação - Mestrado 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).
- AVELAR, F.M.; CARVALHO, S.P.; RIBEIRO, P.H.E.; RAMALHO, M.A.P. **Interação cultivares de milho x época de semeadura para produção de grãos e silagem.** *Brazilian Journal of Genetics*, Caxambú, v.19, n.3, p.218, Set. 1996.
- BAEZINGER, P.S.; PETERSON, C.J. **Genetic variation: It's origin and use for breeding self-pollinated species.** In: STALKER, H.T.; MURPHY, J.P. **Plant breeding in the 1990's: proceedings of the symposium on plant breeding in the 1990's.** Raleigh: C.A.B. International, 1991. p.69-92.
- BECKER, H.C.; LÉON, J. **Stability analysis in plant breeding.** *Plant Breeding*, Berlin, v.101, p.1-23, Apr. 1988.
- BERNARDO, R. **Correlation between tests cross performance of lines at early and last selfing generation.** *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, v.82, n.1, p.17-21, Feb. 1991.
- BORÉM, A. **Melhoramento de Plantas.** 2.ed. Viçosa: UFV, 1998. 547p.

- BUITRAGO, I.C. **Comparação de três processos seletivos para a identificação de linhagens S1 superiores em milho (*Zea mays* L.).** Piracicaba: ESALQ/USP, 1996. 137p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- CARSON, M.L.; WICKS III, Z.W. Response of a maize synthetic to S₁ recurrent selection for grain yield in a disease-stress environment. *Maydica*, Bergamo, v.38, n.3, p.193-199, 1993.
- CARVALHO, H.W.L. de; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M.X. dos; CARVALHO, P.C.L. de. Estimativas de parâmetros genéticos em três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meio-irmãos na variedade de milho BR 5028-São Francisco. In: REUNIÓN LATINOAMERICANA DEL MAÍZ, 18., 1999, Sete Lagoas. Memórias... Sete Lagoas: EMBRAPA-CNPMS/CIMMYT, 1999. p.233-237.
- COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics*, Raleigh, v.4, n.1, p.254-266, Mar. 1948.
- DUARTE, J.M.; SOUZA, J.C. de; CORTE, H.R. Reação de cultivares de milho a *Phaeosphaeria maydis*. In: REUNIÓN LATINOAMERICANA DEL MAÍZ, 18., 1999, Sete Lagoas. Memórias... Sete Lagoas: EMBRAPA-CNPMS/CIMMYT, 1999. p.405-411.
- DUARTE, W. O mercado brasileiro de milho. In: UDRY, C.V.; DUARTE, W. (orgs.) **Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos**, Brasília: Paralelo 15, 2000. p.137-165.
- DUDIENAS, C.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; DUARTE, A.P.; SAWAZAKI, E.; GALLO, P.B.; FANTIN, G.M. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 23., 2000, Uberlândia. A inovação tecnológica e a competitividade no contexto dos mercados globalizados. Resumos... Sete Lagoas: ABMS/EMBRAPA-CNPMS/UFU, 2000. CD-ROM.
- DUVICK, D.N. Maize breeding: past, present and future. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 20., 1994, Goiânia. Anais... Goiânia: ABMS/EMGOPA/EMBRAPA-CNPMS/UFU/EMATER-GO, 1994. p.1-19.
- DUVICK, D.N.; CASSMAN, K.G. Post-green revolution trends in yield potential of temperate maize in the North-Central United States. *Crop Science*, Madison, v.39, n.6, p.1622-1630, Nov./Dec. 1999.

- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman Malaysia, 1996. 463p.
- FANTIN, G.M. Mancha de *Phaeosphaeria*, doença do milho que vem aumentando sua importância. **Biológico**, São Paulo, v.56, p.39. jan./dez. 1994.
- FEHR, W.R. **Principles of cultivar development: theory and technique**. New York: Macmillan Publishing Company, 1987. v.1, 536p.
- FERNANDES, J.S.C.; FRANZON, J.F. Third years of genetic progress in maize (*Zea mays* L.) in a tropical environment. **Maydica**, Bergamo, v.42, n.1, p.21-27, 1997.
- FERNANDES, F.T.; OLIVEIRA, E. de. **Principais moléstias na cultura do milho**. Sete Lagoas: EMBRAPA-CNPMS, 1997. 80p.
- GARAY, G.; IGARTUA, E.; ALVAREZ, A. Responses to S₁ selection in flint and dent synthetic maize populations. **Crop Science**, Madison, v.36, n.5, p.1129-1134, Sept./Oct. 1996.
- GONÇALVES, F.M.A.; CARVALHO, S.P. de; RAMALHO, M.A.P.; CORRÊA, L.A. Importância das interações cultivares x locais e cultivares x anos na avaliação de milho na safrinha. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.7, p.1175-1181, jul. 1999.
- HALLAUER, A.R. Methods used in developing maize inbreds. **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.; RUSSEL, W.A.; LAMKEY, K.R. Corn breeding. In: SPRAGUE, G.F.; DUDLEY, J.W. (eds.). **Corn and corn improvement**. 3.ed. Madison: ASA/CSSA/SSSA, 1988. p.469-554.
- JINKS, J.L.; POONI, H.S. Prediction the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. **Heredity**, Oxford, v.36, n.2, p.253-266, 1976.
- KNAPP, S.J.; STROUP, W.W.; ROSS, W.M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v.25, n.1, p.192-194, Jan./Feb. 1985.

- LAMKEY, K.R.; HALLAUER, A.R. Heritability estimated from recurrent selection experiments in maize. *Maydica*, Bergamo, v.32, p.61-78, 1987.
- 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.695-699, July/Aug. 1987.
- LIMA, M.W. de P. **Alternativa de escolha de populações de milho para extração de linhagens**. Lavras: UFLA, 1999. 49p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- LIVINI, C.; PIROVANO, L.; BRANDOLINI, A.; LORENZONI, C.; MOTTO, M. Evaluation of three cycles of recurrent selection for yield in an opaque-2 variety of maize. *Maydica*, Bergamo, v.37, n.1, p.89-93, 1992.
- MAGNAVACA, R. Desenvolvimento de híbridos em empresas privadas. In: SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 2., 1998, Lavras. *Anais...* Lavras: UFLA, 1998. p.163-170.
- MIRANDA FILHO, J.B.; VIÉGAS, G.P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. (eds.) **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1, p.275-340.
- OLIVEIRA, L.B.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de F.B.; FERREIRA, D.F. Alternative procedures for parent choice in a breeding program for the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.19, n.4, p.611-615, dez. 1996.
- OTUBO, S.T.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de F.B.; SANTOS, J. B. dos. Genetic control of low temperature tolerance in germination of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Euphytica*, Wageningen, v.89, n.3, p.313-317, Mar. 1996.
- PACHECO, C.A.P.; GUIMARÃES, P.E.O.; PARENTONI, S.N.; SANTOS, M.X.; MEIRELLES, W.F.; GAMA, E.E.G.; VASCONSELOS, M.J.V. Herança da resistência à mancha foliar de *Phaeosphaeria* em milho: média de gerações. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 23., 2000, Uberlândia. A inovação tecnológica e a competitividade no contexto dos mercados globalizados. *Resumos...* Sete Lagoas: ABMS/EMBRAPA-CNPMS/UFU, 2000. CD-ROM.

- 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. **Seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos em milho**. (*Zea mays* L.) na população ESALQ VD₂ Waxy. Piracicaba: ESALQ/USP, 1991. 88p. (Dissertação - Genética e Melhoramento de Plantas).
- PALOMINO, E.C. **Tamanho da amostra para avaliação de famílias de meio-irmãos de milho**. Lavras: UFLA, 1998. 89p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- PATERNIANI, E. **Estudos recentes sobre heterose**. Campinas: Fundação Cargill, 1974. 35p. (Boletim técnico n.1).
- PATERNIANI, E. Maize breeding in the tropics. In: **Critical Review in Plant Sciences**, v.9, n.2, p.125-154, 1990.
- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. p.429-485.
- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. **Melhoramento e produção de milho**. 2 ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1, p.215-274.
- PATERNIANI, E.; NASS, L.L.; SANTOS, M.X. dos. O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil: uma abordagem histórica da utilização do germoplasma. In: UDRY, C.V.; DUARTE, W. (orgs.) **Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos**, Brasília: Paralelo 15, 2000. p.11-41.
- PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; SAWAZAKI, E.; DUDIENAS, C. DUARTE, A.P.; GALLO, P.B.; Cruzamentos dialélicos entre linhagens de milho com diferentes níveis de resistência a moléstias foliares. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 22., 1998, Recife. Globalização e segurança alimentar. **Resumos...** Recife: ABMS/IPA/EMBRAPA-CNPMS, 1998. CD-ROM.

- PEGORARO, D.G.; BARBOSA NETO, J.F.; DAL SOGLIO, F.K.; VACARO, E.; NASS, C.N. Herança da resistência à mancha foliar de *Phaeosphaeria* em milho: análise dialélica. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 23., 2000, Uberlândia. A inovação tecnológica e a competitividade no contexto dos mercados globalizados. Resumos... Sete Lagoas: ABMS/EMBRAPA-CNPMS/UFU, 2000. CD-ROM.
- PEGORARO, D.G.; BARBOSA NETO, J.F.; VACARO, E.; NUSS, C.N.; DAL SOGLIO, F.K. Incidência da mancha foliar causada pelo fungo *Phaeosphaeria maydis* em milho: efeito de épocas de semeadura e doses de nitrogênio. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 22., 1998, Recife. Globalização e segurança alimentar. Resumos... Recife: ABMS/IPA/EMBRAPA-CNPMS, 1998. CD-ROM.
- PINTO, R. de M.C.; LIMA NETO, F.P.; SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Estimativa do número apropriado de progênies S₁ para a seleção recorrente em milho. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.35, n.1, p.63-73, jan. 2000.
- RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. Piracicaba: ESALQ/USP, 1977. 122p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- RAMALHO, M.A.P. O impacto da tecnologia transgênica em países em desenvolvimento. In: REUNIÓN LATINOAMERICANA DEL MAÍZ, 18., 1999, Sete Lagoas, MG. Memórias... Sete Lagoas: EMBRAPA-CNPMS/México: CIMMYT, 1999. p.73-77.
- RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. de. A experimentação em genética e melhoramento de plantas. Lavras: UFLA, 2000. 326p.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos; ZIMMERMANN, M.J. de O. Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações no melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993. 271p.
- RIBEIRO, P.H.E. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho em diferentes épocas de semeadura, níveis de adubação e locais do Estado de Minas Gerais. Lavras: UFLA, 1998. 126p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

- RUSSEL, W.A. Agronomic performance of maize cultivars representing different eras of maize breeding. *Maydica*, Bergamo, v.29, p.375-390, 1984.
- SANTOS, P.G. Escolha de populações segregantes para o programa de seleção de arroz em terras altas. Lavras: UFLA, 2000. 106p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- SCAPIM, C.A. Cruzamentos dialélicos entre sete variedades de milho doce (*Zea mays* L.) e correlações entre caracteres agrônômicos. Viçosa: UFV, 1994. 96p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- SINGH, S.P.; URREA, C.A. Inter and intra-racial hybridization and selection for seed yield early generations of common beans, *Phaseolus vulgaris* L. *Euphytica*, Wageningen, v.81, n.2, p.131-137, June 1995.
- SNAPE, J.W. Predicting the frequencies of transgressive segregants for yield and yield components in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, v.62, n.2, p.127-134, 1982.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal. Piracicaba: FEALQ, 1989. 134p.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Genética quantitativa e melhoramento de milho: realizações e tendências futuras. In: REUNIÓN LATINOAMERICANA DEL MAÍZ, 18., 1999, Sete Lagoas. Memórias... Sete Lagoas: EMBRAPA-CNPMS/México: CIMMYT, 1999. p.119-128.
- SOUZA SOBRINHO, F. de; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA, J.C. de. Genetic vulnerability and potential for inbred lines extraction for maize single cross hybrids. *Maydica*, Bergamo. No prelo.
- SOUZA, F.R.S. Estabilidade de cultivares de milho (*Zea mays* L.) em diferentes épocas e locais de plantio em Minas Gerais. Lavras: ESAL, 1989. 80p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- TAKEDA, C. Estimativas dos efeitos da seleção recorrente intra e ineropulacional em linhagens de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba: ESALQ/USP, 1997. 133p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

- TERESAWA 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).
- TOLEDO, J.F.F. DE. **Quantitative genetics in soybean breeding.** In: CONFERÊNCIA MUNDIAL DE INVESTIGACION IN SOJA, 4., 1989, Buenos Aires. *Anais...* Buenos Aires, 1989. p.909-914.
- TRILLER, C. **Previsão do potencial de cruzamentos em soja pela geração F₃.** Londrina: UEL/EMBRAPA/IAPAR, 1994. 133p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- TROYER, A.F. **A retrospective view of corn genetic resources.** *The Journal of Heredity*, Baltimore, v.81, n.1, p.17-24, Jan./Feb. 1990.
- TROYER, A.F. **Background of U.S. hybrid corn.** *Crop Science*, Madison, v.39, n.3, p.601-626, May/June 1999.
- VEIGA, D.R. **Eficiência dos dialelos circulantes na escolha de genitores, avaliada com simulação de dados.** Lavras: UFLA, 1998. 95p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- VENCOVSKY, R. **Herança quantitativa.** In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e produção do milho.** 2.ed.rev. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.135-214.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento.** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486p.
- VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J.B.; SOUZA JÚNIOR, C.L. de. **Quantitative genetics and corn breeding in Brazil.** In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., 1987, Raleigh. *Proceedings...* Sunderland: Sinauer Associates, 1988. p.465-477.
- VENCOVSKY, R.; MORAIS, A.R.; GARCIA, J.C.; TEIXEIRA, N.M.; **Avaliação do progresso genético devido ao melhoramento de milho no Brasil.** In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., 1986, Belo Horizonte. *Anais...* Sete Lagoas: EMBRAPA-CNPMS, 1988.

- VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M.A.P. Contribuições do melhoramento genético de plantas no Brasil. In: PATERNIANI, E. (ed.). **Agricultura brasileira e pesquisa agropecuária**. Brasília: EMBRAPA comunicação para transferência de tecnologia, 2000. p.57-89.
- VON PINHO, R.G. **Metodologias de avaliação, quantificação de danos e controle genético da resistência do milho a *Puccinia polysora* e *Physopella zae***. Lavras: UFLA, 1998. 140p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- WEYHRICH, R.A.; LAMKEY, K.R.; HALLAUER, A.R. Responses to seven methods of recurrent selection in the BS11 maize population. **Crop Science**, Madison, v.38, p.308-321, Mar./Apr. 1998.
- WRICKE, G.; WEBER, W.E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. Berlin: de Gruyter, 1986. 406p.
- WYCH, R.D. Production of hybrid seed corn. In: SPRAGUE, G.F.; DUDLEY, J.W. (eds.). **Corn and corn improvement**. 3.ed. Madison: ASA/CSSA/SSSA, 1988. p.565-605.

ANEXO

	Página
ANEXO 1 Estimativa de $m+a'$ das duas populações.....	72

ANEXO 1

Estimativa de $m+a'$ das duas populações

A média da geração F_1 de um híbrido é fornecida por: $F_1 = m+a' + d$, em que $m+a'$ é a contribuição dos locos em homozigose das duas linhagens e d é a contribuição dos locos em heterozigose. Utilizando-se esse modelo têm-se:

$$\bar{S}_0 = F_2 = m+a' + 1/2d$$

$$\bar{S}_1 = m+a' + 1/4d$$

Utilizando o procedimento proposto por Vencovsky (1987), pode-se estimar $m+a'$, desde que as duas gerações sejam avaliadas simultaneamente, pelo contraste $2\bar{S}_1 - \bar{S}_0$. Como nesse trabalho as gerações S_0 e S_1 não foram avaliadas simultaneamente, avaliando-se apenas a geração S_1 , foram utilizados dados obtidos por Souza Sobrinho, Ramalho e Souza (2000), referentes à avaliação dos híbridos AG9012 e C333, obtidos no mesmo local em que este experimento foi realizado (Tabela 1A).

Com base nos dados da Tabela 1A, depreende-se que $m+a'$ corresponde à 43,49% da média de F_1 para a população do AG9012 e 28,65% para a população do C333. Então, a relação $d/m+a' = 1,32$ para a população do AG9012 e 2,467 para a população do C333. Assim, para o presente trabalho tem-se:

$$S_1 = m+a' + 1/4d, \text{ ou seja,}$$

AG 9012:

$$S_1 = m+a' + 1/4 [1,32 (m+a')]$$

$$m+a' = \bar{S}_{0,1} / 1,33$$

C333:

$$S_1 = m+a' + 1/4 [2,467 (m+a')]$$

$$m+a' = \bar{S}_{0,1} / 1,61675$$

TABELA 1A. Média da produtividade de espigas despalhadas, das gerações F_1 , F_2 e F_3 dos híbridos simples AG9012 e C333 e as estimativas de $m+a'$ e depressão por endogamia (d), em t/ha.

População	F_1	$F_2=S_0$	$F_3=S_1$	$m+a'$	d
AG9012	11,06	8,28	6,19	4,81	6,35
C333	12,04	7,48	5,73	3,45	8,51