

PAULO ANTONIO DE AGUIAR

**AValiação DE PROGêNIes DE MEIOS IRMãos DA POPULAÇÃO DE
MILHO CMS-39 EM DIFERENTES CONDIÇÕES DE AMBIENTES**

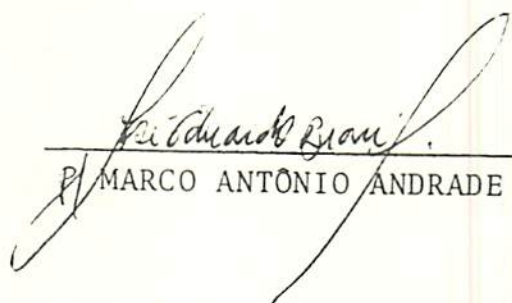
Dissertação apresentada à Escola Superior de Agricultura de Lavras, como parte das exigências do Curso de Pós-graduação em Agronomia, área de concentração Fitotecnia, para obtenção do grau de "MESTRE".

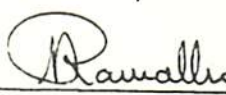
ESCOLA SUPERIOR DE AGRICULTURA DE LAVRAS
LAVRAS - MINAS GERAIS

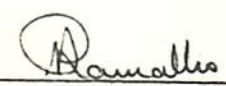
1 9 8 6

AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS DA POPULAÇÃO DE
MILHO CMS-39 EM DIFERENTES CONDIÇÕES DE AMBIENTES

COMITÊ DE ORIENTAÇÃO:


p/ MARCO ANTÔNIO ANDRADE


MAGNO ANTONIO PATTO RAMALHO


p/ RICARDO MAGNAVACA

*Ao Senhor meu Deus, que me deu sa-
bedoria para entender as dificul-
dades e coragem para saber como
vencê-las.*

*Aos meus pais, Rosel e Nina,
Aos meus irmãos, à Ana Maria,*

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado de Mato Grosso - EMPA-MT, pela concessão deste treinamento.

À Escola Superior de Agricultura de Lavras, pela oportunidade de realização deste curso.

Ao Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo-EMBRAPA, pela ajuda na realização deste trabalho.

Ao Prof. Marco Antonio Andrade, pela participação e sugestões.

Aos Drs. Magno Antonio Patto Ramalho e Ricardo Magnavca, pela ajuda e orientação necessária à realização deste trabalho.

Aos funcionários do Departamento de Agricultura, Moacir de Souza Arantes, Mário José de Oliveira, João Batista de Paula e Aginaldo Carlos da Silva, pela ajuda na implantação, coleta de dados e colheita dos experimentos.

À bibliotecária Maria Helena de Castro e demais funcionários da biblioteca - ESAL.

Aos pesquisadores do CNPMS/EMBRAPA, Antonio Carlos de Oliveira, Augusto Ramalho de Moraes e equipe do setor de processamento de dados, pela ajuda e esclarecimentos.

Aos amigos e colegas de curso, Alan Carneiro de Mendonça, Cleso Patto Pacheco, Maria Imaculada Patto Fernandes, Paulo R.A. Oliveira, Mauro Mondin, Alberto Carvalho, pela ajuda, convívio e amizade.

A todos quantos, de alguma forma, colaboraram para a realização deste trabalho.

SUMÁRIO

	Página
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Conceito de Seleção Recorrente	4
2.2. Seleção Entre e Dentro de Progênes de Meios Ir- mãos	5
2.3. Estimativas dos Parâmetros Genéticos Utilizando Progênes de Meios Irmãos	10
2.4. Interação Genótipo por Ambiente na Seleção	12
3. MATERIAL E MÉTODOS	14
3.1. População Utilizada	14
3.2. Avaliação das Progênes	15
3.2.1. Locais	15
3.2.1. Delineamento experimental	15
3.2.3. Condução dos ensaios	15
3.2.4. Dados anotados	15
3.2.5. Análise estatística dos dados	18
3.2.6. Estimativas dos parâmetros genéticos e fe- notípicos	21
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	28

4.1. Avaliação das Progênes por Local	28
4.2. Avaliação das Progênes Considerando os Três Locais	37
4.3. Estimativas dos Parâmetros Genéticos e Fenotípicos	40
4.4. Interação Progênie x Locais	46
5. CONCLUSÕES	53
6. RESUMO	55
7. SUMMARY	57
8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	59

LISTA DE TABELAS

TABELA		Página
1	Resumo de alguns resultados obtidos no Brasil, pelo método de seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos, em diversas populações de milho.	10
2	Resultados das análises químicas do solo, realizadas em Lavras, Ijaci e Sete Lagoas (MG), 1984/85.	15
3	Resumo da análise de variância por local e conjunta e as respectivas esperanças dos quadrados médios	19
4	Resumo das análises de variância para as diferentes características avaliadas. Ensaio de avaliação de progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39. Lavras (MG). 1984/85	29
5	Resumo das análises de variância para as diferentes características avaliadas. Ensaio de avaliação de progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39. Ijaci (MG). 1984/85	30

TABELA

6	Resumo das análises de variância para as diferentes características avaliadas. Ensaio de avaliação de progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39. Sete Lagoas (MG). 1984/85	31
7	Resumo das análises de variância conjunta dos três locais para as características peso das espigas despalhadas, altura das plantas e altura das espigas. Ensaio de avaliação de progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39. Lavras, Ijaci, Sete Lagoas (MG). 1984/85	38
8	Estimativas ao nível de indivíduos dos componentes da variância genética e fenotípica entre progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39, obtidas da análise da variância por local e da análise da variância conjunta dos locais, para a característica peso das espigas despalhadas (g/planta) ² . Ensaio de avaliação de progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39. Lavras, Ijaci, Sete Lagoas (MG). 1984/85	41
9	Resumo das análises de variância conjunta, duas a duas, para a característica peso das espigas despalhadas, dos locais: Ijaci/Lavras; Ijaci/Sete Lagoas; Sete Lagoas/Lavras. Ensaio de avaliação de	

TABELA

Página

	progênes de meios irmãos da população de milho CMS-39. Lavras, Ijaci, Sete Lagoas (MG). 1984/85.	48
10	Estimativas da interação progênie x local e o seu desdobramento em interação simples e complexa e estimativa da resposta correlacionada a seleção $(RC_{(i,j)})$. Lavras, Ijaci e Sete Lagoas. 1984/85..	49
11	Número do tratamento das quarenta progênes selecionadas pela média de produção dos três locais, e número de locais e locais das quarenta progênes selecionadas por local pela média de produção até a quadragésima, comum às selecionadas ..	50

LISTA DE FIGURAS

FIGURA		Página
1	Distribuição das frequências das produções médias de espigas de 400 progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39. Lavras (MG). 1984/85 ...	34
2	Distribuição das frequências das produções médias de espigas de 400 progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39. Ijaci (MG). 1984/85	35
3	Distribuição das frequências das produções médias de espigas de 400 progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39. Sete Lagoas (MG). 1984/85	36
4	Distribuição das frequências das médias dos três locais das produções médias de espigas de 400 progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39. Lavras, Ijaci, Sete Lagoas (MG). Ensaio de avaliação de progênies de meios irmãos. 1984/85 ..	39

1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é a cultura que ocupa a maior área cultivada no Brasil, com cerca de 12,5 milhões de hectares, FIBGE (2). É também um cereal de importância social no país, devido ao volume de grãos produzidos e consumidos na alimentação humana e animal, sendo cultivado em todos os Estados e Territórios.

Devido a heterogeneidade de ambiente em que o milho é cultivado no país, há necessidade de desenvolver cultivares adaptadas às diferentes condições de cultivo. Em razão desse fato, vários programas de melhoramento visando a produção de híbridos e variedades vêm sendo conduzidos por várias entidades públicas e privadas há algum tempo.

Com o propósito de avaliar os materiais gerados por estas entidades de pesquisa, o Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS) vem coordenando há vários anos, uma rede de experimentos em todo o país, denominada de Ensaio Nacional do Milho, nos quais qualquer entidade pode participar com seus respectivos materiais.

Destes ensaios, conduzidos nos últimos anos, foram identificados muitos híbridos e variedades com bom desempenho. Procurando-se obter um material com ampla base genética e boa produtividade, o CNPMS identificou 55 materiais promissores envolvendo híbridos duplos, triplos, intervarietais e variedades de polinização livre, com os quais obteve-se por recombinação uma população denominada de Composto Nacional ou CMS-39.

Como este material foi sintetizado recentemente, ainda não se conhece a sua variabilidade genética, e nem o seu potencial em um programa de melhoramento para diferentes condições de cultivo.

Dentre os métodos de melhoramento intrapopulacional, um dos mais usados no Brasil, envolve a utilização de progênies de meios irmãos, LONNQUIST (31) e PATERNIANI (43). Este processo é de fácil execução, não exigindo sobretudo polinizações manuais, e tem-se mostrado eficiente em aumentar a frequência dos alelos favoráveis nas populações, WEBEL & LONNQUIST (67); PATERNIANI (42, 43); ZINSLY (69); TORRES SEGOVIA (60); SUAREZ LEZCANO (57); CUNHA (13); LIMA (28); MIRANDA FILHO (34), entre outros. Apesar das inúmeras vezes em que este método foi empregado, na maioria das vezes a avaliação das progênies foi realizada em apenas um local, não sendo possível estimar a interação genótipo por ambiente.

Considerando que a população CMS-39 possui uma ampla base genética, é de se esperar que ela possua progênies em condi

ções de se adaptar às diferentes condições de ambiente. Por esta razão, é importante que ela seja avaliada em diferentes condições de cultivo, para se verificar a ocorrência de interação dos genótipos com os ambientes. Desta forma foi realizada a avaliação de progênies deste composto em três locais, com o objetivo de:

a. Quantificar a variabilidade genética existente e obter outros parâmetros genéticos e fenotípicos que possam auxiliar o trabalho dos melhoristas.

b. Verificar a existência e natureza da interação genótipo por ambiente, com subsídios para futuros trabalhos de melhoramento.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Conceito de Seleção Recorrente

O termo seleção recorrente foi utilizado pela primeira vez por HULL (26) e se refere aos casos em que os indivíduos selecionados são intercruzados a fim de se promover a recombinação gênica, e deste modo obter uma nova população melhorada que será usada em um outro ciclo seletivo.

Portanto, pode-se considerar todos os métodos de seleção de população de milho como sendo tipos diferentes de seleção recorrente.

A seleção recorrente no melhoramento de populações de milho, segundo MOLL & STUBER (40), pode ser dividida em: a) Seleção recorrente para o melhoramento intrapopulacional; b) Seleção recorrente para o melhoramento interpopulacional.

A seleção recorrente intrapopulacional tem como objetivo o incremento na frequência dos alelos favoráveis numa população para seu uso "per se". Por sua vez, a seleção recorrente interpopulacional se refere àqueles casos em que o melhoramento populacional visa a obtenção de híbridos. Isto é, uma população é melhorada em função da outra.

Existem disponíveis inúmeros métodos de seleção recorrente para o melhoramento intrapopulacional, PATERNIANI & MIRANDA FILHO (44); HALLAUER & MIRANDA FILHO (22), no entanto, nesta revisão será dada ênfase apenas à seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos, que foi o método utilizado no presente trabalho.

2.2. Seleção Entre e Dentro de Progênies de Meios Irmãos

Dentre os métodos empregados para o melhoramento intrapopulacional um dos mais usados, principalmente no Brasil, envolve a utilização de progênies de meios irmãos.

Este método foi inicialmente denominado espiga por fileira, HOPKINS (25), e como originalmente proposto consistia na seleção de um número de espigas fenotipicamente desejáveis e a avaliação destas através de um teste de progênie.

Este método conforme relato da literatura, foi utilizado inúmeras vezes no início do século. Contudo, o êxito maior foi apenas para os caracteres qualitativos, como realça o trabalho iniciado por HOPKINS (25) e que continua até os dias atuais. Neste trabalho, HOPKINS, utilizando-se da variedade de milho Burr White, visava alta e baixa porcentagem de óleo e proteína. Com 70 gerações de seleção divergente, o teor de óleo passou de 4,96% para 16,46% e 0,40% nas seleções para alto e baixo teor de óleo, respectivamente. E o teor de proteína passou de 10,9% para 26,6% e 4,4% para alto e baixo teor, respectivamente.

Verificou-se neste período um progresso contínuo com o decorrer dos ciclos.

Para a produção de grãos e outros caracteres quantitativos, o sucesso foi pequeno, conforme constatado por SMITH & BRUNSON (55). Eles selecionaram 40 progênies que apresentaram maior produtividade e 40 que apresentaram menor produtividade, de uma população local de milho dos EUA que nunca tinha sido submetida a uma seleção. Com cinco ciclos de seleção, a população original, as populações selecionadas e a testemunha foram testadas em ensaios de produção por 10 anos. Obtiveram sucesso para a seleção visando a redução da produtividade.

O insucesso do método espiga por fileira para o melhoramento de caracteres quantitativos de populações de milho, foi considerado por HULL (26), como sendo devido a que os genes responsáveis pela variância aditiva haviam se fixado devido terem sido submetidas à seleção por vários anos. Além disto, segundo o mesmo autor, a sobredominância era o tipo de ação gênica predominante para a produção de grãos em milho.

Contudo, cerca de 10 anos após, ROBINSON et alii (48) obtiveram estimativas para os componentes da variância genética em três populações de milho: Jarvis, Weekley e Indian Chief, e verificaram que para todos os caracteres a variância genética aditiva era a predominante para todos os caracteres avaliados.

Muitos trabalhos realizados posteriormente visando obter estimativas dos componentes da variância genética, em inúmer

ras populações de milho e em vários países, demonstraram também que a variância genética aditiva é normalmente de grande magnitude, LINDSEY et alii (30); HALLAUER & WRIGHT (24); PATERNIANI (43); DUDLEY & MOLL (15); HALLAUER & SEARS (23); MOLL & STUBER (39); ZUBER et alii (70); MIRANDA FILHO & VENCovsky (36); RUSSEL et alii (50); CUNHA & PATERNIANI (14); GENTER (19); CRISÓSTOMO & ZINSLY (11); MARTIN & HALLAUER (32); CROSBIE et alii (12); SMITH (56); MULAMBA et alii (41) entre outros. HALLAUER & MIRANDA FILHO (22) fizeram um levantamento das estimativas apresentadas na literatura e verificaram que, para a produção de grãos, na média de 99 estimativas a variância aditiva ($\hat{\sigma}_A^2 = 469,1$) era bem superior a obtida para a variância de dominância ($\hat{\sigma}_D^2 = 286,8$).

Desta forma, o argumento apresentado por Hull (26) para o insucesso da seleção espiga por fileira ser devido a ausência de variância aditivada das populações, não era correto.

Já na década de sessenta, LONNQUIST (31) apresentou uma modificação no método visando diminuir o efeito do ambiente, através da avaliação das progênies utilizando delineamentos experimentais. O método passou então a ser denominado de espiga por fileira modificado. PATERNIANI (42) utilizou este método e o denominou de "Seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos".

Basicamente o método empregado por PATERNIANI (42), con

siste em se escolher um certo número de espigas de polinização livre da população a ser melhorada. Cada espiga é debulhada e as sementes são mantidas separadas. As progênies dessas espigas são plantadas em ensaios de produção usando-se o delineamento látice simples duplicado (quatrorepetições). Três repetições são plantadas na época normal de plantio, e a quarta repetição é plantada cerca de um mês mais tarde. Este plantio é feito em lote isolado de despendoamento, usando-se a proporção de três fileiras femininas para uma masculina (3:1). As fileiras femininas compreendem os tratamentos dos ensaios, sendo as fileiras masculinas plantadas com uma amostra representativa de todas as espigas. É deste plantio em lote isolado que serão escolhidas as novas progênies de meios irmãos para a próxima geração, em função das produções médias dos tratamentos e demais anotações dos caracteres agronômicos realizados nas três primeiras repetições.

Neste caso como a seleção é realizada num só sexo (feminino), só se utiliza a metade da variância genética aditiva, e o método gasta um ano por ciclo, sendo denominado de Seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos sem sementes remanescentes.

Quando se utiliza de sementes remanescentes, o método é denominado de Seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos com sementes remanescentes, PATERNIANI & MIRANDA FILHO (44), e consiste basicamente em se obter espigas de polinização livre (progênies de meios irmãos) da população a ser melhorada. Estas progênies são avaliadas em ensaios de produção onde são anotados

os caracteres de interesse, em função dos quais são escolhidas as melhores progênies (Seleção entre). As melhores progênies assim selecionadas são recombinadas entre si na geração seguinte, usando-se as sementes remanescentes destas progênies. Para isso planta-se um lote isolado de despendoamento, onde as progênies selecionadas constituirão as fileiras femininas, e as masculinas uma mistura de sementes de todas as progênies selecionadas, na proporção de 3:1 (♀:♂). Na colheita, seleciona-se dentro de cada fileira feminina as melhores plantas (Seleção dentro), constituindo as espigas destas plantas as novas progênies de meios irmãos a serem avaliadas na geração seguinte.

Para este caso como a seleção é realizada em ambos os sexos, utiliza-se toda a variância genética aditiva, e gasta-se duas gerações por ciclo. Sendo assim a menos que seja possível a realização de uma geração de inverno, o método gasta dois anos por ciclo.

O método de seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos é de fácil execução, não exigindo sobretudo polinizações manuais, e tem-se mostrado eficiente em aumentar a frequência dos alelos favoráveis nas populações. Ele tem sido amplamente utilizado, WEBEL & LONNQUIST (67); PATERNIANI (42, 43); ZINSLY (6); CARMO (4); SILVA (54); LIMA et alii (29); SAWAZAKI & OSUNA (52); TORRES SEGOVIA (60); SUAREZ LEZCANO (57); CUNHA (13); MIRANDA et alii (33); LIMA (28); WINKLER (68); COMPTON & BAHADUR (7); MIRANDA FILHO (34); AYALA OSUNA et alii (3).

Estimativas dos ganhos obtidos utilizando este método de seleção, em algumas populações de milho no Brasil, são relacionadas na Tabela 1. Constata-se que o ganho por ciclo variou de 1,8% a 13,6%, o que permite inferir que o método tem-se mostrado eficiente.

TABELA 1 - Resumo de alguns resultados obtidos no Brasil, pelo método de seleção entre e dentro de progênes de meios irmãos, em diversas populações de milho.

População	Ciclos	Ganho por ciclo	Fonte
Dente Paulista	3	13,6 %	PATERNIANI (43)
Piramex	4	3,8 %	PATERNIANI (42)
Cateto Colômbia Composto	1	8,8 %	SILVA (54)
Centralmex	3	3,25%	TORRES SEGOVIA (60)
ESALQ HV-1	2	3,46%	CUNHA (13)
ESALQ VD-2	3	8,15%	LIMA (28)
IAC-1	7	1,8 %	MIRANDA et alii (33)

2.3. Estimativas dos Parâmetros Genéticos Utilizando Progênes de Meios Irmãos

A estimativa dos componentes da variância genotípica é de importância nos programas de melhoramento, visto que o método

e a população a serem utilizados no melhoramento dependem da variabilidade genética presente, RAMALHO (47).

Nas obtenções destas estimativas vários processos podem ser empregados. Os mais utilizados são os denominados de delineamentos I, II e III propostos por COMSTOCK E ROBINSON (9, 10). Estes processos em função dos tipos de progênes utilizadas, permitem estimar a variância aditiva e a de dominância e em consequência também o grau médio de dominância.

A utilização de progênes de meios irmãos permite obter também estimativas dos parâmetros genéticos, porém, apenas a a variância genética aditiva, VENCOVSKY (64). Na literatura são encontradas várias estimativas utilizando progênes de meios irmãos, LINDSEY et alii (30); GOODMAN (21); MOLL & ROBINSON (37); VENCOVSKY (65); SENTZ (53); MIRANDA FILHO & VENCOVSKY (36); SUBANDI & COMPTON (58); SAWAZAKI & AYALA OSUNA (52); GARDNER (18); POMMER et alii (45); CRISÓSTOMO & ZINSLY (11); ANDRADE & MIRANDA FILHO (1); TOSELLO & GERALDI (61); SOUZA et alii (59); AYALA OSUNA et alii (3); entre outros.

No caso específico de populações brasileiras de milho, as estimativas da variância genética aditiva, para produção de grãos ao nível de plantas individuais variaram de 41 a 748 (g/planta)², RAMALHO (47). Nesta mesma publicação é apresentado um levantamento das estimativas da herdabilidade no sentido restrito, para a seleção entre as médias das progênes de meios irmãos. Os valores encontrados variaram de 2,09% a 28,45%. Estes resultados

dos realçam o que já foi mencionado, que existe variância genética aditiva suficiente para o progresso com a seleção, mas há a necessidade de um eficiente controle ambiental na avaliação das progênies.

2.4. Interação Genótipo por Ambiente na Seleção

As estimativas dos parâmetros genéticos baseadas em experimentos conduzidos em um único ambiente são superestimados, devido que além do componente genético há o componente da interação genótipo por ambiente, GARDNER (17).

Ao fato de genótipos diferentes não apresentarem o mesmo comportamento em ambientes diferentes é denominado de interação genótipo por ambiente, SANTOS (51):

Assim sendo, é importante que se identifique materiais que não interajam com os ambientes, ou que apresentem uma interação baixa.

A interação genótipo x ambiente é composta de duas partes, VENCOSKY (64): uma devido à diferença na variabilidade genética do material dentro dos ambientes, é a interação simples; a outra é devido à falta de correlação entre o material de um ambiente para o outro, é a interação complexa. A interação complexa é a parte problemática da interação, pois um dado material pode ser superior em um local e inferior em outro. Esta decomposição foi sugerida por COCKERHAM (6).

Os estudos realizados sobre a interação genótipo por ambiente indicam que a interação genótipo por anos por local é de maior magnitude que genótipo por ano e local, MOLL & ROBINSON (38); RUSCHEL (49); MIRANDA FILHO & RISSI (35); QUEIROZ et alii (46).

De acordo com COMSTOCK & MOLL (8), a interação genótipo por ambiente seria mais acentuada em tipos de progênes que liberam maior variabilidade genética, e como progênes de meios irmãos liberam pouca variância genética aditiva, esta interação não seria de grande magnitude. Contudo, HALLAUER & MIRANDA FILHO (22) apresentam estimativas da interação genótipo por ambiente ($\hat{\sigma}_{AE}^2$) que chegam a ser 50% do valor da estimativa da variância aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$).

A maioria dos trabalhos no Brasil que envolvem progênes de meios irmãos, foram realizados em um só ano e local, e devido a isto a interação genótipo por ambiente não tem sido estimada.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. População Utilizada

A população utilizada foi a CMS-39. Esta população foi sintetizada a partir de um composto amplo envolvendo os seguintes 55 materiais que se destacaram nos ensaios nacionais de milho conduzidos nos últimos anos: Cargill 115, Cargill 125, Contigema, Contimaiz, Dina Q3, Dina 08, Dina 10, Dina 09, IAC Phoenix 1615, IAC Phoenix B, IAC Phoenix Lte 9487, AG-170, AG-259, AG-401, B-670, A-670-C, A-670-B, Prolífico 100, AG-162, AG-791, Cargill 111-S, Cargill 111-X, Cargill 121, IAC Hmd 7974, IAC Maya XVI, A-670, EX-7801, AG-305-B, 351-B, AG-452, Piranão UD-2 Sel. Prolific., ESALQ-PB-1, Piranão VD1, IAC-Phoenix anão, R. Ouro 66, R. Ouro 69, R. Ouro 99, AG-64-A, AG-301, Cargil 503, Cargil 501, Cargill 511, Cargil 513, Pioneer 6872, Pioneer 6874, Pioneer 6877, Pioneer X-307, Pioneer X-313, Pioneer 6836, Pioneer 6874-A, Dina 11, Dekalb E-5601, Dekalb-E-5602, Dekalb-DK-002.

Este material foi recombinado pelo CNP-Milho e Sorgo/ EMBRAPA, por quatro gerações e a partir daí foram retiradas 400 progênies de meios irmãos, que constituíram as progênies avaliadas no presente trabalho.

3.2. Avaliação das Progenies

3.2.1. Locais

Este trabalho foi conduzido em três locais: Lavras, Ijaci e Sete Lagoas (MG), em solos classificados como Latossolo Vermelho Amarelo câmbico (LVc), Latossolo Vermelho-Escuro (LE) e Latossolo Vermelho-Escuro (LE), respectivamente*. Estes locais foram escolhidos principalmente em função de suas características químicas e físicas de solo (Tabela 2).

TABELA 2 - Resultados das análises químicas do solo, realizadas em Lavras, Ijaci e Sete Lagoas (MG). 1984/85.

Locais	Al ⁺⁺⁺ m.E/100 cm ³	Ca ⁺⁺ + Mg ⁺⁺ m.E/100 cm ³	K ppm	P ppm	pH
Lavras	0,1	2,60	74,0	18,0	5,4
Ijaci	0,1	5,50	60,0	3,0	6,4
Sete Lagoas	1,0	2,57	100,0	9,0	4,8

Lavras apresenta 918,0 m de altitude, 21°14' de latitude S e 45°00' de longitude W. Ijaci: 805,0 m de altitude, 21°10' 16" de latitude S e 44°55'23" de longitude W. Sete Lagoas: 732,0 m de altitude, 19°29' de latitude S e 44°15' de longitude W.

* Comunicação Pessoal, CURI. N.

No ano agrícola 1984/85, no período de outubro de 1984 a abril de 1985, a pluviosidade nestes locais foi de 1352,6, 1739,5 e 1847,8 mm, respectivamente, em lavras, Ijaci e Sete Lagoas.

3.2.2. Delineamento experimental

utilizou-se o delineamento látice 20 x 20, com duas repetições por local. Intercalou-se a cada 20 tratamentos as testemunhas C-111 S e Dina 3030, alternadamente.

3.2.3. Condução dos ensaios

Cada parcela foi constituída de uma fileira de 5,0 metros de comprimento. O espaçamento usado foi o de 1,0 m entre fileiras e 0,20 m entre covas. Cada cova recebeu 2 sementes, sendo desbastada para uma planta. O desbaste para 1 planta por cova foi feito aos 20 dias do plantio, sendo o estande completo formado por 25 plantas por parcela. A adubação foi efetuada usando-se o equivalente a 500 kg/ha da fórmula 4-14-8, 20 kg/ha de sulfato de zinco e mais 200 kg/ha de sulfato de amônio em cobertura aos 45 dias do plantio.

3.2.4. Dados anotados

a) Altura da planta (cm); tomada do nível do solo até a inserção da folha bandeira (última folha).

b) Altura da espiga (cm); tomada do nível do solo até a inserção da primeira espiga (espiga superior).

c) Acamamento: número de plantas acamadas (inclinadas), formando um ângulo superior a 45° com a vertical, por parcela.

d) Quebramento: número de plantas quebradas abaixo da espiga, por parcela.

e) Estande final: número de plantas existentes por ocasião da colheita, por parcela.

f) Número de espigas: número de espigas colhidas, por parcela.

g) Número de espigas doentes: número de espigas doentes por parcela.

h) Peso de espigas despalhadas (g): peso das espigas por parcela.

l) % de umidade: % de umidade dos grãos por parcela, de uma repetição.

Apesar de terem sido tomadas todas essas características, foram analisadas somente as características altura das plantas, altura das espigas e peso das espigas despalhadas.

3.2.5. Análise estatística dos dados

Os resultados referentes a produções de espiga despalhada antes de analisados, foram corrigidos para 15,5% de umidade dos grãos pela seguinte expressão:

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

$P_{15,5\%}$: peso de campo corrigido para 15,5% de umidade.

PC : peso de campo observado.

U : umidade observada em cada parcela.

Inicialmente realizou-se a análise de variância individual (por local), dos parâmetros anotados segundo o seguinte modelo matemático:

$$Y_{ik} = m + p_i + b_k + e_{ik}. \text{ onde:}$$

Y_{ik} : é a observação da progênie \underline{i} no bloco \underline{k} ;

m : é a média geral;

p_i : é o efeito da progênie \underline{i} ;

b_k : é o efeito do bloco \underline{k} ;

e_{ik} : é o erro ambiental;

O quadro da análise da variância e as respectivas esperanças dos quadrados médios considerados blocos e progênies como efeito aleatório, está apresentada na Tabela 3.

TABELA 3 - Resumo da análise da variância por local e conjunta e as respectivas esperanças dos quadrados médios.

ANÁLISE POR LOCAL		
Fonte de Variação	Quadrados Médios	Esperança dos Quadrados Médios ao Nível de Indivíduo
Progênes (Tratamentos ajustados)	Q_1	$\hat{\sigma}_d^2 + n \hat{\sigma}_e^2 + n.r. \hat{\sigma}_{P_i}^2$
Erro Efetivo	Q_2	$\hat{\sigma}_d^2 + n \hat{\sigma}_e^2$
ANÁLISE CONJUNTA		
Blocos/Locais	Q_3	
Locais (L)	Q_4	
Progênes (P)	Q_5	$\hat{\sigma}_d^2 + n \hat{\sigma}_e^2 + n.r.z \hat{\sigma}_P^2$
P x L	Q_6	$\hat{\sigma}_d^2 + n \hat{\sigma}_e^2 + n.r \hat{\sigma}_{P.L}^2$
Erro Médio	Q_7	$\hat{\sigma}_d^2 + n \hat{\sigma}_e^2$

onde:

- $\hat{\sigma}_d^2$: Variância fenotípica entre plantas dentro de parcelas.
- $\hat{\sigma}_e^2$: Variância ambiental entre parcelas.
- $\hat{\sigma}_{P_i}^2$: Variância genética entre progênes da análise conjunta para os três locais.
- $\hat{\sigma}_{P.L}^2$: Variância da interação progênes x local.
- n : Número de plantas por parcela - 25.
- r : Número de repetições - 2.
- z : Número de locais - 3.

As análises da variância conjunta, para os três locais foram realizadas de acordo com o seguinte modelo matemático:

$$Y_{ijk} = m + P_i + l_j + b_{k(j)} + (P l)_{ij} + e_{ik(j)},$$

sendo: Y_{ijk} : é a observação do tratamento \underline{i} , no local \underline{j} , no bloco \underline{k} ;

m : é a média geral;

P_i : é o efeito da progênie \underline{i} . Sendo o efeito aleatório;

l_j : é o efeito do local \underline{j} . Foi considerado como sendo fixo;

$b_{k(j)}$: é o efeito do bloco \underline{k} dentro do local \underline{j} . Blocos é aleatório;

$(Pl)_{ij}$: é o efeito da interação da progênie \underline{i} com local \underline{j} ;

$e_{ik(j)}$: é o erro médio.

Para obtenção dos componentes da variância da característica peso das espigas despalhadas, ao nível de indivíduo, os dados da análise da variância por local, foram divididos pelo número de plantas por parcela (25). Os dados da análise da variância conjunta foram multiplicados pelo número de repetições (2) e divididos pelo número de plantas por parcela (25), VENCOVSKY(64).

O resumo do quadro das análises da variância e as esperanças dos quadrados médios, estão apresentados na Tabela 3.

3.2.6. Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos

As estimativas dos componentes de variância foram obtidas primeiramente da análise por local e posteriormente da análise conjunta dos três locais, somente para a característica peso das espigas despalhadas.

Considerando que as análises foram realizadas em látice, para a estimativa dos componentes de variância foi utilizado o quadrado médio de tratamento ajustados e a variância do erro efetivo, VIANNA (66).

A partir das esperanças dos quadrados médios apresentados na Tabela 3, foram estimados os seguintes componentes genéticos e fenotípicos:

- Variância genética entre progênies em cada local $(\hat{\sigma}_{P_i}^2)$.

$$\hat{\sigma}_{P_i}^2 = \frac{Q_1 - Q_2}{n \cdot r}$$

O erro desta estimativa foi obtido pela expressão apresentada por VELLO & VENCOSKY (62); ou seja:

$$\hat{V}(\hat{\sigma}_{P_i}^2) = \frac{2}{n^2 r^2} \left(\frac{Q_1^2}{n_1 + 2} + \frac{Q_2^2}{n_2 + 2} \right) \quad \text{onde:}$$

n_1 : grau de liberdade de progênies.

n_2 : grau de liberdade do erro.

- Variância genética entre as médias das progênies nos três locais ($\hat{\sigma}_p^2$). Esta estimativa foi obtida pela expressão:

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{Q_5 - Q_7}{n.r.z}$$

- Variância genética aditiva entre as progênies ($\hat{\sigma}_A^2$). Como para progênies de meios irmãos, $\hat{\sigma}_{P_i}^2 = \frac{1}{4} \hat{\sigma}_{A_i}^2$, VENCovsky (64), então $\hat{\sigma}_{A_i}^2 = 4 \hat{\sigma}_{P_i}^2$. De modo semelhante foi estimada a variância genética aditiva entre as médias das progênies, nos três locais ($\hat{\sigma}_A^2$, ou seja: $\hat{\sigma}_A^2 = 4 \hat{\sigma}_p^2$).

- Variância fenotípica entre as médias das progênies por local ($\hat{\sigma}_{\bar{F}_i}^2$). Foi obtida pela expressão:

$$\hat{\sigma}_{\bar{F}_i}^2 = \frac{Q_1}{n.r.}$$

- Variância fenotípica entre médias das progênies nos três locais ($\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$). Esta estimativa foi obtida pela expressão:

$$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2 = \frac{Q_5}{n.r.z}$$

- Variância ambiental entre parcelas ao nível de plantas. ($\hat{\sigma}_e^2$).

Em razão de não terem sido obtidos dados por planta (dentro das parcelas), para se obter as estimativas da variância ambiental ao nível de parcela ($\hat{\sigma}_e^2$), considerou-se a variância fenotípica entre plantas dentro das parcelas ($\hat{\sigma}_d^2$), como: $\hat{\sigma}_d^2 = 10\hat{\sigma}_e^2$, WEBEL & LONNQUIST (67); PATERNIANI (42, 43); ZINSLY (69); TORRES SEGOVIA (60); RAMALHO (47), entre outros. Assim o componente $\hat{\sigma}_e^2$, foi estimado através da expressão:

$$\hat{\sigma}_{e_i}^2 = \frac{Q_2}{(10 + n)}, \text{ nas análises por local. Nas análises}$$

conjuntas por:

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{Q_7}{(10 + n)}.$$

- Herdabilidade no sentido restrito ao nível de indivíduo (h^2), por local. Esta estimativa foi obtida através da expressão:

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_{A_i}^2}{\hat{\sigma}_{P_i}^2 + \hat{\sigma}_{d_i}^2 + \hat{\sigma}_{e_i}^2}.$$

- Coeficiente de variação genética ao nível de indivíduo (CVG), por local. Foi estimado através da expressão:

$$\widehat{CVG} = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{P_i}^2}}{m}, \text{ onde:}$$

m : média.

Para a análise conjunta por:

$$\hat{C}\hat{V}G = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2}}{m}.$$

- Coeficiente de variação experimental ao nível de indivíduo ($\hat{C}\hat{V}E$), por local. Esta estimativa foi obtida pela expressão:

$$\hat{C}\hat{V}E = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{e_i}^2 + \hat{\sigma}_{d_i}^2/n}}{m}.$$

Para a análise conjunta por:

$$\hat{C}\hat{V}E = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_{d_i}^2/n}}{m}.$$

- A relação entre o coeficiente de variação genética ($\hat{C}\hat{V}G$) e o coeficiente de variação experimental ($\hat{C}\hat{V}E$). Esta estimativa foi obtida através da expressão apresentada por VENCOSKY (65):

$$b = \frac{\hat{C}\hat{V}G}{\hat{C}\hat{V}E}.$$

- Ganho esperado com a seleção entre as progênies ($\hat{G}\hat{S}$), considerando o desempenho médio das progênies nos três locais. Esta estimativa foi obtida pela seguintes expressão:

$$\hat{GS} = \frac{K \ 1/4 \ \hat{\sigma}_A^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_F^2}}, \quad \text{onde:}$$

\hat{GS} : ganho esperado com a seleção entre as progênie de meios irmãos.

K : diferencial de seleção estandarizado.

Considerando que foi aplicado uma intensidade de seleção de 10% entre as progênie, o valor de K, fornecido pela tabela apresentada por FISHER & YATES (16), é de 1,755. Os demais componentes da expressão já foram definidos.

- Estimativa da interação genótipo x ambiente ($\hat{\sigma}_{P \times L}^2$).

Procurando conhecer a natureza da interação progênie x local ($\hat{\sigma}_{P \times L}^2$), foi realizada primeiramente uma análise conjunta considerando os três locais, posteriormente foram realizadas análises conjuntas dos locais duas a duas, a partir das quais foi possível decompor a interação em duas partes, simples e complexa, considerando dois locais, através da expressão apresentada por COCKERHAM (6).

$$\hat{\sigma}_{P \times L}^2(i,j) = \frac{1}{2} (\hat{\sigma}_{P_i} - \hat{\sigma}_{P_j})^2 + \hat{\sigma}_{P_i} \hat{\sigma}_{P_j} (1-r_{ij}), \quad \text{onde:}$$

. O primeiro termo: $(\hat{\sigma}_{P_i} - \hat{\sigma}_{P_j})^2$ é a estimativa da interação simples.

. O segundo termo: $\hat{\sigma}_{P_i} \hat{\sigma}_{P_j} (1-r_{ij})$ corresponde à estimativa da interação complexa.

. σ_{P_i} e σ_{P_j} : raiz quadrada da variância genética entre progênes nos locais i e j, respectivamente.

. r_{ij} : correlação genética entre as médias das progênes nos locais i e j. Esta estimativa foi obtida pela expressão:

$$r_{ij} = \frac{\widehat{C\hat{O}V}_{(i,j)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{P_i}^2 \hat{\sigma}_{P_j}^2}} \quad \text{onde:}$$

. $\hat{\sigma}_{P_i}^2$ $\hat{\sigma}_{P_j}^2$: estimativa da variância genética entre médias de progênes dos locais i e j, respectivamente.

$\widehat{C\hat{O}V}_{(i,j)}$: estimativa da covariância genética entre os locais i e j. Esta estimativa foi obtida através da expressão apresentada por KEMPTHORNE (27).

- Resposta correlacionada entre os locais ($RC_{(i/j)}$), isto é, a resposta correlacionada no local i quando a seleção é efetuada no local j. Esta estimativa foi obtida pela expressão:

$$RC_{i/j} = \frac{K \cdot \widehat{C\hat{O}V}_{(i,j)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{F_j}^2}}$$

onde:

$RC_{i/j}$ = é a resposta correlacionada no local i quando a seleção é efetuada no local j.

- K : diferencial da seleção estandarizado.
- $\hat{COV}(i,j)$: é a estimativa da covariância genética entre as médias das progênes nos locais i e j .
- $\hat{\sigma}_{F_j}^2$: é a estimativa da variância fenotípica entre as médias das progênes no local j .

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Avaliação das Progenies por Local

As análises da variância, para cada um dos locais, das características altura das plantas, altura das espigas e peso das espigas despalhadas estão apresentadas nas Tabelas 4, 5 e 6.

Constatou-se que para o peso das espigas a maior eficiência do látice foi observada no experimento de Ijaci, sendo que nesta oportunidade o látice contribuiu para uma eficiência 36,09% superior aos blocos casualizados. Em Lavras e Sete Lagoas a eficiência do látice foi insignificante. Deve ser salientado que para as características altura da planta e da espiga o látice apresentou grande eficiência, exceto no experimento de Sete Lagoas. Considerando que foram avaliadas um número muito grande de progenies, 400 progenies de meios irmãos, essa maior eficiência do delineamento em látice em relação aos blocos casualizados era esperada.

A precisão dos experimentos fornece uma idéia do sucesso esperado com a seleção. Esta precisão é medida pelo coeficiente de variação do experimento. Quanto menor o seu valor maior é

TABELA 4 - Resumo das análises de variância para as diferentes características avaliadas. Ensaio de avaliação de progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39. Lavras (MG). 1984/85.

Fonte de Variação	GL	QUADRADOS MÉDIOS (QM)		
		Altura da planta (cm)	Altura da espiga (cm)	Peso das espigas./
Tratamento (N/AJ)	399	455,0460**	279,4290**	26848,0000**
Tratamento (AJ)	399	424,0899**	257,3192**	26218,3580**
Erro B.C.	399	328,8680	182,3230	17374,8400
Blocos (AJUST)	38	808,4630**	517,7930**	28872,5600**
Componente A	0	0,0000	0,0000	0,0000
Componente B	38	808,4630	517,7930	28872,5600
Erro Intrabloco	361	278,3840	147,0110	16164,5600
V. Erro Efetivo	361	295,7680	157,0360	16842,1600
m		230,37	118,75	3482,50
C.V. (%)		7,47	10,55	18,63
Eficiência do látice %		111,19	116,10	103,16

m : média da característica

CV : Coeficiente de Variação do látice

** : Teste F significativo ao nível de 1% de probabilidade

./ : Os dados da análise de variância obtidos em g/parcela foram divididos pelo número de plantas por parcela (25).

TABELA 5 - Resumo das análises de variância para as diferentes características avaliadas. Ensaio de avaliação de progênes de meios irmãos da população de milho CMS-39. Ijaci (MG). 1984/85.

Fonte de Variação	GL	QUADRADOS MÉDIOS (QM)		
		Altura da planta (cm)	Altura da espiga (cm)	Peso das espigas _{./}
Tratamento (N/AJ)	399	323,4630**	282,9670**	15027,6400**
Tratamento (AJ)	399	207,3046**	204,7194**	12698,9600**
Erro B.C.	399	212,8850	179,9210	9330,8000
Bloco (AJUST)	38	1328,0900**	874,8910**	37614,0000**
Componente A	0	0,0000	0,0000	0,0000
Componente B	38	1328,0900	874,8910	37614,0000
Erro Intrabloco	361	95,4944	106,7670	6353,6400
V. Erro Efetivo	361	103,9350	115,694	6856,5200
m		228,27	121,11	3113,74
C.V. (%)		4,47	8,88	13,30
Eficiência do látice %		204,82	155,51	136,09

m : média da característica

CV : Coeficiente de Variação do, látice

** : Teste F significativo ao nível de 1% de probabilidade

./ : Os dados da análise de variância obtidos em g/parcela foram divididos pelo número de plantas por parcela (25).

TABELA 6 - Resumo das análises de variância para as diferentes características avaliadas. Ensaio de avaliação de progênies de meios irmãs da população de mi-

Iho CMS-39. Sete Lagoas (MG). 1984/85.

Fonte de Variação	GL	QUADRADOS MÉDIOS (QM)		
		Altura da planta (cm)	Altura da espiga (cm)	Peso das espigas- ^{1/}

Tratamento (N/AJ)	399	208,6600**	160,5150**	5939,6000**
Tratamento (AJ)	399	191,2213**	156,1784**	5603,2055**
Erro B.C.	399	162,9700	117,0430	4272,8400
Blocos (AJUST)	38	353,5180**	217,9610**	7355,5200**
Componente A	0	0,0000	0,0000	0,0000
Componente B	38	353,5180	217,9610	7355,5200
Erro Intrabloco	361	142,9120	106,4200	3948,3480
V. Erro Efetivo	361	151,021	111,607	4122,5200

m 153,59 70,08 1545,42

C.V. (%)

8,00

15,08

20,77

Eficiência do látice %

107,92

104,87

103,65

m : média da característica

CV : Coeficiente de Variação do látice

** : Teste F significativo ao nível de 1% de probabilidade

^{1/} : Os dados da análise de variância obtidos em g/parcela foram divididos pelo número de plantas por parcela (25).

a probabilidade de se ter êxito no processo seletivo. Desta forma, os melhoristas devem sempre procurar todas as alternativas visando diminuir o erro experimental e consequentemente os coeficientes de variação. As estimativas dos coeficientes de variação apresentadas nas Tabelas 4, 5 e 6 mostram que para o peso das espigas, foram encontrados valores variando de 13,3% - experimento de Ijací, a 20,8% - experimento de Sete Lagoas. Estes valores mostram que a precisão dos experimentos para esta característica pode ser considerada média, GOMES (20).

Nos inúmeros experimentos envolvendo progênies de meios irmãos conduzidos no Brasil, o coeficiente de variação experimental para a produção de grãos variou de 9,7% a 25,2%, CHAVES (5). Desta forma os valores apresentados nas Tabelas 4, 5 e 6 estão dentro desta amplitude de variação. Deve ser salientado que os coeficientes de variação apresentados por CHAVES (5), foram compilados de 34 experimentos diferentes, cujo tamanho das parcelas variaram de 5 a 10 m² e nunca foram avaliadas mais de 100 progênies. Sendo assim, considerando que neste ensaio foram avaliadas 400 progênies em um único experimento, a precisão pode ser considerada boa.

Nota-se também nas Tabelas 4, 5 e 6 que no experimento de Sete Lagoas as progênies apresentaram menor produtividade média de espigas (1545 g/parcela) e menor altura da planta e da espiga. Este resultado é explicado em função da diferença de fertilidade dos solos e da presença do Al⁺⁺⁺, nos locais em que foram avaliadas as progênies (Tabela 2).

O teste F foi significativo ao nível de 1,0% de probabilidade para efeito de progênies nos três locais (Tabela 4, 5 e 6), mostrando que há diferença entre as progênies para as três características consideradas, evidenciando que há possibilidade de sucesso na seleção.

A distribuição de frequência das produções médias de espigas das 400 progênies, nos três locais, estão apresentadas nas Figuras 1, 2 e 3. Verificou-se que em Lavras a amplitude de variação das progênies foi de 3,2 t/ha a 9,9 t/ha, com uma média de 6,6 t/ha e que 19 progênies apresentaram produtividade média superior aos híbridos duplos comerciais C-111-S e Dina 3030, as quais apresentaram uma produção média de 8,8 t/ha (Figura 1).

Já em Ijaci a amplitude de variação de produtividade média das progênies foi de 3,9 t/ha a 8,3 t/ha, sendo a média de 6,1 t/ha. Para este local a produtividade média das testemunhas intercalares, os híbridos C-111-S e Dina 3030, foi de 8,1 t/ha. Nesta avaliação apenas duas progênies apresentaram produtividade média superior à testemunha (Figura 2).

A amplitude de variação da produtividade média de espigas em Sete Lagoas foi de 1,5 a 4,9 t/ha, e a média foi de 3,2 t/ha. As testemunhas híbridas C-111-S e Dina 3030 apresentaram uma produção média de 4,0 t/ha. Para este local 17 progênies apresentaram produtividade média superior a média das testemunhas (Figura 3).

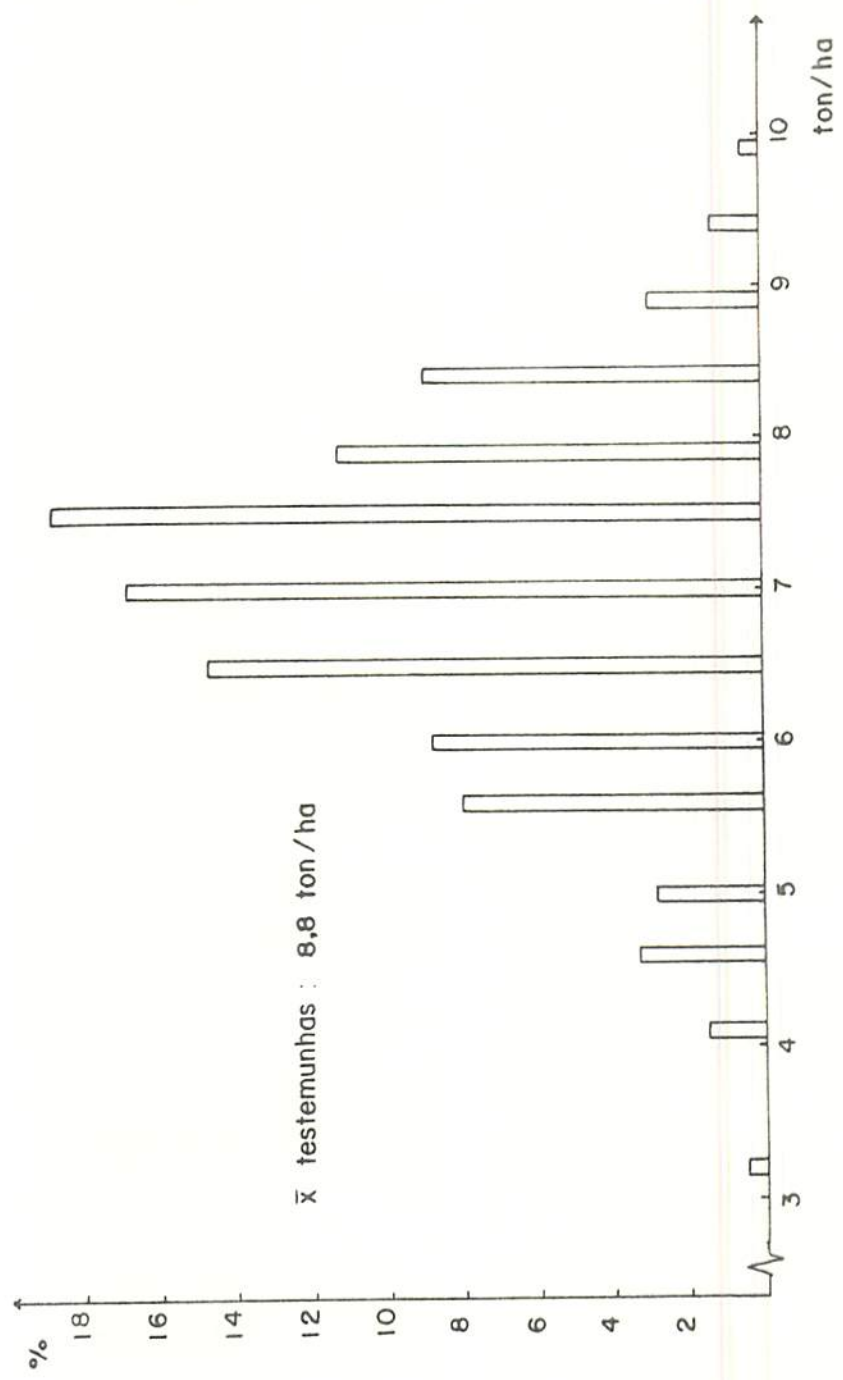


FIGURA 1 - Distribuição das frequências das produções médias de espigas de 400 progê- nies de meios irmãos da população de milho CMS-39. Lavras (MG). 1984/85.

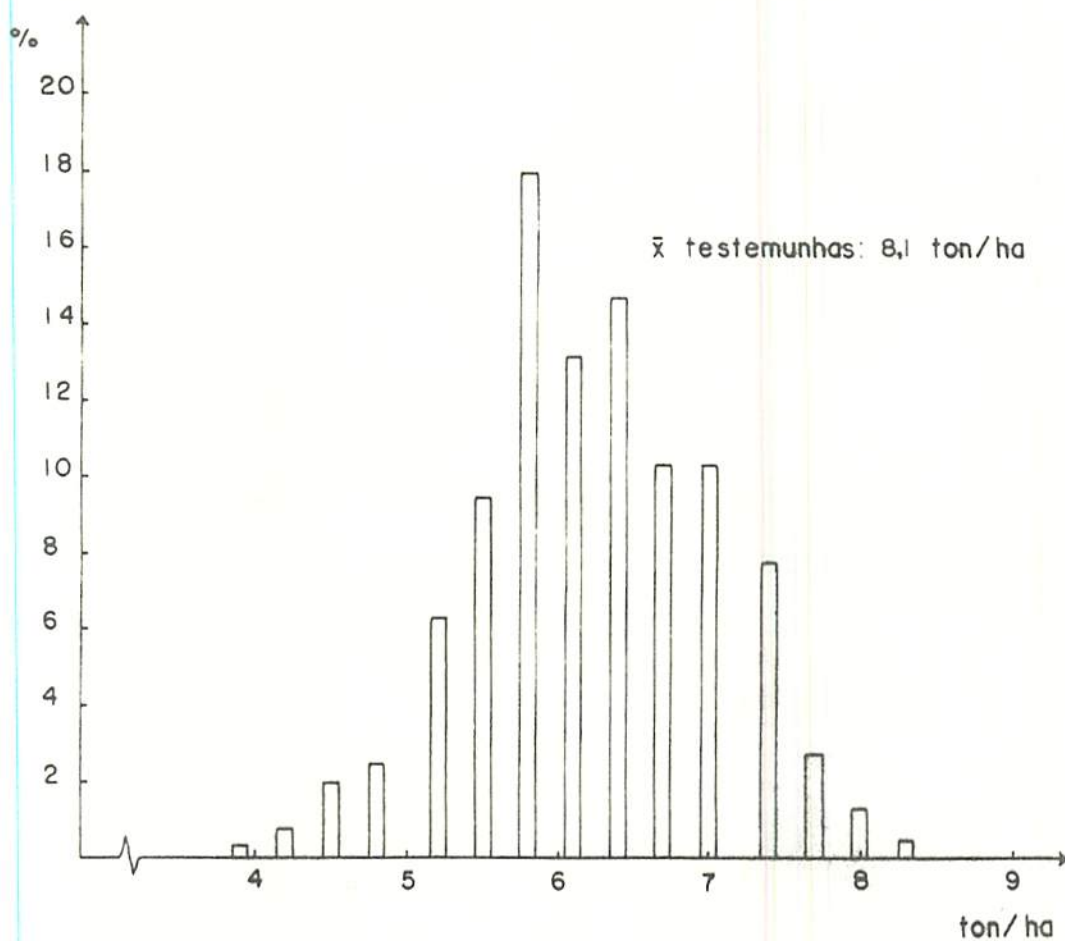


FIGURA 2 - Distribuição das frequências das produções médias de espigas de 400 progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39. Ijaci (MG). 1984/85.

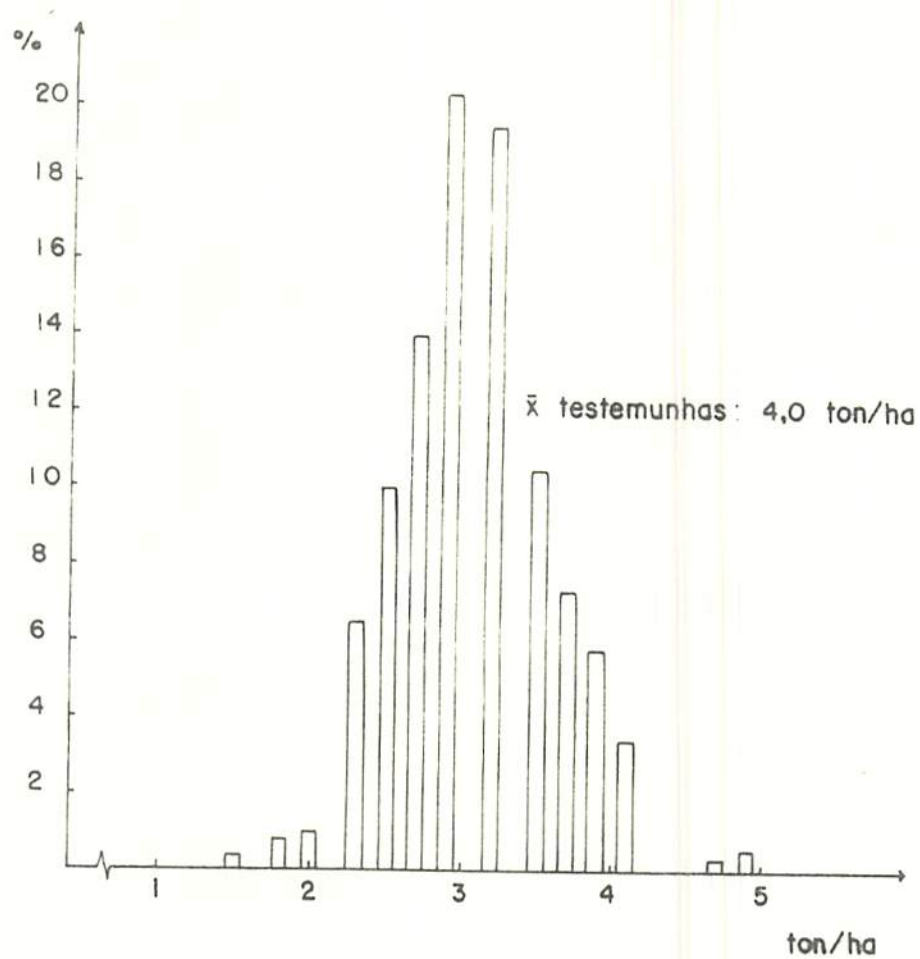


FIGURA 3 - Distribuição das frequências das produções de espigas de 400 progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39. Sete Lagoas (MG). 1984/85.

4.2. Avaliação das Progênes Considerando os Três Locais

Procedeu-se à análise da variância conjunta para as três características, os resultados estão apresentados na Tabela 7. Constatou-se, como já ocorrera para as análises individuais que o teste F foi significativo ao nível de 1% de probabilidade para o efeito de progênes. Também o efeito de locais apresentou significância para o teste F. A interação progênie x locais foi significativa ao nível de 1% de probabilidade, porém apenas para o peso das espigas.

As estimativas dos coeficientes de variação das características, estão relacionadas na Tabela 7. Verifica-se que para o peso de espigas este coeficiente apresentou uma magnitude de 17,74%, indicando uma precisão média de acordo com GOMES (20), valor este que como já foi mencionado, situa-se dentro da amplitude de variação dos coeficientes de variação apresentados por CHAVES (3).

Na Figura 4 está apresentada a distribuição de frequência das médias de produção dos três locais das 400 progênes. Verifica-se que a amplitude de variação das progênes foi de 3,6 t/ha a 6,8 t/ha, com uma média de 5,2 t/ha. Observa-se que nenhuma progênie apresentou produtividade média superior à das testemunhas híbridas C-111-S e Dina 3030, as quais produziram em média 6,9 t/ha. Verifica-se deste modo, que por local, a média de produção de algumas progênes foram superiores à das testemunhas.

TABELA 7 - Resumo das análises de variância conjunta dos três locais para as características peso das espigas despalhadas, altura das plantas e altura das espigas. Ensaio de avaliação de progênes de meios irmãos da população de milho CMS-39. Lavras, Ijaci, Sete Lagoas (MG). 1984/85.

Fonte de Variação	GL	QUADRADOS MÉDIOS (QM)		
		Altura da planta (cm)	Altura da espiga (cm)	Peso das espigas:./
Local (L)	2	764362,0000**	332151,0000**	33853200,0000**
Tratamento (T)	399	212,6620**	156,3810**	20397,2800**
L x T	798	99,2481NS	76,0414NS	12061,8400**
Erro Efet. Médio	1083	91,7875	64,0560	9273,7600
C.V. (%)		1,33	2,19	17,74

CV : Coeficiente de Variação

** : Teste F significativo ao nível de 1% de probabilidade

./ : Os dados da análise de variância conjunta em g/parcela foram multiplicados pelo número de repetições (2) e, divididos pelo número de plantas por parcela (25).

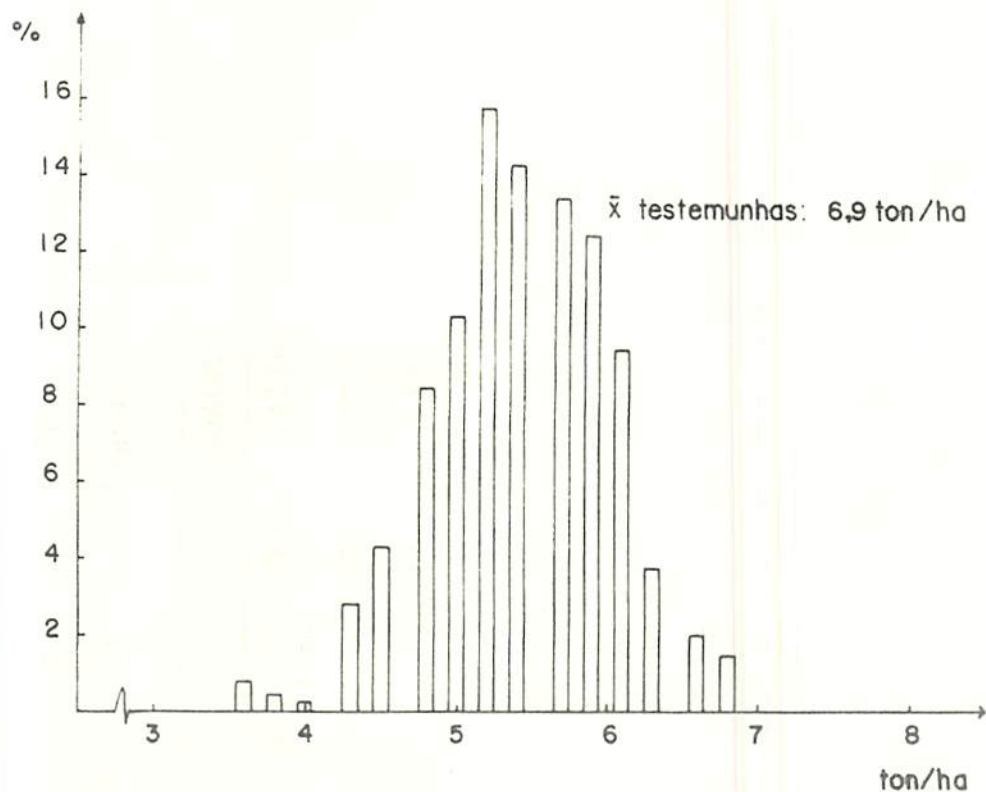


FIGURA 4 - Distribuição das frequências dos três locais das produções médias de espigas de 400 progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39. Lavras, Ijaci, Sete Lagoas (MG). Ensaio de avaliação de progênies de meios irmãos. 1984/85.

Esta superioridade não foi observada quando se considerou as médias de produções dos três locais, indicando um comportamento diferencial das progênes nos três locais. Isto é uma progênie foi boa num local e não foi em outro, mostrando assim a ocorrência da interação progênie x local. A superioridade da média de produção das testemunhas é também explicada, devido ser o híbrido um material avaliado em um maior número de condições ambientais, e por esta razão é esperado que possua uma maior estabilidade para produção de grãos.

4.3. Estimativas dos Parâmetros Genéticos e Fenotípicos

As estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos foram obtidas primeiramente da análise por local e posteriormente da análise conjunta dos três locais.

Deve ser salientado que como na seleção foi considerada apenas o peso médio das espigas dos três locais, optou-se por apresentar somente as estimativas para esta característica (Tabela 8).

A estimativa da variância genética entre as progênes ($\hat{\sigma}_p^2$), está apresentada na Tabela 8. Verifica-se que o valor da estimativa variou entre os locais, sendo maior nos locais em que ocorreu maior produtividade média de espigas. Isto ocorreu porque, provavelmente, nos locais em que as condições de fertilidade do solo eram melhores, isto em Lavras e Ijaci, onde houve me-

TABELA 8 - Estimativas ao nível de indivíduos dos componentes da variância genética e fenotípica entre progênes de meios irmãos da população de milho CMS-39, obtidas da análise da variância por local e da análise da variância conjunta dos locais, para a característica peso das espigas despalhadas (g/planta)². Ensaio de avaliação de progênes de meios irmãos da população de milho CMS-39. Lavras, Ijaci, Sete Lagoas (MG). 1984/85.

Locais	Componentes da variância genética e fenotípica entre progênes de meios irmãos											
	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_p^2$	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{\sigma}_{PxL}^2$	$h^2(\%)$	$\widehat{CVG}(\%)$	$\widehat{CVE}(\%)$	b	GS(%)	\bar{m} (g/planta)	
Lavras	481,2046	187,5240 ± 44,6824	750,0960 ± 178,7296	524,3672	-	13,69	9,85	18,65	0,5276	10,32	139,30	
Ijaci	195,9006	116,8488 ± 20,6235	467,3952 ± 82,494	253,9792	-	20,57	8,68	13,30	0,6526	10,33	124,54	
Sete Lagoas	117,7865	29,6137 ± 10,0045	118,4548 ± 40,018	112,0641	-	8,94	8,80	20,77	0,4237	7,94	61,82	
Três locais	264,9646	74,1568	296,6272	135,9819	55,7616	-	7,93	17,74	0,4470	10,28	108,55	

$\hat{\sigma}_e^2$: estimativa da variância ambiental ao nível de parcelas.

$\hat{\sigma}_p^2$: estimativa da variância genética entre progênes de meios irmãos.

$\hat{\sigma}_A^2$: estimativa da variância genética aditiva.

$\hat{\sigma}_F^2$: estimativa da variância fenotípica entre progênes de meios irmãos.

$\hat{\sigma}_{PxL}^2$: estimativa da variância da interação progênie x local.

h^2 : estimativa da herdabilidade no sentido restrito.

\widehat{CVG} : estimativa do coeficiente de variação genético.

\widehat{CVE} : estimativa do coeficiente de variação experimental.

b : relação entre $\widehat{CVG}/\widehat{CVE}$.

\widehat{GS} : estimativa do ganho de seleção entre progênes de meios irmãos.

\bar{m} : média da característica peso das espigas despalhadas ao nível de indivíduo.

lhores condições para que as progênies manifestassem o seu potencial produtivo, permitindo assim uma maior discriminação entre elas. Deve ser mencionado também que o erro proporcionalmente associado à esta estimativa foi maior em Sete Lagoas do que nos outros locais. Sendo o valor das estimativas deste erro de 23,8%; 17,6% e 33,8%, respectivamente para Lavras, Ijaci e Sete Lagoas.

Este fato mostra que o erro associado à estimativa da variância genética entre as progênies ($\hat{\sigma}_p^2$) foi proporcionalmente maior também no local em que as progênies apresentaram menor produtividade média. Na literatura são apresentadas estimativas desta variância e os erros destas, semelhante aos encontrados no presente trabalho. Assim, CARMO (4) encontrou 120,0 (g/planta)² e 34,6% de erro; SILVA (54), 114,0 (g/planta)² com 32,3% de erro; TORRES SEGOVIA (60), 28,0 (g/planta)² e 41,9% de erro e LIMA (28), 109,0 (g/planta)² e 13,5% de erro de estimativa.

É muito importante obter também uma variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) que é a parte da variância utilizável pela seleção. Vale ressaltar que quando se utiliza progênies de meios irmãos esta corresponde 1/4 da variância genética total existente entre as progênies, VENCOVSKY (64). Deste modo as estimativas da variância genética aditiva apresentou as mesmas características já mencionadas para a variância genética entre as progênies, e sua magnitude variou de 118,5 (g/planta)² experimento de Sete Lagoas a 750,1 (g/planta)² experimento de Lavras, sendo de 467,4 (g/planta)² e Ijaci.

Em um levantamento das estimativas da variância genética aditiva (σ_A^2), obtido em 30 experimentos envolvendo a avaliação de progênies de meios irmãos, realizados no Brasil até 1976, RAMALHO (47) encontrou valores desta estimativa variando de 41,0 a 758,0 (g/planta)², com uma média de 320,0 (g/planta)², e erros destas estimativas variando de 9,58% a 56,90%, com uma média de 26,3% de erro. Posteriormente foram apresentadas outras estimativas, assim é que LIMA (28) obteve 438,8 (g/planta)² com 13,4% de erro de estimativa. HALLAUER & MIRANDA FILHO (22) em 99 estimativas da variância genética aditiva de diferentes populações de milho em locais diversos e envolvendo diferentes métodos de estimativas, encontraram valor de 469,1 (g/planta)² com 37,0% de erro desta estimativa.

A herdabilidade dá uma idéia da proporção da variância genética que é usada na seleção. Pela própria expressão que é utilizada na sua estimativa é fácil visualizar que ela é função da variância genética aditiva presente na população e da precisão experimental com que as progênies foram avaliadas. Existem vários procedimentos para se estimar a herdabilidade, considerando principalmente a unidade de seleção utilizada neste trabalho, optou-se pela estimativa da herdabilidade no sentido restrito, ao nível de plantas (h^2), por ser comparável em um maior número de situações.

Constatou-se que as estimativas apresentadas na Tabela 8, variaram de 8,94% (Sete Lagoas) a 20,57% (Ijaci), sendo para

Lavras de 13,69%. Estes valores estão de acordo com os relacionados por RAMALHO (47), de trinta populações de milho, que variaram de 2,15% a 28,45% com uma média de 9,67%. Também LIMA (28) estimou para a população de milho ESALQ-VD2=MI, uma herdabilidade de 8,10%.

A estimativa do coeficiente de variação genética ($\hat{C}\hat{V}G$), também é muito útil porque ele indica a proporção da variação genética existente entre as progênies em relação à média de produção. Observou-se que os valores obtidos para esta estimativa variaram pouco entre os locais, sendo de 9,83; 8,68 e 8,80%, respectivamente para Lavras, Ijaci e Sete Lagoas. Deste modo estes valores não se correlacionaram com as estimativas obtidas para a variância genética entre as progênies ($\hat{\sigma}_p^2$). Como já foi mencionado a produtividade média de Sete Lagoas foi menor que nos outros locais, e a variância genética entre as progênies neste local também foi pequena, contudo quando se estimou o coeficiente de variação genética ($\hat{C}\hat{V}G$), esta diferença entre os locais foi inexpressiva, evidenciando que proporcionalmente a manifestação das diferenças genéticas entre as progênies foi semelhante. Também RAMALHO (47) encontrou uma variação de 3,37% a 15,31% em 30 populações de milho com uma média de 7,21%.

O coeficiente \hat{b} proposto por VENCOVSKY (65), dá a proporção da variância genética entre as progênies em relação ao erro experimental. Nesta situação ele é muito importante pois permite que se compare a variabilidade genética de populações testada

das em diferentes condições, não considerando o desempenho das progênies. As estimativas obtidas variaram de 0,42 (Sete Lagoas) a 0,65 (Ijaci), sendo de 0,53 para Lavras. Estes valores estão de acordo com os da literatura, sendo encontrado uma variação de 0,22 a 0,84 com uma média de 0,45. RAMALHO (47).

Foi estimado o ganho esperado com a seleção entre as progênies, considerando uma intensidade de seleção de 10%, baseada no desempenho médio das progênies nos três locais, tendo sido encontrado um valor de 10,28%, que corresponde a 11,16 g/planta.

A comparação desta estimativa do ganho esperado com a seleção com outras estimativas encontradas na literatura é difícil. Isto porque as estimativas disponíveis foram obtidas de avaliações de progênies conduzidas em um único local, não considerando como já foi mencionado, a interação progênie x local, que pode contribuir para o incremento ou diminuição da estimativa obtida. Mas mesmo assim pode-se dizer que a magnitude do ganho estimado do presente trabalho pode ser considerado elevado se comparado com os disponíveis na literatura. Assim, PATERNIANI (42) obteve um ganho de seleção entre progênies de 5,64% como a população de milho Piramex original, e de 2,73% para a Centralmex original; CUNHA (13) com a população de milho ESALQ-HV-1=MII obteve um ganho de 8,23% e 4,03% com a ESALQ-HV-1 MII-HSI; TORRES SEGOVIA (60) utilizando o milho Centralmex com um ciclo por ano obteve 1,37% de ganho, enquanto que com um ciclo a cada dois anos um ganho de 3,81%. Também LIMA (28) com a população de milho

ESALQ-VD- -MI conseguiu um ganho de seleção entre progênies de 6,33%.

4.4. Interação Progênie x Locais

Considerando que as condições pluviométricas nos três locais foram semelhantes, a diferença básica entre as condições ambientais nos locais de avaliação foi devido à diferenças na fertilidade dos solos, principalmente no que se refere ao fósforo e alumínio (Tabela 2).

Como ocorreu interação altamente significativa para progênies na análise conjunta, isto indica um comportamento diferencial das progênies nas três condições em que foi realizada a avaliação. A estimativa da interação progênies x local ($\hat{\sigma}_{PL}^2$) foi de 55,76, valor este que foi de 75,19% da estimativa da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_P^2 = 74,16$). Segundo GARDNER (17) e HALLAUER & MIRANDA FILHO (22), este componente da variância da interação pode atingir a mais de 50% do valor da estimativa da variância genética aditiva, sendo que as estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos obtidos em apenas um ano e local são superestimadas, devido a existência do componente de variação resultante da interação progênie x local que não pode ser isolado.

A interação é composta de duas partes, VENCOSKY (64): uma devido à diferenças na variabilidade genética do material dentro dos ambientes, é a interação simples que não causa dificuldade

de na seleção, pois uma dada progênie é superior em todos os ambientes. A outra é advinda da falta de correlação entre o material de um ambiente para outro, sendo esta a interação complexa que causa dificuldade na seleção, pois uma dada progênie é superior num local e inferior noutro. Procedendo a análise conjunta dos locais dois a dois (Tabela 9), foi possível desdobrar a interação em simples e complexa (Tabela 10). Assim para os locais Lavras e Ijaci, 6,8% da interação é do tipo simples e 93,2% parte complexa. Para Ijaci e Sete Lagoas, 29,2% da interação foi simples e 70,7% complexa, sendo para Lavras e Sete Lagoas a interação foi decomposta em simples com 60,0% e 46,23% em complexa. Na média quando se considerou os três locais, 32,0% da interação foi simples e 68,0% foi complexa (Tabela 10). Apesar de existir diferenças na contribuição tanto da parte simples como da complexa nas análises duas a duas, os resultados evidenciam que é muito grande a participação do componente de interação devido à falta de correlação entre o material de um ambiente para o outro, o que evidentemente irá complicar sobremaneira o trabalho melhorista.

A predominância da interação do tipo complexa, neste trabalho, é também realçada quando se considera a correspondência entre as progênies selecionadas nos vários locais. No caso foram selecionadas as quarenta melhores progênies, baseando no desempenho médio destas nos três locais. Contudo, a coincidência entre o desempenho destas progênies selecionadas nos três locais não foi boa, como pode ser constatado através da Tabela 11. Ob-

TABELA 9 - Resumo das análises de variância conjunta, duas a duas, para a caracteris-
tica peso das espigas despalhadas, dos locais: Ijacil/Lavras; Ijacil/Sete La-
goas. Ensaio de avaliação de progenies de meios irmãos da população de mi-
lho CMS-39. Lavras, Ijacil, Sete Lagoas (MG). 1984/85.

QUADRADOS MÉDIOS (QM) (g/parcela) ²		L O C A I S		Fontes de Variação		GL
Ijacil/Lavras	Ijacil/Sete Lagoas	Ijacil/Lavras	Ijacil/Sete Lagoas	Ijacil/Lavras	Ijacil/Sete Lagoas	
1	27215900,00**	491804000,00**	750442000,00*	1	27215900,00**	1
1	299816,00**	129445,00**	231346,00**	1	299816,00**	1
1	186627,00**	99310,00**	166426,00**	1	186627,00**	1
1	14817,00	68619,00	131029,00	1	14817,00	1
1	722	722	722	1	722	1
1	399	399	399	1	399	1
1	399	399	399	1	399	1
1	11,7	10,9	13,5	1	11,7	1
1	11,7	10,9	13,5	1	11,7	1

CV : Coeficiente de Variação .

** : Teste F significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 10 - Estimativas da interação progênie x local e o seu desdobramento em interação simples e complexa e estimativa da resposta correlacionada a seleção ($RC_{(i,j)}$). Lavras, Ijaci e Sete Lagoas. 1984/85.

LOCAIS (i,j)	$\hat{C}\hat{O}V_{(i,j)}^{1/}$	r_G	$RC_{(i,j)}\%$	$\sigma_{PxL}^2_{(i,j)}$	DECOMPOSIÇÃO $\sigma_{PxL}^2_{(i,j)}$	
					Simples %	Complexa %
Lavras/Ijaci	90,60	0,61	7,16	61,62	4,17 (6,8)	57,45 (93,2)
Ijaci/Sete Lagoas	24,00	0,41	3,21	49,10	14,36 (29,2)	34,74 (70,7)
Lavras/Sete Lagoas	51,96	0,70	6,18	56,64	34,04 (60,0)	22,60 (40,0)

$\underline{1/}$. $\hat{C}\hat{O}V_{(i,j)}$: é a estimativa da covariância genética entre as médias das progênies nos locais i e j;

r_G : é a correlação genética entre o desempenho médio das progênies nos locais i e j;

$\sigma_{PxL}^2_{(i,j)}$: é o componente de interação progênie x local.

$RC_{(i,j)}$: é a estimativa da resposta correlacionada no local i, quando a seleção é efetuada no local j.

TABELA 11 - Número do tratamento das quarenta progênes selecionadas pela média de produção dos três locais, e número de locais e locais das quarenta progênes selecionadas por local pela média de produção até a quadragésima, comuns às selecionadas.

Progênes selecionadas pela média de produção dos três locais	Número de locais em que as progênes selecionadas foram comuns às selecionadas por local pela média de produção até a quadragésima	
Nº do Tratamento	Nº Locais	Locais
159	1	Lavras
286	3	Lavras, Ijaci, Sete Lagoas
333	2	Lavras, Sete Lagoas
83	2	Lavras, Sete Lagoas
245	2	Lavras, Ijaci
233	2	Lavras, Sete Lagoas
303	1	Lavras
347	1	Lavras
67	2	Lavras, Ijaci
154	2	Lavras, Sete Lagoas
326	2	Ijaci, Sete Lagoas
176	2	Lavras, Ijaci
200	2	Ijaci, Sete Lagoas
253	1	Sete Lagoas
288	1	Lavras
219	2	Lavras, Ijaci
137	2	Ijaci, Sete Lagoas
108	2	Lavras, Sete Lagoas
220	2	Lavras, Sete Lagoas
139	2	Ijaci, Sete Lagoas
127	2	Lavras, Sete Lagoas
10	2	Lavras, Ijaci
174	1	Ijaci
359	2	Lavras, Ijaci
158	1	Sete Lagoas
87	1	Sete Lagoas
349	1	Lavras
383	1	Ijaci
2	1	Lavras
248	2	Lavras, Ijaci
188	1	Lavras
81	1	Lavras
151	1	Lavras
22	1	Sete Lagoas
82	1	Lavras
62	1	Ijaci
175	0	
296	1	Lavras
190	1	Sete Lagoas
257	1	Lavras

serva-se por exemplo, que das quarenta progênies apenas uma seria selecionada nos três locais, se a seleção fosse realizada por ambiente. Constatá-se que na seleção considerando apenas a média dos três locais, ela propicia uma maior contribuição da avaliação realizada no ambiente mais favorável, de maior média (Lavras). Isto é evidenciado pelo fato de que das quarenta progênies, vinte e sete seriam selecionadas se a seleção fosse realizada apenas para Lavras, já para Ijaci e Sete Lagoas seriam apenas 15 e 17, respectivamente.

Uma outra comprovação de que a interação complexa dificulta a seleção, é quando se estima a resposta correlacionada à seleção, isto é, quando se compara o ganho esperado com a seleção entre as progênies obtidas através da seleção direta em cada local (Tabela 8), em relação ao ganho obtido em um local com base na seleção em outro local (Tabela 10). Os valores obtidos e apresentados para esta resposta correlacionada, variaram de 3,21% a 7,16%.

É necessário realizar novos trabalhos envolvendo a interação progênie de meios irmãos visando verificar se a interação persiste mesmo quando se utiliza população com menor variabilidade genética da utilizada no presente trabalho. Se os resultados obtidos confirmarem os observados neste trabalho, ficará enfatizado a importância da interação genótipo x ambiente, mesmo quando se avalia progênies de meios irmãos, que liberam relativamente pouca variabilidade genética.

Desta forma se o objetivo do melhoramento é obter uma população com adaptação ampla, é importante que as progênies sejam avaliadas em mais de um ambiente, e que as progênies sejam selecionadas na média dos vários ambientes. Por outro lado se o objetivo for a seleção de materiais para condições específicas, as progênies devem serem avaliadas nestas condições, e a seleção deverá ser processada em cada um dos ambientes.

5. CONCLUSÕES

A partir dos resultados obtidos nas condições do presente trabalho, é possível relacionar as seguintes conclusões:

1. A variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), foi de uma magnitude semelhante à média das encontradas na literatura, indicando o grande potencial desta população em um programa de melhoramento.

2. A herdabilidade (h^2) apresentou maiores valores nos locais de melhores condições ambientais, onde as progênies puderam expressar a sua maior variabilidade genética, e também proporcionalmente foi menor o erro ambiental.

3. A estimativa do ganho esperado com a seleção de 10,28% também evidencia o potencial da população CMS-39 em um programa de melhoramento.

4. O componente de variação progêni x local mostrou a importância de se obter os componentes da variância genética entre as progênies a partir de experimentos realizados em mais de um local, para se obter uma estimativa da variância genética entre as progênies ($\hat{\sigma}_p^2$) não inflacionada pela interação genótipo x ambiente.

5. O desdobramento do componente de interação genótipo x ambiente ($\hat{\sigma}_{p.L}^2$) mostrou que grande parte da interação é do tipo complexa, isto é, devido à falta de correlação entre o desempenho médio das progênes nos vários locais. Em função deste fato, não houve uma boa concordância entre as progênes a serem selecionadas nos diversos locais.

6. RESUMO

Quatrocentas progênies de meios irmãos, provenientes da população de milho CMS-39, foram avaliadas em três localidades do Estado de Minas Gerais, Lavras, Ijaci e Sete Lagoas, durante o ano agrícola 1984/85, com o intuito de verificar o potencial desta população para o melhoramento e também verificar a existência e natureza da interação progênie x ambiente. A população de milho CMS-39 foi obtida pelo Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo, em Sete Lagoas e foi sintetizada por recombinação a partir de 55 cultivares que se sobressaíram nos Estados Nacionais de Milho, envolvendo híbridos duplos, triplos e intervartais e também variedades de polinização livre. O delineamento utilizado foi uma lâttice com duas repetições, e cada parcela foi constituída por uma linha de cinco metros. As estimativas dos parâmetros fenotípicos e genéticos obtidos, mostraram que a população apresenta uma ampla variabilidade genética, a qual associada à alta produtividade média das progênies indica o grande potencial desta população no programa de melhoramento. Constatou-se também que a estimativa da variância da interação progênie x ambiente foi relativamente alta, o que mostra a necessidade das pro

gênes serem avaliadas em mais de um ambiente. A estimativa do ganho esperado com a seleção entre as famílias, considerando a utilização de sementes remanescentes e a média das progênes nos três locais foi de 10,28%. O desdobramento da interação progênie x local mostrou que ela é devido em grande parte à falta de correlação entre o desempenho das progênes nos vários locais. Isto foi realçado pela baixa concordância entre as progênes superiores selecionadas, considerando a média dos três locais e desempenho destas progênes em cada local.

7. SUMMARY

Four hundred half sib progenies, from the CMS-39 maize population, were assessed at three localities, Lavras, Ijaci and Sete Lagoas, in the State of Minas Gerais during the growing season of 1984/85. The purpose of this study was to verify the breeding potential of this population and also to verify the existence of the progeny x environment interaction. The CMS-39 maize population was obtained from the National Research Center for Maize and Sorghum at Sete Lagoas and was synthesized by recombining 55 cultivars that performed well in the national maize trials that includes double, triple and intervarietal hybrids as well as open pollinated varieties. The experimental design used was a lattice with two replicates per local and each plot consisted of one row five meters long. The estimates obtained for phenotypic and genotypic parameters showed that the population has a wide genetic variability which associated with the high average yield indicates its great breeding potential. It was also confirmed that the estimates for the variance of the progeny x environment interaction was high, demonstrating the need for the progenies to be evaluated in more than one environment. The estimate for the

expected gain with the selection among families, considering the utilization of remaining seeds and the mean of the progenies in the three sites, was 10,28%. The partitioning of the progeny x local interaction showed that it is due, in the greater part, to the lack of correlation between the performance of the progenies in the various sites. This was shown by the low coincidence between the best progenies selected, considering the mean of the three sites and the performance of these progenies at each site.

8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. ANDRADE, J.A.C. & MIRANDA FILHO, J.B. Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres do pendão na população ESALQ-PB-1 de milho. Relatório Científico da ESALQ, Piracicaba, (13):15-21, 1979.
2. ANUÁRIO ESTATÍSTICO DO BRASIL-1979. Rio de Janeiro, FIBGE, v. 40, 1980.
3. AYALA OSUNA, J.; ARAÚJO, S.M.C. de & CAGNIN, F. Seleção de progênes de meios irmãos da população composto Flint de milho (*Zea mays* L.) em solo ácido. Científica, Jaboticabal, 9(11):145-8, 1981.
4. CARMO, C.M. Avaliação de progênes de meios irmãos em populações heterogêneas de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ, 1969. 48p. (Tese MS).
5. CHAVES, L.J. Tamanho da parcela para seleção de progênes de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ, 1985. 148p. (Tese Doutorado).

6. COCKERHAM, C.C. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.F. eds. Statistical genetics and plant breeding. Washington National Academy of Science, 1963. p.53-95. (Publication. 982).
7. COMPTON, W.A. & BAHADUR, K. Ten cycles of progress from modified ear-to-row selection in corn. Crop Science, Madison, 17(3):378-80, May/June 1977.
8. COMSTOCK, R.E. & MOLL, R.H. Genotype-environment interactions. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.F., eds. Statistical genetics and plant breeding. Washington, National Academy of Science, 1963. p.164-96. (Publication, 82).
9. _____ & ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating average degree of dominance. Biometrics, Washington, 4(1):254-66, Mar. 1948.
10. _____ & _____. Estimation of average dominance of genes. In: GOWEN, J.W. Heterosis. Ames, 1952. p.494-516.
11. CRISÓSTOMO, J.R. & ZINSLY, J.R. Estimaco de parmetros genticos em duas populaes de milho (*Zea mays* L.). Relatrio Cientfico da ESALQ, Piracicaba, (11):33-7, 1977.
12. CROSBIE, T.M.; PEARCE, R.B.; MOCK, J.J. Recurrent phenotypic selection for high and low photosynthesis in two maize populations. Crop Science, Madison, 21(5):736, Sep/Oct. 1981.

13. CUNHA M.A.P. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos do milho (*Zea mays* L.) ESALQ HV-1. Piracicaba, ESALQ. 1976. 84p. (Tese Doutorado).
14. CUNHA M.A.P. & PATERNIANI E. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho ESALQ HV-1. Relatório Científico da ESALQ, Piracicaba. (9):50-1, 1975.
15. DUDLEY J.W. & MOLL, R.H. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variance in plant breeding. Crop Science, Madison. 9(3):257-62, May/June 1969.
16. FISHER R.A. & YATES, F. Tabelas estatísticas. São Paulo, Polígono, 1971. 150p.
17. GARDNER, C.D. Estimates of genetic parameters in cross-fertilizing plant and their implications in plant breeding. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.F., eds. Statistical genetics and plant breeding. Washington, National Academy of Sciences, 1963. p.225-52.
18. _____. Evaluation of mass selection and of seed irradiation with mass selection for population improvement in maize. Genetics, Austin. 74:588-9, 1973.
19. GENTER, C.F. Recurrent selection for yield in the F_2 of a maize single cross. Crop Science, Madison, 16(3):350-2, May/June 1976.

20. GOMES, F.P. Curso de estatística experimental. 8.ed. São Paulo, Nobel, 1978. 430p.
21. GOODMAN, M.M. Estimates of genetic variance in adapted and exotic populations of maize. Crop Science, Madison, 5 (1):87-90. Jan./Feb. 1965.
22. HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. Hereditary variance: experimental estimates. In: _____. Quantitative genetics in maize breeding. Ames, Iowa State University, 1982. Cap. 2, p.115-58.
23. _____ & SEARS, J.H. Mass selection for yield in two varieties of maize. Crop Science, Madison, 9(1):47-50, Jan./Feb. 1969.
24. _____ & WRIGHT, J.A. Genetics variance in the open-pollinated variety of maize Iowa Ideal. Der Zuchter, Berlin, 37:178-85, 1967.
25. HOPKINS, C.G. Improvement in the chemical composition of the corn kernel. Illinois Agricultural Experiment Station Bulletin, 55:205-40, 1899.
26. HULL, F.H. Recurrent selection for specific combining ability in corn. Journal of the American Society of Agronomy, Madison, 37(2):134-45, Feb. 1945.
27. KEMPTHORNE, O. An introduction to genetic statistics. 3.ed. New York, J. Wiley, 1966. 545p.

28. LIMA, M. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos na população de milho (*Zea mays* L.) ESALQ VD-2. Piracicaba, ESALQ, 1977. 71p. (Tese MS).
29. _____ & PATERNIANI, E.; & MIRANDA FILHO, J.B. Avaliação de progênies de meios irmãos no segundo ciclo de seleção em dois compostos de milho. Relatório Científico da ESALQ, Piracicaba, (8):78-85, 1974.
30. LINDSEY, M.F.; LONNQUIST, J.H. & GARDNER, C.O. Estimates of genetics variance in open-pollinated varieties of corn belt corn. Crop Science, Madison, 2(2):105-8, Mar./Apr. 1962.
31. LONNQUIST, J.H. A modification of the ear-to-row procedure of the improvement of maize population. Crop Science, Madison, 4(2):227-8, Mar./Apr. 1964.
32. MARTIN, J.M. & HALLAUER, A.R. Seven cycles of reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. Crop Science, Madison, 20(5):599-603, Sept./Oct. 1980.
33. MIRANDA, L.T. de; MIRANDA, L.E.C. de; POMPER, C.V. & SAWAZAKI, E. Oito ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho IAC-1. Bragantia, Campinas, 36(18):187-96, July 1977.

34. MIRANDA FILHO, J.B. Avaliação de famílias de meios irmãos do segundo ciclo de seleção de população ESALQ-PB-1 de milho. Relatório Científico da ESALQ, Piracicaba, (13): 149-58, 1979.
35. _____ & RISSI, R. de. Interação de efeitos genéticos com anos em cruzamento dialélico intervarietal em milho. Relatório Científico da ESALQ. Piracicaba, (9):102-14. 1975.
36. _____ & VENCOVSKY, R. Estimativas da variância genética aditiva de diversas populações locais. Relatório Científico da ESALQ, Piracicaba, (6):61-6, 1972.
37. MOLL, R.H. & ROBINSON, H.R. Observed and expected, response in four selection experiments in maize. Crop Science, Madison, 6(3):319-24, May/June 1966.
38. _____ & _____. Quantitative genetic investigations of yields of maize. Der Zuchter, Berlin, 37:192-9, 1967.
39. _____ & STUBER, C.W. Comparisons of response to alternative selection procedures with two populations of maize (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 11(5):706-11, Sept./Oct. 1971.
40. _____ & _____. Quantitative genetics empirical results relevant to plant breeding. In: BRADY, N.C. Advances in Agronomy. New York, Academic Press, 1974. p. 277-313.

41. MULAMBA, N.M.; HALLAUER, A.R. & SMITH, O.S. Recurrent selection for grain yield in a maize population. Crop Science, Madison, 23(3):536-40, May/June 1983.
42. PATERNIANI, E. Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no melhoramento de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ, 1968. 92p. (Tese MS).
43. ✓ _____. Selection among and within half-sib families in a Brazilian populations of maize (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 7(3):212-6, May/June 1967.
44. _____ & MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: _____. Melhoramento e produção de milho no Brasil. Piracicaba, ESALQ, 1978. Cap.6, p.202-56.
45. POMMER, C.V.; MIRANDA, L.T.; MIRANDA, L.E.C.; SAWAZAKI, E. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho IAC-1-Opaco 2. Bragantia, Campinas, 36(19):197-205, Ago. 1977.
46. QUEIROZ, M.A.; PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B.; NASPOLINI, V.; COSTA, S.N.; SOUTO, J.P.M. & TIMÓTEO SOBRINHO, A. Estudo das interações genótipos x locais e suas implicações no melhoramento de milho para as diversas regiões ecológicas do Nordeste. Ciência e Cultura, São Paulo, 28(7):804, 1976. (Suplemento).

47. RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. Piracicaba, ESALQ, 1977. 122p. (Tese Doutorado).
48. ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E. & HARVEY, P.H. Genetic variance in open-pollinated varieties of corn. Genetics, Austin, 40(1):45-60, Jan. 1955.
49. RUSCHEL, R. Nota prévia sobre interação genótipos x localidades x anos na região Centro-Sul em milho. In: REUNIÃO BRASILEIRA DE MILHO, 7 e SIMPÓSIO SOBRE MILHO OPACO, 1, Viçosa, 1968. Anais... Viçosa, UFV, 1971. p.127-31.
50. RUSSEL, W.A.; EBERHART, S.A. & VEGA, O. Recurrent selection for specific combining ability for yields in two maize populations. Crop Science, Madison, 13(2):257-61, Mar./Apr. 1973.
51. SANTOS, J.B. Estabilidade fenotípica de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) nas condições do sul de Minas Gerais. Piracicaba, ESALQ, 1980. 110p. (Tese MS).
52. SAWAZAKI, F. & OSUNA, J.A. Avaliação de progênies de meios irmãos da população composto Flint de milho (*Zea mays* L.). Científica, Jaboticabal, 3(2):223-31, 1975.
53. SENTZ, J.C. Genetic variances in a synthetic variety of maize estimated by two mating designs. Crop Science, Madison, 11(2):234-8, Mar./Apr. 1971.

54. SILVA, J. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho Cateto Colombia composto. Piracicaba, ESALQ, 1969. 74p. (Tese MS).
55. SMITH, L.H. & BRUNSON, A.M. An experiment in selecting corn for yield by the method of the ear-row breeding plot. Agricultural Experiment Station Bulletin, Illinois, 271: 567-83, 1925.
56. SMITH, O.S. Evaluation of recurrent selection in BSSS, BSCB1 and BS13 maize populations. Crop Science, Madison, 23 (1):35-9, Jan./Feb. 1983.
57. SUÁREZ LEZCANO, R. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) composto Flint branco. Piracicaba, ESALQ, 1976. 52p. (Tese MS).
58. SUBANDI, & COMPTON, W.A. Genetic studies in a exotic population of corn (*Zea mays* L.), grown under two plant densities. I. Estimates of genetic parameters. Theoretical and Applied Genetics, Berlin, 44:145-8, 1974.
59. SOUZA, J.C.L.; GERALDI, I.O. & ZINSLY, J.R. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de alguns caracteres na população de milho (*Zea mays* L.) Suwan. Relatório Científico da ESALQ, Piracicaba, (14):139-45, 1980.

60. TORRES SEGOVIA, R. Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) Central-mex, Piracicabã, ESALQ, 1976. 98p. (Tese Doutorado).
61. TOSELLO, G.A. & GERALDI, I.O. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para caracteres da planta e da qualidade do grão na população de milho ESALQ-VD Opaco. Relatório Científico da ESALQ, Piracicaba, (14):183-9, 1980.
62. VELLO, N.A. & VENCOVSKY, R. Variância associadas às estimativas de variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade. Relatório Científico da ESALQ, Piracicaba, (8): 238-48, 1974.
63. VENCOVSKY, R. Estimativas de parâmetros genéticos em três ciclos de seleção em milho. Relatório Científico da ESALQ, Piracicaba, (2):88-90, 1968.
64. _____. Herança quantitativa. In: _____. Melhoramento e produção de milho no Brasil. Piracicaba, ESALQ, 1978. Cap. 5, p.122-201.
65. _____. Relatório de viagem enviado à FAPESP. s.l., s. ed. 1975. n.p.
66. VIANNA, R.T. Correlações genéticas e capacidade geral de combinação em linhagens endogâmicas de milho (*Zea mays* L.). Viçosa, UFV, 1977. 72p. (Tese MS).

67. WEBEL, O.D. & LONNQUIST, J.H. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L.). Crop Science, Madison, 7(6):651-5, Nov./Dec. 1967.
68. WINKLER, E.I.G. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) Composto Dentado Branco. Piracicaba, ESALQ, 1977. 54p. (Tese MS).
69. ZINSLY, J.R. Estudo comparativo entre a seleção massal e a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ, 1969. 88p. (Tese Doutorado).
70. ZUBER, M.S.; FAIRCHILO, M.L.; KEASTER, A.J.; FERGASON, V.L.; KRAUSE, G.F.; HILDEBRAND, E. & LOESCH, P.J., Jr. Evaluation of 10 generations of now selection for corn ear worn resistance. Crop Science, Madison, 11(1):16-8, Jan./Feb. 1971.