

**CONTROLE GENÉTICO DE  
CARACTERÍSTICAS ASSOCIADAS À  
QUALIDADE DE SEMENTES DE MILHO**

**NARA OLIVEIRA SILVA**

**2006**

**NARA OLIVEIRA SILVA**

**CONTROLE GENÉTICO DE CARACTERÍSTICAS ASSOCIADAS À  
QUALIDADE DE SEMENTES DE MILHO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de “Doutor”.

Orientador

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

LAVRAS  
MINAS GERAIS - BRASIL  
2006

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

Silva, Nara Oliveira

Controle genético de características associadas à qualidade de  
sementes de milho / Nara Oliveira Silva. – Lavras: UFLA, 2006.

92 p. : il.

Orientador: Magno Antonio Patto Ramalho

Tese (Doutorado) – UFLA.

Bibliografia.

1. Milho. 2. Semente. 3. Qualidade. 4. Controle genético. I.  
Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD-633.1523

-633.1521

**NARA OLIVEIRA SILVA**

**CONTROLE GENÉTICO DE CARACTERÍSTICAS ASSOCIADAS À  
QUALIDADE DE SEMENTES DE MILHO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras como parte das exigências do Programa de Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de “Doutor”.

APROVADA EM 22 de dezembro de 2006

Profa. Dra. Édila Vilela de Rezende Von Pinho

UFLA

Dr. Gloverson Lamego Moro

Syngenta Seeds Ltda.

Prof. Dr. Marcelo Fagioli

UEMG

Dr. Maximilian de Souza Gomes

Syngenta Seeds Ltda.

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

UFLA  
(Orientador)

LAVRAS  
MINAS GERAIS – BRASIL

Aos meus pais, Divino e Sueli, pessoas que sempre foram exemplos de coragem, amor, determinação, retidão e perseverança.

À minha irmã, Lusia, mais que uma irmã, é uma grande amiga.

Aos meus avós, tios, padrinhos e primos, que sempre me apoiaram.

Ao meu noivo Anderson pelo apoio constante e pelo amor que nos une.

Ao grande amigo José Maria Franco de Assis, por ter sido o precursor destes aprendizados na pós-graduação em Lavras.

## **DEDICO E AGRADEÇO**

## AGRADECIMENTOS

A Deus, pela vida, proteção e por ter permitido mais esta vitória.

À Universidade Federal de Lavras (UFLA) e ao Departamento de Biologia, pela oportunidade de realização do Doutorado.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo suporte financeiro.

Ao orientador Magno Antonio Patto Ramalho, pelo incentivo, estímulo, apoio, paciência nos momentos de mudança e pelos grandes ensinamentos transmitidos. Sinto-me honrada por ter sido sua orientada. Minha gratidão e o meu respeito pelo seu profissionalismo e sabedoria.

Ao Maximilian Gomes, por ter participado da banca examinadora e por todo apoio e bom humor.

À professora Édila Von Pinho, pela co-orientação e apoio constante nas análises de laboratório e, sobretudo, pela amizade e conselhos.

Ao Gloverson Moro, por ter participado da banca examinadora e pelo apoio e amizade na Syngenta.

Ao professor Marcelo Fagioli, pela participação na banca, pela amizade e por todo o direcionamento na época de graduação.

Aos professores do Departamento de Biologia e Fitotecnia da UFLA, pelos ensinamentos transmitidos durante o curso.

À Dra Ângela, que sempre foi uma pessoa que pude contar.

Aos funcionários do Departamento de Biologia e Fitotecnia, por serem muito atenciosos e estarem sempre dispostos a nos ajudar.

À secretária Elaine, pela amizade e apoio constante.

Aos alunos de iniciação científica da professora Édila e da Genética, que me ajudaram na execução das análises.

A Flavinha por ser uma amiga muito especial, sempre com um sorriso prestativo a ajudar. Agradeço por toda a ajuda.

Ao Adriano, pela amizade, atenção e prestatividade.

Aos amigos Viviane, Aline, Lílian, Isabella, Ana Paula, Rô, Lizz, Pureza, Clayton, por estarem presentes mesmo que distantes.

Às amigas Rose, Silvinha, e Regis, por serem companheiras em todos os momentos.

A Thaisinha, companheira e grande amiga.

Ao Wila e à Fátima, pela amizade e apoio.

Aos amigos de início da pós, Marcelo, Helton e Flávio, pelo companheirismo.

Aos amigos que passaram ou estão no GEN, por toda ajuda e amizade. Ao Alex, Kaesel, Reginaldo, Geovani, Marcos, Airton, Mansuêmia, Marciane, Vanessa, Juarez...

A todos os amigos da Syngenta, em especial ao Élcio Perretto, pela compreensão nos momentos em que estive ausente.

À família do Anderson, D. Eunice, Sr. Marcos e à Mara, que sempre me acolheram com muito carinho.

*"O valor das coisas não está no tempo em que elas duram,  
mas, na intensidade com que acontecem.  
Por isso existem momentos inesquecíveis,  
coisas inexplicáveis e  
pessoas incomparáveis".*

**Fernando Pessoa**

## SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	ii
1 INTRODUÇÃO.....	01
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	03
2.1 Biologia floral do milho.....	03
2.2 Polinização e fertilização.....	06
2.3 Maturação de sementes.....	08
2.4 Constituintes de uma semente.....	09
2.5 Composição química da semente.....	12
2.6 Qualidade de semente.....	13
2.7 Germinação.....	14
2.8 Testes de vigor.....	16
2.9 Controle genético da qualidade fisiológica.....	21
2.10 Seleção recorrente intra e interpopulacional.....	25
2.11 Componentes da variância genética de caracteres de milho.....	27
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	34
3.1 Locais.....	34
3.2 Material genético.....	34
3.3 Obtenção das progênes de meios irmãos intra e interpopulacional.....	35
3.4 Avaliação das características.....	36
3.4.1 Classificação em peneiras.....	36
3.4.2 Teste de germinação (TPG).....	37
3.4.3 Velocidade de germinação (VG).....	37
3.4.4 Envelhecimento acelerado ou artificial (EA).....	38
3.5 Análise dos dados.....	38
3.5.1 Análise da classificação em peneiras.....	38
3.5.2 Análise da qualidade fisiológica das sementes.....	39
3.6 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos das características associadas à qualidade fisiológica.....	40
3.6.1 Componentes de variância e covariância.....	40
3.6.2 Análise de variância do produto médio.....	41
3.6.3 Herdabilidade.....	42
3.6.4 Componentes do “Bulk de progênes de meios irmãos”.....	42
3.7 Estimativa do ganho com a seleção.....	45



4 RESULTADOS.....	46
5 DISCUSSÃO.....	70
6 CONCLUSÕES.....	77
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	78
ANEXOS.....	90

## RESUMO

SILVA, Nara Oliveira. **Controle genético de características associadas à qualidade de sementes de milho**. 2006. 92 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.<sup>1/</sup>

Com o intuito de determinar parâmetros genéticos relacionados à qualidade fisiológica de progênies intra e interpopulacional de milho foi realizado o presente trabalho. Utilizaram-se duas populações em equilíbrio derivadas do híbrido comercial DKB 333B (população 1), e do DOW 657 (população 2). Foram obtidas inicialmente 169 progênies de meios irmãos de cada população. Elas foram posteriormente semeadas em linha em dois campos isolados, contendo todas as progênies. Em um deles o polinizador foi a população 1 e no outro a população 2. Desse modo, foi ampliada a quantidade de sementes, todas com a mesma idade e obtidas as progênies intra e interpopulacional. As sementes foram pesadas, classificadas em peneiras e analisadas em classes, sendo utilizado um modelo aditivo e multiplicativo. As sementes classificadas como peneira 22 foram submetidas à análise de qualidade no Laboratório de Análises de Sementes da Universidade Federal de Lavras (UFLA). As características avaliadas foram: teste padrão de germinação (TPG); índice de velocidade de germinação (IVG) e teste de envelhecimento acelerado (EA). As parcelas eram constituídas por 25 sementes e o delineamento foi inteiramente ao acaso com quatro repetições. A partir das esperanças dos quadrados médios das análises de variância foram estimados parâmetros genéticos e fenotípicos. Constatou-se que: - as populações de meios irmãos intra e interpopulacional diferem em relação a qualidade das sementes; - as estimativas da heterose foram de pequena magnitude, 4,5% no TPG, 10,1% no EA e 5,7% no IVG. A maior parte da variância genética aditiva interpopulacional ( $\sigma_{A12}^2$  ou  $\sigma_{A21}^2$ ) foi explicada pela variância aditiva intrapopulacional ( $\sigma_{A11}^2$  ou  $\sigma_{A22}^2$ ). Esse fato evidencia menor importância da dominância e indica que a seleção recorrente recíproca deve ser menos eficiente que a intrapopulacional para esses caracteres.

<sup>1/</sup> Orientador: Magno Antonio Patto Ramalho - Universidade Federal de Lavras (UFLA). Co-orientadora: Édila Vilela de Rezende Von Pinho - Universidade Federal de Lavras (UFLA)

## ABSTRACT

SILVA, Nara Oliveira. **Genetic control of traits associated with the quality of corn seeds**. 2006. 92 p. Thesis (Doctoral Genetics and Plant Breeding) – Federal University of Lavras, Lavras, Minas Gerais, Brazil.<sup>1/</sup>

The objective of this work was to determine genetic parameters related to physiological quality of intra and interpopulational progenies of corn seeds. Two populations in equilibrium derived from the commercial hybrids DKB 333B (population 1), and DOW 657 (population 2) were used. In the first stage, 169 half-sib progenies were obtained from each population. In the second stage, progenies were sowed in line in two isolated fields. In one fields, the pollinator was population 1 and, in the other one, population 2. Using this procedure, the quantity of seeds was increased, all of them with the same age, and intra and interpopulational progenies were obtained. Seeds were weighed, classified in sieves and analysed in classes using an additive-multiplicative model. The seeds classified as sieve 22 were submitted to a quality analysis in the Seed Analysis Laboratory of the Universidade Federal de Lavras (UFLA). The evaluated characteristics were: standard germination test (SGT), germination speed rate (GSR) and accelerated aging test (AGT). The plots were formed by 25 seeds and the experimental design was completely randomized with four replications. Using the mean square the analysis of variance, genetic and phenotypic parameters were estimated. The results have shown that: - the intra and interpopulational half-sib populations differ according to seed quality of the; - Estimates of heterosis were of low magnitude, 4.5% in the SGT, 10.1% in the AGT and 5.7% in the GSR. Most of the interpopulational additive genetic variance ( $\sigma_{A12}^2$  ou  $\sigma_{A21}^2$ ) was explained by the intrapopulational additive variance ( $\sigma_{A11}^2$  ou  $\sigma_{A22}^2$ ). This fact shows minor importance of the dominance and indicates that the reciprocal recurrent selection should be less efficient than intrapopulacional selection for these traits.

<sup>1/</sup> Guidance Committee: Magno Antonio Patto Ramalho; Édila Vilela de Rezende Von Pinho - UFLA (Major Professor).

## 1 INTRODUÇÃO

A utilização de sementes de boa qualidade na implantação de lavouras de milho reflete diretamente na uniformidade da cultura, na baixa incidência de doenças transmitidas pela semente, no elevado vigor de plantas e, como consequência, em maiores produtividades. Nesse sentido, a qualidade da semente é fator a ser considerado em programas de produção agrícola, considerando que o controle de qualidade é fundamental para o produtor de sementes. Essa qualidade deve ser garantida e mantida durante os processos de produção, no campo e na usina de beneficiamento de sementes.

Na avaliação da qualidade fisiológica da semente, vários testes são considerados, especialmente a germinação e o vigor (Carvalho et al., 2006). Contudo, são escassas as informações a respeito do controle genético dos caracteres associados à qualidade de sementes e à possibilidade de sucesso com a seleção. Quando os caracteres são controlados por muitos genes, como deve ser o caso da maioria dos caracteres associados à qualidade da semente, o sucesso seletivo é obtido por meio de ciclos sucessivos de seleção, pela seleção recorrente (SR) (Souza Júnior, 2001).

A SR pode ser intrapopulacional, quando visa o melhoramento “per-se” da população ou interpopulacional, que tem por objetivo a melhoria da heterose de duas populações quando cruzadas. A decisão sobre qual das estratégias seletivas utilizar depende de alguns fatores, entre eles, da estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos. Essas estimativas estão disponíveis para alguns caracteres na cultura do milho, principalmente a produtividade de grãos (Hallauer & Miranda Filho, 1988; Raposo & Ramalho, 2004) que mostraram ser a seleção recorrente interpopulacional viável, fato comprovado pelos resultados seletivos comprovaram esse fato (Lobato et al., 2005; Souza Júnior, 2001).

Existem poucas informações a respeito do controle genético de caracteres associados à qualidade das sementes. Os disponíveis apontam que ocorre heterose, embora nem sempre expressiva (Gomes et al., 2000; Hoecker et al., 2006; Lobato et al., 2005). Assim, é importante complementar as informações existentes a esse respeito. Do exposto, foi realizado o presente trabalho, visando à obtenção de estimativas de parâmetros genéticos de caracteres associados à qualidade de sementes, de duas populações, no intuito de orientar os melhoristas a respeito da possibilidade de sucesso com a seleção recorrente.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 Biologia floral do milho

O milho (*Zea mays* L. spp *mays*) pertence à família das gramíneas (poaceae), subfamília Panicoideae, tribo Maydeae, gênero *Zea* e espécie *mays*. É diplóide, com  $2n = 20$  cromossomos, apresentando, portanto, dez pares de cromossomos. A taxa de autofecundação é, normalmente, inferior a 5%, caracterizando-se, assim, em uma espécie alógama, sendo a sua polinização predominantemente realizada pelo vento (Marcos Filho, 2005).

É uma planta monóica, isto é, apresenta os órgãos masculinos e femininos separados, porém, na mesma planta. A estrutura que origina o pólen é denominada de pendão ou flecha. Ele ocorre por diferenciação do meristema apical, que se inicia poucos dias após a emergência. Durante o crescimento e o desenvolvimento da planta, essa estrutura masculina continua o seu desenvolvimento no interior do colmo, até o momento em que o pendão surge na extremidade da planta, considerado como o início do florescimento (Marcos Filho, 2005).

A inflorescência masculina consiste numa panícula. De um eixo central, denominado ráquis, surgem ramificações laterais. De cada ramificação lateral ou secundária, podem surgir novas ramificações, denominadas terciárias. Ao longo das ramificações, estão localizadas as espiguetas, dispostas aos pares, sendo uma sésil e a outra pedunculada. Os pares de espiguetas estão arranjados alternadamente.

Os grãos de pólen são produzidos a partir de células especializadas existentes no pendão, denominadas de microsporócitos. Esses microsporócitos surgem a partir de inúmeras divisões mitóticas, da célula-mãe do grão de pólen,

e sofrem divisão meiótica, para dar origem aos micrósporos. Detalhes sobre a divisão meiótica não serão apresentados aqui, mas podem ser encontrados em vários livros textos (Bignotto, 2002; Ramalho et al., 2004; Viana et al., 1999). Contudo, é preciso enfatizar que, após a primeira divisão meiótica, são produzidas duas células e, após a segunda, quatro células, os micrósporos, tendo cada uma delas a metade do número de cromossomos característico da espécie. Esses micrósporos estão localizados no interior das anteras, os quais darão origem, por diferenciação, aos grãos de pólen. Na realidade, essa etapa envolve duas divisões mitóticas. Na primeira, são produzidos dois núcleos sem a separação das células, sendo um deles o núcleo vegetativo e o outro o generativo. A segunda divisão envolve apenas o núcleo generativo, dando origem a dois novos núcleos, generativos ou espermáticos. Assim, a estrutura formada será uma célula especializada, constituída de três núcleos, um vegetativo e dois generativos (Chang & Neuffer, 1992).

Na ocasião da antese, após a abertura das espiguetas, as anteras sofrem ruptura de uma de suas extremidades, a fim de permitir a saída dos grãos de pólen. É importante salientar que, em um pendão, existem milhares de anteras e cada antera produz, em média, 400 grãos de pólen. Infere-se, conseqüentemente, que cada planta seja capaz de produzir milhões de grãos de pólen, ou seja, quantidade várias vezes superior à necessidade, o que possibilita uma enorme eficiência do processo de polinização. Os grãos de pólen são transportados, predominantemente, pelo vento, possibilitando a polinização cruzada (Luna et al., 2001; Ramalho & Silva, 2004).

A inflorescência feminina é denominada de espiga. Ela ocorre por diferenciação das gemas existentes nas axilas foliares do colmo. A espiga é constituída das palhas, sabugo e flores femininas propriamente ditas. A palha é uma bainha foliar originada de um único nó e, à medida que essas surgem, uma se sobrepõe em relação à outra, envolvendo firmemente a inflorescência (Viana

et al., 1999). A espiga corresponde a um colmo com entrenós muito próximos. As espiguetas, flores femininas ou gineceu dispõem-se aos pares, formando uma espiral em torno do sabugo, com um alinhamento em fileiras longitudinais, o que faz com que o número de fileiras de grãos presentes na espiga, normalmente, seja número par. Logo, na espiga ocorrem algumas centenas de flores, femininas, dispostas em fileiras duplas, que são as espiguetas. A flor, em que os estames e as lodículas abortaram, é parcialmente envolvida pela lema e pela pálea, apresentando um pistilo funcional com ovário basal único e estilo longo. Cada flor tem, na sua constituição, um ovário ou megasporângio situado na parte basal do estilete e estigma. O estilete é um filamento de conexão entre o estigma e o ovário. O conjunto formado pelo estilo e estigma é denominado de cabelo ou barba da espiga (Dumas & Mongensen, 1993).

Os estilos e estigmas tornam-se receptivos logo após sua emergência, permanecendo assim por cerca de 14 dias, dependendo das condições climáticas. Usualmente, apenas a flor superior de cada espiguetas é funcional, pois a inferior geralmente encontra-se atrofiada. O estigma é um tecido glandular, cuja secreção estimula a germinação do grão de pólen e este, por sua vez, estimula as sucessivas divisões mitóticas da célula vegetativa, desenvolvendo, progressivamente, o tubo polínico no interior do estilete. O estilo-estigma tem tamanho variável, podendo atingir até 45 cm de comprimento (Mercer, 2001).

Como mencionado anteriormente, o ovário situa-se na parte basal da flor, onde está aderido ao sabugo. Ele é constituído da parede do ovário e do óvulo. O óvulo, por sua vez, tem, na sua constituição, funículo, integumentos, micrópila, nucela e saco embrionário. Dessas estruturas, o saco embrionário é o de maior relevância no momento.

O saco embrionário origina-se a partir da célula-mãe, denominada megasporócito. Essa sofre a primeira divisão meiótica, dando origem a duas células: uma delas irá se degenerar, formando o corpúsculo polar e a outra



formará o megasporócito primário. Após a segunda divisão, serão produzidas quatro células, com metade do número de cromossomos, mas apenas uma delas será viável, pois as outras três células irão se degenerar. A célula viável é denominada megásporo e irá sofrer três endomitoses, isto é, três divisões mitóticas, sem a ocorrência da citocinese; no final, será obtida uma célula com oito núcleos. Um dos três núcleos da região micropilar (situados próximos à abertura do óvulo) cresce e se torna o núcleo da oosfera, enquanto os outros se transformam nas sinérgides (Ramalho et al., 2004).

O saco embrionário passa a crescer sem outras divisões celulares e torna-se pronto para a fertilização, isto é, torna-se maduro. Nas proximidades do centro encontram-se dois núcleos polares; na outra extremidade, um grupo de três antípodas, as quais podem possuir mais de um núcleo. Neste estágio, o saco embrionário permanece aguardando a fertilização, provavelmente, por um período de duas semanas.

## **2.2 Polinização e fertilização**

Após o aparecimento das inflorescências, ocorrerão a polinização e a fertilização. O tempo necessário desde a polinização até a fertilização depende da temperatura, da umidade e da constituição genética da planta (Goodman & Smith, 1987). A polinização ocorre quando os grãos de pólen desprendem-se das anteras e são levados pelo vento até o estilo-estigma de outra planta. A deiscência e a dispersão do pólen, usualmente, ocorrem de 2 a 3 dias antes da emergência do estilo-estigma, ou seja, ocorrência do fenômeno, da protândria.

A natureza protândrica do milho favorece a polinização cruzada; contudo, alguma autofecundação ocorre, desde que haja um período de coincidência da emergência do pólen, com a receptividade dos estilo-estigmas. A liberação do pólen pode começar desde o nascer do sol até o meio-dia, dependendo da

temperatura e da umidade, e usualmente se completa com 4 a 5 horas. Sob condições extremamente favoráveis, o pólen é viável por um máximo de 24 horas e o clima quente e seco causa uma redução na sua viabilidade. A dispersão do pólen ocorre de 2 a 14 dias, porém, mais freqüentemente de 5 a 8 dias, com um máximo no terceiro dia (Bignotto, 2002).

Há estimativas de que o pólen pode germinar dentro de 5 minutos após o contato com o estilo-estigma e a fertilização irá ocorrer de 12 a 36 horas após a polinização, apresentando crescimento do tubo polínico no estilo-estigma de, aproximadamente, 12 mm por hora (Chang & Neuffer, 1992).

A germinação do grão de pólen consiste na emissão do tubo polínico. Numa das extremidades fica uma massa viscosa, ou citoplasma, com três núcleos. Um desses, chamado vegetativo, é responsável pelo funcionamento dessa ponta apical. Os outros dois núcleos são os generativos, que somente entram em ação no processo de fertilização (Chang & Neuffer, 1992).

Quando o tubo polínico atinge a micrópila, continua o seu crescimento até penetrar no saco embrionário; então, a sua extremidade é rompida para liberar as duas células, generativas ou espermáticas. Uma delas funde-se à oosfera para formar o zigoto e, desse modo, restaurar o número diplóide de cromossomos próprio das células somáticas da espécie, ou seja, vinte. A outra célula espermática funde-se a um tecido formado a partir da diferenciação dos dois núcleos polares, dando origem a uma estrutura triplóide, que formará o endosperma. Portanto, ocorre uma dupla fertilização, ou seja, uma para formar o zigoto e a outra, o endosperma. Do exposto, o zigoto, que dará origem ao “híbrido”, contém 50% da informação dos cromossomos de origem paterna e 50% de origem materna e, no endosperma, 66,66% dos cromossomos são de origem materna e 33,33%, paterna (Veit et al., 1993).

### **2.3 Maturação de sementes**

A fase de enchimento de grão inicia-se após a fertilização. A formação do endosperma ocorre anteriormente e com maior rapidez, em relação à do embrião. O zigoto, antes de se transformar em embrião, sofre divisões celulares e um processo de diferenciação, transformando-se, a princípio, em pré-embrião, com forma e características próprias da espécie. Este continua seu crescimento e desenvolvimento até a maturação completa da semente (Mercer, 2001).

Após a dupla fertilização, a estrutura celular formada na fusão dos três núcleos primários do endosperma sofre inúmeros ciclos de divisão, ampliando o número de núcleos livres, sem citocinese. Esse processo ocorre na região periférica da célula original (óvulo). Posteriormente, ocorre a citocinese, então, eles migram, por meio de um grande vacúolo central, para diferentes regiões, até que o endosperma passe a ser constituído de inúmeras células mononucleares (Guimarães, 1997; Lopes & Larkins, 1993).

Um fato interessante é que, entre 10 a 20 dias após a polinização, ocorre um expressivo aumento na quantidade de DNA do endosperma, passando de 3C até 690C. Essa quantidade, na realidade, é variável em função do genótipo avaliado. A razão do aumento na quantidade de DNA das células do endosperma não é bem conhecida. Uma das hipóteses seria que esse processo possibilitaria o armazenamento de nucleotídeos, visando atender à demanda das plântulas em desenvolvimento. Também essa amplificação poderia ser uma estratégia em aumentar os produtos resultantes da expressão dos genes envolvidos na biossíntese de enzimas, promovendo, assim, aumento na produção de proteínas de reserva e de carboidratos, com um reflexo direto, não só no vigor das sementes, como também na produtividade de grãos por planta ou por área (Lopes & Larkins, 1993).

Essa fase é dependente das condições ambientais e a sua duração varia de acordo com a cultivar, mas, em média, dura 50 dias. Durante esse período, o ovário aumenta o seu peso em mais de 1.400 vezes, provavelmente por estar ocorrendo uma intensa atividade metabólica e divisão celular. O acúmulo de matéria seca só termina quando surge a “camada de abscisão” ou “camada preta”, indicando que o grão se encontra completamente formado, ou seja, atingiu a sua maturidade fisiológica (Vieira et al., 1995).

#### **2.4 Constituintes de uma semente**

A semente de milho é um fruto denominado cariopse. A extremidade do grão, chamada de pedúnculo, é parte remanescente do tecido que conecta a semente ao sabugo, o que permite uma rápida absorção de umidade (Felker & Shannon, 1980). No interior da semente estão os produtos da fertilização, isto é, o embrião e o endosperma.

Juntamente com a formação do embrião e do endosperma, se dá o crescimento das paredes do ovário que revestirão a semente (pericarpo), e este corresponde a cerca de 5% do peso final da semente.

O pericarpo se origina da parede do ovário e, portanto é tecido materno, independentemente da fertilização. As funções da cobertura externa são: manter unidas as partes internas da semente, proteger as partes internas contra choques e abrasões, servir como barreira à entrada de microrganismos, regular a velocidade de reidratação da semente, evitar ou diminuir possíveis danos causados pelas pressões desenvolvidas durante a embebição, regular a velocidade das trocas gasosas (oxigênio e gás carbônico) e regular a germinação.

A camada de aleurona é considerada parte integrante do endosperma. Em cereais, ela é composta por uma ou mais camadas de células que circundam o endosperma amídico (tecido que representa mais de 80% do peso total da

semente), exceto na área adjacente ao embrião. A aleurona tem a maior concentração de proteínas solúveis do que o restante do endosperma. Essa camada tem sido um dos melhores sistemas para estudar a regulação da biossíntese de antocianinas. As células da aleurona, freqüentemente, contêm um grande número de grânulos protéicos, corpos oleosos (ou esferossomas) e pigmentos de antocianina. As antocianinas são compostos fenólicos (flavonóides) derivados a partir de aminoácidos, como fenilalanina e tirosina (Jayaram & Peterson, 1992)

A coloração dos grãos de milho depende da cor do pericarpo, da camada de aleurona e da cor do endosperma, podendo ser branca, amarela, vermelha, roxa, riscada e pintada em várias tonalidades, sendo esse caráter de grande importância comercial. No entanto, a coloração do endosperma só será visível quando as duas camadas que o recobrem (pericarpo e aleurona) forem translúcidas e incolores. Evidentemente, a coloração da aleurona também só é detectável se o pericarpo for incolor.

No milho e em outros cereais, a camada de aleurona continua viável após o dessecamento da semente. A camada de aleurona é a parte viva da semente madura, pelo fato de ela diferenciar-se em um tecido digestivo especializado na secreção das enzimas mobilizadoras de reservas do endosperma durante a fase de germinação. Sabe-se que a aleurona inicia essa atividade quando na presença de ácido giberélico, produzido pelo embrião durante a germinação da semente (McCarty & Carson, 1991).

O endosperma tem seu crescimento e desenvolvimento simultâneos ao do embrião. O núcleo do endosperma também passa por divisões, acompanhadas ou não pela formação de paredes celulares, formando uma massa celular que pode preencher todo o espaço não ocupado pelo embrião. A diferenciação desse tecido inclui a deposição de reservas provenientes da transferência de matéria

seca da planta-mãe para a semente em desenvolvimento. Dessa maneira, forma-se o endosperma ou albúmen (Copeland & McDonald, 1995).

O tecido do endosperma é triploide ( $3n$ ), com duas partes maternas e uma paterna, tendo a função de fornecer proteção e suporte nutritivo para o desenvolvimento do embrião ou para a germinação, de modo que sua composição é compatível com as necessidades embrionárias (Marcos Filho, 2005).

As reservas armazenadas no endosperma das sementes maduras são utilizadas durante a germinação e no desenvolvimento inicial das plântulas, até que a planta se torne capaz de conduzir a fotossíntese e assuma vida autotrófica.

Como o endosperma acumula grande quantidade de tecidos de reserva, isso faz com que o mesmo, no momento da maturação da semente, não consiga mais realizar suas atividades fisiológicas, pois este se torna incapaz de sintetizar enzimas. Considera-se o endosperma como um tecido morto (DeMason et al., 1983),

O embrião corresponde, em média, a 10% do peso total do grão e, como mencionado, é proveniente do crescimento e diferenciação do zigoto. No embrião, encontram-se as estruturas que originarão uma nova planta, as quais serão ativadas no momento em que a semente for colocada sob condições favoráveis à sua germinação, para, em seguida, emergir à superfície do solo.

O embrião das monocotiledôneas é constituído, essencialmente, por um eixo embrionário e pelo cotilédone. O eixo embrionário contém as seguintes estruturas: na extremidade superior, encontra-se a plúmula ou o epicótilo, que originarão as primeiras folhas, estando a plúmula envolta por uma bainha protetora chamada de coleótilo; na extremidade inferior, encontra-se a radícula, da qual serão originadas as raízes, e que é esta envolta por uma bainha chamada de coleorriza (Mercer, 2001).

## 2.5 Composição química da semente

A composição química da semente de milho varia de acordo com a cultivar e com as condições ambientais. Os dados da composição média dos componentes que formam a semente estão apresentados na Tabela 1. A predominância é de amido, representando mais de 70% do total dos componentes químicos, concentrando-se, principalmente, no endosperma, enquanto a proteína é o segundo constituinte, com mais de 10%, estando a maior parte concentrada no embrião. Os lipídeos representam menos de 5% do peso total e os açúcares, cerca de 2% (Coelho, 1997).

TABELA 1. Distribuição percentual dos constituintes químicos da semente de milho. Média de valores obtidos de 11 variedades de milho (Earle et al., 1946, citados em Carvalho & Nakagawa, 2000).

<b>Componentes da semente</b>	<b>Cinza</b>	<b>Proteína*</b>	<b>Óleo</b>	<b>Açúcar</b>	<b>Amido</b>	<b>Inteira</b>
Endosperma	0,31	9,4	0,8	0,64	86,4	81,9
Embrião	10,10	18,8	34,5	10,80	8,2	11,9
Tegumento	0,84	3,7	1,0	0,34	7,3	5,3
Cobertura da ponta	1,56	9,3	3,8	1,54	5,3	0,8
Semente Inteira	1,44	10,3	4,8	1,97	71,5	99,9

(\*) Proteína = N x 6,25

## **2.6 Qualidade de sementes**

A utilização de sementes de boa qualidade na instalação de lavouras de milho reflete diretamente na uniformidade da população, na baixa incidência de doenças transmitidas pela semente, no elevado vigor de plantas e em altas produtividades. Nesse sentido, a qualidade da semente é fator a ser considerado em programas de produção agrícola, considerando que o controle de qualidade é fundamental para o produtor de sementes. Assim, é fator imprescindível para uma unidade produtora de sementes o controle acentuado da qualidade da semente produzida. Essa qualidade deve ser garantida e mantida durante os processos de produção, no campo e na usina de beneficiamento de sementes. Contudo, ela é grandemente influenciada por fatores genéticos e, portanto, pode ser melhorada em programas de genética e melhoramento de plantas.

Os programas de melhoramento de plantas são, normalmente, direcionados para a obtenção de cultivares de elevado padrão, no que se relaciona ao rendimento, à resistência às doenças e pragas e à adaptabilidade ambiental. Contudo, ainda são bastante incipientes em relação a alguns parâmetros especiais, tais como a qualidade de semente (Krzyzanowski, 1998).

Existe a necessidade de avaliar a qualidade das sementes nos programas de melhoramento de plantas, assegurando a produção de sementes de alta qualidade. Pesquisas na área de sementes podem auxiliar no desenvolvimento de métodos para a seleção de genótipos com alta qualidade de sementes com base em testes fisiológicos, sanitários e físicos. Desse modo, é indiscutível a importância da avaliação da qualidade das sementes nos programas de melhoramento de milho, para fins de comercialização e controle da qualidade no processo produtivo.

No caso do milho, a busca por avaliações eficientes e rápidas tem aumentado significativamente. Busca-se completar o teste de germinação com



testes mais sensíveis, que possibilitem selecionar os melhores lotes para comercialização e que forneçam, com precisão, os dados para a semeadura (Dias & Barros, 1995).

## **2.7 Germinação**

O encerramento do período de repouso fisiológico é sucedido pelo início do processo de germinação, conceituado de maneira diferente, dependendo da forma de abordagem da questão. Dentre os vários conceitos existentes sobre o processo de germinação, destacam-se os seguintes:

- germinação é uma seqüência de eventos morfogênicos que resultam na transformação do eixo embrionário em plântula. Todo o processo é dependente de uma série complexa de transformações físicas e químicas interligadas (Berlyn, 1972);
- germinação de uma semente é a reativação do crescimento do embrião, resultando na ruptura da cobertura da semente e na emergência da plântula (Copeland & McDonald, 1995).

As atividades metabólicas da semente que culminam com a efetiva retomada de crescimento pelo eixo embrionário se aceleram à medida que a semente, posta no substrato apropriado, absorva água (Carvalho & Nakagawa, 2000). A partir da absorção de água, uma série de processos físicos, bioquímicos e fisiológicos se acelera no interior da semente, os quais, na ausência de outro fator limitante, resultam no desenvolvimento do eixo embrionário e na emergência da plântula.

Segundo Popinigis (1977), para que a germinação ocorra, há um teor mínimo de água que a semente deve atingir e este é variável com a espécie. Além disso, com abundante disponibilidade de água, ocorre maior velocidade de embebição e, neste caso, se as condições forem aeróbicas, a emergência da raiz

primária ocorre precocemente. Se, por outro lado, as condições forem anaeróbicas, o excesso de água é prejudicial à semente.

Os fatores que afetam a germinação são internos e externos (Carvalho & Nakagawa, 2000). Os fatores externos, ou seja, do ambiente, que influenciam o processo germinativo são água, temperatura e oxigênio. Quanto aos internos, uma série de fatores está relacionada, como a viabilidade e a longevidade.

O período que uma semente pode viver é aquele determinado por suas características genéticas e recebe o nome de longevidade. O período que a semente realmente vive é determinado pela interação entre os fatores genéticos e fatores ambientais; esse período recebe o nome de viabilidade (Carvalho & Nakagawa, 2000).

O verdadeiro período de longevidade de sementes de uma espécie qualquer é praticamente impossível de se determinar; só seria possível se pudesse colocar essas sementes em condições ideais de armazenamento. Sob determinada condição ambiental, sementes de diferentes espécies vivem por períodos de tempo diferentes. Esse período de longevidade é extremamente variável, indo desde alguns poucos dias até mais de séculos. No caso do milho, pode variar desde seis meses até cinco anos ou mais, dependendo da condição de armazenamento (Marcos Filho, 2005). A viabilidade de uma semente corresponde ao período de vida que ela efetivamente vive dentro do seu período de longevidade, que é função de vários fatores, como características genéticas da planta genitora, do vigor, das condições climáticas predominantes durante a maturação das sementes, do grau de injúria mecânica e das condições ambientais de armazenamento (Guimarães et al., 2006).

Quando a utilização de sementes alicerçou um ramo de atividade comercialmente interessante, surgiu a necessidade de avaliação qualitativa do produto. Assim, ao longo do tempo, a avaliação da qualidade fisiológica das sementes, pelo uso do teste de germinação, revelou-se base confiável para

regular o comércio. O aprimoramento constante permitiu ao teste alcançar níveis aceitáveis de reprodutibilidade e confiabilidade dos resultados (Marcos Filho, 2005). Atualmente, o padrão mínimo de plântulas normais no teste de germinação, exigido para comercialização de sementes de milho, no Brasil, é de 85% (Brasil, 2005). Contudo, as informações prestadas pelo teste de germinação nem sempre são precisas para predizer o comportamento das sementes em condições de campo, principalmente quando adversas (Ferguson, 1993; McDonald, 1993).

As empresas produtoras de sementes utilizam, para a liberação de um lote de sementes de milho, além do teste padrão de germinação, pelo menos um teste de vigor, pois este fornece informações adicionais, conferindo maior confiabilidade quanto à qualidade das sementes.

## **2.8 Testes de vigor**

Apesar de o resultado do teste de germinação ser o parâmetro mais utilizado para avaliar a qualidade fisiológica de sementes, ele tem várias limitações para retratar o desempenho do lote em condições de campo. Os testes de vigor não são necessariamente efetuados para predizer o número exato de plântulas que emergirão ou sobreviverão no campo, no entanto, muitos dos resultados oriundos desses testes podem se correlacionar com a porcentagem de emergência no campo (Carvalho et al., 2006). Esta constatação levou ao desenvolvimento de conceitos de vigor e de testes para sua avaliação, visando fornecer informações adicionais sobre a qualidade de um lote de sementes como, por exemplo, o potencial de armazenamento ou o desempenho no estabelecimento das plântulas em campo (Ferguson, 1993; Tekrony, 2003; Vieira & Carvalho, 1994).

O vigor da semente pode ser entendido como o nível biológico de energia disponível para a realização das tarefas do processo germinativo (Carvalho, 1986); seus efeitos, no desempenho, manifestam-se de diferentes formas no campo e no armazenamento (Grabe, 1976). Para a *International Seed Testing Association/ISTA* (1995), vigor é a soma das propriedades que determinam o potencial de atividade e desempenho da semente, ou do lote de sementes, durante a germinação e a emergência das plântulas. Segundo a *Association of Official Seed Analysts/AOSA* (1983), é o conjunto de propriedades que determinam o potencial para rápida e uniforme emergência e desenvolvimento de plântulas normais, sob diferentes condições ambientais.

O vigor das sementes está relacionado à deterioração; na semente, como em qualquer organismo vivo, o “envelhecimento”, é o resultado da soma dos processos deteriorativos que, finalmente, levam à morte. A maturidade fisiológica da semente pode ser considerada como o ponto de máximo peso de matéria seca, germinação e vigor. Nesse momento, a deterioração é mínima e, a partir daí, começa o processo de senescência progressivo, inexorável e dependente da espécie vegetal e das condições de ambiente onde a semente se encontra (Nakagawa, 1999; Popinigis, 1977). O máximo vigor atingido pode depender de vários fatores: genéticos, de formação (polinização, microsporogênese e macrosporogênese), de maturação, os relacionados aos danos mecânicos, microorganismos e insetos, os decorrentes das condições ambientais durante o armazenamento e os relativos à densidade, ao tamanho e à idade das sementes (Carvalho & Nakagawa, 2000).

A seqüência hipotética do processo deteriorativo envolve a degradação das membranas celulares, a redução das atividades respiratórias e biossintéticas, a desaceleração na germinação, a redução do potencial de conservação, a menor taxa de crescimento e desenvolvimento, a menor uniformidade, a maior sensibilidade às adversidades do ambiente, a redução da emergência em campo,

o aumento da ocorrência de plântulas anormais e, finalmente, a perda do poder germinativo (Delouche & Baskin, 1973). Assim, o uso de testes de vigor torna-se útil no monitoramento da qualidade das sementes durante a produção, processamento e armazenamento, pois a perda de vigor precede a perda de viabilidade (Hampton, 2002; McDonald, 1999).

Os testes de vigor destinam-se, funcionalmente, à detecção de diferenças não perceptíveis no teste de germinação. Eles foram desenvolvidos para proporcionar informações adicionais ao teste de germinação, não para substituí-lo. Isso justifica o desenvolvimento de vários testes de vigor, como tentativa de retratação do comportamento das sementes sob uma ampla faixa de condições ambientais. Assim, o uso de vários testes para a avaliação do vigor de sementes ganha importância na medida em que, dependendo do método utilizado, as informações obtidas podem ser distintas entre si. O desempenho das sementes, tanto no armazenamento como em campo, depende não só do histórico dos lotes como, principalmente, das condições do ambiente ao qual a semente permanece exposta. Por esses motivos, é indispensável a escolha adequada dos métodos para a avaliação do vigor (Marcos Filho, 2005).

Devem ser buscados métodos que, além de rápidos e baratos, forneçam indicações do potencial de emergência das plântulas em campo (Matthews, 1981). Vários métodos de avaliação, desenvolvidos para estimar direta ou indiretamente o vigor de lotes de sementes, procuram simular situações desfavoráveis às quais as sementes podem estar sujeitas. Nesse sentido, os testes mais comumente usados na determinação do vigor são: teste de frio, condutividade elétrica, teste de frio saturado e envelhecimento acelerado. Este último, devido a sua grande utilização na cultura do milho, por ser de ampla aplicação em condições brasileiras, foi o escolhido para ser utilizado neste trabalho.

O teste de envelhecimento artificial ou de envelhecimento acelerado apresenta elevado controle das variáveis e, em decorrência, permite alcançar elevada padronização, tanto na metodologia de execução como na interpretação de resultados (AOSA, 1983; Delouche, 1976; Kryzanowski & Miranda, 1990; Marcos Filho et al., 1987). Neste caso, a velocidade dos processos deteriorativos é intensificada com a exposição das sementes a níveis elevados de calor e de umidade relativa do ar. Para tanto, as sementes são mantidas sob 40-45°C e umidade relativa de, aproximadamente, 100%, por períodos variáveis em função da espécie e, posteriormente, submetidas ao teste de germinação. A taxa de germinação obtida pode estar relacionada com o desempenho do lote. O teste baseia-se na premissa de que as sementes menos vigorosas perdem a capacidade de germinação mais rapidamente após o envelhecimento artificial (AOSA, 1983; McDonald, 1999).

Alguns cuidados devem ser observados durante a execução do teste: o grau de umidade das sementes deve ser uniformizado para a instalação, objetivando evitar que sementes mais úmidas, nas quais a atividade metabólica é intensificada sob temperaturas elevadas, sejam mais afetadas; a temperatura deve ser monitorada e aplicada por equipamentos aprimorados para a manutenção de sua constância; o período de exposição das sementes, às condições de estresse, deve evitar prazos que possam impedir a detecção de diferenças reduzidas entre a qualidade das amostras; ainda, considerando que as sementes tratadas com fungicidas parecem ser menos afetadas pelo teste, os lotes a serem comparados devem apresentar uniformidade para essa causa de variação (Delouche & Baskin, 1973; Delouche, 1976; Marcos Filho et al., 1987 e Popinigs, 1977). Tomes et al. (1988) verificaram que o tamanho das amostras, a abertura da câmara durante a execução do teste e o número de amostras testadas são fatores capazes de causar variações nos resultados.

Juntamente com o teste de condutividade elétrica, o teste de envelhecimento acelerado é recomendado pela ISTA (1995) e (Carvalho et al., 2006). De acordo com Grabe (1976), é um dos testes de vigor mais empregados nos Estados Unidos, devido à simplicidade, à facilidade de condução e à capacidade de produzir informações consistentes. Entretanto, Fratin (1987) comentou que esse teste pode ser mais apropriado às condições brasileiras de clima tropical e subtropical do que o teste de frio.

Com relação às sementes de milho, inicialmente, as pesquisas visaram associar diferenças de vigor de lotes com germinações semelhantes à capacidade de armazenamento. De acordo com a literatura, o teste de envelhecimento acelerado também foi empregado com outras finalidades em relação às sementes de milho, tais como avaliar a influência do tamanho das sementes sobre vigor e desempenho em campo (Fratin, 1987; Krzyzanowski et al., 1999; Marcos Filho et al., 1987; Scotti & Krzyzanowski, 1977); verificar as diferenças genotípicas de sementes para capacidade de armazenamento, reduzindo o tempo necessário para a condução do trabalho, caso tivesse sido empregado envelhecimento natural, e para determinar a porcentagem de germinação de um lote de sementes, a partir da qual a viabilidade do lote cairia rapidamente, concluindo que ela está em torno de 70% a 80% (Matthews, 1981).

O teste de envelhecimento acelerado é ideal quando se pretende avaliar o potencial de armazenamento de lotes, uma vez que as condições de estresse do teste são mais drásticas do que as normalmente encontradas pelas sementes na armazenagem. Tem, ainda, o objetivo de selecionar lotes para a semeadura, avaliar o potencial de armazenamento e auxiliar a seleção de genótipos durante o melhoramento de plantas, com base na resposta das sementes à simulação de condições desfavoráveis (temperatura e umidade elevadas). O teste baseia-se no fato de que lotes com alto vigor manterão sua viabilidade, quando submetidos durante curtos períodos a condições severas de temperatura e umidade relativa

do ar, que afetam a velocidade e a intensidade de deterioração (Carvalho et al., 2006).

Existem testes de vigor que são baseados no desempenho das plântulas, que podem ser realizados em condições controladas de laboratório ou no campo. Um destes testes baseia-se na velocidade de germinação. Lotes de sementes com percentagens de germinação semelhantes frequentemente mostram diferenças em suas velocidades de germinação, indicando que existem diferenças de vigor entre eles. Este método baseia-se no princípio de que os lotes que apresentam maior velocidade de germinação de sementes são os mais vigorosos, ou seja, que há relação direta entre a velocidade e o vigor das sementes.

## **2.9 Controle genético da qualidade de sementes**

Na literatura não existem muitos relatos a respeito do controle genético de caracteres associados à qualidade de sementes de milho. Com o advento do seqüenciamento do genoma, algumas informações estão sendo obtidas em plantas modelo, como é o caso de *Arabidopsis*. Uma revisão a esse respeito foi apresentada por Nonogaki (2006). Nesse trabalho, ele relaciona algumas dezenas de genes envolvidos com o processo de germinação. Esses genes estão, principalmente, relacionados à produção de determinados tipos de hormônios.

No caso da cultura do milho, foram encontrados alguns relatos, sobretudo visando à comprovação da ocorrência de heterose ou vigor híbrido na germinação (Causse et al., 1995; Gomes et al., 2000; Hoecher et al., 2006; José et al., 2004; Rood et al., 1990; Rood & Larsen, 1988). Em vários desses trabalhos, foi constatado que as plantas híbridas apresentam maior eficiência no sistema enzimático do que as linhagens (Causse et al., 1995; Rood & Larsen, 1988).



O efeito da heterose sobre a produtividade já foi bem estudado (Allard, 1971). Contudo, a heterose, para a qualidade fisiológica de sementes, não está bem elucidada ainda. Parece evidente o envolvimento de hormônios, como as auxinas (Tafari, 1966) e giberelinas (Rood et al., 1983; 1990). Resultados de pesquisa têm indicado que o controle da síntese de  $\alpha$ -amilase e hidrólise das reservas de sementes apresentam uma ligação entre as giberelinas e a heterose em milho (Paleg, 1965).

Ainda procurando explicar a origem da heterose na germinação e vigor das sementes, alguns trabalhos foram realizados, como os de Mino & Inoue (1980; 1994), em que a maior velocidade de germinação e o crescimento vigoroso das plântulas estavam associados com a maior atividade metabólica de RNA, proteínas e DNA nos embriões. Os autores verificaram também que, no embrião híbrido, o metabolismo de proteínas e lipídeos é superior ao das linhagens, favorecendo o crescimento do eixo embrionário e uma maior germinação das sementes.

Uma explicação para o maior vigor, em plântulas híbridas de milho, é a maior eficiência do sistema enzimático envolvido no processo de germinação. Por meio de estudos bioquímicos, foi observado que o controle da síntese de  $\alpha$ -amilase e subsequente hidrólise das reservas de sementes, apresenta uma ligação entre as giberelinas e a heterose em milho (Paleg, 1965). Rood & Larsen (1988), investigando o envolvimento da  $\alpha$ -amilase na heterose em plântulas de milho, verificaram que, após 48 horas de embebição da semente, a atividade dessa enzima nas plântulas híbridas foi maior do que a de seus parentais, bem como a concentração do ácido giberélico (GA3), resultando numa hidrólise mais rápida do milho. Segundo Rood et al. (1983 e 1990), linhagens de milho são menos vigorosas que seus híbridos descendentes, em parte por causa da deficiência de giberelinas. Houve correlação positiva entre o teor de giberelinas encontrado nas plântulas e os aumentos da taxa de crescimento, área foliar e altura de plantas de

milho. Os autores citaram que uma das causas da depressão por endogamia é a deficiência de giberelinas.

Estudando as enzimas sacarose fosfato sintetase (SPS) e a ADP glucose pirofosforilase no desenvolvimento de plântulas de milho, Causse et al. (1995) mostraram relação entre a atividade da SPS e crescimento vegetativo inicial nas plântulas de milho. A maior atividade da SPS, que ocorreu nas plântulas híbridas, foi correlacionada com a maior produção de matéria seca. Não houve diferença significativa na atividade da ADP glucose pirofosforilase dos híbridos e das linhagens. Vários autores vêm demonstrando que o vigor híbrido em relação à taxa de crescimento e ao potencial de produção pode estar associado com a alta atividade fisiológica e bioquímica das plantas F<sub>1</sub> híbridas (McDaniel, 1986; Srivastava, 1983).

A estimativa da heterose ou vigor híbrido para caracteres associados à qualidade fisiológica foi obtida por Gomes et al. (2000). Eles avaliaram seis linhagens de milho e os seus respectivos híbridos simples e híbridos simples recíprocos, constatando que as sementes híbridas de milho apresentaram qualidade fisiológica superior quando comparadas às linhagens, evidenciando a expressão da heterose na qualidade fisiológica de sementes. Também foi verificada a maior importância da capacidade específica de combinação, ou seja, dos efeitos não aditivos no controle genético da qualidade fisiológica.

Estimativas de heterose associadas aos caracteres que se expressam logo após à emergência foram obtidas por Hoecker et al. (2006). Para isso, avaliaram quatro linhagens de milho duro e dentado e os híbridos oriundos das linhagens, bem como os recíprocos. Eles observaram alta heterose para os caracteres avaliados, em torno de 51%, demonstrando que a heterose é manifestada durante os estágios iniciais após a emergência.

Em programas de desenvolvimento de híbridos, a avaliação da qualidade fisiológica das linhagens e dos seus respectivos híbridos deve ser levada em

consideração como uma característica de seleção. José et al. (2004), estudando o controle genético para a tolerância à alta temperatura de secagem em sementes de milho, realizaram um trabalho com doze linhagens, sendo seis tolerantes e seis intolerantes à alta temperatura de secagem, compondo um dialelo. Foi observada a presença de efeitos gênicos aditivos e não aditivos para a tolerância à alta temperatura de secagem e que existe predominância do efeito recíproco, podendo ser explicado pelo efeito materno.

Em sementes de milho, diferenças na expressão fenotípica entre híbridos e recíprocos têm sido observadas tanto para germinação à baixa temperatura e tolerância a injúrias por secagem, mas para várias características, como peso seco do embrião e endosperma, taxa de crescimento do grão, proteína e óleo no embrião e síntese de zeína (Bagnara & Daynard, 1983; citado por Kollipara et al., 2002).

Para avaliar a variabilidade genética para a tolerância à injúria por secagem, Bdliya & Burris (1988) conduziram um estudo dialélico entre linhagens de milho, utilizando temperatura de secagem de 50°C. Efeitos aditivos e maternos foram mais importantes que os não aditivos e recíprocos na variabilidade entre as linhagens estudadas para tolerância à injúria por secagem. Segundo os autores, efeito materno nas sementes híbridas pode advir tanto do embrião quanto do endosperma e a mitocôndria pode, parcialmente, responder pelas diferenças na germinação e no desenvolvimento precoce das plântulas.

Poucos trabalhos foram realizados para verificar o controle genético dos parâmetros relacionados com a qualidade fisiológica comparando linhagens e híbridos (Gomes et al., 2000; Lobato et al., 2005). Contudo, estudos comparando populações intra e interpopulacionais oriundas de cruzamentos intra e inter-específicos, respectivamente, não foram encontrados. Nesse sentido, este trabalho, foi realizado.

## 2.10 Seleção recorrente intra e interpopulacional

Quando os caracteres são controlados por muitos genes, como deve ser o caso da maioria dos caracteres associados à qualidade da semente, o sucesso seletivo é obtido por meio de ciclos sucessivos de seleção, pela seleção recorrente (SR) (Souza Júnior, 2001).

A SR pode ser intrapopulacional quando visa o melhoramento “per se” da população ou interpopulacional (SRR), que tem por objetivo a melhoria da heterose de duas populações, quando cruzadas.

A seleção recorrente intra vem sendo empregada por causa de sua simplicidade e aplicabilidade para um grande número de características (Hallauer et al., 1988). O método objetiva o melhoramento da população *per se*, para a obtenção de linhagens endogâmicas melhoradas que possam participar na produção de híbridos comerciais.

Existem vários métodos de seleção recorrente intrapopulacional, dentre eles, a seleção massal, baseada no fenótipo dos indivíduos e a seleção com uso de progênies, incluindo progênies de meios irmãos, irmão completos ou de autofecundação ( $S_1$  ou  $S_2$ ). Os diversos métodos não se diferenciam apenas quanto ao tipo de progênie utilizada na seleção, mas também quanto ao tipo de progênie utilizada na recombinação dos genótipos superiores (Hallauer et al., 1988).

Os métodos de seleção recorrente interpopulacional dão ênfase às performances dos cruzamentos, tentando aproveitar ao máximo o fenômeno da heterose nos híbridos. Estes métodos surgiram a partir das hipóteses explicativas da heterose, ou seja, da sobredominância versus dominância completa ou parcial atuando nos diversos locos (Hallauer et al., 1988). Comstock et al. (1949) desenvolveram o método de seleção recorrente recíproca em que a seleção é feita sobre o cruzamento entre as duas populações formando progênies de meios

irmãos tentando aproveitar os dois tipos de efeitos genéticos, não devendo ser inferior aos métodos para a capacidade específica (Hull, 1945) ou geral (Jenkins, 1940) de combinação.

A seleção recorrente recíproca tem se mostrado efetiva no melhoramento dos cruzamentos interpopulacionais nos estudos feitos até o momento. Respostas indiretas nas populações *per se* não são tão consistentes.

Os resultados obtidos por Moll & Hanson (1984) permitiram uma boa comparação entre métodos intra e interpopulacionais, após 10 ciclos de seleção. No método intrapopulacional (seleção com progênies de irmãos germanos), observaram-se respostas diretas na produção de grãos de 3,5% e 1,4% por ciclo nas populações Jarvis e Indian Chief, e resposta indireta de 2,06% no cruzamento interpopulacional. No interpopulacional, as respostas indiretas foram 2,4% e -0,3% por ciclo, para Jarvis e Indian Chief, respectivamente e a resposta direta foi de 2,7%, por ciclo no híbrido interpopulacional.

Comparações entre métodos intra e interpopulacionais também foram realizadas por Helms et al. (1989) para a população BSSS. A resposta à seleção recorrente recíproca para produção de grãos foi de 3,2% por ciclo em BSSS (indireta). Pelo método dos cruzamentos-teste, a resposta em BSSS (indireta) foi de 4,6% por ciclo, enquanto que, pelo método intrapopulacional com progênies  $S_1$ , a resposta (direta) foi de 8,3% por ciclo em BSSS. Portanto, o método intrapopulacional mostrou-se superior aos interpopulacionais para desenvolver a população *per se*.

A decisão sobre qual das estratégias seletivas utilizar, seleção recorrente intra ou interpopulacional, depende de alguns fatores, dentre eles, da estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos. Essas estimativas estão disponíveis para alguns caracteres na cultura do milho, principalmente a produtividade de grãos (Hallauer & Miranda Filho, 1988; Raposo & Ramalho, 2004), e mostraram que a

seleção recorrente interpopulacional é viável e os resultados seletivos comprovam esse fato (Lobato et al., 2005; Souza Júnior, 2001).

No caso, dos caracteres relacionados à qualidade fisiológica, tornou-se necessário, primeiramente, estimar os componentes genéticos e fenotípicos e, com isso, o entendimento do controle genético da característica para, posteriormente, definir a estratégia de seleção que proporcionará maiores ganhos e, assim, permitir melhor direcionamento ao melhorista de plantas.

## 2.11 Componentes da variância genética de caracteres de milho

Foi Fisher (1918), citado por Souza Júnior (1989), que propôs, pela primeira vez, a decomposição da variância genética ( $\sigma_G^2$ ), considerando qualquer nível de endogamia ( $I$ ) e na ausência de epistasia, pela expressão:

$$\sigma_G^2 = (1 + I) \sigma_A^2 + (1 - I) \sigma_D^2 + 4ID_1 + ID_2 + I(1 - I) \check{H}$$

em que:

$\sigma_A^2$  é a variância genética aditiva, associada ao efeito médio dos genes. Sua magnitude depende da frequência alélica da população e do tipo de interação alélica, ou seja, para um loco, tem-se:  $\sigma_A^2 = 2p(1-p)[\alpha + (1 - 2p)\delta]^2$ . Nesta expressão,  $p$  corresponde à frequência do alelo favorável,  $\alpha$  é a contribuição dos locos em homozigose, ou seja, a metade da diferença dos valores dos homozigotos e  $\delta$  representa o valor genotípico do heterozigoto.

$\sigma_D^2$  é a variância genética dominante, associada aos efeitos das interações intra-alélicas.  $\sigma_D^2 = [2p(1-p)\delta]^2$

$D_1$  é a covariância genética entre os efeitos aditivos dos alelos e os efeitos de dominância dos homozigotos.  $D_1 = -2p(1-p)(1-2p)[\alpha + (1-2p)\delta]\delta$ .

$D_2$  é a variância genética dos efeitos de dominância dos homozigotos.  $D_2 = 4p(1-p)[(1-2p)\delta]^2$ .

$\check{H}$  é a depressão por endogamia elevada ao quadrado.  $\check{H} = [2p(1-p)\delta]^2$ .

Constata-se, pela expressão apresentada, que os componentes genéticos  $D_1$ ,  $D_2$  e  $\check{H}$  só ocorrem quando há endogamia ( $I \neq 0$ ) e se as freqüências alélicas forem diferentes ( $p \neq q \neq 0,5$ ).

Na Tabela 2 é mostrado o que ocorre com uma população submetida a sucessivas gerações de autofecundações. Observa-se que os coeficientes de  $\sigma_A^2$ ,  $D_1$ ,  $D_2$  aumentam com a endogamia; já  $\sigma_D^2$  e  $\check{H}$  decrescem, dessa maneira, na geração  $F_\infty$ , quando só ocorrem indivíduos homozigotos, sendo que, a variância genética contera  $\sigma_G^2 = 2\sigma_A^2 + 4D_1 + D_2$ .

TABELA 2. Coeficiente dos componentes da variância genética para diferentes gerações provenientes de autofecundação.

Gerações		Coeficientes dos componentes da variância						
$p=q$ <sup>1/</sup>	$P \neq q$	I	$\sigma_A^2$	(%) <sup>2/</sup>	$\sigma_D^2$ <sup>3/</sup>	$D_1$	$D_2$	$\check{H}$
F <sub>2</sub>	S <sub>0</sub>	0	1,00	100,00	1,00	0,00	0,00	0,00
F <sub>3</sub>	S <sub>1</sub>	1/2	1,50	150,00	0,50	2,00	0,50	0,25
F <sub>4</sub>	S <sub>2</sub>	3/4	1,75	175,00	0,25	3,00	0,75	0,19
F <sub>5</sub>	S <sub>3</sub>	7/8	1,88	187,50	0,13	3,50	0,88	0,11
F <sub>6</sub>	S <sub>4</sub>	15/16	1,94	193,75	0,06	3,75	0,94	0,06
F <sub>7</sub>	S <sub>5</sub>	31/32	1,97	196,76	0,03	3,88	0,97	0,03
F <sub>8</sub>	S <sub>6</sub>	63/64	1,98	198,43	0,02	3,98	0,98	0,02
...	...	...	...	...	...	...	...	...
F <sub>∞</sub>	S <sub>∞</sub>	1	2,00	200,00	0,00	4,00	1,00	0,00

Adaptado de Souza Júnior (1989). <sup>1/</sup> freqüência alélica da população, <sup>2/</sup> Porcentagem de incremento no coeficiente de  $\sigma_A^2$ , <sup>3/</sup> Quando  $p=q=0,5$  ao coeficiente de  $\sigma_D^2$  é somado de  $\check{H}$ .

Várias metodologias foram propostas para estimar esses componentes (Hallauer & Miranda Filho, 1988). Esses autores também apresentam inúmeras estimativas dos parâmetros especialmente associados à produção de grãos e à altura das plantas. Nesse trabalho foram relacionadas 99 estimativas, envolvendo várias populações de milho em equilíbrio ou com frequência alélica 0,5. Os autores constataram que, na produtividade de grãos, a variância genética aditiva média  $\sigma_A^2 = 469,1 \pm 174,3$  (g/planta<sup>2</sup>) foi superior à estimativa média da variância de dominância  $\sigma_D^2 = 286,8 \pm 210$  (g/planta<sup>2</sup>). Concluíram também que, desconsiderando a ligação e a epistasia, a variância aditiva foi responsável por 61,2% da variação genética presente nas populações de milho e que, embora, fosse detectada dominância em várias oportunidades, o grau médio de dominância foi de 0,6, indicando a presença de dominância parcial no controle desse caráter.

As estimativas dos componentes da variância genética também foram obtidas no Brasil. Contudo, a maioria dos casos envolveu a avaliação de progênies de meios-irmãos, permitindo obter apenas a estimativa da variância aditiva  $\sigma_A^2$ . Observa-se, na Tabela 3, que, muito embora fosse detectada ampla variação nas estimativas, os valores obtidos permitem inferir que as populações brasileiras possuem ampla variabilidade genética aditiva, condição essa favorável para a seleção.

Não existem muitas estimativas dos componentes da variância genética em populações endogâmicas com frequências alélicas diferentes de 0,5. Como foi visto, nessa situação, além de  $\sigma_A^2$  e  $\sigma_D^2$ , ocorrem também os componentes  $D_1$ ,  $D_2$  e  $\overset{\vee}{H}$ . Entretanto, há algumas estimativas disponíveis de  $D_1$ , mostrando que elas foram sempre negativas e de valores expressivos (Alves, 2002; Morais,



1992; Souza Júnior et al., 1993; Takeda, 1997). A partir da expressão, anteriormente comentada, que mostra o que está contido nesse parâmetro, é possível inferir que as populações envolvidas nos estudos devem apresentar frequências alélicas inferiores a 0,5.

Os trabalhos que foram comentados referem-se ao melhoramento intrapopulacional. Entretanto, o melhoramento interpopulacional também vem recebendo atenção. Alguns trabalhos foram realizados visando o conhecimento dos componentes da variância genética interpopulacional (Vencovsky et al., 1988)

Em um desses trabalhos, Souza Júnior (1989) mostrou que a variância genética que se expressa quando do cruzamento de duas populações 1 e 2 ( $\sigma_{G12}^2$ ) é fornecida pela expressão:

$$\sigma_{G12}^2 = \frac{1}{2}(\sigma_{A12}^2 + \sigma_{A21}^2) + \sigma_{D(12)}^2$$

em que:

$\sigma_{A12}^2$  e  $\sigma_{A21}^2$  são as variâncias genéticas aditivas interpopulacionais liberadas no melhoramento da população 1 quando cruzada com a 2 e vice-versa;  $\sigma_{D(12)}^2$  é a variância genética dominante interpopulacional.

Os componentes interpopulacionais também podem ser expressos em função da magnitude das frequências alélicas das duas populações envolvidas e do tipo de interação alélica.

Considerando apenas um loco com dois alelos, tem-se:

$$\sigma_{A12}^2 = 2pq[\alpha + (s - r) \delta]^2; \quad \sigma_{A21}^2 = 2sr[\alpha + (q - p) \delta]^2$$

$$\sigma_{D(12)}^2 = 4pqrs \delta^2$$

Nessas expressões,  $p$  e  $r$  referem-se às frequências dos alelos favoráveis nas populações 1 e 2, respectivamente e  $q$  e  $s$  à frequência dos alelos desfavoráveis nas mesmas condições.

TABELA 3. Estimativas da variância genética aditiva (g/planta)<sup>2</sup> relativas à média de progênies, para produtividade de espigas e de grãos, utilizando progênies de meios-irmãos de milho no Brasil.

Valores de $\sigma_A^2$	Amplitude ( $\sigma_A^2$ )	Estimativas	Referências
320	51-758	30	Ramalho (1977)
309	41-753	58	Vencovsky et al. (1988)
448	285-594	3	Packer (1991)
409	376-442	2	Arias (1995); Takeda (1997)
246	103-322	3	Carvalho et al. (1999)

As variâncias genéticas aditivas interpopulacionais foram, posteriormente, decompostas por Souza Júnior (1993) em:

$$\sigma_{A12}^2 = \sigma_{A11}^2 + \sigma_{\tau12}^2 + 4Cov(A_1\tau_{12})$$

$$\sigma_{A21}^2 = \sigma_{A22}^2 + \sigma_{\tau21}^2 + 4Cov(A_2\tau_{21})$$

em que:

$\sigma_{A11}^2$  e  $\sigma_{A22}^2$  são as variâncias genéticas aditivas intrapopulacionais das populações 1 e 2, respectivamente;

$\sigma_{\tau12}^2$  e  $\sigma_{\tau21}^2$  são as variâncias genéticas dos desvios dos efeitos aditivos inter e intrapopulacionais, utilizando as populações 1 e 2 como parental feminino, respectivamente;

$Cov(A_1\tau_{12})$  e  $Cov(A_2\tau_{21})$  são as covariâncias genéticas dos efeitos aditivos intrapopulacionais com os desvios dos efeitos aditivos inter e intrapopulacionais, tendo as populações 1 e 2 como parental feminino, respectivamente;

Esses componentes também podem ser expressos em função das frequências e interações dos alelos das duas populações envolvidas, ou seja:

$$\begin{aligned}\sigma_{A11}^2 &= 2pq[\alpha + (q-p)\delta]^2; & \sigma_{A22}^2 &= 2rs[\alpha + (s-r)\delta]^2; \\ \sigma_{\tau12}^2 &= 8pq(p-r)^2\delta^2; & \sigma_{\tau21}^2 &= 8rs(p-r)^2\delta^2 \\ \text{Cov}(A_1\tau_{12}) &= 2pq(p-r)[\alpha + (q-p)\delta]\delta; & \text{Cov}(A_2\tau_{21}) &= 2rs(r-p)[\alpha + (s-r)\delta]\delta\end{aligned}$$

Veja que  $\sigma_{A11}^2$  e  $\sigma_{A22}^2$ , por serem variâncias genéticas aditivas intrapopulacionais, são obtidas pela mesma expressão apresentada anteriormente. Observe também que os componentes  $\sigma_{\tau12}^2$ ,  $\sigma_{\tau21}^2$ ,  $\text{Cov}(A_1\tau_{12})$  e  $\text{Cov}(A_2\tau_{21})$  dependem da diversidade genética, ou seja, diferença nas frequências alélicas ( $p-r$ ) das populações utilizadas e do nível de dominância ( $\delta$ ) dos caracteres e, portanto, estão relacionados com a heterose (Falconer & Mackay, 1996). Dessa forma, para  $p > r$ , tem-se  $\text{Cov}(A_1\tau_{12}) > 0$  e  $\text{Cov}(A_2\tau_{21}) < 0$  e vice-versa para  $p < r$ . Portanto, estas covariâncias serão positivas para a população com maior frequência média de alelos favoráveis e negativas para a de menor frequência. Se, eventualmente, as duas populações não forem divergentes  $p=r$ , tem-se:

$$\sigma_{\tau12}^2 = \sigma_{\tau21}^2 = \text{Cov}(A_1\tau_{12}) = \text{Cov}(A_2\tau_{21}) = 0$$

Ou seja, se  $p > r$ , o valor de  $\sigma_{A12}^2$  tende a ser maior que  $\sigma_{A11}^2$ , enquanto  $\sigma_{A21}^2$  pode ser tanto maior quanto menor que  $\sigma_{A22}^2$ , dependendo das magnitudes de  $\sigma_{\tau21}^2$  e de  $\text{Cov}(A_2\tau_{21})$ . Como na seleção interpopulacional, a resposta esperada na população 1 *per se* fica em função de  $\sigma_{A11}^2 + 2 \text{Cov}(A_1\tau_{12})$  e, na população 2 *per se*, fica em função de  $\sigma_{A22}^2 + 2 \text{Cov}(A_2\tau_{21})$ . É possível explicar, através desses parâmetros, porque uma das populações não tem mostrado ganhos significativos em resposta à seleção interpopulacional.

Algumas estimativas das variâncias aditivas em âmbito interpopulacional, obtidas com populações de milho brasileiras, estão apresentadas na Tabela 4. Verifica-se a existência de variabilidade genética aditiva em âmbito interpopulacional equivalente à existente em âmbito intrapopulacional, conforme

apresentado na Tabela 3. Foram encontrados dois relatos na literatura sobre as estimativas  $\sigma_{r12}^2$  e  $\sigma_{r21}^2$  e das covariâncias relacionadas anteriormente (Arias, 1995; Raposo & Ramalho, 2004). Arias (1995) obteve, para o caráter produtividade de grãos, as seguintes estimativas  $\hat{\sigma}_{r12}^2 = 69,93$ ,  $\hat{\sigma}_{r21}^2 = 433,67$ ,  $Côv(A_1\tau_{12}) = -41,08$  e  $Côv(A_2\tau_{21}) = -88,41$  e, para outros caracteres, as estimativas foram negativas. Já Raposo & Ramalho (2004) verificaram que a estimativa de  $\hat{\sigma}_{rv}^2$  foi sempre negativa. Esses resultados evidenciam que esses componentes podem afetar, de forma negativa, as respostas diretas e indiretas à seleção recorrente recíproca.

Infelizmente, não foi encontrado nenhum relato de estimativas dos componentes de variância genética para caracteres associados à germinação e vigor de sementes de milho, tanto no que se refere às populações *per se* ou em cruzamento.

TABELA 4. Estimativas das variâncias genéticas aditivas em âmbito interpopulacional, para a produtividade de grãos e de espigas (g/planta)<sup>2</sup> em populações de milho.

Populações	$\sigma_{A12}^2$	$\sigma_{A21}^2$	Referências
Esalq-VF1 x Esalq-VD2	258,5	205,1	Paterniani & Vencovsky, 1978
Piramex x Cateto	236,1	79,9	Miranda Filho & Paterninai, 1983
PiranãoVD2 x PiranãoVF1	358,4	126,1	Martins, 1986
Esalq PB1 x Br-105	370,4	150,5	Souza Jr. & Miranda Filho, 1989
Br-106 x Br-105	507,2	368,1	Pellicano, 1990
Br-106 x Br-105	145,6	136,6	Souza Júnior et al., 1993
Br-106 x Br-105	281,4	522,3	Arias, 1995; Takeda, 1997
AG9012 X C333	517,4	111,2	Raposo & Ramalho, 2004

## **3 MATERIAL E MÉTODOS**

### **3.1 Local**

Os experimentos foram conduzidos no Departamento de Biologia, da Universidade Federal de Lavras, município de Lavras, MG, a 910 m de altitude, latitude de 21°14'S e longitude de 45°00 W. O solo é classificado como Latossolo Vermelho Distrófico, fase Cerrado.

### **3.2 Material genético**

Para a condução do trabalho, foram utilizadas duas populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg, denominadas de populações 1 e 2, originárias dos híbridos simples comerciais DKB 333B e Dow 657, respectivamente. Estes híbridos comerciais apresentam alta divergência genética, com boa complementaridade.

O híbrido simples DKB 333B, pertencente à empresa Monsanto, é um híbrido de ciclo normal, de grãos semiduros amarelo-alaranjados e com alto potencial produtivo. Uma das suas principais características é a sanidade, sendo tolerante aos principais patógenos que atacam a cultura do milho, destacando-se também pela alta estabilidade produtiva e prolificidade.

O híbrido simples Dow 657 pertence à empresa Dow Agrosiense e possui grãos alaranjados e semi-duros. Analogamente ao híbrido anterior, é produtivo e tolerante a vários patógenos que ocorrem na cultura.

### 3.3 Obtenção das progênies de meios irmãos intra e interpopulacional

O manejo dos campos foi semelhante ao comumente utilizado para a cultura do milho na região. A adubação foi equivalente a  $550 \text{ kg ha}^{-1}$  de fertilizante da fórmula 8-28-16 + Zn de N-P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>-K<sub>2</sub>O na semeadura e, em cobertura, 100 kg/ha de nitrogênio, 25 dias após a emergência. As práticas culturais foram realizadas conforme o empregado na cultura na região.

Para a obtenção das progênies das populações 1 e 2, foram semeados dois campos isolados no espaço. Na colheita, foram coletadas espigas de cada planta individual, obtendo-se 169 progênies de meios-irmãos de cada população.

Para a obtenção das sementes das progênies inter e intra da população 1, tendo a mesma idade, cada progênie era semeada em uma linha de três metros, com cinco plantas por metro após o desbaste e o espaçamento entrelinhas de 90 cm. A cada três progênies da população 1 (parental feminino), era semeada uma linha com a mistura das progênies da população 2 (parental masculino). No mesmo campo, foram semeadas as progênies da população 2 (parental feminino), também intercalando-se a cada três progênies, as sementes da mistura das progênies da população 2, como parental masculino.

Foi realizado o despendoamento das progênies de meios irmãos consideradas fêmeas. Esta operação foi manual e os pendões foram removidos antes da liberação do pólen e da emergência dos estilo-estigma, no final do estágio fenológico 3 (Fancelli & Dourado Neto, 2000).

Desse modo, nesse campo, foram obtidas as 169 progênies de meios irmãos inter da população 1, ou seja, sendo a fêmea da população 1 (**P<sub>12</sub>**) e 169 progênies de meios irmãos intra da população 2 (**P<sub>22</sub>**). Na colheita, as sementes de cada linha foram misturadas obtendo-se um “bulk de progênies de meios-irmãos”.

De modo análogo, foi instalado outro campo isolado para a população 2. Neste, foram semeadas as 169 progênies de meios-irmãos da população 2 e 1 como fêmea e a linha macho sendo uma mistura das sementes das 169 progênies da população 1, obtendo-se as progênies intra da população 2 (**P<sub>22</sub>**) e inter (**P<sub>21</sub>**), sendo a fêmea a população 2. Desse modo, foi possível ampliar a quantidade de semente de cada progênie e também obter as sementes das progênies intra e inter, todas com a mesma idade (“bulk de progênies de meios-irmãos”).

Durante a maturação das sementes, foi feito o acompanhamento da solidificação do endosperma por meio da linha do leite. As espigas foram amostradas para a determinação do teor de água, utilizando-se o método da estufa a 130°C, por 4 horas, conforme prescrições nas Regras para Análise de Sementes (Brasil, 1992), até que o teor de água atingisse, aproximadamente, 35%, momento em que foi realizada a colheita. Isso foi realizado para se obter todas as progênies com a mesma maturação e qualidade inicial.

As espigas foram colhidas e despalhadas manualmente e, em seguida, submetidas à secagem artificial, com temperatura de 35°C, até atingirem 20% de teor de água e, depois, a 45°C até atingirem, aproximadamente, 12% de teor de água. Para isso, foram utilizados secadores experimentais de pequena escala, construídos de acordo com Navratil & Burris (1982).

### **3.4 Avaliação das características**

#### **3.4.1 Classificação em peneiras**

Após a colheita e secagem, as sementes das progênies foram separadas em peneiras. Foram utilizadas as peneiras de furo circular, 20 e 22; a peneira de furo oblongo de comprimento  $\frac{3}{4}$ , 14 e o fundo, que consiste nas sementes que passaram pela peneira 20. As sementes retidas em cada peneira foram pesadas, estimando-se a percentagem em relação ao peso total.

As sementes retidas na peneira 22 foram utilizadas na execução dos testes de qualidade fisiológica. Para isso, inicialmente, foram tratadas, utilizando-se os fungicidas com princípio ativo tiabendazol, na dose de 40 g/100 kg de sementes e captan, na dosagem de 120 g/100 kg de sementes.

### **3.4.2 Teste de germinação (TPG)**

O teste de germinação foi realizado com 4 repetições de 25 sementes por amostra, em rolo de papel toalha, tipo Germitest, embebido em água na quantidade de 2,5 vezes o peso do substrato seco, a 25°C. As avaliações foram feitas aos 4 e 7 dias após a semeadura e seguiram os critérios estabelecidos nas Regras para Análise de Sementes (Brasil, 1992); os resultados expressos em porcentagem.

### **3.4.3 Velocidade de germinação (VG)**

A velocidade de germinação foi determinada utilizando-se quatro repetições de 25 sementes por amostra, anotando-se, diariamente, a partir do 4º dia após a semeadura, o número de plântulas que atingiram o mínimo de 2,0 cm de parte aérea, 5,0 cm de radícula e duas raízes seminais até a estabilização do processo.

Posteriormente, foi determinado um índice para cada amostra, pela fórmula de Edmond & Drapala (1958), citados por Nakagawa (1999):

$$VG = \frac{(N_1G_1) + (N_2G_2) + \dots + (N_nG_n)}{G_1 + G_2 + \dots + G_n}$$

em que:

VG: velocidade de germinação;



$G_1, G_2 \dots G_n$ : número de plântulas normais computadas na primeira contagem, na segunda contagem e contagem n;

$N_1, N_2 \dots N_n$  = número de dias da semeadura em cada contagem.

### 3.4.4 Envelhecimento acelerado ou artificial (EA)

Foram utilizadas quatro repetições com 25 sementes. Cada repetição foi acondicionada em minicâmara individual, caixa plástica tipo gerbox com tela. Foi distribuída uma única camada de sementes sobre a tela. No fundo dessa câmara, foram adicionados 40 ml de água destilada e mantidos à temperatura de 42°C, por 96 horas (Tao, 1980). Após o prazo de 96 horas, realizou-se a semeadura e as sementes foram levadas ao germinador regulado para 25°C, de modo análogo ao utilizado no TPG. Após 5 dias, foi feita a contagem de plântulas normais.

## 3.5 Análises dos dados

### 3.5.1 Análise da classificação em peneiras

Para as análises da percentagem em peso, resultantes da classificação das sementes em peneira, por não se ter repetições, foi utilizada a análise preconizada por Gauch & Zobel (2000), conforme o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = m + g_i + a_j + \sum_{c=1}^m \lambda_c \alpha_{ic} \gamma_{jc} + \bar{r}_{ij}$$

em que:

$Y_{ij}$ : é a observação referente à progênie i na peneira j;

$m$ : é a média geral;

$g_i$ : é o efeito da progênie i, que pode ser de meio irmão intra ou interpopulacional ( $i = 1, 2 \dots 169$ );

$\lambda_c$  : esimo valor singular da interação ga escalar;

$a_j$ : é o efeito da peneira  $j$  ( $j = 1, 2, 3$  e  $4$ );

$\alpha_{ic}$  : vetor singular (vetor coluna) no caso relacionado à progênie  $i$ ;

$\gamma_c$  : vetor singular (vetor linha) associado à peneira  $j$ ;

$\bar{r}_{ij}$  : resíduo não explicado pelos componentes principais utilizados (empregado para testar os demais componentes do modelo).

A análise foi efetuada por meio do programa Genes e as médias comparadas pelo teste de Scott & Knott (1974).

### 3.5.2 Análise da qualidade fisiológica das sementes

Os testes realizados para a avaliação da qualidade fisiológica das sementes foram analisados segundo o delineamento experimental inteiramente casualizado com quatro repetições, apresentado por Ramalho et al. (2005), considerando todos os efeitos, exceto a média, como aleatórios:

$$Y_{ij} = m + t_i + \bar{e}_{ij}$$

em que:

$Y_{ij}$  : valor observado da progênie  $i$  na repetição  $j$ ;

$m$ : média geral;

$t_i$  : efeito da progênie  $i$  ( $i = 1, 2, 3, \dots, 169$ )

$\bar{e}_{ij}$  : erro experimental associado à observação  $Y_{ij}$ , assumindo que os erros são independentes e normalmente distribuídos, com média zero e variância  $\sigma^2$ .

As análises foram realizadas no programa estatístico Sisvar (Sistema de Análise de Variância) (Ferreira, 2000) e as médias comparadas pelo teste de Scott & Knott (1974).

Procedeu-se à análise de cada população, considerando-se separadamente cada tipo de progênie, intra e interpopulacional.

### **3.6 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos das características associadas à qualidade fisiológica**

#### **3.6.1 Componentes de variância e covariância**

A partir das esperanças dos quadrados médios das análises de variância (Tabela 5) foram obtidas as estimativas dos componentes de variância e alguns parâmetros genéticos e fenotípicos.

**- Variância genética entre progênies de meios irmãos intrapopulacionais para as populações 1 e 2 ( $\sigma_{P11}^2$  ou  $\sigma_{P22}^2$ ):**

$$\sigma_{P11}^2 = \frac{(Q_1 - Q_2)}{r}$$

em que:

$Q_1$ : quadrado médio da fonte de variação progênies, intra 11 ou 22;

$Q_2$ : quadrado médio do erro;

**- Variância genética entre progênies de meios irmãos interpopulacionais ( $\sigma_{P12}^2$  ou  $\sigma_{P21}^2$ ):**

$$\sigma_{P12}^2 = \sigma_{P21}^2 = \frac{(Q_1 - Q_2)}{r}$$

em que:

$Q_1$ : quadrado médio da fonte de variação progênies, inter 12 ou 21;

$Q_2$ : quadrado médio do erro;

TABELA 5. Esquema de análise de variância individual com as respectivas esperanças dos quadrados médios E(QM).

Fontes de variação	GL	QM	E(QM)
Progênes de meios irmãos intra ou inter	$gl_1$	$Q_1$	$\sigma_e^2 + r\sigma_p^2 \frac{1}{r}$
Erro efetivo	$gl_2$	$Q_2$	$\sigma_e^2$

$\frac{1}{r}$ : número de repetições (4).  $\sigma_p^2$ : Variância genética entre progênes que podem ser intra ou inter populacionais.

- **Variância fenotípica entre as médias de progênes de meios irmãos intrapopulacionais para as populações 1 e 2 ( $\sigma_{F\text{intra}}^2$ )**

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

- **Variância fenotípica entre as médias de progênes de meios irmãos interpopulacionais ( $\sigma_{F\text{inter}}^2$ ):**

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

### 3.6.2 Análise de variância do produto médio

Seguindo a mesma estrutura de análise, também foram obtidas as análises de variância dos produtos médios entre os tipos de progênes para cada população. Para a obtenção dos produtos médios, foi seguida a metodologia apresentada por Vencovsky & Barriga (1992), isto é, a análise foi efetuada com a soma das duas variáveis  $x + y = z$ , sendo x a população P<sub>11</sub> ou P<sub>22</sub> e y a

população P<sub>12</sub> ou P<sub>21</sub>. A partir da ANAVA de x, y e z, foi estimado o PM (x, y) pela expressão:

$$PM_{(x,y)} = \frac{1}{2} (QMz - QMx - QMy)$$

### 3.6.3 Herdabilidade

Estimou-se a herdabilidade entre média de progênies ( $h^2$ ), utilizando-se a metodologia apresentada por Cruz & Carneiro (2003):

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_P^2}{\hat{\sigma}_F^2} \times 100$$

De modo análogo, foram estimados os limites inferiores (LI) e superiores (LS) das estimativas da ( $h^2$ ), pelo seguinte estimador,  $\alpha = 0,05$  (Knapp et al., 1985):

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

em que: o valor da tabela de F é determinado pelo coeficiente de confiança ( $1 - \alpha/2$ ) e pelos graus de liberdade  $gl_2$  e  $gl_1$ .

### 3.6.4 Componentes do “bulk de progênies de meios irmãos”

De modo análogo ao descrito para os componentes de variância, foram obtidos os componentes da covariância genética entre progênies  $Cov_{P12}$  e  $Cov_{P21}$  e a covariância do erro entre as progênies  $Cov_{e12}$  e  $Cov_{e21}$ .

Considerando que foi utilizado um “bulk de progênies de meios irmãos”, foi necessário obter os componentes da variância genética associada a esse tipo

de progênie (Anexo 1A). A partir desses componentes de variância e covariância genética foi possível estimar:

$\hat{\sigma}_{A11}^2$  - **Variância aditiva intra da população 1:**

$$\hat{\sigma}_{A11}^2 = 16 \hat{\sigma}_{P11}^2$$

$\hat{\sigma}_{A22}^2$  - **Variância aditiva intra da população 2:**

$$\hat{\sigma}_{A22}^2 = 16 \hat{\sigma}_{P22}^2$$

$\hat{\sigma}_{A12}^2$  - **Variância aditiva inter da população 1 como fêmea e população 2 como macho:**

$$\hat{\sigma}_{A12}^2 = 16 \hat{\sigma}_{P12}^2$$

$\hat{\sigma}_{A21}^2$  - **Variância aditiva inter da população 2 como fêmea e população 1 como macho:**

$$\hat{\sigma}_{A21}^2 = 16 \hat{\sigma}_{P21}^2$$

$\hat{\sigma}_{\tau12}^2$  - **Desvios dos efeitos aditivos intra por interpopulacionais:**

$$\hat{\sigma}_{\tau12}^2 = 4 \left[ \hat{\sigma}_{P12}^2 - 2Cov_{(P1P12)} + \hat{\sigma}_{P11}^2 \right];$$

$\hat{\sigma}_{\tau21}^2$  - **Desvios dos efeitos aditivos intra por interpopulacionais recíprocos:**

$$\hat{\sigma}_{\tau21}^2 = 4 \left[ \hat{\sigma}_{P21}^2 - 2Cov_{(P2P21)} + \hat{\sigma}_{P22}^2 \right];$$

$Cov_{(A1\tau12)}$  - **Covariâncias dos efeitos aditivos com seus desvios intra por interpopulacionais para a população 1:**

$$Cov_{(A1\tau12)} = 2 \left[ Cov_{(P1P12)} - \hat{\sigma}_{P11}^2 \right];$$

$Cov_{(A2\tau21)}$  - **Covariâncias dos efeitos aditivos com seus desvios intra por interpopulacionais para a população 2:**

$$Cov_{(A2\tau21)} = 2 \left[ Cov_{(P2P21)} - \hat{\sigma}_{P22}^2 \right];$$

As estimativas destes parâmetros e dos erros associados a eles foram obtidas utilizando-se o processo semelhante ao adotado por Arias (1995), utilizando o método dos quadrados mínimos ponderados, ou seja:

$$\beta = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}Y$$

em que:

$\beta$  é a matriz com os parâmetros a serem estimados.

$X$  é a matriz com os coeficientes que, neste caso, tem inversa única.

$V$  é a inversa matriz dos pesos, isto é, uma matriz de variância e covariância associada às progênes. O caso geral para a construção da matriz  $V$  e que foi utilizado neste trabalho pode ser verificado no Anexo 2A;

$Y$  é a matriz do modelo.

A análise foi efetuada por meio do programa Mapgen (Ferreira & Zambalde, 1997)

Os erros relacionados a cada estimativa foram obtidos a partir da diagonal da matriz  $(X'V^{-1}X)^{-1}$  (Tabela 6).

TABELA 6. Matriz com os coeficientes que relacionam os quadrados e produtos médios (Y) aos componentes a serem estimados.

	Índices dos componentes <sup>a</sup>					
	$e_{ii}$	$e_{ij}$	$e_{iij}$	$A_{ii}$	$\tau_{ij}$	$A_i\tau_{ij}$
QM <sub>p<sub>ii</sub></sub>	1	0	0	1/4	0	0
QM <sub>p<sub>ij</sub></sub>	0	1	0	1/4	1/4	1
PM <sub>p<sub>i</sub>p<sub>ij</sub></sub>	0	0	1	1/4	0	2
QM <sub>e<sub>ii</sub></sub>	1	0	0	0	0	0
QM <sub>e<sub>ij</sub></sub>	0	1	0	0	0	0
PM <sub>e<sub>i</sub>e<sub>ij</sub></sub>	0	0	1	0	0	0

<sup>a</sup>  $e_{ii}$ ,  $e_{ij}$  e  $e_{iij}$  relativos aos erros intra, inter e da covariância intra x interpopulacional e  $A_{ii}$ ,  $\tau_{ij}$  e  $A_i\tau_{ij}$ , relativos à variância aditiva intrapopulacional, ao desvio intra x interpopulacional e à covariância entre eles, respectivamente.

### 3.7 Estimativa do ganho com a seleção

Foram obtidas as estimativas do ganho esperado nas diferentes populações, pela expressão (Cruz & Carneiro, 2003):

$$GS = ds \times h^2$$

em que:

$ds$  : diferencial de seleção, ou seja, a média das 15 progênies de meios-irmãos intra ou inter com melhor desempenho, menos a média original das progênies;

$h^2$  : herdabilidade das médias das progênies intra ou inter populacionais.



## 4 RESULTADOS

Para verificar se ocorreram diferenças entre e dentro das progênies com relação ao tamanho das sementes, a porcentagem do peso de cada peneira foi submetida à análise AMMI, isto é, modelo aditivo para o efeito de progênies e tipos de peneiras e multiplicativo para a interação progênies x tipos de peneira. O primeiro e o segundo PCAs (componentes principais) explicaram mais de 84% da variação. Esses dois PCAs foram utilizados na estimativa da porcentagem de sementes por tipo de peneira.

A porcentagem média em peso das progênies, com relação ao tamanho das sementes, variou de acordo com a população. No caso das progênies intra da população 1 ( $P_{11}$ ), a maior porcentagem foi para a peneira 20. Nas demais populações, foi para a peneira 22, sendo maior na população 2; 44,99% em  $P_{22}$  e 40,65% em  $P_{21}$  (Tabela 7). No caso das progênies intra da população 1, não foi detectada diferença significativa, pelo Teste de Scott & Knott (1974), nas porcentagens em peso entre as progênies. Nas demais populações, pelo menos para um dos tipos de peneira, foi formado mais de um grupo. Isso evidencia, de modo geral, a existência de variação entre as progênies com relação ao tamanho das sementes. Por essa razão, para a realização das avaliações, foram sempre utilizadas sementes do mesmo tamanho, isto é, as retidas na peneira 22. Pela classificação das sementes em peneiras, foi observada maior porcentagem de sementes no fundo das progênies da população 1, sendo 22,95% nas progênies intra e 14,11% nas inter. Na população 2, foi de 11,02% nas intra e 13,20% nas inter.

TABELA 7. Percentagem média do peso em relação ao total, valor mínimo (LI) e máximo (LS), por tipo de peneira das progênies intra e inter das populações 1 e 2 de milho.

		Peneiras			
		20	22	14	Fundo
População 1	% média	33,61	25,48	17,62	22,95
	Intra				
	P <sub>11</sub> LI	0	1,67	1,17	0
	LS	50,22	64,19	72,42	41,35
	Grupos formados <sup>1/</sup>	1	1	1	1
	Inter				
	P <sub>12</sub> % média	26,61	37,98	20,99	14,11
LI	7,92	0	7,91	0	
LS	47,16	70,83	48,48	29,07	
Grupos formados <sup>1/</sup>	2	4	3	1	
População 2	% média	16,99	44,99	27,87	11,02
	Intra				
	P <sub>22</sub> LI	0	11,16	11,38	0,49
	LS	44,14	74,33	57,73	26,66
	Grupos formados <sup>1/</sup>	2	2	2	1
	Inter				
	P <sub>21</sub> % média	24,22	40,65	21,20	13,20
LI	10,64	8,46	0,01	0	
LS	46,00	63,03	55,07	37,46	
Grupos formados <sup>1/</sup>	1	2	1	1	

<sup>1/</sup> Teste de médias Scott & Knott (Programa Estatístico Genes)

Verifica-se, pelos dados da Tabela 8, que a menor variação entre os tipos de peneira ocorreu para as progênies intra da população 1. Nesse caso, em 54 progênies foi detectada diferença significativa ( $P < 0,05$ ) dentro das progênies, com relação às classes. Já, dentro das progênies intra da população 2, em 126 delas, foi detectada diferença significativa ( $P < 0,05$ ). Parte da variação dentro das progênies é ambiental, contudo, também é esperada grande variação genética.

TABELA 8. Número de progênies com efeito significativo ( $P \leq 0,05$ ) para a decomposição da fonte de variação tipo de peneira dentro de progênie. Análises obtidas para as progênies intra ( $P_{11}$  e  $P_{22}$ ) e inter das populações 1 e 2 ( $P_{12}$  e  $P_{21}$ ).

População <sup>1/</sup>	Probabilidade 5%
$P_{11}$	54
$P_{22}$	126
$P_{12}$	91
$P_{21}$	112

<sup>1/</sup>  $P_{11}$ : Progênies intra da população 1;  
 $P_{22}$ : Progênies intra da população 2;  
 $P_{12}$ : Progênies inter do cruzamento da população 1 com a 2;  
 $P_{21}$ : Progênies inter do cruzamento da população 2 com a 1.

Os resumos das análises de variância dos números de plantas normais no teste padrão de germinação evidenciaram que a precisão experimental avaliada pelo coeficiente de variação foi semelhante entre as populações, o mesmo ocorrendo entre as progênies intra ou inter populacional (Tabela 9). Ocorreu heterogeneidade dos erros pelo teste de Bartlett (1937) citado por Ramalho et al. (2005) o que seria uma limitação à utilização do erro comum para representar todas as progênies. Isso ocorreu porque algumas progênies não apresentaram nenhuma plântula normal, ou seja, apenas plântulas anormais e mortas. Também porque, em um número expressivo de progênies, o número de plântulas normais foi o mesmo em todas as repetições. Em ambos os casos, a variância dentro para esses tratamentos foi nula. Essa foi, provavelmente, a razão de se ter detectado significância no referido teste. Tomando-se como referência, por exemplo, as progênies intra da população 1, a variância entre parcelas variou entre 0,0 e 7,2, confirmando que as variâncias podem ser consideradas homogêneas (Gomes, 2000). Constatou-se que, em todos os casos, foi detectada diferença significativa entre as progênies ( $P \leq 0,01$ ), evidenciando que elas diferem com relação ao teste padrão de germinação (TPG) (Tabela 9).

TABELA 9. Resumo das análises de variância do número de plântulas normais obtidas no teste padrão de germinação na avaliação de progênies intra ( $P_{11}$  e  $P_{22}$ ) e das progênies inter ( $P_{12}$  e  $P_{21}$ ) das populações 1 e 2 de milho, respectivamente.

	População $P_{11}$			População $P_{22}$		
	GL	QM	Prob.	GL	QM	Prob.
Entre progênies	163	41,740	0,0000	165	53,347	0,0000
Dentro	492	2,074		498	1,873	
Média		20,51			21,99	
CV		7,02			6,22	
	População $P_{12}$			População $P_{21}$		
	GL	QM	Prob.	GL	QM	Prob.
Entre progênies	163	42,51	0,0000	165	15,464	0,0000
Dentro	492	1,68		498	2,043	
Média		21,81			22,60	
CV		5,94			6,32	

A confirmação da existência de variação no TPG entre as progênies pode ser melhor observada por meio da distribuição de frequência das médias do número de plântulas normais no teste padrão de germinação (Figuras de 1 e 2). Veja que o número médio de plântulas normais das progênies intra da população 2 variou de 0 até 25,0, ou seja, em algumas progênies, não foram produzidas plântulas normais e, no outro extremo, a germinação e emergência foi de 100%. Entre as progênies intra da população 1, não ocorreu nenhuma em que o número de plântulas normais fosse nulo. Contudo, nota-se que, entre as progênies intra da população 2, ocorreu maior frequência das classes contendo mais de 21,25 plântulas normais, ou seja, superior a 85% de germinação, que é o padrão exigido pela legislação brasileira para liberação de um lote de sementes de milho para ser comercializado.

Pode-se observar que, entre as progênies inter, tendo como fêmea a população 1 ( $P_{12}$ ) (Figura 1B), o número médio de plântulas normais variou entre 6,0 e 25,0, enquanto na população  $P_{21}$  (Figura 2B) o número médio variou

entre 13,75 a 25,0. Quando se compara a população *per se* ( $P_{11}$ ), em combinação híbrida ( $P_{12}$ ), verifica-se maior freqüência das progênies nas classes superiores a 21,25 de plântulas normais nas progênies híbridas ( $P_{12}$ ), sendo 77 progênies em  $P_{11}$  e 114 em  $P_{12}$ . O mesmo pode ser observado em relação à população 2, ou seja, progênies híbridas apresentam maior germinação que as populações parentais, sendo 124 progênies em  $P_{22}$  e 134 progênies em  $P_{21}$ . Contudo, mesmo assim, pode-se verificar que ocorreram 30% de progênies híbridas, com percentagem de germinação abaixo do padrão de 85% de germinação (Figuras 1 e 2).

Uma observação importante é a comparação da média geral no teste padrão de germinação das progênies intra e inter populacionais. A média de plântulas normais das progênies da população inter  $P_{12}$ , cuja fêmea é a população 1, é igual a 21,81, sendo 5,96% superior à obtida pela mesma população intra -  $P_{11}$  (20,51). Esse resultado evidencia a existência de vigor do híbrido em relação à população  $P_{11}$ , enquanto que, quando a fêmea foi a população 2, a superioridade das progênies híbridas ( $P_{21}$ ) foi inferior (2,70%) em relação às progênies híbridas da população 1 -  $P_{12}$ (Tabela 9).

A verificação da existência de heterose (h) para o TPG é importante. A estimativa de h foi de 2,63% quando a fêmea foi a população 1 e de 6,35% quando a fêmea era a população 2, ou seja, a heterose média foi de 4,49% (Tabela 10). As estimativas da herdabilidade ( $h^2$ ) também possibilitam comprovar a existência de variabilidade entre as progênies (Tabela 10). Pode-se observar que os valores de  $h^2$  foram sempre superiores a 86% no TPG e que os intervalos de confiança da estimativa de herdabilidade foram também de pequena magnitude, evidenciando que a precisão experimental na obtenção dessas estimativas foi alta. Não se contataram diferenças expressivas nas estimativas de  $h^2$  em relação ao número de plântulas normais entre as progênies

TABELA 10. Resultados médios do teste padrão de germinação, envelhecimento acelerado, velocidade de germinação, estimativas de heterose, variância genética e herdabilidade das progênes intra e inter das populações 1 e 2.

	TPG (%)		EA (%)		VG	
	Pop. 1	Pop. 2	Pop. 1	Pop. 2	Pop. 1	Pop. 2
Média Intra	20,51	21,99	18,98	17,81	5,98	5,66
Média Inter	21,81	22,60	19,37	21,15	5,76	5,22
Heterose (%)	2,63	6,35	5,30	14,98	-1,03	-10,31
$\hat{\sigma}_p^2$ Intra	9,92	12,87	20,24	42,35	1,07	1,14
$\hat{\sigma}_p^2$ Inter	10,21	3,35	28,58	10,37	0,92	0,51
$\hat{h}^2$ Intra	95,03	96,49	96,97	98,89	97,09	96,69
LI <sup>1/</sup> (%)	93,56	95,46	96,07	98,56	96,23	95,72
LS <sup>2/</sup> (%)	96,10	97,24	97,62	99,13	97,72	97,40
$\hat{h}^2$ Inter	96,05	86,79	97,99	95,01	96,57	92,24
LI <sup>1/</sup> (%)	94,88	82,91	97,40	93,55	95,56	89,96
LS <sup>2/</sup> (%)	96,90	89,62	98,43	96,09	97,31	93,90

<sup>1/</sup> Limite inferior da estimativa com  $P \leq 0,05$ ;

<sup>2/</sup> Limite superior da estimativa com  $P \leq 0,05$ .

intra das duas populações, bem como quando se comparam as progênes intra com as interpulacionais.

Os resumos das análises de variância para o número de plântulas normais do teste de envelhecimento acelerado (EA) evidenciaram que a precisão experimental avaliada pelo coeficiente de variação foi também semelhante entre as populações, o mesmo ocorrendo entre as progênes intra ou inter populacionais. Novamente, foi detectada diferença significativa ( $P \leq 0,01$ ) entre as progênes, em todos os casos, também evidenciando a existência de diferença no vigor das sementes entre as progênes (Tabela 11).

O desempenho médio das progênes inter foi superior em relação à média das progênes intra, tanto na população 1 como na 2. As médias obtidas,

como era esperado, no EA, foram inferiores ao do TPG. Em todos os casos, foi inferior a 21,25 plântulas normais, ou seja, 85% de vigor. Chama a atenção, novamente, a maior média geral das progênies inter em relação às progênies intra, sendo 2,00% nas progênies da população 1 e de 15,79% nas progênies da população 2. A estimativa da heterose média (10,14%), nesse caso, foi 2,26 vezes superior ao do TPG, evidenciando que a heterose se acentua em condição de estresse, no caso, na condição do teste de envelhecimento acelerado (Tabelas 10 e 11).

TABELA 11. Resumos das análises de variância do número de plântulas normais obtidas no teste de envelhecimento acelerado na avaliação de progênies intra ( $P_{11}$  e  $P_{22}$ ) e das progênies inter ( $P_{12}$  e  $P_{21}$ ) das populações de milho e 2, respectivamente.

	População $P_{11}$			População $P_{22}$		
	GL	QM	Prob.	GL	QM	Prob.
Entre progênies	163	83,501	0,0000	165	171,298	0,0000
Dentro	492	2,530		498	1,903	
Média		18,98			17,81	
CV		8,38			7,75	
	População $P_{12}$			População $P_{21}$		
	GL	QM	Prob.	GL	QM	Prob.
Entre progênies	163	116,664	0,0000	165	43,655	0,0000
Dentro	492	2,339		498	2,176	
Média		19,37			21,16	
CV		7,90			6,98	

Pode-se confirmar a variação entre as progênies por meio da distribuição de frequência das médias do número de plântulas normais no EA (Figuras 3 e 4). Observa-se que, na população inter, cuja fêmea é a população 1 ( $P_{12}$ ), as progênies apresentaram média de plântulas normais que variaram de 0 a 25, bem como na população intra da população 2 ( $P_{22}$ ), enquanto que, nas progênies intra da população 1 ( $P_{11}$ ), as médias variaram de 1,75 a 24,5 e na população inter  $P_{21}$  existem médias entre 1,5 e 25. Veja, contudo, que é possível selecionar progênies cujo número de plântulas normais no EA seja superior a 85%. Considerando as progênies das populações intra da população 1, 67 progênies apresentaram mais de 21,25 plântulas normais; já nas progênies inter  $P_{12}$ , esse número é superior, 80 progênies. O mesmo foi observado para as progênies da população 2, em que, em  $P_{22}$  apresentou 72 enquanto em  $P_{21}$  existiram 103 progênies superiores à 21,25 plântulas normais no EA. Novamente, ficou evidenciada a existência de heterose para esse caráter.

A possibilidade de sucesso com a seleção é confirmada por meio das estimativas de herdabilidade. Observe, pelos dados da Tabela 10, que os valores de  $h^2$  foram superiores a 95%. Nesse caso, também com pequeno erro associado, mostrando que as progênies foram avaliadas com boa precisão experimental para esse caráter, como comentado anteriormente.

Os resumos das análises de variância da velocidade de germinação (VG), também mostraram boa precisão experimental, avaliada pelo coeficiente de variação ( $P \leq 0,01$ ). As estimativas foram muito semelhantes, tanto entre populações e entre progênies intra e inter dentro da mesma população (Tabela 12).

Observando a distribuição de frequência da velocidade de germinação (Figuras 5 e 6), pode-se perceber uma redução das frequências das progênies com o aumento da velocidade de germinação. Essa redução é mais acentuada nas progênies inter das duas populações  $P_{12}$  e  $P_{21}$ . A população  $P_{22}$  variou de 4 a



10,0; a população  $P_{21}$  variou de 4,09 a 7,66, a  $P_{11}$  variou de 4 a 8,44 e a  $P_{12}$  de 4,06 a 8,95, quanto à velocidade de germinação. Observou-se que, nas progênies intra da população 1, 145 progênies ficaram com velocidade de germinação inferior a 7 e nas inter, 156 progênies. No caso da população 2, foram observadas 140 progênies intra com velocidade de germinação inferior a 7 e nas inter, 165 progênies.

Pelos dados da Tabela 12, podem-se verificar as médias das progênies das populações intra e inter. Percebe-se que tanto na população 1 como na população 2 houve uma redução na média da VG, promovendo heterose no sentido de reduzir o número de dias necessários na germinação. Na população 2, esta redução é bem mais expressiva (10,31). As estimativas de herdabilidade permitem observar que, realmente, existe variabilidade entre as progênies quanto à velocidade de germinação (Tabela 10).

TABELA 12. Resumos das análises de variância da velocidade de germinação na avaliação de progênies intra ( $P_{11}$  e  $P_{22}$ ) e das progênies inter ( $P_{12}$  e  $P_{21}$ ) das populações de milho 1 e 2, respectivamente.

	População $P_{11}$			População $P_{22}$		
	GL	QM	Prob.	GL	QM	Prob.
Entre progênies	163	4,397	0,0000	165	4,712	0,0000
Dentro	492	0,128		498	0,156	
Média		5,78			5,66	
CV		6,20			6,97	
	População $P_{12}$			População $P_{21}$		
	GL	QM	Prob.	GL	QM	Prob.
Entre progênies	163	3,825	0,0000	165	2,203	0,0000
Dentro	492	0,131		498	0,171	
Média		5,76			5,22	
CV		6,29			7,91	

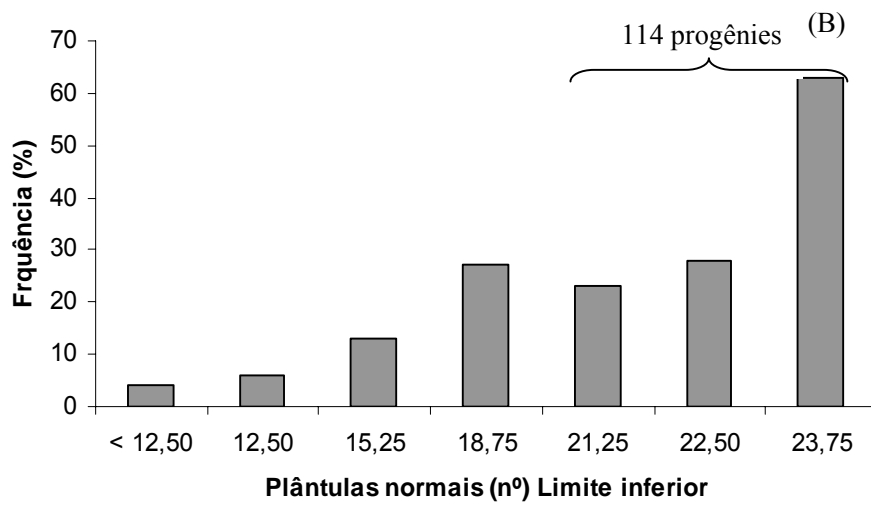
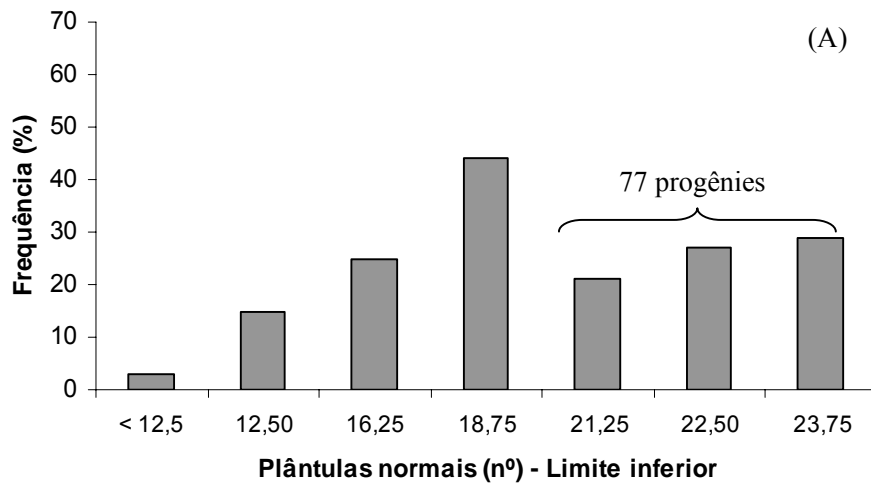


FIGURA 1. Distribuição de frequência do número de plântulas normais obtidas no teste padrão de germinação das progênies intra (A) e inter (B), da população 1.

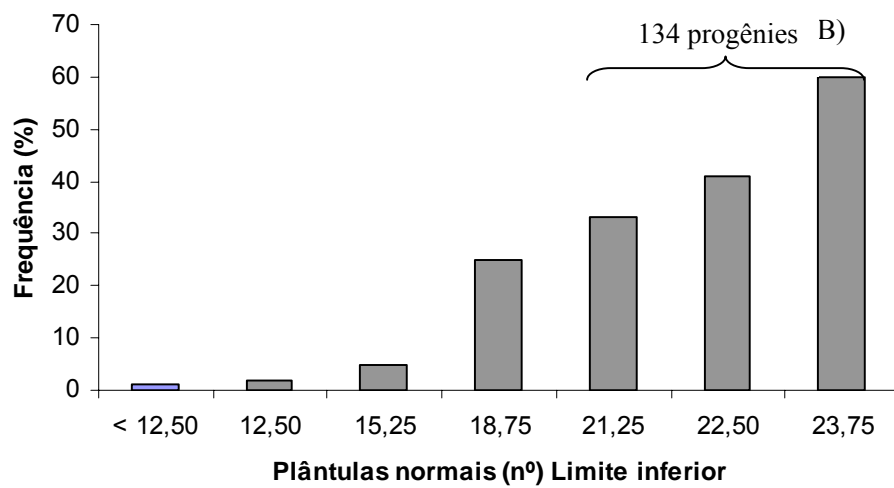
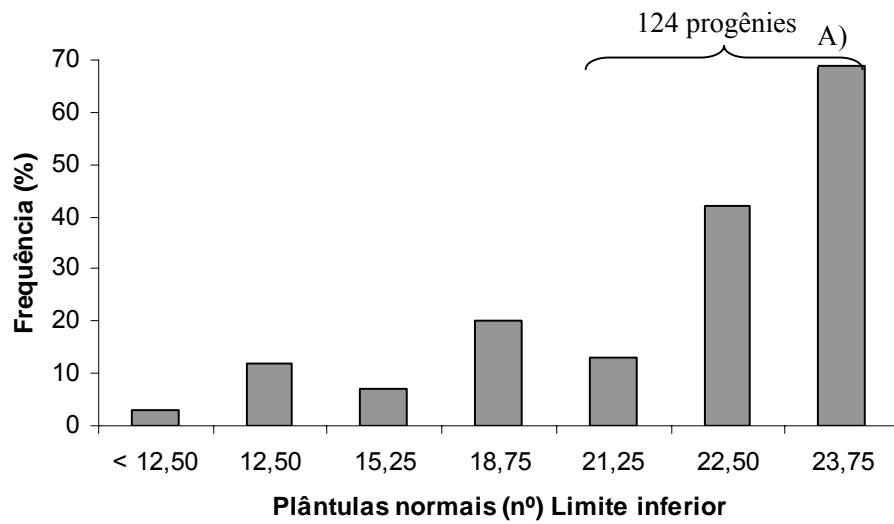


FIGURA 2. Distribuição de frequência do número de plântulas normais obtidas no teste padrão de germinação de progênies intra (A) e inter (B), da população 2.

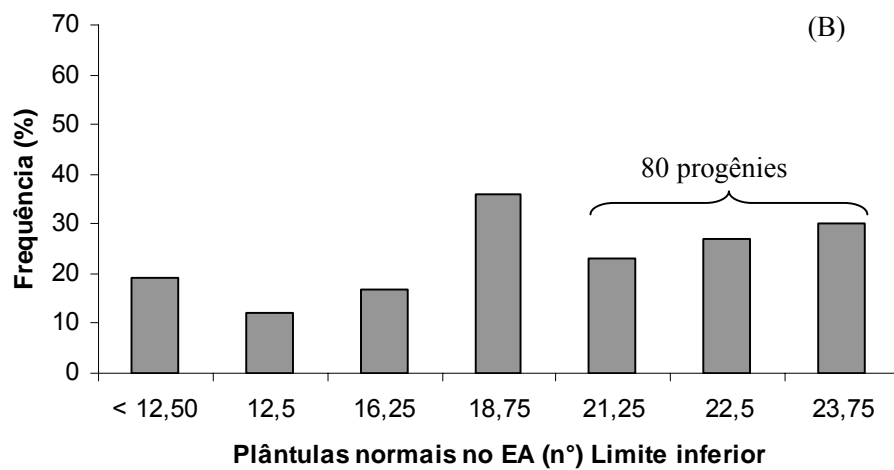
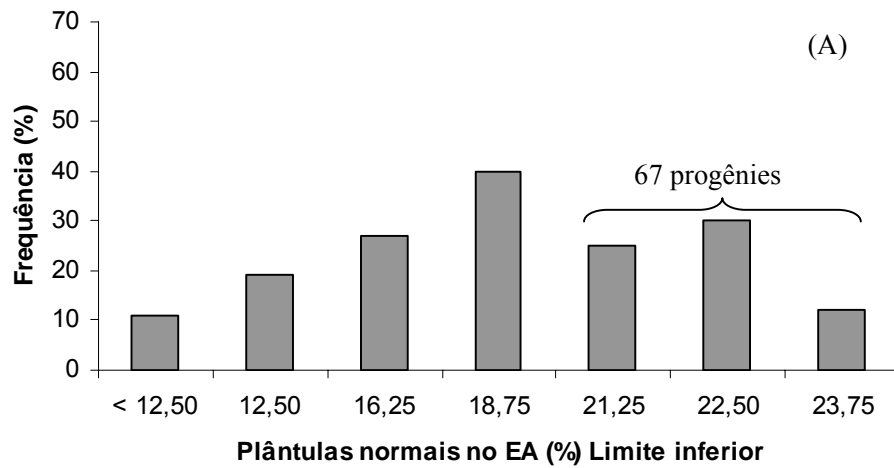


FIGURA 3. Distribuição de frequência do número de plântulas normais obtidas no teste de envelhecimento acelerado de progênes intra (A) e inter (B), da população 1.

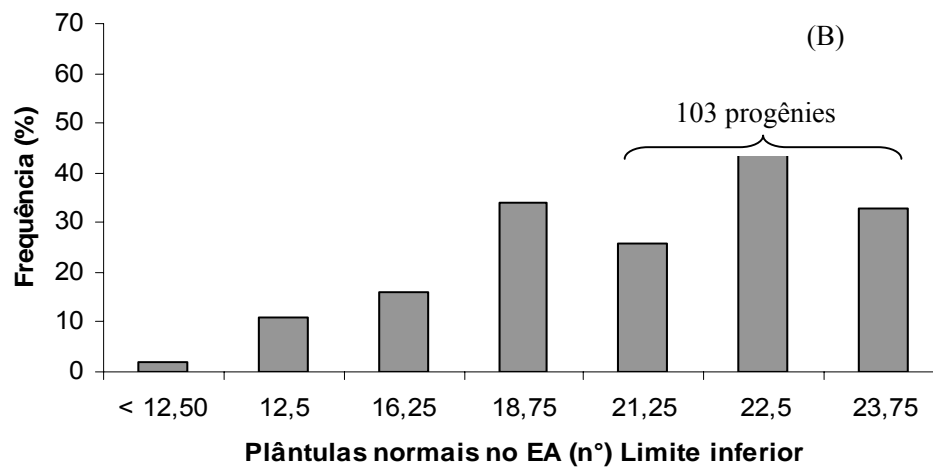
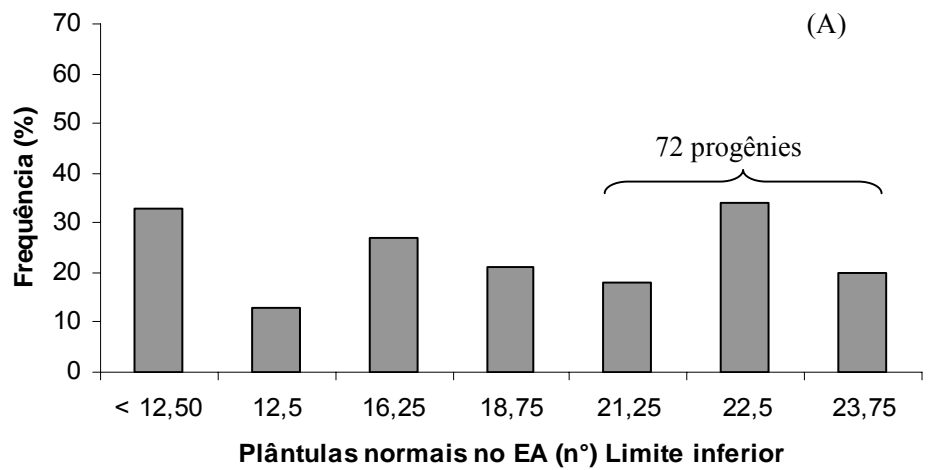


FIGURA 4. Distribuição de frequência do número de plântulas normais obtidas no teste de envelhecimento acelerado de progênes intra (A) e inter (B), da população 2.

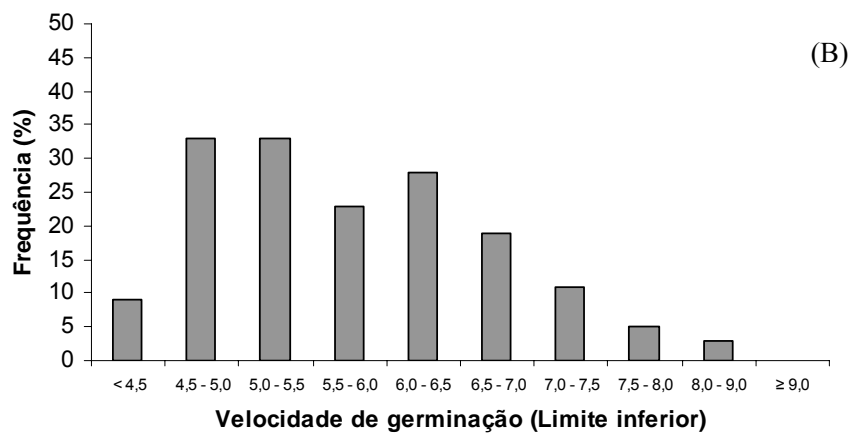
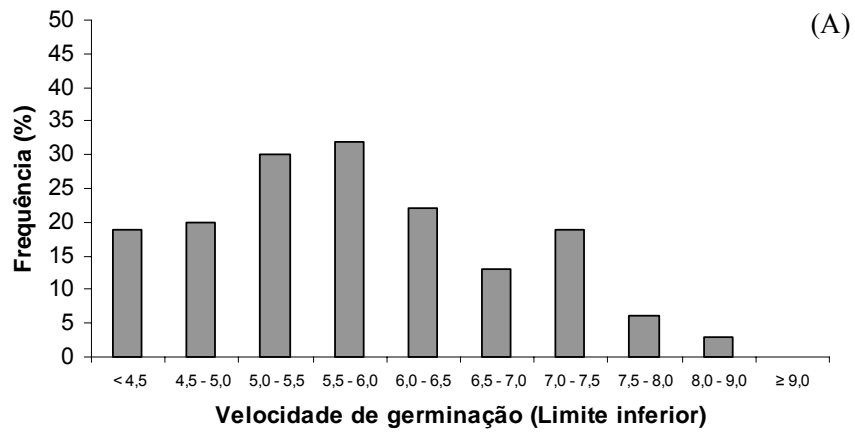


FIGURA 5. Distribuição de freqüência da velocidade de germinação de progênies intra (A) e inter (B), da população1.

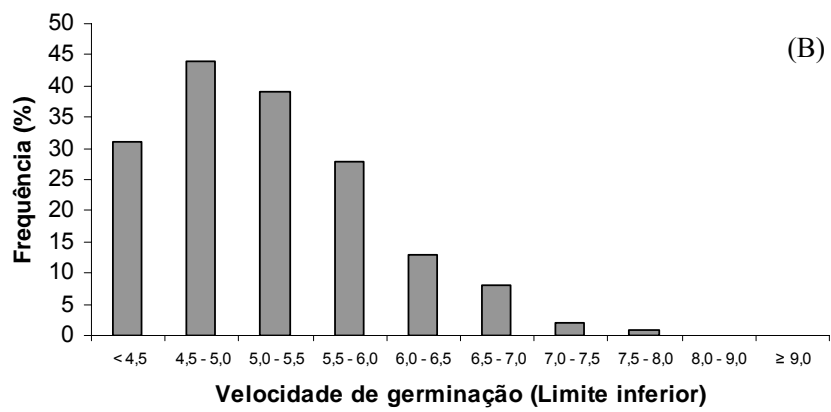
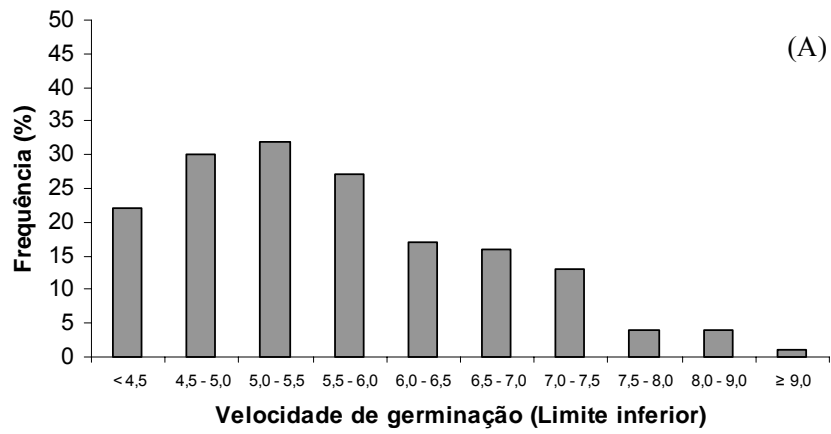


FIGURA 6. Distribuição de freqüência da velocidade de germinação de progênies intra (A) e inter (B), da população 2.

No teste padrão de germinação, pela decomposição da variância genética inter populacional ( $\sigma_{Pij}^2$ ), verifica-se (Tabelas 13 e 14), no modelo completo, que a variância aditiva intrapopulacional ( $\sigma_{A11}^2$  ou  $\sigma_{A22}^2$ ) foi de grande magnitude em todas as situações. A variância genética dos desvios dos efeitos aditivos inter e intrapopulacionais, ao contrário do que era esperado, foi negativa para a população 2. Contudo, este valor deve ser nulo, pois com a retirada desse componente em relação ao modelo completo, para ambas as populações, o  $R^2$  continuou sendo praticamente igual a 1 ( $R^2 = 0,98$ ). Já, a covariância genética dos efeitos aditivos intra com os desvios dos efeitos aditivos intra e inter foi negativa. Verificou-se também que a exclusão da  $Cov_{A1\tau12}$  e  $\sigma_{\tau12}^2$  apresentou, de modo geral, maior redução na estimativa de  $\hat{R}^2$ , demonstrando a importância da  $Cov_{A1\tau12}$  na variância genética inter populacional, independente da população utilizada como fêmea.

Com relação ao teste de envelhecimento acelerado, pode-se verificar que a variância genética entre progênies intra ( $\sigma_{P11}^2$ ) foi inferior em relação à variância inter populacional na população 1 ( $\sigma_{P12}^2$ ), enquanto na população 2,  $\sigma_{P21}^2$  foi superior a  $\sigma_{P22}^2$ . Novamente, percebe-se que a variância das progênies inter na população 2 foi bem inferior em relação à população 1 ( $\hat{\sigma}_{P21}^2 = 10,3697$ ). As covariâncias das populações 1 e 2 foram bem inferiores às variâncias, 0,7376 e -3,534, respectivamente (Tabelas 19 e 20).



TABELA 13. Estimativas dos componentes das variâncias do erro intra ( $\sigma_{e11}^2$ ) e interpopulacional ( $\sigma_{e12}^2$ ), das covariâncias entre elas ( $Cov_{e112}$ ), da variância genética aditiva intra ( $\sigma_{A11}^2$ ), dos desvios dos efeitos aditivos intra por interpopulacionais ( $\sigma_{\tau12}^2$ ) e das covariâncias dos efeitos aditivos com seus desvios intra por interpopulacionais ( $Cov_{A1\tau12}$ ), das plântulas normais no teste padrão de germinação, nas progênies da população 1.

Estimativas	Modelo		
	Completo	Sem $\sigma_{\tau12}^2$	Sem $\sigma_{\tau12}^2$ e $Cov_{A1\tau12}$
$\sigma_{e11}^2$	2,0740 (1,84; 2,36) <sup>1/</sup>	2,0673 (1,83; 2,35) <sup>1/</sup>	2,1110 (1,87; 2,40) <sup>1/</sup>
$\sigma_{e12}^2$	1,6790 (1,49; 1,91)	1,6879 (1,49; 1,92)	1,7110 (1,52; 1,95)
$Cov_{e112}$	0,0755 (0,07; 0,09)	0,0755 (0,07; 0,09)	0,0754 (0,07; 0,08)
$\sigma_{A11}^2$	158,6640 (129,15; 199,64)	219,7800 (189,42; 258,10)	88,4504 (77,48; 101,92)
$\sigma_{\tau12}^2$	70,6409 (59,51; 85,24)	-	-
$Cov_{A1\tau12}$	-16,4982 (-13,47; -20,68)	-24,0825 (-20,82; -28,18)	-
$\hat{R}_2$	1,00	0,98	0,88
Número de Iterações	2	7	8

<sup>1/</sup> Limite inferior e superior da estimativa, respectivamente, com 95% de probabilidade.

TABELA 14. Estimativas dos componentes das variâncias do erro intra ( $\sigma_{e11}^2$ ) e interpopulacional ( $\sigma_{e12}^2$ ), das covariâncias entre elas ( $Cov_{e112}$ ), da variância genética aditiva intra ( $\sigma_{A11}^2$ ), dos desvios dos efeitos aditivos intra por interpopulacionais ( $\sigma_{\tau12}^2$ ) e das covariâncias dos efeitos aditivos com seus desvios intra por interpopulacionais ( $Cov_{A1\tau12}$ ), das plântulas normais no teste padrão de germinação, nas progênies da população 2.

Estimativas	Modelo		
	Completo	Sem $\sigma_{\tau21}^2$	Sem $\sigma_{\tau21}^2$ e $Cov_{A2\tau21}$
$\sigma_{e22}^2$	1,8730 (1,66; 2,13) <sup>1/</sup>	1,8811 (1,66; 2,14) <sup>1/</sup>	2,058 (1,82; 2,34) <sup>1/</sup>
$\sigma_{e21}^2$	2,0430 (1,81; 2,32)	2,0241 (1,79; 2,30)	2,036 (1,81; 2,31)
$Cov_{e221}$	0,0610 (0,05; 0,07)	0,0610 (0,05; 0,07)	0,060 (0,05; 0,07)
$\sigma_{A22}^2$	205,8960 (167,80; 258,69)	158,4737 (136,79; 185,77)	58,71 (51,35; 67,78)
$\sigma_{\tau21}^2$	-51,1990 (-43,50; -61,15)	-	-
$Cov_{A2\tau21}$	-25,2532 (-20,58; -31,73)	-19,3272 (-16,69; -22,65)	-
$\hat{R}_2$	1,00	0,98	0,7094
Número de iterações	0	6	33

<sup>1/</sup> Limite inferior e superior da estimativa, respectivamente, com 95% de probabilidade.

Nas Tabelas 15 e 16 estão as estimativas dos componentes das variâncias genéticas ( $\hat{\sigma}_{P12}^2$  e  $\hat{\sigma}_{P21}^2$ ) para o teste de envelhecimento acelerado. Pode-se verificar resultados muito semelhantes ao relatado para o TPG. Novamente, a

exclusão de  $\hat{\sigma}_{\tau 12}^2$  praticamente não afetou o ajuste do modelo indicando que, provavelmente, esse componente não é expressivo. Também foi observado que as covariâncias dos efeitos aditivos com seus desvios intra por interpopulacionais são negativas. A variância genética aditiva das duas populações  $\hat{\sigma}_{A11}^2$  e  $\hat{\sigma}_{A22}^2$  são de grande magnitude e semelhantes.

TABELA 15. Estimativas dos componentes das variâncias do erro intra ( $\sigma_{e11}^2$ ) e interpopulacional ( $\sigma_{e12}^2$ ), das covariâncias entre elas ( $Cov_{e112}$ ), da variância genética aditiva intra ( $\sigma_{A11}^2$ ), dos desvios dos efeitos aditivos intra por interpopulacionais ( $\sigma_{\tau 12}^2$ ) e das covariâncias dos efeitos aditivos com seus desvios intra por interpopulacionais ( $Cov_{A1\tau 12}$ ), das plântulas normais no teste de envelhecimento acelerado, nas progênies da população 1.

Estimativas	Modelo		
	Completo	Sem $\sigma_{\tau 12}^2$	Sem $\sigma_{\tau 12}^2$ e $Cov_{A1\tau 12}$
$\sigma_{e11}^2$	2,5300 (2,24; 2,88) <sup>1/</sup>	2,5236 (2,23; 2,87) <sup>1/</sup>	2,5581 (2,26; 2,91) <sup>1/</sup>
$\sigma_{e12}^2$	2,3390 (2,07; 2,66)	2,3499 (2,08; 2,67)	2,3887 (2,12; 2,72)
$Cov_{e112}$	0,0935 (0,08; 0,11)	0,0934 (0,08; 0,11)	0,0934 (0,82; 0,11)
$\sigma_{A11}^2$	323,8840 (263,64; 407,53)	603,7509 (520,82; 708,32)	192,0930 (168,54; 220,97)
$\sigma_{\tau 12}^2$	289,4570 (240,57; 354,99)	-	-
$Cov_{A1\tau 12}$	-39,0102 (-31,75; -49,08)	-73,9866 (-63,82; -86,80)	-
$\hat{R}_2$	1,00	0,97	0,8035
Número de iterações	0	5	8

<sup>1/</sup> Limite inferior e superior da estimativa, respectivamente, com 95% de probabilidade.

TABELA 16. Estimativas dos componentes das variâncias do erro intra ( $\sigma_{e11}^2$ ) e interpopulacional ( $\sigma_{e12}^2$ ), das covariâncias entre elas ( $Cov_{e112}$ ), da variância genética aditiva intra ( $\sigma_{A11}^2$ ), dos desvios dos efeitos aditivos intra por interpopulacionais ( $\sigma_{\tau12}^2$ ) e das covariâncias dos efeitos aditivos com seus desvios intra por interpopulacionais ( $Cov_{A1\tau12}$ ), das plântulas normais no teste de envelhecimento, acelerado nas progênies da população 2.

Estimativas	Modelo		
	Completo	Sem $\sigma_{\tau21}^2$	Sem $\sigma_{\tau21}^2$ e $Cov_{A2\tau21}$
$\sigma_{e22}^2$	1,9030 (1,69; 2,16) <sup>1/</sup>	1,9057 (1,68; 2,16) <sup>1/</sup>	1,9849 (1,76; 2,26)
$\sigma_{e21}^2$	2,1760 (1,93; 2,47)	2,1688 (1,92; 2,47)	2,1748 (1,93; 2,47)
$Cov_{e221}$	0,0830 (0,07; 0,09)	0,0830 (0,07; 0,09)	0,083 (0,07; 0,09)
$\sigma_{A22}^2$	677,5800 (552,21; 851,32)	519,8327 (448,81; 609,25)	172,2260 (151,25; 197,91)
$\sigma_{\tau21}^2$	-144,6020 (-122,14; -173,92)	-	-
$Cov_{A2\tau21}$	-91,7655 (-74,83; -115,21)	-72,1627 (-62,53; -84,21)	-
$\hat{R}_2$	1,00	0,98	0,5840
Número de iterações	0	6	6

<sup>1/</sup> Limite inferior e superior da estimativa, respectivamente, com 95% de probabilidade.

Na decomposição dos parâmetros na velocidade de germinação, demonstrados nas Tabelas 17 e 18, pode-se observar, à semelhança dos caracteres anteriores, que a variância dos desvios dos efeitos aditivos intra por interpopulacionais nas duas populações deve ser nula também. Observou-se,

novamente, que as covariâncias foram negativas nas duas populações, porém, de magnitude bem inferior às estimativas da variância genética aditiva intrapopulacional.

TABELA 17. Estimativas dos componentes das variâncias do erro intra ( $\sigma_{e11}^2$ ) e interpopulacional ( $\sigma_{e12}^2$ ), das covariâncias entre elas ( $Cov_{e112}$ ), da variância genética aditiva intra ( $\sigma_{A11}^2$ ), dos desvios dos efeitos aditivos intra por interpopulacionais ( $\sigma_{\tau12}^2$ ) e das covariâncias dos efeitos aditivos com seus desvios intra por interpopulacionais ( $Cov_{A1\tau12}$ ), da velocidade de germinação, nas progênies da população 1.

Estimativas	Modelo		
	Completo	Sem $\sigma_{\tau21}^2$	Sem $\sigma_{\tau21}^2$ e $Cov_{A1\tau12}$
$\sigma_{e11}^2$	0,1280 (0,11; 0,15) <sup>1/</sup>	0,1277 (0,11; 0,14) <sup>1/</sup>	0,1304 (0,11; 0,15) <sup>1/</sup>
$\sigma_{e12}^2$	0,1310 (0,12; 0,15)	0,1314 (0,12; 0,15)	0,1328 (0,11; 0,15)
$Cov_{e112}$	0,0065 (0,0057; 0,0073)	0,0065 (0,0057; 0,0074)	0,0065 (0,0057; 0,0073)
$\sigma_{A11}^2$	17,0760 (13,90; 21,49)	21,9435 (18,92; 25,75)	8,3980 (7,36; 9,66)
$\sigma_{\tau12}^2$	5,3890 (4,57; 6,45)	-	-
$Cov_{A1\tau12}$	-1,9220 (-1,56; -2,41)	-2,5289 (-2,18; -2,96)	-
$\hat{R}_2$	1,00	0,99	0,85
Número de iterações	0	5	7

<sup>1/</sup> Limite inferior e superior da estimativa, respectivamente, com 95% de probabilidade

TABELA 18. Estimativas dos componentes das variâncias do erro intra ( $\sigma_{e11}^2$ ) e interpopulacional ( $\sigma_{e12}^2$ ), das covariâncias entre elas ( $Cov_{e112}$ ), da variância genética aditiva intra ( $\sigma_{A11}^2$ ), dos desvios dos efeitos aditivos intra por interpopulacionais ( $\sigma_{\tau12}^2$ ) e das covariâncias dos efeitos aditivos com seus desvios intra por interpopulacionais ( $Cov_{A1\tau12}$ ), da velocidade de germinação, nas progênes da população 2.

Estimativas	Modelo		
	Completo	Sem $\sigma_{\tau21}^2$	Sem $\sigma_{\tau21}^2$ e $Cov_{A2\tau21}$
$\sigma_{e22}^2$	0,1560 (0,13; 0,18) <sup>1/</sup>	0,1560 (0,13; 0,18) <sup>1/</sup>	1,3010 (1,17; 1,4) <sup>1/</sup>
$\sigma_{e21}^2$	0,1710 (0,16; 0,19)	0,17 (0,15; 0,19)	0,6839 (0,61; 0,76)
$Cov_{e221}$	0,0020 (0,0017; 0,0022)	0,0020 (0,0017; 0,0022)	0,0020 (0,0017; 0,0022)
$\sigma_{A22}^2$	18,2237 (14,8520; 22,8966)	17,28 (14,924; 20,25)	-0,0011 (-0,0010; -0,0013)
$\sigma_{\tau21}^2$	-0,9778 (-0,84; -1,15)	-	-
$Cov_{A2\tau21}$	-2,2790 (-1,86; 2,86)	-2,16 (-1,87; -2,53)	-
$\hat{R}_2$	1,00	0,99	0,50
Número de iterações	0	4933	5

<sup>1/</sup> Limite inferior e superior da estimativa, respectivamente, com 95% de probabilidade.

As estimativas das variâncias genéticas entre progênes intra, com relação ao caráter velocidade de germinação, são semelhantes nas duas populações. Contudo, entre progênes inter, verifica-se diferença entre as duas

populações, sendo de maior magnitude na população 1 ( $\hat{\sigma}_{P12}^2 = 0,9235$ ) em relação à população 2 ( $\hat{\sigma}_{P21}^2 = 0,5080$ ). As covariâncias entre as progênies intra e inter foram bem inferiores às variâncias, sendo, inclusive, negativa na população 2 ( $C\hat{ov}_{P2P21} = -0,00075$ ) (Tabelas 19 e 20).

As estimativas da variância genética entre progênies intra ( $\sigma_{Pii}^2$ ), para o TPG, foram muito semelhantes entre as populações. Contudo, quando se comparam as progênies inter, constata-se que a variância entre progênies utilizando a população 2 como fêmea foi bem inferior. A covariância genética entre o desempenho das progênies intra e inter foi bem inferior à variância genética intra ou inter de ambas as populações (Tabelas 19 e 20).

As estimativas do ganho com a seleção estão demonstradas na Tabela 21. Observaram-se ganhos com a seleção bastante expressivos em todas as avaliações, TPG, EA e VG, variando entre 9,11% a 35,31%, tanto para as populações intra como inter populacionais. No TPG, os ganhos variaram entre 9,11% a 18,14%; no EA, variaram entre 17,59% a 35,31% e, na VG, entre 21,07% a 27,08%.

TABELA 19. Estimativas das variâncias genéticas entre progênies ao nível intra ( $\hat{\sigma}_{P11}^2$ ) e interpopulacional ( $\hat{\sigma}_{P12}^2$ ), e das covariâncias entre elas ( $C\hat{ov}_{P1P12}$ ) para o número de plântulas normais no teste padrão de germinação (TPG) e envelhecimento acelerado (EA) e para a velocidade de germinação (VG), nas progênies da população 1.

Caracteres	Estimativas		
	$\hat{\sigma}_{P11}^2$	$\hat{\sigma}_{P12}^2$	$C\hat{ov}_{P1P12}$
TPG	9,9165	10,2070	1,6674
EA	20,2427	28,5812	0,7376
VG	1,0672	0,9235	0,1061

TABELA 20. Estimativas das variâncias genéticas entre progênies ao nível intra ( $\hat{\sigma}_{P22}^2$ ) e interpopulacional ( $\hat{\sigma}_{P21}^2$ ), e das covariâncias entre elas ( $C\hat{o}v_{P2P21}$ ) para o número de plântulas normais no teste padrão de germinação (TPG) e envelhecimento acelerado (EA) e para a velocidade de germinação (VG), nas progênies da população 2.

Caracteres	Estimativas		
	$\hat{\sigma}_{P22}^2$	$\hat{\sigma}_{P21}^2$	$C\hat{o}v_{P2P21}$
TPG	12,8685	3,3552	0,2419
EA	42,3487	10,3697	-3,534
VG	1,139	0,5080	-0,00075

TABELA 21. Estimativas do ganho com a seleção, médias originais das progênies, médias das progênies selecionadas e melhoradas referentes ao teste padrão de germinação (TPG), envelhecimento acelerado (EA) e velocidade de germinação.

	População	Mo	GS	GS/Mo x 100
TPG	P <sub>11</sub>	20,51	3,72	18,14
	P <sub>12</sub>	21,81	2,43	11,14
	P <sub>22</sub>	21,99	2,27	10,32
	P <sub>21</sub>	22,60	2,06	9,11
EA	P <sub>11</sub>	18,98	5,14	27,08
	P <sub>12</sub>	19,37	4,92	25,40
	P <sub>22</sub>	17,81	6,29	35,31
	P <sub>21</sub>	21,15	3,72	17,59
VG	P <sub>11</sub>	5,78	-1,48	25,60
	P <sub>12</sub>	5,76	-1,56	27,08
	P <sub>22</sub>	5,66	-1,32	23,32
	P <sub>21</sub>	5,22	-1,10	21,07



## 5 DISCUSSÃO

Como havia necessidade de um maior número de sementes para a realização dos testes, foi utilizada a mistura das sementes de cada progênie de meios-irmãos. Isto é, as progênies de meios irmãos das populações foram semeadas em linha, para ampliar o número de sementes de cada progênie intra e também obter sementes das progênies interpopulacionais em maior quantidade. Não foram encontrados relatos, na literatura, desse procedimento com a cultura do milho. O que normalmente se emprega quando há necessidade de maior quantidade de semente é a obtenção de progênies de meios irmãos, seja intra ou inter, a partir de progênies  $S_1$ , ou seja, pela autofecundação de plantas  $S_0$  (Arias, 1995). Esse tipo de progênie, que está sendo denominado de “bulk de progênies de meios irmãos”, tem o inconveniente de a variância genética entre progênies ( $\sigma_p^2$ ) conter apenas 1/16 da variância genética aditiva (Anexo 1A). Contudo, como foi constatado, para os caracteres considerados, a variância genética entre as progênies foi expressiva, não restringindo as inferências a serem realizadas.

As populações, como mencionado anteriormente, são oriundas de dois híbridos simples comerciais e que foram submetidas a alguns ciclos de recombinação. Elas demonstraram, em experimentos preliminares, boa capacidade de combinação para produtividade de grãos. Em uma população derivada de um híbrido simples, a frequência do alelo favorável pode assumir os valores de  $p = 0$ , quando está fixado o alelo desfavorável;  $p = 1,0$  quando está fixado o alelo favorável e  $p = 1/2$ , nos locos em que as duas linhagens parentais são contrastantes. Considerando que ambos os híbridos eram produtivos, pode-se inferir que, em grande parte dos locos, para produtividade de grãos, a frequência predominante dos locos seria de 1 ou  $1/2$ . Contudo, para características

associadas à qualidade fisiológica de sementes, não se têm condições de fazer nenhuma inferência a respeito das frequências alélicas.

Numa espiga de milho, há diferença no tamanho das sementes. Quando se considera uma linhagem ou híbrido simples, a diferença é apenas ambiental. Contudo, quando se têm outros tipos de híbridos ou, mesmo, população derivada de híbridos simples, que se refere ao presente caso, a diferença no tamanho das sementes deve ser de natureza genética e ambiental. Infelizmente, na literatura, existem poucos relatos sobre o controle genético do tamanho dos grãos. É possível, inclusive, que esse caráter possua forte influência do tecido materno, isto é, o tamanho dependeria do pericarpo, que é tecido materno, independe da polinização e, portanto, não tem xênia (Bulant & Gallais, 1998; Mercer, 2001). Assim, o pericarpo pode ser o responsável pelo maior ou menor tamanho dos grãos.

Constatou-se, entre as progênies de meios irmãos, tanto intra como inter populacionais, variação no tamanho dos grãos. Na literatura, há relatos do efeito do tamanho das sementes na germinação, emergência e outros caracteres da planta em milho. Silva (2000) comparou cinco classes de peneiras, 18, 20, 22 e 24, de três híbridos comerciais e constatou que o tamanho das sementes não afetou a germinação e a emergência sob condições de campo e laboratório. Outros trabalhos chegaram a resultados semelhantes com milho (Andrade et al., 1997; García & Carballo, 1983; Hicks et al., 1976; Hunter & Kannenberg, 1972; Marcos Filho et al., 1977; Martinelli, 1998; Von Pinho et al., 1995). Contudo, em outros trabalhos, foram evidenciados resultados contraditórios (Cameron et al., 1962; Fratin, 1987; Menezes et al., 1991; Piana, 1994; Zinlsy & Vencovski, 1968). Considerando que, de modo geral, as progênies diferiram na percentagem de sementes em cada classe de peneira (Tabela 7), optou-se por realizar as avaliações das sementes das progênies, considerando apenas um tamanho de peneira, ou seja, a peneira 22. No caso, a população 2 apresentou uma

concentração superior de sementes na peneira 22, comparado com a população 1, bem como uma menor concentração de sementes no fundo, podendo-se inferir em melhor qualidade da semente produzida da população 2. Isto é devido ao fato de que o consumidor de sementes de milho tem preferência por sementes que se concentram em peneiras de furo maior, por exemplo, a peneira 22.

Quando se avalia um grande número de tratamentos, como ocorreu no presente trabalho, uma preocupação é com a precisão experimental. No presente trabalho, a precisão experimental pode ser considerada boa. O coeficiente de variação (CV) foi, em todos os casos, inferior a 9%. Esses valores são semelhantes ao que tem sido relatado na literatura, em experimentos sobre germinação e vigor conduzidos em laboratório de análise de sementes, com a cultura do milho (Silva & Marcos Filho, 1982; Silva, 2000).

No teste padrão de germinação, a média geral das progênies híbridas das duas populações foi de 88,8% (22,2 plântulas em 25 sementes). Esse valor é superior ao obtido por Lobato et al. (2005), que foi de 78%, avaliando essas mesmas populações em campo de sementes produzidos em duas épocas, setembro e dezembro. Na média das progênies intra, a germinação foi inferior na população 1; 82% em relação à população 2.

O Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) estabelece padrões para a produção e a comercialização de sementes de milho no Brasil. É considerado como padrão para o teste de germinação, o valor superior a 85% (IN n°25 de 16 de dezembro de 2005). No presente caso, esse valor corresponde a, pelo menos, 21,25 plântulas normais. Nas Figuras 1 e 2, percebe-se que, em todos os casos, ocorreram progênies com média abaixo desse valor. Contudo, a proporção foi maior na população 1, ou seja, 53,04% das progênies intra. Por outro lado, nas progênies inter, independente da população, esse valor foi de 24,88%. Em princípio, isso evidencia que há possibilidade de selecionar

para o caráter germinação e, com isso, obter progênies melhoradas, tanto nas populações *per se* como no híbrido.

Foi observada a presença de heterose (h) no TPG e EA, tanto na população 1 como na população 2. O valor médio obtido foi  $h = 4,5\%$ , para TPG e  $10,1\%$ , para o EA (Tabela 10). No caso da velocidade de germinação, o que se deseja é que o valor seja o menor possível. Na estimativa, a heterose média das duas populações foi de  $-5,7\%$ . A existência de heterose no TPG e EA em milho também foi observada por Gomes et al. (2000). Neste trabalho, a estimativa de heterose variou, entre os 15 híbridos simples avaliados, de  $-6,3\%$  a  $8,4\%$ . Sendo a heterose média observada igual a  $2,65\%$ , no TPG e no EA mostraram-se todas positivas, variando de  $1,9\%$  a  $22,3\%$ , indicando que as sementes híbridas possuem vigor mais elevado que as sementes das linhagens. Já Hoecker et al. (2006) estimaram a heterose envolvendo 12 híbridos simples, para caracteres que se expressam logo após a emergência. Esses autores encontraram os seguintes valores de heterose: comprimento da raiz primária aos três dias ( $-12,1\%$  a  $134,3\%$ ), largura da raiz primária aos três dias ( $1,1\%$  a  $12,2\%$ ), densidade das raízes laterais aos cinco dias ( $-11,1\%$  a  $130,0\%$ ) e número de raízes seminais aos 14 dias ( $-11,5\%$  a  $59,6\%$ ). Há, contudo, relatos de heterose para outros caracteres na cultura do milho, especialmente produtividade de grãos, bem superiores a esses (Souza Sobrinho et al., 2001).

Considerando um loco, a heterose é expressa por  $h = y^2 \delta$ , em que  $y$  é a divergência genética, ou seja, a diferença nas frequências alélicas das populações envolvidas e  $\delta$  é o desvio do heterozigoto em relação à média do caráter, efeito de dominância (Falconer & Mackay, 1996). Assim, pode-se inferir que as duas populações devem ser divergentes para a característica associada à germinação das sementes e ocorre dominância na expressão dessa característica, porém, ela não é muito expressiva.

A herdabilidade ( $h^2$ ) é uma estimativa muito importante porque ela permite avaliar a possibilidade de sucesso com a seleção. No caso dos caracteres avaliados, para todas as populações, a  $h^2$  para a seleção na média das progênes foi sempre superior a 86% e com pequeno erro associado à estimativa. Considerando que o tipo de progênes utilizadas, “bulk dentro de progênes de meios irmãos”, explora apenas 1/16 da variância aditiva ( $\sigma_A^2$ ), isso indica que o caráter é pouco influenciado pelo ambiente, o que era esperado, uma vez que as avaliações foram realizadas em condições de laboratório e com uniformidade nas técnicas de avaliação. Contudo, a estimativa de  $h^2$  permite inferir que há expressiva variação genética entre as progênes, condição essa muito favorável para a seleção.

Essa observação anterior fica bem evidenciada por meio das estimativas das variâncias ambientais ( $\sigma_e^2$ ) em relação aos componentes da variância genética (Tabelas 13 a 18), em que as  $\sigma_e^2$  foram sempre de magnitude muito inferior à estimativa da variância genética aditiva ( $\sigma_{A11}^2$  e  $\sigma_{A22}^2$ ), por exemplo.

Em um programa de seleção recorrente recíproca, o que interessa é a variância genética aditiva entre progênes interpopulacionais ( $\sigma_{A12}^2$  ou  $\sigma_{A21}^2$ ). Souza Júnior (1993) mostrou que ela pode ser decomposta em:

$$\sigma_{A12}^2 = \sigma_{A11}^2 + \sigma_{\tau12}^2 + 4 \text{Cov}_{A1\tau12} \text{ e}$$

$$\sigma_{A21}^2 = \sigma_{A22}^2 + \sigma_{\tau21}^2 + 4 \text{Cov}_{A2\tau21} \text{ em que:}$$

$\sigma_{A12}^2$  e  $\sigma_{A21}^2$  são as variâncias genéticas aditivas interpopulacionais, tendo as populações 1 e 2 como parental feminino, respectivamente;  $\sigma_{A11}^2$  e  $\sigma_{A22}^2$  são as variâncias genéticas aditivas intrapopulacionais das populações 1 e

2, respectivamente;  $\sigma_{\tau 12}^2$  e  $\sigma_{\tau 21}^2$  são as variâncias genéticas dos desvios dos efeitos aditivos inter e intrapopulacionais utilizando a população 1 e 2 como parental feminino, respectivamente e  $Cov_{A1\tau 12}$  e  $Cov_{A2\tau 21}$  são as covariâncias genéticas dos efeitos aditivos intrapopulacionais com os desvios dos efeitos aditivos inter e intrapopulacionais, tendo as populações 1 e 2 como parental feminino, respectivamente.

Verificou-se, no presente trabalho, que, na constituição de  $\sigma_{A12}^2$  e  $\sigma_{A21}^2$  que  $\sigma_{\tau 12}^2$  e  $\sigma_{\tau 21}^2$  não devem ser importantes, pois, em quase todos os casos, a sua retirada praticamente não alterou o ajustamento do modelo, enquanto  $Cov_{A1\tau 12}$  ou  $Cov_{A2\tau 21}$  foram sempre negativas e de magnitude bem inferior à  $\sigma_{A11}^2$  ou  $\sigma_{A22}^2$ . Isso está de acordo com a pequena heterose manifestada nos cruzamentos para esses caracteres. Ou seja, o efeito aditivo explicou a maior parte da variação para estas características.

Quando as populações são divergentes, espera-se que  $Cov_{A1\tau 12}$  e  $Cov_{A2\tau 21}$  possuam sinais opostos (Souza Júnior, 1993). Contudo, neste trabalho, em todos os casos, elas apresentaram mesmo sinal, negativo. Esse mesmo fato foi constatado por Arias (1995), para vários caracteres da planta de milho. Esse autor explicou a discrepância em função dos erros associados à estimativa.

Não foram encontrados relatos dessas estimativas para caracteres associados à qualidade fisiológica das sementes. Há estimativas para a produtividade de grãos de milho (Arias, 1995), contudo, a comparação com os resultados obtidos no presente trabalho não são pertinentes.

Depreende-se, em função de todas as estimativas obtidas, que é possível alcançar ganho expressivo para os caracteres associados à qualidade fisiológica,

germinação e vigor, especialmente em programas de seleção recorrente intra nessas populações utilizadas no presente trabalho.

Souza Júnior (2001) comenta que é impossível, tanto pela seleção recorrente intra como interpopulacional, melhorar o desempenho *per se* das duas populações e, ao mesmo tempo, incrementar a heterose entre elas. Uma alternativa seria um esquema intermediário entre as duas modalidades de seleção. Nessa proposta, uma das populações, por exemplo, a 2, seria utilizada como testadora da população 1 e dela mesma. Com esta estratégia, é possível melhorar as populações *per se* e a heterose em níveis satisfatórios. Esse tipo de procedimento deve ser adotado para caracteres cuja dominância é expressiva, como produtividade de grãos. Contudo, ele pode ser simultaneamente empregado para caracteres de qualidade das sementes em que a heterose não é muito expressiva. Isso porque a seleção para esses caracteres deveria se concentrar no melhoramento intrapopulacional, no exemplo, na população 2, que seria utilizada como fêmea na produção da semente híbrida comercial.

Desse modo, seria possível melhorar o desempenho do híbrido em produtividade e, ao mesmo tempo, que a semente seja comercializada dentro dos padrões de qualidade exigidos pelo mercado, eliminando, assim, a principal restrição apontada por Lobato et al. (2005) da utilização desse tipo de híbrido.

## 6 CONCLUSÕES

As populações de meios irmãos intra e interpopulacionais diferem com relação à qualidade das sementes. A população 2 tem maior porcentagem de sementes da peneira 22, menor porcentagem de fundo e melhor qualidade da semente produzida. Há efeito recíproco nos caracteres associados à qualidade das sementes.

Os caracteres relativos à qualidade fisiológica da semente, por serem avaliados com boa precisão e associado à variação genética disponível entre as progênes, possuem altas estimativas da herdabilidade e demonstram a possibilidade de sucesso com a seleção recorrente.

A estimativa da heterose foi de pequena magnitude, mas sempre no sentido de melhorar a qualidade, sendo 4,5% no teste padrão de germinação, 10,1% no envelhecimento acelerado e 5,7% na velocidade de germinação. Como as duas populações divergem para esses caracteres, a ocorrência de dominância não deve ser expressiva.

A variância dos desvios aditivos intra por inter populacionais ( $\sigma_{r12}^2$  ou  $\sigma_{r21}^2$ ) foi nula. Esse fato evidencia menor importância da dominância e indica que a seleção recorrente recíproca não é a melhor estratégia para estes caracteres.



## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blucher, 1971. 381 p.

ALVES, G. F. **Alterações nas propriedades genéticas de uma população submetida à seleção massal para prolificidade**. 2002. 69 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

ANDRADE, R. V.; ANDREOLI, C.; BORBA, C. S.; AZEVEDO, J. T.; MARTINS NETTO, D. A.; OLIVEIRA, A. C. Efeito da forma e do tamanho da semente no desempenho no campo de dois genótipos de milho. **Revista Brasileira de Sementes**, Brasília, v. 19, n. 1, p. 62-65, 1997.

ARIAS, C. A. A. **Componentes de variância e covariância genética relacionados à seleção recorrente intra e interpopulacional no milho (*Zea mays* L.)**. 1995. 139 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.

ASSOCIATION OF OFFICIAL SEED ANALYSTS. **Seed vigor testing handbook**. East Lansing: AOSA, 1983. 93 p.

BARTLETT, M. S. Properties sufficiency and statistical tests. **Proceeding Royal Society**, Serie A, London, v. 160, p.268-282. 1937.

BDLIYA, P. M.; BURRIS, J. S. Diallel analysis of tolerance of drying in seed corn. **Crop Science**, Madison, v. 28, n. 6, p. 935-938, Nov./Dec. 1988.

BERLYN, G.P. Seed germination and morphogenesis. In: Koslowski, T. T. (ed.). **Seed Biology**. New York: Academic Press, 1972. v. 1, p. 223-312.

BIGNOTTO, E. A. **Seleção gamética por meio da posição de semente na espiga de milho**. 2002. 58 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG..

BRASIL. Ministério da Agricultura. **Regras para análise de sementes**. Brasília: SNAD/DNPV/CLAV, 1992. 365 p.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Instrução Normativa nº 9, de 2 de junho de 2005. Aprova as Normas para Produção, Comercialização e Utilização de Sementes. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**, Brasília, 10 jun. 2005. Seção 1, p.4.

BULANT, C.; GALLAIS, A. Xenia effects in maize with normal endosperm: Importance and stability. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 6, p. 1517-1525, Nov./Dec. 1998.

CAMERON, J. W.; COLE Jr., D. A.; VAM MARIM, A. Seed size effects on hybrid sweet corn in Coachella Valley. **California Agriculture**, Berkeley, v. 16, n. 6, p. 6-7, June 1962.

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 meios-irmãos na variedade de milho BR 5028-São Francisco. In: REUNIÓN LATINO AMERICANA DEL MAÍZ, 18., 1999, Sete Lagoas. **Memórias...** Sete Lagoas: EMBRAPA-CNPMS/CIMMYT, 1999. p. 233-237.

CARVALHO, M. L. M. de; FRANÇA NETO, J.de B.; KRZYZANOWSKI, F. C. Controle de qualidade na produção de sementes. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 27, n. 232, p. 52-58, maio/jun. 2006.

CARVALHO, N. M. de. Vigor de sementes. In: CÍCERO, S. M.; MARCOS FILHO, J.; SILVA, W. R. **Atualização em produção de sementes**. Campinas: Fundação Cargill, 1986. p. 207-223.

CARVALHO, N. M. de.; NAKAGAWA, J. **Sementes: ciência, tecnologia e produção**. 4.ed. Jaboticabal: FUNEP, 2000. 588 p.

CAUSSE, M.; ROCHER, J. P.; PELLESCI, S.; BARRIERE, Y.; DEVIENNE, D.; PRIONL, J. L. Sucrose phosphate synthase: enzyme with heterotic activity correlated with maize growth. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 4, p. 995-1001, July/Aug. 1995.

CHANG, M. T.; NEUFFER, M. G. Position of the vegetative and sperm cells of germinating pollen grain in maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, Bergamo, v. 37, N. 3, p. 223-243, Mar. 1992.

COELHO, C. M. **Caracterização das proteínas do endosperma do milho visando à alteração das frações que controlam qualidade nutricional**. 1997.

98 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F.; HARVEY, P. H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. **Agronomy Journal**, Madison, v. 41, n. 8, p. 360-367, Aug. 1949.

COPELAND, L. O.; McDONALD, M. B. **Principles of seed science and technology**. 3. ed. New York: Chapman & Hall, 1995. 409 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585 p.

DELOUCHE, J. C. Standardization of vigor tests. **Journal of Seed Technology**, London, v. 1, n. 2, p. 75-86, 1976.

DELOUCHE, J. C.; BASKIN, C. C. Accelerated aging techniques for predicting the relative storability of seed lots. **Seed Science Technology**, Zurich, v. 1, n. 2, p. 427-52, 1973.

DeMASON, D. A.; SEXTON, R.; GRANT REID, J. S. Structure, composition and physiological state of the endosperm of *Phoenis dactylifera* L. **Annals of Botany**, London, v. 52, p. 71-80, 1983.

DIAS, M. C. L. de L.; BARROS, A. S. do R. **Avaliação da qualidade de sementes de milho**. Londrina: IAPAR, 1995. 41 p. (IAPAR. Circular, 88)

DUMAS, C.; MOGENSEN, H. L. Gametes and fertilization: maize as a model system for experimental embryogenesis in flowering plants. **Plant Cell**, Rockville, v. 5, n. 10, p. 1337-1348, Oct. 1993.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman Malaysia, 1996. 463 p.

FANCELLI, A. L.; DOURADO NETO, D. **Produção de milho**. Guaíba: Agropecuária, 2000. 360 p.

FELKER, C. F.; SHANNON, J. C. Movement of <sup>14</sup>C-labeled assimilates into kernels of *Zea mays* L. **Plant Physiology**, Rockville, v.65, n. 5, p. 864-870, Sept. 1980.

FERGUSON, J. M. AOSA perspective of seed vigor testing. **Journal of Seed Technology**, London, v. 17, n. 2, p. 101-104, 1993.

FERREIRA, D. F. SISVAR: **sistema de análise de variância**. Versão 3.04, Lavras: UFLA/DEX, 2000. 1CD-ROM.

FERREIRA, D. F.; ZAMBALDE, A. L. Simplificação de algumas técnicas especiais da experimentação agropecuária no MAPGEN e softwares correlatos. In: CONGRESSO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE INFORMÁTICA APLICADA À AGROPECUÁRIA E À AGROINDÚSTRIA, 1., 1997, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte, 1997. p. 285-2911.

FISHER, R. A. The correlation between relatives on the supposition of mendelian inheritance. **Transaction of the Royal Society of Edinburg**, London, v. 52, p. 399-433, 1918.

FRATIN, P. **Comparação entre métodos para a avaliação da qualidade fisiológica de sementes de milho (*Zea mays* L.)**. 1987. 191 p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP.

GARCIA, P. S.; CARBALLO, A. C. Efecto del tamaño de semilla y de la profundidad de siembra en el rendimiento y características agronomicas del maíz. **Revista Chapingo**, Chapingo, v. 8, n.40, p. 60-64, 1983.

GAUCH, H. G.; ZOBEL, R. W. AMMI Analysis of yield trials. In: KANG, M. S.; GAUCH, H. G. (Ed). **Genotype by environment interaction**. Madison, 2000. p.85-122

GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. 14. ed. Piracicaba: Nobel, 2000. 477 p.

GOMES, M. de S.; VON PINHO, É. V. R.; VON PINHO, R. G.; VIEIRA, M. G.G. C. Efeito da heterose na qualidade fisiológica de sementes de milho. **Revista Brasileira de Sementes**, Brasília, v. 22, n. 1, p. 7-17, 2000.

GOODMAN, M. M.; SMITH, J. S. C. Botânica. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 1, p. 39-78.

GRABE, D. F. Measurement of seed vigor. **Journal of Seed Technology**, London, v. 1, n. 2, p. 18-31, 1976.

GUIMARÃES, R. M.; OLIVEIRA, J. A.; VIEIRA, A. R. Aspectos fisiológicos de sementes. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 27, n. 232, p. 40-50, maio/jun. 2006.

GUIMARÃES, V. D. **Fatores que controlam a dureza do endosperma do grão de milho**. 1997. 67 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2.ed. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468 p.

HALLAUER, A. R.; RUSSELL, W. A.; LANKEY, K. R. Corn breeding. In: SPRAGUE, G. F.; DUDLEY, J. W. **Corn and corn improvement**, Madison, ASA, 1988. p.463-565.

HAMPTON, J. G. What is seed quality? **Seed Science and Technology**, Zurich, v. 30, n. 1, p. 1-10, 2002.

HELMS, T. C.; HALLAUER, A. R.; SMITH, O.S. Genetic drift and selection evaluated from recurrent selection programs in maize. **Crop Science**, Madison, v. 29, n. 4, p. 602-607, July/Aug. 1989.

HICKS, D. R.; PETERSON, R. H., LUESCHEN, W. E.; FORD, J. H. Seed grade effect on crop performance. **Agronomy Journal**, Madison, v. 68, n. 5, p. 819-20, Sept./Oct. 1976.

HOECKER, N.; KELLER, B.; PIEPHO, H-P.; HOCHHOLDINGER, F. Manifestation of heterosis during early maize (*Zea mays* L.) root development. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 112, n. 3, p. 421-429, Feb. 2006.

HULL, H. F. Recurrent selection and specific combining ability in corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, Washington, v. 37, n. 2, p. 134-145, Feb. 1945.

HUNTER, R. B.; KANNENBERG, L. W. Effects of seed size on emergence, grain yield, and plant height in corn. **Canadian Journal Plant Science**, Ottawa, v. 52, n. 2, p. 252-56, 1972.

INTERNATIONAL SEED TESTING ASSOCIATION. **Handbook of vigour test methods**. 3. ed. Zürich, 1995. 117 p.

JAYARAM, C.; PETERSON, P. A. Anthocyanin pigmentation and transposable elements in maize aleurone. In: JANICK, J. (Ed.). **Plant breeding reviews**. Portland: Timber, 1992. p. 91-137.

JENKINS, M. T. The segregation of genes affecting yield of grain in maize. **Journal of the American Society of Agronomy**, Washington, v. 32, n. 1, p. 55-63, Jan. 1940.

JOSÉ, S. C. B. R.; VON PINHO, E. V. R.; VON PINHO, R. G.; RAMALHO, M. A. P.; SILVA FILHO, J. L. da. Controle genético da tolerância à alta temperatura de secagem em sementes de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 3, n.3, p. 414-428, set./dez. 2004.

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.

KOLLIPARA, K. P.; SAAB, I. N.; WYCH, R. D.; LAURES, M. J.; SINGLETARY, G. W. Expression profiling of reciprocal maize hybrids divergent for cold germination and desiccation tolerance. **Plant Physiology**, Rockville, v. 129, n. 3, p. 974-992, July 2002.

KRZYZANOWSKI, F.C. Relationship between seed technology research and federal plant breeding programs. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 55, p. 83-87, ago. 1998. Número especial.

KRZYZANOWSKI, F.C.; MIRANDA, Z. F. S. Relatório do Comitê de Vigor da ABRATES. **Informativo ABRATES**, Londrina, v. 1, n. 1, p. 7-25, dez. 1990.

KRZYZANOWSKI, F.C.; VIEIRA, R.D.; FRANÇA-NETO, J. de B. **Vigor de sementes: conceitos e testes**. Londrina: ABRATES, 1999. 218 p.

LOBATO, P. N.; VON PINHO, R. G.; VON PINHO, E. V. R.; RAMALHO, M. A. P. Qualidade fisiológica e sanitária de sementes de híbridos duplos de milho utilizando a geração F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub> de híbridos simples. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 4, n. 1, p. 8-18, jan./abr. 2005.

LOPES, M. A.; LARKINS, B. A. Endosperm origin, development, and function. **The Plant Cell**, Rockville, v. 5, n. 10, p. 1383-1399, Oct. 1993.

LUNA, S. S.; FIGUEROA, J.; BALTASAR, B.; GOMES, R.; TOWNSEND, R.; SCHOPER, J.B. Maize pollen longevity and distance isolation requirements for

effective pollen control. **Crop Science**, Madison, v.41, n. 5, p. 1551-1557, Sept./Oct. 2001.

MARCOS FILHO, J. **Fisiologia de sementes de plantas cultivadas**. Piracicaba: FEALQ, 2005, 495 p.

MARCOS FILHO, J.; CÍCERO, S. M.; SILVA, W. R. **Avaliação da qualidade das sementes**, Piracicaba: FEALQ, 1987. 230 p.

MARCOS FILHO, J.; SILVA, A. E.; CÍCERO, S. M.; GONÇALVES, C. A. R. Efeitos do tamanho da semente sobre a germinação, o vigor e a produção de milho (*Zea mays* L.). **Anais da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**, Piracicaba, v. 34, p. 327-37, 1977.

MARTINELLI, A. **Efeito do tamanho e da forma de sementes da cultivar AL-34 de milho (*Zea mays* L.) sobre seu desempenho germinativo e produtivo**. 1998. 70 p. Dissertação (Mestrado em Agricultura) – Universidade Estadual Paulista, Botucatu, SP.

MARTINS, C. S. **Potencial genético de linhagens e híbridos de duas populações de milho (*Zea mays* L.) braquíptico**. 1986. 143 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / USP, Piracicaba, SP.

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Biometrical genetics**. 3. ed. London: Chapman and Hall, 1982. 396 p.

MATTHEWS, S. Evaluation of techniques for germination and vigor studies. **Seed Science and Technology**, Zurich, v. 9, n. 2, p. 543-551, 1981.

McCARTY, D. R.; CARSON, C. B. The molecular genetics of seed maturation in maize. **Physiologia Plantarum**, Copenhagen, v. 81, n. 2, p. 267-272, Feb. 1991.

McDANIEL, R. G. Biochemical and physiological basis of heterosis. **Critical Reviews of Plant Science**, Boca Raton, v. 30, n. 3, p.227-246, 1986.

McDONALD, M. B. The history of seed vigor testing. **Journal of Seed Technology**, London, v. 17, n. 2, p. 93-100, 1993.

McDONALD, M. B. Seed deterioration: physiology, repair and assessment, **Seed Science and Technology**, Zurich, v. 27, n.1, p. 177-237, 1999.

MENEZES, D.; GOMES, A. C. S.; GUIMARÃES, R. M. Influência do tamanho de sementes de milho (*Zea mays* L.) na sua qualidade fisiológica. **Informativo ABRATES**, Londrina, v. 1, n. 4, p. 36, set. 1991.

MERCER, J. R. **Implicações do fenômeno Xênia nos programas de melhoramento de milho**. 2001. 53 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

MINO, M.; INOUE, M. Analysis of glucose metabolism in the heterotic viability in seedling grow of maize F<sub>1</sub> hybrid. **Japan Journal Crop Science**, Tokyo, v. 63, n. 4, p.682-688, Dec. 1994.

MINO, M.; INOUE, M. Hybrid vigor in some characters of maize seedlings. **Japan Journal Breeding**, Tokyo, v. 30, n.2, p. 131-138, 1980.

MIRANDA FILHO, J. B.; PATERNIANI, E. Intra e interpopulational genetic parameter estimates and implications in selection. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 6, n.1, p. 15-27, Mar. 1983.

MOLL, R. H.; HANSON, W. D. Comparisons of effects of intrapopulation vs. Interpopulation selection in maize. **Crop Science**, Madison, v. 24, n. 6, p. 1047-1052, Nov./Dec. 1984.

MORAIS, O. P. de **Análise multivariada da divergência de progenitores, índice de seleção combinada numa população de arroz oriunda de inter cruzamentos usando macho esterilidade**. 1992. 251 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

NAKAGAWA, J. Testes de vigor baseados no desempenho das plântulas. In: FRANÇA NETO, J. de B.; KRZYŻANOWSKI, F. C.; VIEIRA, R. D. **Vigor de sementes: conceitos e testes**. Londrina: ABRATES, 1999. p. 2.1-2.21.

NAVRATIL, R. J.; BURRIS, J. S. Small-scale dryer designer. **Agronomy Journal**, Madison, v. 74, n. 2, p. 159-161, Mar./Apr. 1982.

NONOGAKI, H. Seed germination: the biochemical and molecular mechanisms. **Breeding Science**, Tokyo, v. 56, n. 2, p. 93-105, 2006.

PACKER, D. **Seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos em milho (*Zea mays* L.) na população ESALQ VD2 Waxy**. 1991. 88 p. Dissertação



(Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz/USP, Piracicaba, SP.

PALEG, L. G. Physiological effects of gibberellins. **Annual Review of Plant Physiology**, Palo Alto, v.16, p. 291-322, 1965.

PATERNIANI, E.; VENCOVSKY, R. Reciprocal recurrent selection based on half sib progenies and prolific plants in maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, Bergamo, v. 23, n. 4, p. 209-219, 1978.

PELICANO, I. J. **Potencial da interpopulação de milho (*Zea mays* L.) Br-105 x Br-106 para o melhoramento genético**. 1990. 139 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz/USP, Piracicaba, SP.

PIANA, Z. **Respostas de sementes de milho com diferentes níveis de vigor, à disponibilidade hídrica**. 1994. 107 p. Tese (Doutorado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz/USP, Piracicaba, SP.

POPINIGIS, F. **Fisiologia da semente**. Brasília: Ministério da Agricultura AGIPLAN, 1977. 289 p.

RAMALHO, M. A. P. **Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas**. 1977. 122 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz/USP, Piracicaba, SP.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. A. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2005. 326 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. **Genética na agropecuária**. 3. ed. Lavras: UFLA, 2004. 472 p.

RAMALHO, M. A. P.; SILVA, N. O. Fluxo gênico em plantas. In: MIR, L. **Genômica**. São Paulo: Editora Atheneu, 2004. Cap.43, p.863-885.

RAPOSO, F. V.; RAMALHO, M. A. P. Componentes da variância genética de populações derivadas de híbridos simples de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 3, n. 3, p. 402-413, set./dez. 2004.

ROOD, S. B.; BLAKE, T. J.; PHARIS, R. P. Gibberellins and heterosis in maize. II. Response to gibberellic acid and metabolism of [<sup>3</sup>H]GA<sub>20</sub>. **Plant Physiology**, Maryland, v. 71, n. 3, p. 645-651, Mar. 1983.

ROOD, S. B.; BUZZELL, R. I.; MAJOR, D. J.; PHARIS, R. P. Gibberellins and heterosis in maize: quantitative relationships. **Crop Science**, Madison, v. 30, n. 2, p. 281-286, Mar./Apr. 1990.

ROOD, S. B.; LARSEN, K. M. Gibberellins, amylase, and the onset of heterosis in maize seedlings. **Experimental Botany**, Oxford, v. 39, p. 223-233, 1988.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Raleigh, v. 30, n. 3, p. 507-512, Sept. 1974.

SCOTTI, C. A.; KRZYZANOWSKI, F. C. **Influência do tamanho da semente sobre a germinação e vigor em milho**. Londrina: IAPAR, 1977. 10 p. (Boletim Técnico, 5).

SILVA, S. C. **Relações entre o tamanho das sementes de milho (*Zea mays* L.) com a germinação, o vigor e os componentes da produção de grãos**. 2000. 69 p. Dissertação (Mestrado em Produção e Tecnologia de Sementes) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, SP.

SILVA, W. R.; MARCOS FILHO, J. Influência do peso e do tamanho das sementes de milho sobre o desempenho no campo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 17, n. 12, p. 1743-50, dez. 1982.

SOUZA JÚNIOR, C. L. Comparisons of intra-interpopulational and modified recurrent selection methods. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 1, p. 91-105, Mar. 1993.

SOUZA JÚNIOR, C. L. **Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba: FEALQ. 1989. 134 p.

SOUZA JÚNIOR, C. L. Recurrent selection and heterosis. In: COORS, J. C.; PANDEY, S. (Ed.). **Genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison, 2001. p. 247-256.

SOUZA JÚNIOR, C. L. de; MIRANDA FILHO, J. B. Genetics variability in two maize (*Zea mays* L.) populations and its relationship with intra e interpopulation recurrent selection. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 2, p. 271-285, jun. 1989.

SOUZA JÚNIOR, C. L. de; SANTOS, M. X. dos; MAGNAVACA, R.; GAMA, E. E. G. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho Br-105 x Br-106 e suas implicações no melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 28, n. 4, p. 473-479, abr. 1993.

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, v. 46, n. 3, p. 171-175, 2001.

SRIVASTAVA, H. K. Heterosis and intergenomic complementation: Mitochondria, chloroplast and nucleus. **Monographs on Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 6, p. 260-286, 1983.

TAFURI, F. IAA determination in the kernels of four lines of corn and their hybrids. **Phytochemistry**, Oxford, v. 5, n. 4, p.999-1003, 1966.

TAKEDA, C. **Estimativas dos efeitos da seleção recorrente intra e interpopulacional em linhagens de milho (*Zea mays* L.)**. 1997. 133 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz/USP, Piracicaba.

TAO, J. K. Vigor “referee” test for soybean and corn. **Proceedings of the Association of Official Seed Analysts**, Lansing, v. 54, n.1, p. 40-58, 1980.

TEKRONY, D. M. Precision is an essential component in seed vigor testing. **Seed Science and Technology**, Zurich, v. 31, n. 2, p. 435-447, 2003.

TOMES, L.; TEKRONY, D. M.; EGLI, D. B. Factors influencing the accelerated aging test for soybean seed. **Journal of Seed Technology**, London, v. 12, n. 1, p. 24-36, 1988.

VEIT, B.; SCHMIDT, R. J.; HAKE, S.; YANOFSKY, M. F. Maize floral development: new genes and old mutants. **The Plant Cell**, Rockville, v. 5, n. 10, p. 1205-1215, Oct. 1993.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

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.

VIANA, F. M. S. et al. Híbridação em milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Híbridação artificial de plantas**. Viçosa: UFV, 1999. p. 401-426.

VIEIRA, R. D.; CARVALHO, N. M. **Testes de vigor em sementes**. Jaboticabal: FUNEP, 1994. 164 p.

VIEIRA, R.D.; MINOHARA, L.; CARVALHO, N. M., BERGAMASCHI, M. C. M. Relationship of black layer and milk line development on maize seed maturity. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 52, n. 1, p. 142-147, 1995.

VON PINHO, E. V. R.; SILVEIRA, J. F.; VIEIRA, M. G. G.C.; FRAGA, A. C. Influência do tamanho e do tratamento de sementes de milho na preservação da qualidade durante o armazenamento e posterior comportamento no campo. **Ciência e Prática**, Lavras, v. 19, n. 1, p. 30-36, jan./mar. 1995.

ZINSKY, J. R.; VENCOSKI, R. Influência do tamanho da semente de milho sobre a produtividade e sobrevivência das plantas. In: REUNIÃO BRASILEIRA DO MILHO, 7., 1968, Viçosa. **Resumos...** Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1968. p. 111-113.

## ANEXOS

<b>ANEXO</b>		<b>Página</b>
ANEXO 1A	Componentes de variância genética associados ao “bulk de progênies de meios irmãos”.....	91
ANEXO 2A	Esquema da construção da matriz de pesos (V).....	92

### Anexo 1A

Considerando que as duas populações foram derivadas de um híbrido simples, nos locos em que estão segregando, a frequência alélica deve ser de  $\frac{1}{2}$ . Assim, no modelo considerado, apenas 1 loco (B), com os alelos  $B^1$  e  $B^2$  para geração  $F_2$ , as frequências genotípicas das plantas serão  $\frac{1}{4} B^1B^1$ ,  $\frac{1}{2} B^1B^2$ ,  $\frac{1}{4} B^2B^2$ . Como elas foram intercruzadas mantendo a estrutura de progênie, derivada da planta  $F_2$ , as novas progênies de meios-irmãos obtidas terão as frequências:

$$\begin{aligned} \frac{1}{4} B^1B^1 - \text{polinizada por } \frac{1}{2} B^1 - \frac{1}{2} B^2 &= \frac{1}{4} \left( \frac{1}{2} B^1B^1, \frac{1}{2} B^1B^2 \right) \\ \frac{1}{4} B^1B^2 - \text{polinizada por } \frac{1}{2} B^1 - \frac{1}{2} B^2 &= \frac{1}{2} \left( \frac{1}{4} B^1B^1, \frac{1}{2} B^1B^2, \frac{1}{4} B^2B^1 \right) \\ \frac{1}{4} B^1B^2 - \text{polinizada por } \frac{1}{2} B^1 - \frac{1}{2} B^2 &= \frac{1}{4} \left( \frac{1}{2} B^1B^2, \frac{1}{2} B^2B^2 \right). \end{aligned}$$

Veja que tem-se, em realidade, um “bulk das progênies de meios-irmãos”. Considerando o modelo aditivo dominante, em que  $m$  é a média dos genótipos homocigóticos,  $\alpha$  o desvio dos homocigóticos em relação a  $m$  e  $\delta$  o desvio dos heterocigóticos em relação à média, tem-se a seguinte média da população ( $\bar{X}$ ):

$$\bar{X} = \frac{1}{4}(m + \frac{1}{2}\alpha + \frac{1}{2}\delta) + \frac{1}{2}(m + \frac{1}{2}\delta) + \frac{1}{4}(m - \frac{1}{2}\alpha + \frac{1}{2}\delta).$$

A variância entre as progênies “bulk de meios-irmãos” para a população 1 ( $\sigma_{P11}^2$ ) ou população 2 ( $\sigma_{P22}^2$ ) será:

$$\begin{aligned} \sigma_{P11}^2 &= \sigma_{P22}^2 = \sum_{i=1}^n f_i (X_i - \bar{X})^2 \\ \sigma_{P11}^2 &= \sigma_{P22}^2 = \frac{1}{4}(m + \frac{1}{2}\alpha + \frac{1}{2}\delta - m - \frac{1}{2}\delta)^2 + \frac{1}{2}(m + \frac{1}{2}\delta - m - \frac{1}{2}\delta)^2 \\ &+ \frac{1}{4}(m - \frac{1}{2}\alpha + \frac{1}{2}\delta - m - \frac{1}{2}\delta)^2 \\ \sigma_{P11}^2 &= \sigma_{P22}^2 = \frac{2}{64}\alpha^2 = \frac{1}{32}\alpha^2 \end{aligned}$$

Como  $\sigma_{A11}^2 = \sigma_{A22}^2 = \frac{1}{2}\alpha^2$  (Souza Júnior, 1989) tem-se:

$$\sigma_{P11}^2 = \frac{1}{16}\sigma_{A11}^2 \text{ ou } \sigma_{P22}^2 = \frac{1}{16}\sigma_{A22}^2$$

O mesmo raciocínio pode ser empregado para variância genética entre as progênies interpopulacionais tendo a população 1 como fêmea  $\sigma_{P12}^2 = \frac{1}{16}\sigma_{A12}^2$  ou a população 2 como fêmea  $\sigma_{P21}^2 = \frac{1}{16}\sigma_{A21}^2$ .

## Anexo 2A

Esquema da construção da matriz de pesos (V), segundo Mather & Jinks (1982).

Essa matriz é construída para estimativa dos parâmetros da população 1 ou 2 em separado. Seja  $Q_{P11}$  o quadrado médio entre progênies intra da população 1, igual a A;  $Q_{P12}$  igual a B, o quadrado médio entre progênies inter sendo a população 1 utilizada como fêmea;  $P_{P1P12}$  igual a C o produto médio entre progênies da análise de covariância das progênies intra e interpopulacional;  $Q_{e11}$  igual a D,  $Q_{e12}$  igual a E e  $P_{e1e12}$  igual a F; os quadrados ou produtos médios do erro nas mesmas situações anteriores, tem-se:

Y	V					
$Q_{P11} = A$	$2(A)^2/N$	$2(C)^2/N$	$2(AC)/N$	0	0	0
$Q_{P12} = B$	$2(B)^2/N$	$2(B)^2/N$	$2(BC)/N$	0	0	0
$P_{P1P12} = C$	$2(AC)^2/N$	$2(BC)/N$	$[(C)^2+AB]/N$	0	0	0
$Q_{e11} = D$	0	0	0	$2(D)^2/N$	0	0
$Q_{e12} = E$	0	0	0	0	$2(E)^2/N$	0
$P_{e1e12} = F$	0	0	0	0	0	$2(F)^2/N$