

EFICIÊNCIA COMPARATIVA DE QUATRO MÉTODOS DE
SELEÇÃO EM UMA POPULAÇÃO MELHORADA DE
MILHO (*Zea mays* L.)

AFONSO CELSO CANDEIRA VALOIS

Orientador: Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO

Tese apresentada à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo, para obtenção do título de Doutor em Agronomia. Área de Concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

PIRACICABA
Estado de São Paulo - Brasil
Setembro - 1982

À minha esposa e filhos

Aos meus pais, irmãos, tios e sogros

Às memórias de meus avós, Babá e D. Nenem

DEDICO

AGRADECIMENTOS

- À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) e à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ/USP), pela concessão da oportunidade para a realização do curso;

- Ao Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO pela orientação segura, amizade e incentivo durante o decorrer do curso;

- Aos Docentes do Departamento de Genética e Instituto de Genética da ESALQ/USP, pelos ensinamentos recebidos;

- Aos colegas do curso de Pós-Graduação pelo cotidiano sadio;

- Aos funcionários do Departamento de Genética e Instituto de Genética da ESALQ/USP, pela atenção e colaboração prestadas durante o período do curso;

- Aos demais que direta ou indiretamente contribuíram para o êxito do presente trabalho.

ÍNDICE

	Página
LISTA DE TABELAS	vi
LISTA DE FIGURAS	xiii
CURRICULUM VITAE	xiv
RESUMO	xv
SUMMARY	xvii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Seleção de famílias de irmãos germanos	4
2.2. Seleção recorrente baseada no comportamento de progênes S_1	7
2.3. Estimativas dos componentes da variância gené- tica	8
2.4. Comparação entre métodos de melhoramento gené- tico de populações de milho	13
3. MATERIAL E MÉTODOS	22
3.1. Material	22
3.2. Métodos	23
3.2.1. Procedimento experimental e análise da variância	23
3.2.2. Estimativa de parâmetros genéticos	32
3.2.3. Comparação entre os métodos de seleção	40
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	42
4.1. Viabilidade relativa dos esquemas de seleção	42
4.1.1. Estimativas de variâncias	43
4.1.2. Coeficientes de herdabilidade associados à unidade de seleção e índices de variação	46
4.1.3. Progresso esperado por seleção	47
4.2. Avaliação das populações melhoradas	52
4.2.1. Produção de grãos	53
4.2.2. Índice de espigas	55

	Página
4.2.3. Percentagem de plantas acamadas	56
4.2.4. Altura de plantas e de espigas	57
4.3. Considerações gerais	57
5. CONCLUSÕES	60
6. LITERATURA CITADA	63
TABELAS E FIGURAS	78
APÊNDICE	96

LISTA DE TABELAS

Tabela nº		Página
1	Seleção entre famílias de irmãos germanos em diversas populações de milho	6
2	Seleção recorrente com progênes S_1	9
3	Estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) de dominância ($\hat{\sigma}_D^2$) e da relação $\hat{\sigma}_D^2/\hat{\sigma}_A^2$ obtidas para a produção de grãos (kg/planta) em diferentes populações de milho	14
4	Efeito da seleção em ganho por ciclo na produção de populações de progênes S_1 e de cruzamento-teste em estudos comparativos de seleção recorrente	19
5	Esquema da análise da variância de progênes no delineamento em blocos casualizados	26
6	Esquema da análise da variância dentro de locais	28
7	Esquema da análise da variância conjunta	29
8	Parâmetros climáticos registrados nos municípios de Piracicaba e de Ribeirão Preto durante a avaliação das populações melhoradas	31

Tabela nº

Página

9	Esquema da análise da variância realizada através de aproximação ao delineamento I para peso de grãos (Kg/parcela) de pares de progênes de irmãos germanos obtidas por cruzamento em cadeia (Lote 3 - experimento 13).....	35
10	Componentes da variância entre progênes, em termos de variância aditiva (σ_A^2) e dominante (σ_D^2) para os diversos esquemas de seleção	36
11	Caracterização dos experimentos de avaliação de progênes com relação aos parâmetros: média geral(t/ha), coeficiente de variação (CV) dos delineamentos em blocos casualizados e em látice, quadrados médios do resíduo (blocos casualizados) e erro intra bloco (látice), erro padrão da média, eficiência do látice, número de tratamentos e de repetições e teste F. Piracicaba, 1978-79	79
12	Resultados da análise da variância para peso de grãos e estimativas da variância genética entre progênes ($\hat{\sigma}_p^2$) e do erro experimental ($\hat{\sigma}^2$) dos experimentos de avaliação das progênes oriundas dos quatro métodos. Análises como blocos casualizados	80
13	Análise da variância entre progênes de irmãos germanos decomposta em genótipos (pares de progênes) e progênes dentro de genótipos, segundo o esquema de cruzamento em cadeia	81

Tabela nº

Página

14	Estimativas da variância genética (σ_p^2), variância residual (σ^2), variância fenotípica (σ_F^2), variância genética aditiva (σ_A^2) e variância genética dominante (σ_D^2) para peso de grãos para os quatro esquemas de seleção	82
15	Coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progênes (h_x^2), coeficientes de variação genética (CVg) e experimental (CVe) e índice de variação (b), para progênes nos quatros esquemas de seleção	83
16	Número de progênes avaliadas (N) e selecionadas (n), tamanho efetivo esperado (Ne), diferencial de seleção observado (ds), intensidade de seleção (n/N), progresso esperado (G_S^1 e G_S^2) e progresso observado [$G_{s(ob)}$] por seleção	83
17	Progresso esperado por seleção (Gs) para intensidade de seleção (n/N) constante e para tamanho efetivo (Ne) constante para os quatro esquemas de seleção	84
18	Peso médio de grãos em Kg/ha de progênes nos quatro esquemas de seleção e depressão por endogamia de progênes S_1 em relação às demais	84
19	Resultados da análise da variância para pesos de grãos dos experimentos instalados nos dois locais envolvendo progênes oriundas dos quatro métodos, após a recombinação, e a variedade Central mex como testemunha	85

Tabela nº	Página
20	Resultados da análise da variância para índice de espiga dos experimentos instalados nos dois locais envolvendo progênies oriundas dos quatro métodos após a recombinação, e a variedade Centralmex como testemunha 86
21	Resultados da análise da variância para percentagem de plantas acamadas dos experimentos instalados nos dois locais envolvendo progênies oriundas dos quatro métodos após a recombinação, e a variedade Centralmex como testemunha 87
22	Resultados da análise da variância para altura de plantas e de espigas do experimento instalados em Ribeirão Preto envolvendo progênies oriundas dos quatro métodos, após a recombinação, e a variedade Centralmex como testemunha 88
23	Resultados da análise conjunta da variância dos dados para os caracteres de peso de grãos, índice de espigas e acamamento dos experimentos instalados em Ribeirão Preto e Piracicaba envolvendo progênies oriundas dos quatro métodos, após a recombinação, e a variedade Centralmex como testemunha 89
24	Peso médio de grãos das progênies oriundas dos quatro métodos (após a recombinação) em relação a testemunha (Centralmex) dos experimentos conduzidos em Piracicaba e Ribeirão Preto 90
25	Índice de espigas apresentado pelas progênies oriundas dos quatro métodos (após a recombinação) em relação a testemunha (Centralmex), dos experimentos conduzidos em Piracicaba e Ribeirão Preto 91

Tabela nº	Página
26	Percentagem de plantas acamadas (dados transformados para $\text{arc. sen. } \sqrt{p\%/100}$) oriundas dos quatro métodos (após a recombinação) em relação a testemunha (Centralmex), dos experimentos conduzidos em Piracicaba e Ribeirão Preto 92
27	Altura de plantas e de espigas apresentada pelas progênies oriundas dos quatro métodos (após a recombinação) em relação a testemunha (Centralmex), do experimento conduzido em Ribeirão Preto 93
28	Peso de grãos ($\text{Kg}/5\text{m}^2$) de progênies de irmãos germanos (Lote 1 - Esquema IGRS) da variedade Centralmex MI-VI. Blocos casualizados. Piracicaba, 1978-79 97
29	Peso de grãos ($\text{Kg}/5\text{m}^2$) de progênies de irmãos germanos (Lote 1 - Esquema IGRS) da variedade Centralmex MI-VI. Látice triplo 6 x 6, Piracicaba, 1978-79 98
30	Peso de grãos ($\text{Kg}/5\text{m}^2$) de progênies de irmãos germanos (Lote 2 - Esquema IGR) da variedade Centralmex MI-VI. Látice 9 x 9. Piracicaba, 1978-79 99
31	Peso de grãos ($\text{Kg}/5\text{m}^2$) de progênies de irmãos germanos (Lote 2 - Esquema IGR) da variedade Centralmex MI-VI. Blocos casualizados. Piracicaba, 1978-79 102
32	Peso de grãos ($\text{Kg}/5\text{m}^2$) de progênies de irmãos germanos (Lote 3 - Esquema IGC) da variedade Centralmex MI-VI. Látice triplo 10 x 10. Piracicaba, 1978-79 ... 103

Tabela nº	Página
33	Peso de grãos (Kg/5m ²) de progênes de irmãos germanos (Lote 3 - Esquema IGC) da variedade Centralmex MI-VI. Látice simples 6 x 6. Piracicaba, 1978-79 106
34	Peso de grãos (Kg/5m ²) de progênes S ₁ (Lote 4 - Esquema S ₁) da variedade Centralmex MI-VI. Látice triplo 10 x 10. Piracicaba, 1978-79 107
35	Peso de grãos (Kg/5m ²) de progênes S ₁ (Lote 4 - Esquema S ₁) da variedade Centralmex MI-VI. Látice simples 6 x 6. Piracicaba, 1978-79 110
36	Peso de grãos (Kg/5m ²) de pares de progênes de irmãos germanos obtidas por cruzamento em cadeia, (Lote 3). Médias de três repetições 111
37	Peso de grãos (Kg/10m ²) de progênes de irmãos germanos (Lotes 1, 2, 3) e de progênes S ₁ (Lote 4) após recombinação, e original (Centralmex MI-VI). Blocos casualizados. Piracicaba, 1980-81 112
38	Índice de espigas de progênes de irmãos germanos (Lotes 1, 2, 3) e de progênes S ₁ (Lote 4) após recombinação, e original (Centralmex MI-VI). Blocos casualizados. Piracicaba, 1980-81 113
39	Porcentagem de plantas acamadas ($\text{arc. sen. } \sqrt{p\%/100}$) de progênes de irmãos germanos (Lotes 1, 2, 3) e de progênes S ₁ (Lote 4) após recombinação, e original (Centralmex MI-VI). Blocos casualizados. Piracicaba, 1980-81 114

Tabela nº	Página	
40	Peso de grãos ($\text{Kg}/10\text{m}^2$) de progênes de irmãos germanos (Lotes 1, 2, 3) e de progênes S_1 (Lote 4) após recombinação, e original (Centralmex MI-VI). Blocos casualizados. Ribeirão Preto, 1980-81	115
41	Índice de espigas de progênes de irmãos germanos (Lotes 1, 2, 3) e de progênes S_1 (Lote 4) após recombinação, e original (Centralmex MI-VI). Blocos casualizados. Ribeirão Preto, 1980-81	116
42	Percentagem de plantas acamadas ($\text{arc. sen. } \sqrt{p\%/100}$) de progênes de irmãos germanos (Lotes 1, 2, 3) e de progênes S_1 (Lote 4) após recombinação, e original (Centralmex MI-VI). Blocos casualizados. Ribeirão Preto, 1980-81	117
43	Altura de plantas (m) de progênes de irmãos germanos (Lotes 1, 2, 3) e de progênes S_1 (Lote 4) após recombinação, e original (Centralmex MI-VI). Blocos casualizados. Ribeirão Preto, 1980-81	118
44	Altura de espigas (m) de progênes de irmãos germanos (Lotes 1, 2, 3) e de progênes S_1 (Lote 4) após recombinação, e original (Centralmex MI-VI). Blocos casualizados. Ribeirão Preto, 1980-81	119

LISTA DE FIGURAS

Figura nº		Página
1	Comparação entre os métodos de seleção considerando a estimativa do ganho genético percentual ($\frac{G_s}{\bar{x}} \times 100$) esperado, calculada pelo diferencial de seleção standardizado (i) e pelo diferencial de seleção (ds), ganho genético percentual observado e coeficiente de herdabilidade (\bar{h}^2)	94
2	Comparação entre os métodos de seleção através do ganho genético percentual ($\frac{G_s}{\bar{x}} \times 100$) considerando a mesma intensidade de seleção ($i = 25\%$) e mesmo tamanho efetivo populacional ($N_e = 16$ e $N_e = 28$)	95

CURRICULUM VITAE

AFONSO CELSO CANDEIRA VALOIS, filho de Oscar Valois e Cândida Candeira Valois, nasceu a 15 de março de 1945 em São Luís, Maranhão. Em 1964 ingressou na Escola de Agronomia da Amazônia em Belém, Pará, graduando-se em Engenharia Agrônômica em 1967. Em março de 1968 foi contratado pelo Ministério da Agricultura para trabalhar em Pesquisa e Experimentação Agropecuária. Nesse ano realizou vários estágios de iniciação científica em Instituições oficiais de Minas Gerais, Rio de Janeiro e Bahia. Em 1969 foi lotado na Estação Experimental de Manaus, Amazonas, que depois deu origem ao Instituto de Pesquisa Agropecuária da Amazônia Ocidental (IPEAAO). Neste órgão realizou trabalhos de pesquisa com várias culturas e exerceu várias funções incluindo a de Substituto eventual na Direção, como também participou de treinamentos em Instituições de pesquisa do Rio de Janeiro e São Paulo. Em março de 1972 iniciou o Curso de Pós-Graduação, a nível de Mestrado, em Genética e Melhoramento de Plantas na ESALQ/USP, tendo em dezembro de 1973 defendido o trabalho de Dissertação de título: Efeito da seleção massal estratificada em duas populações de milho (*Zea mays* L.) e na heterose dos seus cruzamentos. Após o encerramento do curso retornou ao IPEAAO e em abril de 1975, após o advento da EMBRAPA, foi lotado no Centro Nacional de Pesquisa da Seringueira para exercer o cargo de Chefe Adjunto Técnico, onde permaneceu até julho de 1980. Em agosto desse ano iniciou o Curso de Pós-Graduação, a nível de Doutorado, em Genética e Melhoramento de Plantas na ESALQ/USP, e em 30-10-1981 foi colocado à disposição da Secretaria de Agricultura e Abastecimento de São Paulo, com ônus para a EMBRAPA. Em agosto de 1982 retornou à EMBRAPA para exercer suas funções na sede em Brasília-DF como Assessor de Diretoria. Possui vários trabalhos publicados envolvendo as culturas da seringueira, guaranazeiro, lentilha, juta e milho, como também exerceu atividades de ensino e proferiu várias palestras e seminários dentro do seu ramo de trabalho.

EFICIÊNCIA COMPARATIVA DE QUATRO MÉTODOS DE SELEÇÃO EM UMA
POPULAÇÃO MELHORADA DE MILHO (*Zea mays* L.)

Autor: Afonso Celso Candeira Valois

Orientador: Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho

RESUMO

Um campo de milho da variedade Centralmex MI-VI foi plantado no ano agrícola 1977-78 em Piracicaba (SP) onde se procederam as polinizações manuais. O campo foi dividido em quatro lotes contendo aproximadamente o mesmo número de plantas em amostragem representativa de uma população, sendo realizados os seguintes tipos de polinizações: a. cruzamento recíproco com autofecundação da segunda espiga (método de avaliação de progênes de irmãos germanos); b. cruzamento recíproco sem autofecundação (método de avaliação de progênes de irmãos germanos); c. cruzamento em cadeia - $1 \times 2, 2 \times 3, \dots (n-1) \times n, n \times 1$ (método de avaliação de progênes de irmãos germanos); d. autofecundação das primeiras espigas (método de avaliação de progênes S_1). Após, foram conduzidos experimentos de avaliação dos genótipos, lotes de recombinação e testes de avaliação das progênes melhoradas.

Na comparação dos quatro métodos foram levados em consideração, principalmente aspectos de liberação da variância genética, ganho genético de seleção observado, ganho genético de seleção esperado com diferentes tamanhos efetivos populacionais e diferentes intensidades de seleção, coeficiente de herdabilidade e índice de variação, tendo como base o caráter de produção de grãos.

Em termos da magnitude da variância genética, as progênies S_1 foram superiores, enquanto que o método de avaliação de famílias de irmãos germanos com autofecundação apresentou maiores valores para a variância genética aditiva e variância genética dominante, que no entanto foram entendidos como sendo devidos a erros aleatórios, para esse caso particular de σ_A^2 e σ_D^2 .

A comparação através do progresso esperado acusou superioridade do método de avaliação de progênies S_1 em todas as situações estimadas. O mesmo foi observado quando foram considerados o coeficiente de herdabilidade e índice de variação, além das facilidades práticas de execução. Os esquemas onde foram exploradas as famílias de irmãos germanos mostraram tendência de superioridade para o cruzamento recíproco sem autofecundação. Os progressos observados apresentaram discrepâncias em relação aos progressos esperados, sendo que as progênies S_1 mostraram ganho negativo, provavelmente como consequência de uma recombinação pouco efetiva.

A forte depressão causada pela endogamia que foi detectada nas progênies S_1 mostrou que a variedade Centralmex, mesmo já tendo passado por seis ciclos de seleção, ainda é possuidora de grande parte dos seus locos em heterozigose e com pronunciado grau de dominância para o caráter de produção de grãos,

COMPARATIVE EFFICIENCY OF FOUR SELECTION METHODS IN AN
IMPROVED POPULATION OF MAIZE (*Zea mays* L.)

Author: Afonso Celso Candeira Valois

Adviser: Dr. José Branco de Miranda Filho

SUMMARY

The maize variety, Centralmex MI-VI, was planted in four contiguous blocks, with approximately the same number of plants per block. Four mating schemes were then used: block 1 - reciprocal crosses (plant-to-plant pollination) of the upper ears and selfing of the lower ears; block 2 - reciprocal crosses of the upper ears without selfing; block 3 - sequential pollination or chain crosses (1x2, 2x3, ..., n-1xn, nx1); and block 4 - selfing of the upper ears. Selection schemes were based on full-sib progeny evaluation for blocks 1, 2 and 3 and on S_1 progeny evaluation for block 4, followed by recombination of remnant full-sib seeds for blocks 2 and 3 and of S_1 seeds for blocks 1 and 4.

Comparisons were made among the four selection schemes by taking into account several aspects, such as: a) total genetic variance expressed among progenies; b) variation index and coefficient of heritability on a progeny mean basis; c) expected progress based on observed differential of selection (d_s) and on standardized differential of selection (i) estimated as a function of selection intensity; d) expected progress by making constant the selection intensity with varying effective population size, and vice-versa; e) observed progress from selection among progenies, based on experimental evaluation of the improved populations in replicated trials at two locations. Genetic variances, variation index and coefficient of heritability were higher for S_1 families, as well as the expected progress based on S_1 family

selection was higher than for other selection schemes. Observed progress, however, was lower for S_1 family selection, probably due to a less effective recombination of remnant selfed seeds.

The overall estimate of additive genetic variance was $\hat{\sigma}_A^2 = 3,3494 \times 10^{-4}$ Kg (plant basis), which did not differ greatly from previous estimates in the same population. The dominance variance estimate was $\hat{\sigma}_D^2 = 0,6033 \times 10^{-4}$ Kg/plant and the variance ratio was $\hat{\sigma}_D^2/\hat{\sigma}_A^2 = 0,180$. Possible bias of the estimates may be due to: i) selection during hand pollination, mainly in the block 1, which required prolific plants; ii) inbreeding effect of S_1 families; iii) the restriction of \bar{p} (allele frequency) = 0.5 for segregating loci in the variance expressed among selfed families; iv) variance of the estimates due to sampling and restricted effective size.

It was concluded that the maize variety Centralmex MI-VI expresses enough variability to provide additional gain from selection, even though such a population had undergone six cycles of half-sib family selection before this study was initiated. Inbreeding depression, based on the relative performance of selfed families was of the order of 39,5%, which indicates a high level of heterozygosity for loci with some level of dominance.

1. INTRODUÇÃO

De uma maneira geral os métodos de melhoramento genético de populações de milho estão reunidos em grupos que visam ao melhoramento intrapopulacional e interpopulacional. Os métodos envolvidos no melhoramento intrapopulacional referem-se à várias modalidades de seleção massal e diversos esquemas envolvendo teste de progênies (meios irmãos, irmãos germanos, S_1 , S_2 , etc.). Por outro lado, dentro do grupo do melhoramento interpopulacional geralmente são considerados os métodos de seleção recorrente para capacidade específica de combinação e esquemas de seleção recorrente recíproca (PATERNIANI e MIRANDA FILHO, 1978). Conforme é sabido, esses métodos visam, essencialmente, aumentar a frequência de genes favoráveis nas populações consideradas (PATERNIANI, 1969a). Diversos autores apresentam revisões detalhadas sobre os métodos propostos pelos melhoristas de milho (PENNY *et alii*, 1963; LONNQUIST, 1965; PATERNIANI, 1969b; SPRAGUE e EBERHART, 1977; PATERNIANI e MIRANDA FILHO, 1978; HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981).

Para a elaboração e execução dos programas de melhoramento o principal fator é escolher, entre os vários métodos disponíveis, quais aqueles que são capazes de apresentar as maiores eficiências em relação às populações de genótipos a serem trabalhadas. Um método é considerado mais eficiente do que outro quando tem capacidade de mostrar progressos maiores ou iguais em menor espaço de tempo e dispêndio inferior de recursos e esforços.

Apesar da escolha certa do método de melhoramento genético se constituir em um passo decisivo para que sejam obtidos incrementos significativos dos progressos genéticos na população em estudo, ao melhorista cabe ainda reconhecer quais aqueles parâmetros metodológicos que contribuem para a maior eficiência de cada método. Assim, na execução das comparações devem ser considerados aspectos da intensidade de seleção, tamanho efetivo da população e coeficiente de variação experimental que, direta ou indiretamente, estão relacionados com o sucesso do programa, dentro dos objetivos propostos.

Como caminhos alternativos para que sejam realizadas comparações entre os diversos métodos, podem ser utilizados os seguintes procedimentos: a. emprego da Genética Quantitativa tendo em vista o fornecimento das bases teóricas dos diferentes modos através dos quais a eficiência de um método pode ser aumentada, além da comparação propriamente dita dos diversos esquemas; b. de posse dos resultados obtidos por diferentes pesquisadores e em diferentes condições experimentais, efetuar a comparação dos vários esquemas empregados; c. aplicação simultânea de vários métodos de melhoramento em uma mesma população e em condições experimentais semelhantes.

A fundamentação teórica com o emprego de processos inteiramente biométricos traz às vezes inconveniências, pois, um determinado método pode ser considerado teoricamente superior por proporcionar progressos elevados, mas, ser julgado inconveniente sob outros aspectos, tais como intensidade de trabalho e recursos envolvidos, intervalo do ciclo de seleção, etc. A duração do ciclo de seleção é um aspecto importante, pois, não só interfere com o progresso médio por ano, como também tem implicações com a interação genótipo x ambiente (anos), pois, sendo a seleção praticada em um único ano, este pode não ser representativo dos demais anos que envolvem um ciclo de seleção. Por outro lado, a utilização dos resultados obtidos por diferentes pesquisadores, na comparação dos diversos métodos, pode tornar-se inconveniente em virtude de fatores como: a. diferentes constituições genéticas das populações; b. variação nas metodologias empregadas na condução dos ensaios experimentais;

c. diferenças na avaliação dos resultados. Além das diferenças de cunho genético das populações, os procedimentos que mais diferem entre os melhoristas referem-se ao tamanho da amostra, intensidade de seleção e pesos relativos quando a seleção é aplicada para vários caracteres. Por seu turno, a comparação dos métodos através das aplicações simultâneas em uma mesma população é a mais adequada, pois, permite a obtenção de resultados mais consistentes em relação às outras duas opções. No entanto, é mais trabalhoso, o que tem conduzido à sua pouca utilização pelos melhoristas de milho. Entretanto, dentro de um contexto metodológico mais plausível na comparação de diversos métodos de melhoramento genético, o procedimento mais seguro e eficaz talvez seja associar a aplicação simultânea dos vários métodos em uma mesma população em igualdade de condições experimentais aos processos biométricos dados pela Genética Quantitativa. Tal procedimento assegura uma quantidade mais ampla de informações, pois, associa aspectos teóricos a resultados experimentais para a avaliação das hipóteses inerentes à metodologia de comparação de métodos de melhoramento genético.

Em vista do exposto, o presente trabalho refere-se ao estudo comparativo de quatro métodos de seleção em uma população melhorada de milho, utilizando-se de processos biométricos aplicados a resultados de experimentos conduzidos especificamente para tal finalidade. Assim, são estudadas as eficiências dos esquemas de irmãos germanos com autofecundação da segunda espiga, irmãos germanos sem autofecundação, irmãos germanos com cruzamentos em cadeia e avaliação de progênes S_1 .

2. REVISÃO DE LITERATURA

A presente revisão envolve tópicos tomados como relevantes, de maneira a facilitar uma abordagem mais clara dos aspectos levantados no trabalho em pauta. Assim, são feitas referências aos métodos de melhoramento genético do milho que levam em consideração famílias de irmãos germanos e de autofecundação, estimativa dos componentes da variância genética, além da comparação entre aqueles e outros esquemas de seleção.

2.1. Seleção de famílias de irmãos germanos

Conforme as citações de PATERNIANI e MIRANDA FILHO (1978), famílias de irmãos germanos correspondem à descendência do cruzamento entre duas plantas, cujas progênes podem ser avaliadas e usadas na seleção. Esses mesmos autores citam que o cruzamento planta a planta no melhoramento de milho já foi utilizado no século passado, mas que o método de seleção entre progênes de irmãos germanos foi proposto por HURLAND (1946), que conseguiu resultados substanciais no melhoramento de uma determinada cultivar.

De acordo com VALVA (1977), após a realização dos cruzamentos entre os pares de plantas, a avaliação é feita no ano seguinte, e com base nos resultados, as sementes remanescentes das melhores famílias são misturadas visando à formação do próximo ciclo de seleção. Cita

ainda que apesar de cada ciclo de seleção ser completado em apenas dois anos, o método apresenta a desvantagem de exigir bastante trabalho na realização dos cruzamentos manuais em número suficiente para não reduzir excessivamente o tamanho efetivo da população. Mesmo assim, este método tem sido utilizado e se mostrado eficiente no melhoramento de populações de milho (PATERNIANI e MIRANDA FILHO, 1978) conforme mostram os resultados relatados na literatura (ROBINSON e COMSTOCK, 1955; LONNQUIST, 1961; SILVA e LONNQUIST, 1968; MOLL e STUBER, 1971; JINAHYON e MOORE, 1973; MOLL *et alii*, 1975; GENTER, 1976; COMPTON, 1977, dentre outros). Alguns resultados obtidos com um ou mais ciclos estão incluídos na Tabela 1.

Nos cruzamentos recíprocos visando à seleção de famílias de irmãos germanos pode ser empregada a metodologia de autofecundação da segunda espiga de cada paternal, tendo em vista a recombinação das espigas S_1 provenientes dos cruzamentos superiores. Uma outra maneira de exploração do método é através do cruzamento da planta S_0 com dois outros genótipos em vez de somente um, isto é, 1×2 , 2×3 , 3×4 , ..., $(n-1) \times n$, $n \times 1$ de modo que o ciclo fique fechado envolvendo todos os genótipos. Conforme as citações de HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) em referência ao trabalho de LONNQUIST (1961), este método é denominado de *cruzamento em cadeia*, que parece ser mais efetivo no incremento da produção de grãos em relação aos cruzamentos pareados. LONNQUIST (1961), em um programa de seleção para alta e baixa produção de grãos, obteve um aumento de 3,5% e uma diminuição de 6,1%, respectivamente, utilizando progênies de irmãos germanos obtidas de cruzamentos pareados. Por outro lado, utilizando progênies de irmãos germanos de cruzamentos em cadeia, obteve respostas de 10,6% e 4,9%, respectivamente, na mesma população. O método de cruzamentos em cadeia apresenta a vantagem de possibilitar a avaliação de uma progênie como pai e como mãe utilizando duas outras diferentes progênies. Já os cruzamentos recíprocos com autofecundação da segunda espiga mostram as vantagens de conduzir à seleção indireta para prolificidade, obtenção de maior número de sementes para o desenvolvimento do programa, além de possibilitar a alternativa de poder-se avaliar de maneira simultânea famílias de irmãos germanos e S_1 e com isso, possibilitar o aceleramento do processo seletivo.

Tabela 1. Seleção entre famílias de irmãos germanos em diversas populações de milho

Número de populações	Número de ciclos	Intensidade de seleção (%)	Ganho por ano (%)	Ganho por ciclo (%)	Referência
1	1	0,47	4,4	-	LONNQUIST, 1961
2	1	-	10,0	-	TIJERINA e WELLHAUSEN, 1966 ^a
1	1	0,04	7,5	-	SILVA e LONNQUIST, 1968
1	6	-	-	3,5	MOLL e STUBER, 1971
1	6	-	-	2,8	MOLL e STUBER, 1971
1	6	-	-	2,5	MOLL e STUBER, 1971
1	6	-	-	2,8	MOLL e STUBER, 1971
1	10	-	-	4,0	MOLL e STUBER, 1971
1	4	-	-	7,9	JINAHYON e MOORE, 1973
1	4	-	-	9,3	GENTER, 1976
1	4	-	-	2,9	COMPTON, 1977

^a citado por LONNQUIST, 1967.

FONTES: VALVA, 1977 e PATERNIANI e MIRANDA FILHO, 1978.

2.2. Seleção recorrente baseada no comportamento de progênies S_1

No melhoramento de populações de milho têm sido utilizadas progênies endogâmicas obtidas através de autofecundações. PATERNIANI e MIRANDA FILHO (1978) citam de maneira bem detalhada a condução do esquema que em linhas gerais envolve a autofecundação das melhores plantas da população, estabelecimento de experimentos de avaliação de progênies e recombinação das superiores, de modo que cada ciclo leva três anos, ou mesmo quatro, se houver necessidade de uma recombinação mais efetiva. Referem-se ainda a que o uso de progênies endogâmicas no melhoramento de populações é recomendado para caracteres de baixa herdabilidade, devido a endogamia conduzir ao aumento da variância genética entre progênies, permitindo assim um aumento do progresso esperado por ciclo de seleção. Permite ainda a seleção contra genes recessivos indesejáveis, provando assim ser um esquema útil na obtenção de populações propícias à extração de linhagens vigorosas (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981). O método requer polinizações controladas e em termos de tamanho efetivo é o menor de todos, quando comparado com o mesmo número de progênies selecionadas por outros métodos.

De acordo com VALVA (1977), vários pesquisadores utilizaram a avaliação "per se" de linhagens S_1 , e a posterior recombinação daquelas selecionadas visando ao melhoramento de caracteres em populações de milho, mesmo de baixa herdabilidade, como a produção de grãos. Também PENNY *et alii* (1967) conseguiram resultados significativos para resistência a *Ostrinia nubilalis*, enquanto que SCOTT e ROSENKRANZ (1974) encontraram outros bons resultados para resistência a "corn stunt", ao passo que MOCK e BAKRI (1976) obtiveram bons progressos para o caso da resistência ao frio.

Autores como BURTON *et alii* (1971) e GOULAS e LONNQUIST (1976) comentaram que o comportamento de progênies provenientes de autofecundações refletem, principalmente, o efeito de genes aditivos, dando maior ênfase à contribuição de locos em homozigose. Tendo como base a comparação das fórmulas para calcular os progressos esperados COMSTOCK

(1964) considerou este método de seleção intrapopulacional como o mais promissor de todos, na ausência de sobredominância, e que na presença desta, como sendo capaz de ainda proporcionar progressos significativos durante alguns anos.

Na Tabela 2 encontram-se alguns resultados obtidos com o emprego de progênies S_1 , e que foram apresentados por VALVA (1977).

HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) apresentam uma ampla revisão sobre resultados experimentais dos diversos métodos de melhoramento.

2.3. Estimativas dos componentes da variância genética

Em programas de melhoramento genético as estimativas dos componentes da variância genotípica são de ampla aplicabilidade, pois é da maior ou menor amplitude de variabilidade genética que dependem tanto o método a ser aplicado como a população a ser empregada. Os trabalhos de ROBINSON *et alii* (1949); GARDNER *et alii* (1953); ROBINSON *et alii* (1955); LINDSEY *et alii* (1962); MOLL *et alii* (1964); SPRAGUE (1964); GOODMAN (1965); EBERHART *et alii* (1966); MOLL e ROBINSON (1966); HALLAUER e WRIGHT (1967); HALLAUER (1970); MARQUEZ-SANCHEZ e HALLAUER (1970); SENTZ (1971); WRIGHT *et alii* (1971); OBILANA e HALLAUER (1974); SUBANDI e COMPTON (1974) e SILVA e HALLAUER (1975), apresentam estimativas dos componentes da variância genética em milho envolvendo de uma maneira geral populações F_2 , variedades de polinização livre e variedades sintéticas. Para o caso específico da variedade Centralmex MI-VI; TORRES SEGOVIA (1976) encontrou valores de 0,2042; $3,89 \times 10^{-4}$ kg/planta; 15,9%; 16,8%; 8,9% e 0,53 para os parâmetros variância genética ($\hat{\sigma}_p^2$), variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), coeficiente de herdabilidade (\hat{h}^2), coeficiente de variação experimental ($\hat{C\bar{V}e}$), coeficiente de variação genética ($\hat{C\bar{V}g}$) e índice de variação (\hat{b}), respectivamente. Esses e outros trabalhos desenvolvidos visando identificar o tipo de variância genética predominante no controle de caracteres, incluindo a produção de grãos, mostraram ser a variância genética aditiva o principal componente da variância

Tabela 2. Seleção recorrente com progênies S_1

Número de populações	Número de ciclos	Intensidade de seleção	Progresso por ano (%)	Referência
1	1	0,40	10,4	GENTER e ALEXANDER, 1966
1	1	0,11	3,6	LONNQUIST, 1967
1	1	0,17	1,5	CARANGAL, 1967*
1	1	-	2,7	LONNQUIST e CASTRO, 1967
5	4	0,10	1,7	BURTON <i>et alii</i> 1971
1	1	-	2,5	GENTER, 1971
1 ^a	5	-	0,5	HORNER <i>et alii</i> , 1973
1 ^b	2	0,22	6,0	GOULAS e LONNQUIST, 1976

* citado por LONNQUIST, 1967

a com linhagens S_2

b seleção combinada de progênies S_1 e de meios irmãos.

FONTE: VALVA, 1977.

genética total. O sucesso do melhoramento intrapopulacional depende dessa variância, pois, é de sua magnitude que vai depender o êxito do processo seletivo (VENCOVSKY, 1969; VENCOVSKY e MIRANDA FILHO, 1972). Médias das estimativas da variância aditiva e variância dominante da produção de grãos, envolvendo resultados de 99 experimentos, são fornecidas por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981). As estimativas médias foram, respectivamente, $4,691 \times 10^{-4}$ e $2,868 \times 10^{-4}$, referentes à unidades em kg/planta. A relação σ_D^2/σ_A^2 foi estimada como 0,9377 na média de 99 experimentos. Tais experimentos incluem populações F_2 , sintéticos, variedades de polinização livre, cruzamentos intervarietais e compostos. Os autores fornecem ainda, a distribuição das estimativas da variância aditiva e variância dominante da produção de grãos, envolvendo resultados de 99 experimentos, são fornecidos por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981). As estimativas médias foram, respectivamente, $4,691 \times 10^{-4}$ e $2,868 \times 10^{-4}$, referentes à unidade em kg/planta. A relação σ_D^2/σ_A^2 foi estimada como 0,9377 na média de 99 experimentos. Tais experimentos incluem populações F_2 , sintéticos, variedades de polinização livre, cruzamentos intervarietais e compostos. Os autores fornecem ainda, a distribuição das estimativas da variância aditiva para cada tipo de população. Os valores de algumas estimativas individuais podem ser encontrados nos trabalhos de RAMALHO (1977) e MIRANDA FILHO e VENCOVSKY (1972). Na Tabela 3 estão incluídos outros resultados obtidos através de estimativas.

Em termos de grau médio de dominância, as estimativas podem ser obtidas de maneira indireta através da relação σ_D^2/σ_A^2 (RAMALHO, 1977).

No referente aos efeitos epistáticos trabalhos desenvolvidos por BAUMAN (1959); GORSLINE (1961); SPRAGUE *et alii* (1962); SPRAGUE e THOMAS (1967) e STUBER e MOLL (1969), mostraram resultados significativos. No entanto, outros trabalhos (ROBINSON *et alii*, 1955; ROBINSON *et alii*, 1958; ROBINSON e COCKERHAM, 1961; COMPTON *et alii*, 1965; STUBER *et alii*, 1966; GARDNER e PATERNIANI, 1967; CHI *et alii*, 1969; WRIGHT *et alii*, 1971; OSÓRIO, 1972; SILVA e HALLAUER, 1975) evidenciaram que esses efeitos podem ser considerados desprezíveis. Em termos gerais, os efeitos

Tabela 3. Estimativas da variância genética aditiva ($\bar{\sigma}_A^2$) de dominância ($\bar{\sigma}_D^2$) e da relação $\bar{\sigma}_D^2/\bar{\sigma}_A^2$ obtidas para a produção de grãos (kg/planta) em diferentes populações de milho

Populações	Nº de ex- rimento	$\bar{\sigma}_A^2$ x 10 ⁻⁴	$\bar{\sigma}_D^2$	$\frac{\bar{\sigma}_D^2}{\bar{\sigma}_A^2}$	Referência
Variedades					
Krug Yellow Dent	2	16,31	8,51	0,52	LINDSEY <i>et alii</i> , 1962
Jarvis	6	4,18	2,71	0,65	MOLL e ROBINSON, 1966
Indian Chief	5	2,22	0,49	0,22	MOLL e ROBINSON, 1966
HAYS GOLDEN	8	8,64	1,88	0,22	GARDNER, 1977
Compostos					
Corn Belt Composite	2*	7,80	2,36	0,30	GOODMAN, 1965
West Indian Composite	2*	18,26	2,25	0,12	GOODMAN, 1965
Stiff Stalk Synthetic	3	1,84	2,37	1,29	HALLAUER, 1970
Corn Borer Synthetic	3	1,43	0,53	0,46	HALLAUER, 1970
Minnesota Synthetic-3	I**4	2,89	2,43	0,84	SENTZ, 1971
Minnesota Synthetic-3	II**3	1,74	1,32	0,76	SENTZ, 1971
Gaspê x Colombian	a***2	1,71	0,56	0,33	SUBANDI e COMPTON, 1974
Gaspê x Colombian	b 2	29,32	12,76	0,44	SUBANDI e COMPTON, 1974
F₂****					
C 21 x NC7	9	5,74	6,98	1,21	
NC33 x K 64	4	4,51	4,92	1,09	
M 14 x 187-2	8	7,37	3,89	0,53	
NC34 x NC-45	4	6,36	16,21	2,55	

* Resultados referentes a média de dois locais.

** Dados obtidos com o delineamento I e II respectivamente.

*** Ensaio com duas densidades populacionais a = 68,88 plantas/ha e b = 17.222 plantas/ha.

**** Dados médios obtidos a partir da revisão apresentada por GARDNER, 1963.

FORNE: RAMALHO, 1977.

epistáticos podem ser importantes em certas combinações genotípicas, que no entanto não são frequentes; isso conduz a que esses efeitos não sejam considerados na maioria das estimativas dos componentes da variância genética. HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) concluíram que, de um modo geral, a presença de epistase não tem sido demonstrada através de estimação dos componentes da variância, os quais envolvem procedimentos estatísticos complexos nos quais estão implícitos erros de estimativa de grande magnitude. Entretanto, os autores reconhecem que cruzamentos entre linhagens elites de milho tem mostrado evidências de efeitos epistáticos.

As estimativas dos componentes de variância genética são obtidas através de delineamentos genéticos (esquemas de cruzamento) apropriados e se baseiam fundamentalmente no grau de parentesco entre os indivíduos que constituem as progênes geradas nos cruzamentos. Os fundamentos dos diversos esquemas são fornecidos por COMSTOCK e ROBINSON (1948 e 1952), ROBINSON *et alii* (1949), HAYMAN (1958), RAWLINGS e COKERHAM (1962), COKERHAM (1963), MATHER e JINKS (1971), KEMPTHORNE (1973), dentre outros. HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) fornecem detalhadamente os diversos esquemas utilizados para estimação dos componentes da variância em milho. Dentre os diversos esquemas o conhecido por delineamento I (COMSTOCK e ROBINSON, 1948) tem sido bastante utilizado. Segue um modelo de classificação hierárquica através do envolvimento de cruzamentos de plantas S_0 , tomadas como machos, com uma série de outras plantas escolhidas como fêmeas. Estas são diferentes daquelas doadoras de pólen. Cada planta usada como macho é cruzada com um diferente conjunto de fêmeas, isto é, m machos são cruzados com f fêmeas de modo a produzirem mf progênes para avaliação. A estrutura genética das progênes inclui irmãos germanos quando possuem os dois pais em comum, e meios irmãos quando o pai macho encontra-se em comum, de acordo com o seguinte esquema apresentado por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981):

$$\begin{array}{lll}
 m_1 \times f_1 = P_{11} & m_2 \times f_5 = P_{25} & \dots m_i \times f_j = P_{ij} \\
 \times f_2 = P_{12} & \times f_6 = P_{26} & \times f_k = P_{ik} \\
 \times f_3 = P_{13} & \times f_7 = P_{27} & \times f_l = P_{il} \\
 \times f_4 = P_{14} & \times f_8 = P_{28} & \times f_n = P_{in}
 \end{array}$$

Os indivíduos dentro de cada progênie P_{ij} são irmãos germanos, enquanto que os indivíduos de progênie P_{ij} são meios irmãos daqueles de progênie P_{ij} .

O esquema de cruzamentos em cadeia, conforme sugerido por LONNQUIST (1961), assemelha-se, de certo modo, ao delineamento I. Porém, não constam na literatura os fundamentos teóricos daquele esquema de cruzamento para fins de estimação dos componentes da variância genética.

2.4. Comparação entre métodos de melhoramento genético de populações de milho

Na comparação de esquemas de seleção, HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) citam que pode ser utilizado o procedimento baseado na igualdade de intensidade de seleção, bem como o referente ao mesmo tamanho efetivo das populações. O primeiro caso torna-se mais importante quando se deseja comparar progressos em programas de seleção de curta duração, pois, o objetivo é maximizar o ganho em poucas gerações de seleção. Enquanto isso, o caso de igualdade de tamanho efetivo tem melhor aplicação para os casos em que o melhorista objetiva um programa de seleção de longa duração; neste caso, a variabilidade genética da população não deve ser reduzida drasticamente em poucas gerações se forem esperados contínuos progressos durante o desenrolar do programa. No entanto, conforme a citação dos mesmos autores, RAWLINGS (1970) apontou que o tamanho efetivo geralmente não se constitui em grande problema em programas de seleção e que um tamanho efetivo de 30 a 45 se constitui em um número razoável. Por outro lado, ROBERTSON (1960) enfatizou a importância do tamanho efetivo em decorrência do progresso total esperado em um programa de seleção recorrente ser proporcional ao tamanho efetivo da população. Para o caso específico da seleção entre famílias de irmãos germanos VENCOVSKY e GODOI (1976), citados por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981),

usando a troca esperada na frequência gênica em um ciclo de seleção e a probabilidade de fixação usaram valores de 10/100 e 30/100; os autores mostraram a equivalência do tamanho efetivo das populações considerando as duas intensidades de seleção e concluíram em termos de que o esquema de irmãos germanos é capaz de apresentar valores incrementados de coeficientes de seleção e com isso, proporcionar resposta por ciclo de seleção em considerável amplitude. O tamanho efetivo populacional pode ser obtido através de fórmulas matemáticas, conforme os trabalhos de CROW e KIMURA (1970) e VENCovsky (1976, 1978a).

A Genética Quantitativa tem possibilitado o conhecimento de bases teóricas visando à comparação da eficiência relativa dos vários esquemas de seleção, onde uma das contribuições tem sido o desenvolvimento de expressões que permitem o cálculo do progresso esperado com a seleção. Assim é que podem ser citados os trabalhos de COMSTOCK (1964), SPRAGUE (1967), EBERHART (1970), EMPIG *et alii* (1972) e RAMALHO (1977). EBERHART (1970) apresentou uma expressão que permite comparar o progresso esperado com a seleção através dos diferentes esquemas, bem como determinar quais os fatores de influência na eficiência dos métodos. A expressão básica apresentada pelo autor foi a seguinte:

$$GS = \frac{1}{Y} (PHD),$$

onde:

GS = progresso esperado com a seleção, por ano;

Y = número de anos necessários, por ciclo de seleção;

P = valor dependente do grau de controle parental exercido;

H = herdabilidade que é estimada por σ_g^2/σ_F^2 , sendo σ_g^2 e σ_F^2 a variância genética aditiva e a variância fenotípica presentes na unidade de seleção, respectivamente;

D = diferencial de seleção, que é igual a $(\bar{X}_S - \bar{X})$, sendo \bar{X}_S a média dos indivíduos ou família selecionada, \bar{X} a média geral da população; para a seleção truncada $D = k\sigma_F$, sendo o k o diferencial de seleção standardizado e σ_F o desvio padrão fenotípico da unidade de seleção.

Na literatura já existem muitos trabalhos onde os autores procuraram comparar métodos de melhoramento através de processos teóricos, ou utilizando dados de diferentes pesquisadores, ou mesmo, buscando o processo simultâneo se bem que em menor escala. Entre estes podem ser citados os trabalhos de LONNQUIST e RUMBAUGH (1958), LONNQUIST (1968) e HORNER *et alii* (1969) que relataram a eficiência relativa usando progênies endogâmicas e aquelas obtidas como resultado do cruzamento com um testador ("top-crosses"). Envolvendo essas progênies S_1 outros trabalhos foram realizados, como os que em seguida estão apresentados.

GENTER e ALEXANDER (1962) efetuaram a comparação de progênies S_1 e cruzamentos-teste usando plantas S_0 de quatro variedades sintéticas de milho. As plantas foram autofecundadas e cruzadas com dois híbridos simples. As comparações entre as progênies S_1 e performance do cruzamento-teste foram feitas em ensaios repetidos em dois locais, em dois anos. Foram tomados dados de acamamento, plantas quebradas, umidade de grão por ocasião da colheita, qualidade do grão e ganho de produção. Foi visto que as progênies S_1 foram menos influenciadas pelo ambiente do que aquelas provenientes dos cruzamentos com os testadores. A relação entre S_1 e cruzamentos-teste indicou que a performance de progênies S_1 pode ser associada com as capacidades geral e específica de combinação. Também os mesmos autores verificaram que as progênies S_1 mais produtivas apresentavam tendência de originar cruzamentos mais produtivos, com a correlação entre linhagens S_1 e cruzamento-teste diminuindo a cada ciclo de seleção. No referente à sensibilidade aos efeitos ambientais LONNQUIST e LINDSEY (1964) encontraram resultados diferentes, pois, as progênies S_1 foram mais influenciadas em relação aos cruzamentos-teste.

HORNER (1963) conduziu dois experimentos em diferentes anos e com diferentes materiais genéticos visando comparar com relativa precisão plantas S_1 com linhas S_1 para capacidade de combinação com um testador de cruzamento simples. Em cada experimento a variância atribuída para diferenças genéticas entre linhas foi grande, e o erro experimental foi menor para plantas S_1 . O avanço genético médio foi de 37,29%

superior para as plantas S_1 . Também, LONNQUIST e CASTRO (1967) compararam a seleção de linhagens S_1 com a seleção empregando um testador da própria população e um outro não relacionado, obtendo progressos de 8%, 14% e 6%, respectivamente.

DUCLOS e CRANE (1968) efetuaram um estudo comparativo da performance de progênies S_1 e de cruzamento-teste utilizando um híbrido duplo como testador, por três gerações. De uma maneira geral os testes indicaram alta diferença estatística para aumento de produção no primeiro ciclo de seleção, sem, no entanto, haver diferença significativa entre os métodos.

Por outro lado, BURTON *et alii* (1971) efetuaram a avaliação de populações sintéticas de milho com o emprego de dois métodos de seleção recorrente. A efetividade da seleção de "test-crosses", ou seja, meios irmãos derivados de cruzamento com um testador (híbrido duplo), e a seleção de progênies S_1 "per se" foram avaliadas em quatro ciclos de seleção com cinco populações. Os resultados mostraram que a média de produção e a capacidade geral de combinação foram melhoradas significativamente nos quatro ciclos de seleção em ambos os métodos, mas, a seleção de progênies S_1 foi mais eficiente. Por seu turno, CARANGAL *et alii* (1971) realizaram avaliações de progênies S_1 e de "test-crosses" em dois ciclos de seleção recorrente para ganho de produção em uma população sintetizada a partir de treze linhagens. A variância genética para produção, no primeiro ciclo, foi significativamente maior para as progênies S_1 , mas, diminuiu no segundo ciclo. A variabilidade para umidade de espiga, quebra do colmo e acamamento foi aumentada nos dois esquemas. A seleção de progênies S_1 para ganho de produção apresentou melhor resultado, enquanto que houve igualdade entre os dois métodos no referente ao melhoramento para capacidade geral de combinação. Usando esses mesmos métodos, mais tarde GENTER (1973) usou duas populações e encontrou que em uma delas a seleção de progênies S_1 foi mais efetiva no aumento de produção e capacidade de combinação. A seleção com base em cruzamento com o testador foi efetiva no aumento de genes que contribuem para a produção em cruzamento, mas, não em populações "per se". Na outra

população a seleção de progênes S_1 foi tão efetiva quanto a seleção de "test-crosses" no aumento da frequência de genes que contribuem para produção tanto em linhagens como em populações híbridas.

GOULAS e LONNQUIST (1977) realizaram a comparação entre a seleção com base em meios irmãos, progênes S_1 "per se", e na combinação meios irmãos e famílias S_1 . A combinação meios irmãos - S_1 mostrou menor diferencial de seleção em relação a meios irmãos e S_1 propriamente ditos. A combinação dos dois métodos originou a seleção de genótipos melhor adaptados para diferenças ambientais. As evidências indicaram que a avaliação de meios irmãos deu origem a seleção de genótipos com média superior para resposta heterótica da população e maior que a média da depressão causada pela endogamia, enquanto que a avaliação das progênes S_1 apresentou-se de maneira oposta. O índice de seleção teve similar efeito, enquanto que o ganho de seleção apresentado pela combinação dos dois métodos foi superior a cada um separadamente.

Posteriormente, MILES *et alii* (1980) também compararam progênes S_1 com os métodos de seleção massal e de meios irmãos, visando a resistência à queima das folhas causada por *Helminthosporium turcicum* e podridão do colmo cujo agente etiológico é o fungo *Diplodia maydis*. O ganho estimado por ano para resistência à queima das folhas foi maior para a seleção massal cujo método foi aplicado com o controle de pólen. Para o caso da podridão do colmo, a seleção massal foi igual ao método de progênes S_1 . Os resultados obtidos indicaram ser a seleção massal o método mais eficiente para incrementar a resistência a doenças em populações de milho sem afetar o potencial de produção, se for mantido um tamanho ideal das populações.

Para o caso específico da comparação do efeito de seleção na produção de populações de progênes S_1 e de cruzamento com testador, na Tabela 4 encontram-se alguns resultados que foram extraídos de HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981).

Tabela 4. Efeito da seleção em ganho por ciclo na produção de populações de progênies S_1 e de cruzamento-teste em estudos comparativos de seleção recorrente

População	Número de ciclos	Ganho por ciclo		Referência
		S_1	cruzamento-teste	
Purdue Ex. sint. 1	1	38,7	8,1	DUCLOS e CRANE (1968)
Sintético A	2	4,6	15,7	CARANGAL <i>et alii</i> (1971)
BSK	4	1,9	2,5	BURTON <i>et alii</i> (1971)
VLE	2	1,3	0,6	GENTER (1973)
VCBS	2	6,7	3,6	GENTER (1973)

FONTE: HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981.

Em trabalhos com a variedade Centralmex propriamente dita, MOTA (1974) analisou o comportamento de progênies S_1 e de meios irmãos dessa variedade oriunda de quatro ciclos de seleção recorrente entre e dentro de famílias de meios irmãos. Encontrou pouca correlação entre progênies S_1 e de meios irmãos e elevada depressão pela endogamia para peso de grãos (as progênies S_1 produziram 34,3% menos do que aquelas de meios irmãos), indicando que grande parte dos locos controladores desse caráter estavam em heterozigose e com elevado grau de dominância. O autor verificou ainda que a variância genética entre progênies S_1 apresentou valores mais altos do que a liberada entre progênies de meios irmãos, que foram de 0,5323 e 0,1833, respectivamente. Esses valores, juntamente com a estimativa da variância genética aditiva ($\sigma_A^2 = 0,7332$) e o coeficiente de variação genética, mostraram ser a variedade ainda possuidora de suficiente variabilidade genética para ser explorada em programas de melhoramento do caráter de produção de grãos. Para as progênies S_1 o valor do coeficiente de herdabilidade foi de 84,5% contra 65,5%

para aqueles de meios irmãos, enquanto que a magnitude do coeficiente de variação genética apresentou-se em 30,4% para S_1 e em 11,3% para aquelas de meios irmãos.

Para o caso específico do envolvimento de famílias de irmãos germanos na comparação de métodos de melhoramento as referências bibliográficas encontram-se em número inferior ao apresentado para progênes S_1 . Nesse sentido, SILVA e LONNQUIST (1968) efetuaram a comparação de esquemas usando famílias de irmãos germanos e de meios irmãos oriundas da variedade "Krug Yellow Dent" obtida a partir do emprego do delineamento I, apresentado por COMSTOCK e ROBINSON (1948, 1952). Foram conseguidas duas populações melhoradas sendo uma advinda do inter cruzamento das progênes S_1 dos progenitores masculinos das famílias selecionadas de meios irmãos, enquanto que a outra resultou do inter cruzamento de plantas oriundas de sementes remanescentes das famílias de irmãos germanos selecionadas. As produções apresentadas pelas duas populações, em relação à variedade original, foi de 11% e 15%, respectivamente, cujos valores foram estatisticamente significativos. Os autores comentaram que o maior progresso observado para o caso das famílias de irmãos germanos teve como fator principal a maior intensidade de seleção aplicada.

Dentro desse mesmo propósito de comparar irmãos germanos com meios irmãos JONES *et alii* (1971) utilizaram o esquema de seleção recorrente recíproca empregando famílias oriundas dos dois sistemas de seleção. Para isso se valeram de aplicações algébricas e uso de simulações em computador que também se refere a uma maneira de serem utilizados os conhecimentos teóricos doados pela Genética Quantitativa na eficiência comparativa de métodos de melhoramento. Levando em consideração, principalmente, aspectos de frequência e ação gênica além de influências ambientais, concluíram ser a seleção recorrente recíproca baseada em famílias de irmãos germanos mais eficiente quando em presença de intensidade de seleção menos pronunciada e maior variância ambiental em relação à variância genética total. Enfatizaram ainda que nessa condição de intensidade de seleção mais branda pode ser mantido maior tamanho efetivo da população, fator este que diminui a proporção que a intensidade aumenta.

MOLL e STUBER (1971) fizeram comparações experimentais entre seleção de famílias de irmãos germanos e seleção recorrente recíproca para alto ganho de produção em populações de milho, em seis ciclos de seleção. As populações estudadas responderam 2,1 mais vezes para irmãos germanos do que para seleção recorrente recíproca. A resposta da variedade híbrida foi 1,3 vezes para a seleção recorrente. A heterose na variedade híbrida aumentou marcadamente após a seleção recorrente, mas, mostrou pouca variação após o emprego da seleção de irmãos germanos.

Outras comparações entre famílias de irmãos germanos e de meios irmãos foram realizadas por RAMALHO (1977). Foram utilizados dados reais de 30 populações e que foram obtidos dentro do programa de melhoramento de populações de milho do Departamento de Genética da ESALQ/USP em Piracicaba-SP, e usadas as estimativas de médias de parâmetros genéticos e ambientais. As comparações foram baseadas, primeiramente, na igualdade de intensidade de seleção, e após, no mesmo tamanho efetivo das populações. Tomando diferentes combinações de intensidades de seleção entre e dentro de famílias, o autor mostrou que quanto menor a herdabilidade do caráter (maior o coeficiente de variação experimental) e menor a percentagem de seleção entre as famílias, maior é a eficiência dos processos de seleção com famílias de irmãos germanos em relação aos de meios irmãos. Todas as comparações tiveram como base uma intensidade total de seleção de 2%, combinado para entre e dentro de seleção de famílias.

Para o caso particular da comparação de métodos de melhoramento envolvendo progênies de famílias S_1 e de irmãos germanos, na literatura consta o trabalho de WEST *et alii* (1980). Estes autores compararam os dois métodos envolvendo um índice relacionado com a produção e densidade de plantio. Dois ciclos de seleção de progênies S_1 "per se" foram completados em cada uma das seguintes populações: "Nebraska B Synthetic" (NBS), "Nebraska Stiff Stalk Synthetic" (NSS) e na variedade melhorada "Nebraska Krug" (NKS). Também, dois ciclos de seleção recorrente recíproca com irmãos germanos foram realizados entre as variedades NBS e NSS e entre NBS e NKS. Considerando a população NBS, a resposta para a seleção de famílias S_1 foi significativamente superior em relação a

resposta apresentada pela seleção de famílias de irmãos germanos, ao passo que os dois métodos não diferiram quando comparados com as duas outras populações. A depressão causada pela endogamia em S_1 foi de 37% em relação a média de todas as populações originais (C_0), ao passo que os valores de depressão nas populações resultantes de seleção com progênes S_1 e progênes de irmãos germanos, no segundo ciclo (C_2), foram de 29% e 36%, respectivamente. Citando o trabalho de FALCONER (1960), os autores comentaram que essa alteração na depressão associada com a seleção pode indicar que a seleção de progênes S_1 tenha concorrido para um aumento da frequência de alguns alelos dominantes favoráveis em locos que se combinam aditivamente para a expressão do caráter. Enquanto isso, GENTER (1971) encontrou uma depressão média para produção de 33% ao comparar as progênes S_1 com quatro populações originais.

No referente ao ganho genético são encontrados trabalhos que procuram comparar o ganho esperado com o observado, conforme RAMALHO (1977). Assim é que WEBEL e LONNQUIST (1967) encontraram um valor de ganho esperado de 8,39% contra 9,44% do observado. Já no trabalho de COMPTON e BAHADUR (1977) o ganho esperado foi de 4,87%, enquanto o observado situou-se em 5,26%. Autores como SILVA e LONNQUIST (1968), PATERNIANI (1968), DARRAH *et alii* (1972) e HORNER *et alii* (1973), que também conseguiram resultados semelhantes aos já citados, consideraram esses valores como satisfatórios. No entanto, discrepâncias têm sido observadas, como aquelas apresentadas nos trabalhos de PENNY e EBERHART (1971), BURTON *et alii* (1971) e EBERHART *et alii* (1973).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material

Como material básico para o desenvolvimento do trabalho foi utilizada a variedade Centralmex MI-VI que tem como origem o cruzamento entre as variedades Piramex e América Central, que foi efetuado no ano de 1963 no Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" em Piracicaba, Estado de São Paulo (PATERNIANI *et alii*, 1977). O milho Piramex é composto essencialmente de germoplasma Tuxpeño, possuindo plantas altas, resistentes ao acamamento e espigas com sabugo fino o que conduz à obtenção de rendimentos em torno de 84%. Já a variedade América Central também é constituída em grande parte pelo germoplasma Tuxpeño, apresentando plantas mais baixas, sujeitas ao acamamento e espigas grossas devido principalmente a maior espessura do sabugo (PATERNIANI, 1971).

Por seu lado, a raça de milho mexicano Tuxpeño pode ser encontrada em condições de cultivo na Costa do Golfo do México, com os genótipos apresentando altura variando de 3 a 4 m, grande número de folhas e diâmetro de espiga situado entre 44 e 48 mm, conforme WELLHAUSEN *et alii* (1951) citado por MOTA (1974).

A variedade Centralmex MI-VI foi formada após a execução de seis ciclos de seleção recorrente entre e dentro de famílias de meios irmãos tendo como base a variedade Centralmex original e tem apresentado uma produção acima de 6.000 kg/ha (TORRES SEGOVIA e PATERNIANI, 1975). É provável que trata-se de uma variedade possuidora de alta frequência de genes favoráveis e ampla variabilidade genética. Possui largo emprego em plantios comerciais no Estado de São Paulo e em outros locais do território brasileiro, bem como nas regiões produtoras de milho do Paraguai (TORRES SEGOVIA, 1976).

3.2. Métodos

3.2.1. Procedimento experimental e análise da variância

Um campo de milho da variedade Centralmex MI-VI foi plantado em 1977-78 na área experimental do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" em Piracicaba (SP), onde se procederam polinizações manuais. O campo foi dividido em quatro lotes contendo aproximadamente o mesmo número de plantas representativo de uma população, sendo que foram realizados os seguintes tipos de polinizações:

- Lote 1: cruzamento recíproco com autofecundação da segunda espiga (método de avaliação de progênes de irmãos germanos). Esquema IGRS;
- Lote 2: cruzamento recíproco sem autofecundação (método de avaliação de progênes de irmãos germanos). Esquema IGR;
- Lote 3: cruzamento em cadeia - $1 \times 2, 2 \times 3, \dots (n-1) \times n, n \times 1$ (método de avaliação de progênes de irmãos germanos). Esquema IGC;
- Lote 4: autofecundação das primeiras espigas (método de avaliação de progênes S_1). Esquema S_1 .

Após a colheita, cada espiga foi debulhada individualmente, procedendo-se a mistura de sementes dos cruzamentos recíprocos de maneira independente para cada lote correspondente. Assim, resultaram 66 progênes do Lote 1, 101 progênes do Lote 2, 133 progênes do Lote 3 e 132 progênes advindas do Lote 4. Nos lotes 1 e 2, nem todos os

cruzamentos recíprocos produziram duas espigas; conseqüentemente algumas progênies foram avaliadas em experimentos com maior número de repetições, de acordo com a disponibilidade de sementes.

O esquema IGC apresentou dificuldades práticas de metodologia o que conduziu ao não fechamento de apenas um ciclo envolvendo todos os cruzamentos realizados. Na realidade foram fechados vários ciclos que corresponderam a cada dia de polinização. Isso deveu-se principalmente às dificuldades naturais de sincronização entre a mão de obra, volume de trabalho e os florescimentos masculino e feminino das progênies envolvidas. Também, mesmo considerando os vários ciclos estes foram quebrados por ocasião da seleção após os experimentos de avaliação das progênies.

Esses experimentos de avaliação foram instalados no Bairro de "Água Santa", município de Piracicaba, no ano agrícola 1978-79, com diferentes números de tratamentos e de repetições. Os experimentos com as progênies oriundas de cada Lote foram assim definidos:

- Experimento 1: delineamento em blocos casualizados, com 36 tratamentos e seis repetições; progênies do Lote 1. Esquema IGRS;
- Experimento 2: delineamento em lâtilice 6x6, com três repetições, contendo seis parcelas da variedade Centralmex MI-VI como testemunha em cada repetição; os demais tratamentos corresponderam a progênies do Lote 1. Esquema IGRS;
- Experimento 3: delineamento em lâtilice 9x9, com cinco repetições; progênies do Lote 2. Esquema IGR;
- Experimento 4: delineamento em blocos casualizados, com 25 tratamentos e duas repetições; 21 progênies do Lote 2 mais cinco tratamentos representados pela variedade Centralmex MI-VI. Esquema IGR;
- Experimento 5: delineamento em lâtilice 10x10, com três repetições; progênies do Lote 3. Esquema IGC;
- Experimento 6: delineamento em lâtilice 6x6, com duas repetições; 33 progênies do Lote 3 mais três tratamentos representados pela variedade Centralmex MI-VI. Esquema IGC;

Experimento 7: delineamento em lâtilice 10x10, com três repetições; progênies do Lote 4. Esquema S_1 ;

Experimento 8: delineamento em lâtilice 6x6, com duas repetições; 32 progênies do Lote 4 mais quatro tratamentos com a variedade Centralmex MI-VI. Esquema S_1 .

Nesses experimentos foram utilizadas parcelas de cinco metros espaçadas de 1,0m, com 25 plantas espaçadas de 0,20m.

As análises da variância foram efetuadas de acordo com o delineamento experimental usado. Porém, como não foi detectada eficiência para o delineamento em lâtilice (Tabela 11), todas as análises foram conduzidas como blocos casualizados. Em cada caso, o número de graus de liberdade de tratamentos foi decomposto para permitir uma análise da variância entre progênies, que constituem a fonte de variação de maior interesse no presente estudo. Assim, o modelo de blocos casualizados para a análise entre progênies utilizado foi o seguinte:

$$Y_{ij} = m + p_i + b_j + e_{ij}, \text{ sendo:}$$

Y_{ij} : produção de grãos, corrigida para 25 plantas por parcela e umidade de 15,5%, da progênie i da repetição j ;

m : média geral das progênies, no experimento;

p_i : efeito aleatório de progênies; $p_i \sim N(0, \sigma_p^2)$;

b_j : efeito aleatório de repetições; $b_j \sim N(0, \sigma_b^2)$;

e_{ij} : erro experimental associado à parcela ij ; $e_{ij} \sim N(0, \sigma^2)$

Na correção dos dados de peso de grãos para 25 plantas por parcela e umidade constante de 15,5%, foi utilizada a seguinte fórmula que corresponde a uma extensão daquela apresentada por ZUBER (1942), incluindo a correção simultânea para teor de umidade e número de plantas.

$$P_{cc} = P_c \cdot \left[\frac{H - 0,3F}{H - F} \right] \left[\frac{1 - U}{1 - 0,155} \right], \text{ sendo;}$$

P_{CC} : peso de campo corrigido para 25 plantas por parcela e 15,5% de umidade;

P_C : peso observado de campo;

H : número ideal de plantas por parcela;

F : número de falhas;

U : umidade observada de campo.

O esquema para a realização das análises da variância para peso corrigido de grãos está apresentado na Tabela 5, onde da fonte de variação devido a tratamentos (progênes + testemunhas), somente consta a de progênes.

Tabela 5. Esquema da análise da variância de progênes no delineamento em blocos casualizados

F.V.	G.L.	Q.M.	E(Q.M.)
Blocos	r-1	Q_1	-
Progênes	n-1	Q_2	$\sigma^2 + r\sigma_p^2$
Erro	(r-1)(t-1)	Q_3	σ^2

r: número de repetições; n: número de progênes avaliadas; t: número total de tratamentos (progênes + testemunhas).

FONTES: MIRANDA FILHO, 1978a.

Em seguida à obtenção dos dados, correção e análise estatística, foram selecionados, somente com base na produção de grãos, os seguintes números de progênes para cada método (identificados por lote):

Lote 1: 16 progênes (diferencial de seleção estandardizado $i = 24,24\%$)

Lote 2: 27 progênes (diferencial de seleção estandardizado $i = 26,73\%$)

Lote 3: 26 progênes (diferencial de seleção estandardizado $i = 19,55\%$)

Lote 4: 28 progênes (diferencial de seleção estandardizado $i = 21,21\%$)

Para o caso particular do esquema IGC, a seleção foi efetuada conforme recomenda LONNQUIST (1961), isto é, seleção entre pares de progênes, com base na média do par, e posterior seleção da melhor progênie em cada par selecionado. As melhores progênes assim selecionadas se constituíram na unidade de recombinação. Algumas progênes foram selecionadas com base no seu comportamento individual, quando não se dispunha do par correspondente.

Após essas seleções, foram plantados os lotes de recombinação (isolados em relação à época de plantio) com despendoamento, na Estação Experimental de Anhembi pertencente ao Departamento de Genética - ESALQ/USP, no ano agrícola 1979-80. Foram usadas sementes remanescentes, com o adendo de que para o Lote 1 (esquema IGRS) foram utilizadas as sementes S_1 correspondentes às progênes de irmãos germanos selecionadas.

Até o presente estágio de descrição, o projeto foi conduzido pelo Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho, do Departamento de Genética da ESALQ/USP.

Após a recombinação, as populações selecionadas, referentes a cada um dos métodos de melhoramento genético foram avaliadas em ensaio segundo o delineamento em blocos casualizados com 20 repetições em dois locais (Piracicaba e Ribeirão Preto - SP). Teve como testemunha a variedade Centralmex MI-VI (original), que como já foi visto, serviu de base para o desenvolvimento dos trabalhos. A parcela experimental foi de $10m^2$ e o espaçamento usado de 1,0m entre linhas e 0,20m dentro de cada linha de plantio. Foram utilizadas três sementes por cova, sendo o desbaste realizado 20 dias após o plantio, deixando-se a planta mais vigorosa. A correção dos dados de peso de grãos para 50 plantas por parcela e umidade constante de 15,5% foi feita do mesmo modo como o indicado para a primeira fase do programa.

No esquema da análise da variância dentro de cada local, por caráter, foi utilizada a decomposição do número de graus de liberdade conforme a Tabela 6. Na análise conjunta o esquema seguido foi de acordo com o apresentado na Tabela 7. Em ambas as análises considerou-se o modelo misto, sendo aleatórios somente os efeitos de blocos e do erro experimental. Na comparação de médias foi aplicado o teste de Tukey aos níveis de 1% e 5% de probabilidade.

Tabela 6. Esquema da análise da variância dentro de locais

F.V.	G.L.	Q.M.	F
Blocos	19	Q_1	Q_1/Q_7
Tratamentos	4	Q_2	Q_2/Q_7
Seleções	3	Q_3	Q_3/Q_7
Sel. IG	2	Q_4	Q_4/Q_7
Sel. IG vs S_1	1	Q_5	Q_5/Q_7
Sel. vs Test.	1	Q_6	Q_6/Q_7
Erro	76	Q_7	

Sel. IG e Sel. S_1 referem-se aos métodos de famílias de irmãos germanos e famílias S_1 , respectivamente.

FONTE: MIRANDA FILHO, 1978a.

Tabela 7. Esquema da análise da variância conjunta

F.V.	G.L.	Q.M.	F
Blocos/Locais	38	Q_1	Q_1/Q_{13}
Locais (L)	1	Q_2	Q_2/Q_{13}
Tratamentos	4	Q_3	Q_3/Q_{13}
Seleções	3	Q_4	Q_4/Q_{13}
Sel. IG	2	Q_5	Q_5/Q_{13}
Sel. IG vs S_1	1	Q_6	Q_6/Q_{13}
Sel. vs Test.	1	Q_7	Q_7/Q_{13}
Tratamentos x Locais	4	Q_8	Q_8/Q_{13}
Sel. x L	3	Q_9	Q_9/Q_{13}
Sel. IG x L	2	Q_{10}	Q_{10}/Q_{13}
(IG vs S_1) x L	1	Q_{11}	Q_{11}/Q_{13}
(Sel. vs Test.) x L	1	Q_{12}	Q_{12}/Q_{13}
Erro médio	152	Q_{13}	

Sel. IG e Sel. S_1 referem-se aos métodos de seleção entre famílias de irmãos germanos e entre famílias S_1 , respectivamente.

FORTE: PIMENTEL GOMES, 1966 e MIRANDA FILHO, 1978a.

Os experimentos referidos foram conduzidos no ano agrícola 1980-81 sendo estudados os seguintes caracteres:

a. peso de grãos: por ocasião da colheita foram retirados os dados de peso de grãos de cada parcela além da amostra de grãos visando a determinação do teor de umidade em um aparelho de marca "Steinlite". Os dados foram corrigidos para 50 plantas por parcela e umidade de 15,5%;

b. índice de espigas; tomado pela relação número de espigas/número de plantas na unidade experimental (parcela);

c. percentagem de plantas acamadas: dados corrigidos para $\text{arc. sen. } \sqrt{P\%/100}$, para efeito de análise da variância;

d. altura de plantas: tomada em metros desde a base até à inserção da folha mais alta em plantas competitivas, logo após o florescimento masculino;

e. altura de espigas: tomada em metros desde a base até à inserção da primeira espiga em plantas competitivas, logo após o florescimento masculino.

No experimento de Piracicaba foram retirados dados dos caracteres de peso de grãos, índice de espigas e percentagem de plantas acamadas. Naquele instalado em Ribeirão Preto foram acrescentados dados advindos dos caracteres de altura de plantas e de espigas. Na Tabela 8 estão incluídos dados de parâmetros climáticos registrados nos municípios de Piracicaba e de Ribeirão Preto durante a condução desses trabalhos de campo.

Tabela 8. Parâmetros climáticos registrados nos municípios de Piracicaba e de Ribeirão Preto durante a avaliação das populações melhoradas

Meses	Piracicaba*					Ribeirão Preto**				
	Prec. Pluv. (mm)	Temp. Máx. (°C)	Temp. Mín. (°C)	Temp. Méd. (°C)	Umid. Relat. (%)	Prec. Pluv. (mm)	Temp. Máx. (°C)	Temp. Mín. (°C)	Temp. Méd. (°C)	Umid. Relat. (%)
Nov/80	145,2	27,4	16,0	21,0	83,8	197,9	29,9	17,9	23,5	72,7
Dez/80	185,1	28,2	18,4	22,5	-	406,9	29,1	19,0	23,6	80,9
Jan/81	290,1	28,0	18,6	22,3	-	321,8	28,7	19,1	23,3	84,0
Fev/81	71,2	32,3	19,0	25,8	-	33,9	31,8	18,5	24,4	72,6
Mar/81	65,5	31,0	18,3	24,7	75,6	191,6	30,7	18,5	23,7	78,1
Abr/81	74,5	28,8	14,6	22,4	76,9	73,5	28,9	15,3	22,2	70,5
Mai/81	44,9	27,9	12,6	20,3	77,5	9,1	28,2	13,9	20,8	68,6

Fonte: * Departamento de Física e Meteorologia - ESALQ/USP.

** Seção de Climatologia - Instituto Agronômico de Campinas (SP).

3.2.2. Estimativa de parâmetros genéticos

Em decorrência dos experimentos conduzidos no ano agrícola 1978-79, referentes a avaliação das progênes oriundas dos trabalhos iniciais de polinização, constarem de diferentes números de tratamentos e repetições para cada método, houve a necessidade de serem utilizadas médias ponderadas na obtenção das estimativas.

3.2.2.1. Estimativas da variância genética entre progênes

Primeiramente, foram estimadas as variâncias genéticas entre progênes ($\hat{\sigma}_p^2$) através da utilização da esperança do quadrado médio $[E(QM)]$ indicado na Tabela 5. Como já foi justificado, não se fez uso do delineamento em lâtilice, isto é, as médias não foram ajustadas para a variação intra bloco devido à baixa eficiência em relação ao delineamento em blocos casualizados. Na Tabela 11 estão apresentadas as características gerais de todos os experimentos de avaliação de progênes.

Nos experimentos com testemunha (Tabela 5) o quadrado médio devido a progênes (Q_2) foi calculado com médias de progênes fornecidas pelas análises preliminares.

As estimativas da variância entre progênes ($\hat{\sigma}_p^2$) e respectivo erro $[\hat{v}(\hat{\sigma}_p^2)]^{1/2}$, bem como da variância residual ($\hat{\sigma}^2$) foram obtidas como se segue:

$$\hat{\sigma}_p^2 = (Q_2 - Q_3)/r \quad ; \quad \hat{\sigma}^2 = Q_3 \quad e$$

$$[\hat{v}(\hat{\sigma}_p^2)]^{1/2} = \left[\frac{2}{r^2} \left(\frac{Q_2^2}{n_2+2} + \frac{Q_3^2}{n_3+2} \right) \right]^{1/2} \quad (\text{VELLO e VENCOSKY,}$$

1974).

Nas expressões acima, tem-se

r , n_2 e n_3 : número de repetições e número de graus de liberdade de progênies e do resíduo, respectivamente;

Q_2 e Q_3 : quadrado médio de progênies e do resíduo, respectivamente (Tabela 5).

Após, foi obtida a média ponderada da estimativa da variância genética de progênies para cada esquema de seleção. Para isso, primeiramente foram calculados dois coeficientes (k_1 e k_2) para os dois experimentos em cada esquema de seleção pelo uso do inverso da estimativa do erro da variância de progênies, com o emprego das seguintes fórmulas:

$$k_1 = \left[\bar{V}(\hat{\sigma}_{p_1}^2) \right]^{-1/2} \quad \text{e} \quad k_2 = \left[\bar{V}(\hat{\sigma}_{p_2}^2) \right]^{-1/2},$$

onde $\bar{V}(\hat{\sigma}_{p_1}^2)$ e $\bar{V}(\hat{\sigma}_{p_2}^2)$ referem-se às estimativas da variância da variância de progênies dos dois experimentos relativos a cada esquema de seleção.

A média ponderada da estimativa da variância genética de progênies ($\hat{\sigma}_{p_{12}}^2$) foi obtida por:

$$\hat{\sigma}_{p_{12}}^2 = (k_1 \hat{\sigma}_{p_1}^2 + k_2 \hat{\sigma}_{p_2}^2) / (k_1 + k_2)$$

3.2.2.2. Estimativas da variância fenotípica entre médias de progênies e variância residual

Para cada esquema de seleção, as estimativas das variâncias fenotípicas de cada experimento ($\hat{\sigma}_{F_1}^2$ e $\hat{\sigma}_{F_2}^2$) e os respectivos coeficientes de ponderação (k_1 e k_2), foram calculados através das seguintes fórmulas, conforme VELLO e VENCovsky (1974):

$$\hat{\sigma}_{F_1}^2 = \frac{Q_1}{r_1}; \quad \hat{\sigma}_{F_2}^2 = \frac{Q_2}{r_2}; \quad k_1 = \left[\frac{1}{r_1^2} \left(\frac{2 Q_1^2}{n_1 + 2} \right) \right]^{-1/2}; \quad k_2 = \left[\frac{1}{r_2^2} \left(\frac{2 Q_2^2}{n_2 + 2} \right) \right]^{-1/2}; \quad \text{onde:}$$

Q_1 e Q_2 : quadrado médio de progênies para cada experimento;
 n_1 e n_2 : número de graus de liberdade para os experimentos 1 e 2;
 r_1 e r_2 : número de repetições para cada experimento.

A estimativa da média ponderada da variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$) para cada esquema foi calculada através da seguinte fórmula:

$$\hat{\sigma}_F^2 = k_1 \cdot \hat{\sigma}_{F_1}^2 + k_2 \cdot \hat{\sigma}_{F_2}^2 / k_1 + k_2$$

A estimativa da variância residual ($\hat{\sigma}^2$) foi obtida pelas estimativas de cada experimento individual, ponderada pelo respectivo número de graus de liberdade, após a aplicação do teste de Bartlett para homogeneidade de variâncias, de acordo com STEEL e TORRIE (1960).

3.2.2.3. Estimativas das variâncias genética e fenotípica entre genótipos e entre progênies dentro de genótipos segundo o cruzamento em cadeia (esquema IGC)

Levando em consideração o caso particular do método de cruzamento em cadeia, houve ainda a necessidade de ser realizada uma aproximação ao delineamento I visando estimar as variâncias genéticas e fenotípicas. Para isso foi usado o esquema de análise da variância assinalado na Tabela 9 utilizando dados de produção de 53 pares de progênies de irmãos germanos (Tabela 36) que foram avaliadas no experimento 5. Por conseguinte, foi estimada a variância genética entre genótipos ($\hat{\sigma}_G^2$), variância genética entre progênies dentro de genótipos ($\hat{\sigma}_{P/G}^2$), variância fenotípica entre genótipos [$\hat{\sigma}_F^2(G)$] e variância fenotípica entre progênies dentro de genótipos [$\hat{\sigma}_F^2(P/G)$]. Vale ressaltar que a utilização de somente 53 pares de progênies visou a obtenção de estimativas mais consistentes, pois, na execução dos cruzamentos em cadeia houve várias quebras nos ciclos e a sequência desses cruzamentos foi a que mais se aproximou do esquema IGC como proposto originalmente por LONNQUIST (1961).

Tabela 9. Esquema da análise da variância realizada através de aproximação ao delineamento I para peso de grãos (Kg/parcela) de pares de progênies de irmãos germanos obtidas por cruzamento em cadeia (Lote 3, experimento 5)

F.V.	G.L.	Q.M.	E(Q.M.)
Blocos	$r-1^*$	-	-
Genótipos	$n-1$	Q_2	$\sigma^2 + r \sigma_{p/G}^2 + 2r \sigma_G^2$
Progênies/Genótipos	n	Q_3	$\sigma^2 + r \sigma_{p/G}^2$
Erro	$(r-1)(n-1)^*$	Q_4^*	σ^2

* valores retirados da análise original em blocos casualizados do experimento 5.

n : número de combinações no cruzamento em cadeia;

σ_G^2 : variação devida a diferenças genéticas entre genótipos nos cruzamentos;

$\sigma_{p/G}^2$: variação devida a diferenças genéticas entre progênies dentro de genótipos nos cruzamentos;

σ^2 : variância residual;

r : número de repetições.

Estimativas:

$$\hat{\sigma}_G^2 = \frac{Q_2 - Q_3}{2r} ; \hat{\sigma}_{p/G}^2 = \frac{Q_3 - Q_4}{r} ; \hat{\sigma}_{F(G)}^2 = \frac{Q_2}{2r} ; \hat{\sigma}_{F(p/G)}^2 = \frac{Q_3}{r}$$

FONTES: HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981.

3.2.2.4. Estimativa das variâncias genéticas aditiva e dominante

A partir das estimativas das variâncias genéticas de progênies em todos os esquemas de seleção aqui empregados, utilizou-se relações conhecidas para obtenção das estimativas das variâncias genéticas

aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) e dominante ($\hat{\sigma}_D^2$). Foram empregadas relações, que fundamentalmente representam a tradução de covariância entre parentes em componentes da variância genética (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981), conforme mostra a Tabela 10.

Tabela 10. Componentes da variância entre progênie, em termos de variância aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) e dominante ($\hat{\sigma}_D^2$) para os diversos esquemas de seleção

Tipo de polinização	Tipo de progênie	Componentes da variância	
		$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_D^2$
Lote 1: planta a planta (cruzamento)	IG	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{4}$
Lote 2: planta a planta (cruzamento)	IG	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{4}$
Lote 3: em cadeia (cruzamento)	IG	$\sim \frac{1}{2}$	$\sim \frac{1}{4}$
Lote 4: autofecundação	S_1	~ 1	$\frac{1}{4}$

IG: irmãos germanos; S_1 : progênie de autofecundação.

FONTE: HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981.

Na Tabela 10, as relações são idênticas nos Lotes 1 e 2, pois, ambos referem-se à avaliação de progênie de irmãos germanos, sendo que as progênie S_1 obtidas no Lote 1 não foram avaliadas experimentalmente e somente foram utilizadas como unidade de recombinação. A relação referente ao Lote 3, aproxima-se daquela de irmãos germanos quando se ignora a relação de parentesco entre progênie; de fato, o parentesco de meios irmãos entre progênie é dissipado à medida que se aumenta o número de progênie avaliadas (MIRANDA FILHO, comunicação pessoal). No presente

caso, em que não foi possível completar todos os pares de cruzamentos, a aproximação é ainda maior. Finalmente, a relação utilizada para progênies de autofecundação só é válida para a restrição de $\bar{p} = 0,5$ sendo \bar{p} a frequência gênica dos locos segregantes (COCKERHAM, 1963); para $\bar{p} \neq 0,5$ o desvio da variância aditiva, ao nível de um loco, é $\beta = 2 p(1-p)(p-0,5) [ad+1,5(1-2p) d^2]$, onde \underline{a} e \underline{d} referem-se a efeitos genotípicos devidos a homozigotos e heterozigotos, respectivamente (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981). Em todos os casos, considerou-se desprezível a variância devida a efeitos epistáticos.

Com base nas relações dadas na Tabela 10, as variâncias aditiva e dominante foram estimadas, utilizando-se o processo dos quadrados mínimos. Partindo do sistema $X\beta = Y$, dado a seguir, os parâmetros foram estimados pela resolução $X'X\beta = X'Y$.

$$\begin{array}{c} X \\ \left[\begin{array}{cc} 1/2 & 1/4 \\ 1/2 & 1/4 \\ 1/2 & 1/4 \\ 1 & 1/4 \end{array} \right] \end{array} \begin{array}{c} \beta \\ \left[\begin{array}{c} \hat{\sigma}_A^2 \\ \hat{\sigma}_D^2 \end{array} \right] \end{array} = \begin{array}{c} Y \\ \left[\begin{array}{c} \hat{\sigma}_{p(1)}^2 \\ \hat{\sigma}_{p(2)}^2 \\ \hat{\sigma}_{p(3)}^2 \\ \hat{\sigma}_{p(4)}^2 \end{array} \right] \end{array}$$

onde os sub índices (1), (2), (3), (4) referem-se aos diversos esquemas de seleção.

A resolução do sistema de equações, dada por $\hat{\beta}(X'X)^{-1}X'Y$ forneceu as estimativas de quadrados mínimos de $\hat{\sigma}_A^2$ e $\hat{\sigma}_D^2$. Utilizando-se a relação $\hat{\sigma}_D^2/\hat{\sigma}_A^2$, da análise global, foram estimadas as contribuições das variâncias aditiva e dominante em cada esquema de seleção.

3.2.2.5. Estimativas de outros parâmetros

Para cada método de seleção foram ainda calculados os seguintes parâmetros:

a. coeficiente de variação experimental (CVe): calculado com a média dos quadrados médios residuais de dois experimentos, ponderado pelos graus de liberdade (\bar{Q}_3) e com a média de produção de grãos (\bar{Y}) ponderada pelo número de repetições. Assim, tem-se $CVe = \sqrt{\bar{Q}_3/\bar{Y}}$.

b. coeficiente de variação genética (CVg): calculado a partir da estimativa ponderada da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_{p12}^2$) e com a média de produção de grãos (\bar{Y}) ponderada pelo número de repetições. Assim, tem-se: $CVg = \sqrt{\hat{\sigma}_{p12}^2/\bar{Y}}$.

c. índice de variação (b): este coeficiente foi calculado pela fórmula $b = CVg/CVe$, onde CVg e CVe representam os coeficientes de variação genético e experimental, respectivamente.

d. coeficiente de herdabilidade no sentido restrito, ao nível de parcelas (h_p^2): para cada método os cálculos foram efetuados de acordo com as seguintes fórmulas:

$$\text{Esquemas 1, 2 e 3: } h_p^2 = (1/2)\hat{\sigma}_A^2/\hat{\sigma}_F^2$$

$$\text{Esquema 4 : } h_p^2 = \hat{\sigma}_A^2/\hat{\sigma}_F^2$$

e. ganho genético observado por seleção [$Gs_{(ob)}$]: usando as médias dos dois locais (Piracicaba e Ribeirão Preto) onde foram avaliadas as populações melhoradas em presença da original, este ganho foi conhecido através do termo:

$$Gs_{(ob)} = \overline{FM} - \overline{FO} \quad \text{ou} \quad Gs_{(ob)}\% = \frac{\overline{FM} - \overline{FO}}{\overline{FO}} \times 100$$

onde, \overline{FM} e \overline{FO} representam as médias da população melhorada e original, respectivamente.

f. ganho genético esperado por seleção truncada $[G_S(E)]$: utilizou-se o diferencial de seleção estandardizado (i), aplicado à fórmula geral do progresso esperado por seleção, ou seja, $G_S(E) = i c \frac{\sigma_A^2}{\sqrt{\sigma_F^2}}$, onde c é um coeficiente variável para cada esquema de seleção: $c = 1/2$ para progênies de irmãos germanos (Lotes 1 e 2) e $c = 1$ para progênies S_1 (Lote 4), segundo HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981). Para o esquema de seleção IGC, onde tem-se seleção entre genótipos (pares de progênies) e seleção entre progênies dentro de genótipos, os valores de c se aproximam dos coeficientes da variância aditiva do delineamento I de COMSTOCK e ROBINSON (1948), sendo $c = 1/4$ em ambos os casos.

Os valores de σ_A^2 e σ_F^2 são aqueles calculados segundo os itens 3.2.2.1. e 3.2.2.2. Os valores de i foram calculados, considerando-se seleção truncada, a partir das Tabelas 1 e 2 de FISHER e YATES (1971). Para o caso particular de seleção entre progênies dentro de genótipos (esquema IGC), utilizou-se a Tabela 20 dos mesmos autores. Em ambos os casos seguiu-se a sequência dada por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981).

g. ganho esperado por seleção realizada $[G_S(R)]$: calculado para fins de comparação com os valores dos itens e e f. Utilizou-se a fórmula geral de progresso esperado: $G_S(R) = ds \cdot c \frac{\sigma_A^2}{\sigma_F^2}$, cujos elementos têm os mesmos significados dados no item f, exceto ds que representa o diferencial de seleção observado. Os coeficientes da variância aditiva tem valor $c = 1/2$ para os esquemas 1, 2 e 3 e $c = 1$ para o esquema 4. O valor $c = 1/2$ para o esquema 3 decorre do fato de que a seleção truncada entre genótipos e entre progênies dentro de genótipos tem o mesmo significado de uma seleção não truncada entre progênies individuais, sobre as quais o progresso esperado é calculado.

O diferencial de seleção utilizado em cada esquema de seleção foi calculado através da ponderação pelo número de progênies de cada experimento. Assim, tem-se:

$$\overline{ds} = \frac{n_1 ms_1 + n_2 ms_2}{n_1 + n_2} - \frac{N_1 m_1 + N_2 m_2}{N_1 + N_2}, \text{ sendo}$$

\overline{ds} : diferencial de seleção médio;

n_1 e n_2 : número de progênies selecionadas dos dois experimentos em cada esquema de seleção;

m_{s_1} e m_{s_2} : média de produção das progênies selecionadas em cada um dos experimentos, respectivamente;

N_1 e N_2 : número total de progênies avaliadas em cada experimento;

m_1 e m_2 : média de produção das progênies avaliadas em cada experimento, respectivamente.

Nos itens f e g, o progresso esperado em percentagem foi calculado por $G_s\% = (G_s/\overline{Y}) \cdot 100$, sendo \overline{Y} a média ponderada dos experimentos de avaliação das progênies oriundas dos esquemas IGRS, IGR e IGC, excluindo assim aquelas médias dos experimentos de avaliação das progênies S_1 . Isso foi feito visando evitar o efeito depressivo da endogamia e usar um fator mais representativo da população.

h. depressão pela endogamia: tendo como base as médias ponderadas de produção de grãos das progênies dos Lotes 1, 2 e 3 (métodos envolvendo irmãos germanos) foi efetuada a comparação com a média ponderada das progênies oriundas do Lote 4 (método de avaliação de progênies S_1) e encontrada a depressão em percentagem. Assim, a depressão foi calculada por $d = m_0 - m_1$, sendo m_0 a média ponderada de famílias não endogamas e m_1 a média ponderada de famílias endogamas (S_1).

3.2.3. Comparação entre os métodos de seleção

Na comparação dos quatro métodos de seleção, primeiramente levou-se em consideração o ganho genético de seleção observado e o esperado, dentro de cada método. Em seguida foi efetuada a comparação entre os métodos através da utilização do mesmo diferencial da seleção estandardizado (i) por um lado, e por outro, usando o

mesmo tamanho efetivo (N_e) da população, e os ganhos genéticos esperados. Para o caso de i , este foi fixado em 25% com os diferentes tamanhos efetivos usados para cada método. Em seguida foi fixado o mesmo tamanho efetivo das populações em relação ao método de irmãos germanos com autofecundação da segunda espiga ($N_e = 16$), como também, para as famílias de progênies S_1 ($N_e = 28$) e calculados os diferentes is . Para isso, o número de progênies selecionadas nos Lotes 1 e 4 (que envolvem recombinação de progênies S_1) foi multiplicado pelo fator 1, enquanto que o número daquelas selecionadas nos Lotes 2 e 3 (progênies de irmãos germanos) foi multiplicado pelo fator 2 (VENCOSKY, 1978b). Para o caso da população do Lote 1, o tamanho efetivo, equivale ao de progênies S_1 (obtidas da autofecundação da segunda espiga) por terem se constituído na unidade de recombinação. De posse desses dados foram calculados os ganhos genéticos de seleção e efetuadas as devidas comparações.

Também, os valores estimados da variância genética, variância genética aditiva, variância genética dominante, coeficiente de herdabilidade, coeficiente de variação genética, coeficiente de variação experimental, índice de variação e depressão pela endogamia serviram para a comparação entre os métodos.

Ainda para efeito comparativo, os resultados obtidos com as populações melhoradas (experimentos instalados em Piracicaba e Ribeirão Preto no ano agrícola 1980-81) foram utilizados levando-se em consideração não só a produção de grãos, como também, os demais caracteres estudados. Os métodos foram comparados através de um índice de cada caráter em relação ao apresentado pela testemunha (Centralmex MI-VI).

Para fins comparativos, considerou-se também a quantidade e o rendimento do trabalho envolvidos em cada esquema de seleção. Considerando-se que foi realizado o número possível de polinizações em cada lote, o número de progênies avaliadas e o número de repetições possíveis com a quantidade de sementes disponíveis, também constituem fatores que foram levados em conta nas comparações.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados estão incluídos no ítem Tabelas e Figuras, enquanto que as Tabelas de dados originais fazem parte do Apêndice.

4.1. Viabilidade relativa dos esquemas de seleção

Inicialmente, pode ser observado que o número total de progênies oriundas dos trabalhos iniciais de polinização variou com a maior ou menor facilidade de execução operacional das polinizações. Pode ser observado, por exemplo, que pelo método de irmãos germanos com autofecundação (mais trabalhoso) foram utilizadas apenas 66 progênies, vindo em seguida o de irmãos germanos sem autofecundação (101 progênies), ficando o método que envolveu progênies S_1 um pouco inferior àquele de cruzamento em cadeia, ou seja, 132 e 133 progênies, respectivamente (Tabela 16). Isso confirma as preocupações dos melhoristas de milho em não reduzirem muito o tamanho das populações quando estão envolvidos métodos de melhoramento genético com o emprego de famílias de irmãos germanos em cruzamentos recíprocos (VALVA, 1977).

No referente ao número de progênies selecionadas por esquema (Tabela 16), a maior quantidade correspondeu ao esquema S_1 (28 progênies), ficando a menor relacionada ao esquema IGRS (16 progênies). Em termos de tamanho efetivo populacional (N_e) o esquema IGR ficou estabelecido em 54 como o maior valor, permanecendo o IGRS com 16. Essa diferença foi devido ao fato, já comentado, de que para o esquema IGRS o fator

empregado no cálculo do N_e foi 1 em face das progênies S_1 (oriundas da segunda espiga) terem sido aquelas que compuseram a população melhorada após a recombinação. O mesmo não ocorreu com o esquema IGR, sendo por isso utilizado o fator 2, pois, foram as sementes remanescentes oriundas das progênies superiores as utilizadas na composição da população melhorada relacionada.

4.1.1. Estimativas de variâncias

Os resultados dos experimentos de avaliação das progênies resultantes dos quatro esquemas de seleção estão incluídos na Tabela 11. Como pode ser observado, de uma maneira geral houve variação significativa a 1% e 5% entre os tratamentos, exceto para um dos experimentos de avaliação das progênies advindas do esquema IGC, cujo valor $F=1,17$ (n.s.) concordou com a hipótese de nulidade, para o caráter de produção de grãos. No entanto, devido os outros experimentos terem apresentado variação estatística entre os tratamentos, houve confiabilidade para a realização das análises de cunho genético. Os coeficientes de variação experimental variaram de 12,8% a 22,3%. Os esquemas que utilizaram progênies de irmãos germanos mostraram coeficientes médios (12,8% a 15,3%), enquanto o esquema S_1 apresentou coeficientes de variação experimental considerados altos (21,5% e 22,3%), conforme a classificação apresentada por PIMENTEL GOMES (1966). Entretanto, os maiores valores do coeficiente de variação para progênies S_1 foram relacionados com as menores médias de produção obtidas nos experimentos de avaliação, pois, os efeitos residuais foram semelhantes aos dos outros esquemas (Tabela 11), o que equivale dizer que trata-se de uma característica desse esquema de seleção em decorrência do efeito da endogamia.

Na Tabela 12 estão condensados os resultados da análise da variância considerando o delineamento em blocos casualizados em virtude da baixa eficiência mostrada pelos látices. Os valores da variância apresentaram-se homogêneos conforme o teste de Bartlett (5,114 n.s.).

Em decorrência desses resultados estatisticamente homogêneos, houve maior segurança na realização das estimativas da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), para em seguida ser efetuada a média

ponderada dentro de cada método de seleção. De acordo com os resultados obtidos para $\hat{\sigma}_p^2$, a maior variância foi apresentada pelo esquema IGRS no experimento com três repetições ($\hat{\sigma}_p^2 = 0,325918$) enquanto que a menor ficou por conta do experimento com três repetições ($\hat{\sigma}_p^2 = 0,050125$) relativo ao esquema IGC. O erro padrão das estimativas da variância genética entre progênes apresentou valores mais consistentes para o caso do esquema IGC. A média ponderada dessa variância genética para cada esquema variou de $\hat{\sigma}_p^2 = 0,075828$ para IGC a $\hat{\sigma}_p^2 = 0,218561$ encontrado para o caso do esquema S_1 . Esse maior valor apresentado para as progênes S_1 confirma a maior capacidade dessas famílias na liberação da variância genética, conforme os comentários de PATERNIANI e MIRANDA FILHO (1978).

Para fins de estimativa dos componentes da variância genética para o esquema IGC, na Tabela 13 estão mostrados os resultados da análise da variância e estimativas da variância genética entre genótipos ($\hat{\sigma}_G^2$) e da variância genética entre progênes dentro de genótipos ($\hat{\sigma}_{p/G}^2$). Como já foi visto, esses valores foram estimados com o auxílio de uma aproximação ao delineamento I com a utilização da média de produção de grãos de 53 pares de progênes de irmãos germanos obtidas do experimento 5. Como pode ser observado, a variância genética de progênes dentro de genótipos apresentou-se superior àquela entre genótipos.

Na Tabela 14 estão ordenados os resultados das estimativas da variância genética ($\hat{\sigma}_p^2$), variância residual ($\hat{\sigma}^2$) e variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$) que foram essenciais para o conhecimento das estimativas ponderadas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) e variância genética dominante ($\hat{\sigma}_D^2$). Para o caso da $\hat{\sigma}_F^2$ o maior valor voltou a ser apresentado pelas progênes S_1 ($\hat{\sigma}_F^2 = 0,319146$), ao passo que o menor valor foi mostrado pelo esquema IGC no referente às progênes dentro de genótipos ($\hat{\sigma}_F^2 = 0,080563$). Na comparação específica entre os esquemas IGRS e IGR, o primeiro apresentou maiores valores não só para a variância fenotípica como para o caso da própria variância genética entre progênes. É provável que tal resultado seja consequência de erros associados a amostragem, o que pode ser comprovado pelos erros das estimativas (Tabela 12). O esquema IGC mostrou valor (0,186711) inferior aos demais esquemas de seleção.

No referente à variância genética aditiva e dominante, a análise global conduziu à estimativa de $\hat{\sigma}_A^2 = 0,209339 \text{ kg/5m}^2$ ou $3,3494 \times 10^{-4} \text{ kg/planta}$ e $\hat{\sigma}_D^2 = 0,037707 \text{ kg/5m}^2$ ou $0,6033 \times 10^{-4} \text{ kg/planta}$ (Tabela 14). Esse valor da $\hat{\sigma}_A^2$ foi semelhante ao apresentado por TORRES SEGOVIA (1976) para a mesma variedade Centralmex MI-VI, ou seja, $3,89 \times 10^{-4} \text{ kg/planta}$, e inferior à média dos 99 experimentos, cujo valor ($4,691 \times 10^{-4}$) foi mostrado por HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981).

Quanto à relação de dominância ($d = \hat{\sigma}_D^2 / \hat{\sigma}_A^2$), trata-se de um fator de muita importância na eficiência comparativa de métodos de melhoramento devido refletir qual o tipo de interação alélica que predomina no controle de um determinado caráter. No presente caso essa relação mostrou um valor de $\hat{\sigma}_D^2 / \hat{\sigma}_A^2 = 0,180$, na faixa da dominância parcial, cujo valor teórico encontrado por RAMALHO (1977) foi $d = 0,103$, considerando uma frequência alélica (\bar{p}) de 0,5 e grau médio de dominância $\delta/\alpha = 0,5$ (δ e α representam a contribuição dos heterozigotos e homozigotos, respectivamente, na manifestação do caráter). O valor médio encontrado neste trabalho também se aproxima daquele de GOODMAN (1965), MOLL e ROBINSON (1966) e GARDNER (1977), que mostraram valores de 0,12; 0,22 e 0,22, respectivamente (Tabela 3). No entanto, foi bem inferior à média dos 99 experimentos (0,9377) conforme HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981).

De posse dessa relação de dominância e dos coeficientes indicados no item 3.2.2.4., para cada componente da variância genética, foi possível encontrar as estimativas da variância genética aditiva e dominante, de acordo com a Tabela 14. Para a $\hat{\sigma}_A^2$, conforme pode ser observado, o esquema IGRS mostrou o maior valor ($\hat{\sigma}_A^2 = 0,281760$), enquanto que o esquema IGC apresentou o menor ($\hat{\sigma}_A^2 = 0,139126$). Para o caso da comparação dos dois esquemas IGRS e IGR, são válidos os comentários efetuados para $\hat{\sigma}_p^2$ e $\hat{\sigma}_F^2$. O esquema S_1 mostrou um valor de $\hat{\sigma}_A^2 = 0,209143$ que apesar de situar-se de maneira relativamente intermediária entre os extremos, apresenta-se com magnitude mais acentuada em termos de progresso genético, devido ser a única de exploração integral em ciclos avançados de seleção. No relativo à variância genética dominante, o esquema IGRS mostrou o maior valor ($\hat{\sigma}_D^2 = 0,050752$) ao passo que o menor foi $\hat{\sigma}_D^2 = 0,025060$ apresentado pelo esquema IGC. Os outros dois esquemas situaram-se em magnitudes

semelhantes. No entanto, os diferentes resultados obtidos para σ_A^2 e σ_D^2 para os diferentes esquemas de seleção foram devidos a erros aleatórios, pois, tendo-se partido de uma mesma população (Centralmex MI-VI) era de se esperar, teoricamente, igualdade entre esses valores.

As estimativas da variância genética aqui apresentadas talvez estejam com um certo grau de superestimação devido serem oriundas de somente um local e um ano. Esse fato conduziu ao não isolamento do componente da variância resultante da interação genótipo com ambiente (σ_{AE}^2), que quando presente é capaz de mascarar as estimativas da variância genética. Segundo MOLL e ROBINSON (1967) para que o referido isolamento seja efetuado convenientemente é necessário que as estimativas sejam obtidas em pelo menos dois locais ou dois anos. No presente trabalho, a metodologia previamente preconizada para o estabelecimento dos experimentos de avaliação das progênes oriundas dos trabalhos iniciais de polinização constou da utilização de dois locais, isto é, os municípios de Piracicaba e Anhembi, Estado de São Paulo. Os experimentos foram instalados e analisados, mas a análise estatística dos dados revelou falta de confiabilidade nos resultados experimentais de Anhembi. Esse fato deveu-se aos experimentos terem sido fortemente influenciados negativamente por condições climáticas adversas. Mesmo assim, os resultados de um só local foram considerados adequados à realização deste trabalho devido terem sido comparáveis a resultados de outras pesquisas onde foi possível isolar essa interação do genótipo com ambiente.

4.1.2. Coeficientes de herdabilidade associados à unidade de seleção e índices de variação

A comparação entre os coeficientes de herdabilidade nos diversos esquemas de seleção se justifica por serem estes coeficientes associados à unidade de seleção e, portanto, estarem diretamente relacionados com o progresso esperado por seleção (DUDLEY e MOLL, 1969; MIRANDA FILHO, 1978b).

Os coeficientes de herdabilidade calculados no sentido restrito ao nível de parcela (Tabela 15), também mostrados na Figura 1, de uma maneira geral apresentaram-se razoável (37,3%) para o esquema IGC

e altos para os demais esquemas, isto é, 64,1%, 55,0% e 65,5% para IGRS, IGR e S_1 , respectivamente, de acordo com a classificação apresentada por VENCOVSKY (1973). Considerando a intensidade de seleção, maiores valores do coeficiente de herdabilidade conduzem à obtenção de maiores progressos por ciclo de seleção (DUDLEY e MOLL, 1969), o que, aliás, foi constatado no trabalho em pauta, conforme a Figura 1. Vale ressaltar ainda, que no presente caso os maiores valores do coeficiente de herdabilidade corresponderam aos maiores do coeficiente de variação experimental (Tabela 15). Tais resultados são discordantes com aqueles relatados por RAMALHO (1977), onde os maiores coeficientes de herdabilidade estão associados aos menores coeficientes de variação experimental. Porém, o autor se refere a coeficientes de herdabilidade ao nível de indivíduos tomados de diferentes famílias. Deve-se acrescentar ainda que o esquema S_1 também mostrou o maior valor de coeficiente de variação genética (20,5%) que deve ter influenciado de maneira indireta no maior coeficiente de herdabilidade apresentado por esse esquema de seleção. Aliás, no presente trabalho os maiores valores de herdabilidade foram também associados àqueles do coeficiente de variação genética (Tabela 15). Os resultados estimados de herdabilidade foram superiores àquele apresentado por TORRES SEGOVIA (1976), cujo valor foi de $h^2 = 15,9\%$, que no entanto foi estimado ao nível de plantas individuais. Por seu turno, o valor do coeficiente de variação genética para o esquema S_1 (22,4%) foi inferior àquele apresentado por MOTA (1974), cujo valor foi de 30,4%, que no entanto considerou a variedade Centralmex com dois ciclos a menos de seleção, o que torna a comparação explicável. Isso também justifica o maior coeficiente de herdabilidade encontrado por esse autor para progênies S_1 , ou seja, 84,5%.

Por outro lado, o índice de variação b também se apresenta como um fator de importância ao melhorista, pois, permite o conhecimento da real grandeza da possibilidade do incremento genético do caráter dentro de um conjunto de indivíduos em estudo (VENCOVSKY, 1978b). Quanto mais próximo ou superior a 1 maiores serão as possibilidades de progresso via seleção recorrente. No presente caso os valores estimados de b variaram de 0,915 para o esquema S_1 a 0,504 para o referente a IGC, conforme a Tabela 15. Isso atesta o maior incremento apresentado pelo esquema S_1 na obtenção de progressos genéticos em comparação aos demais esquemas.

No referente aos esquemas IGRS e IGR o primeiro mostrou maior valor ($b = 0,689$) contra $b = 0,599$, que se aproxima, juntamente com o valor de IGC, daquele estimado por TORRES SEGOVIA (1976), que foi $b = 0,53$. No entanto, as pequenas diferenças do índice b e de outros parâmetros em favor do esquema IGRS, poderão ser de pouca utilidade se for considerado o aspecto do maior tempo gasto, bem como da redução do tamanho efetivo populacional como consequência da recombinação de progênes S_1 . Entretanto, deve-se considerar que o esquema IGRS pode ser mais efetivo na instalação de experimentos de teste de progênes e lotes de recombinação devido contar com maior número de sementes em face da utilização da segunda espiga.

4.1.3. Progresso esperado por seleção

O ganho genético esperado, como resultado direto da seleção efetuada, foi calculado em função do diferencial de seleção observado (ds). Este apresentou maior valor para o esquema S_1 (0,758) e menor para IGC (0,396). Por seu lado, a intensidade de seleção foi mais branda para o esquema IGR (26,7%) e mais intensa para o caso do IGC (19,6%), conforme os valores indicados na Tabela 16.

O ganho genético esperado tanto calculado pelo diferencial de seleção observado (ds) como através do diferencial de seleção estandardizado (i), está indicado na Figura 1 (em percentagem em relação à média) e na Tabela 16; as estimativas foram sempre superiores quando calculadas em função de i . Pode ser observado que o esquema S_1 mostrou os maiores progressos, isto é, 13,29% (quando em função de i) e 13,13% (quando em função de ds). Estes resultados estão de acordo com os comentários de PATERNIANI e MIRANDA FILHO (1978) no referente a que nessas progênes a endogamia possibilita a liberação de maior variância genética, conduzindo ao aumento do ganho genético esperado por ciclo de seleção. No referente aos demais esquemas, o IGRS apresentou valores superiores (10,17% em função de i e 8,09% em função de ds), enquanto que o IGC mostrou menores valores, ou seja, 6,00% em função de i e 3,91% em função de ds (Figura 1). Através da comparação com a Tabela 2, pode ser observado que o progresso por seleção do esquema IGRS é ligeiramente inferior ao encontrado

por GENTER e ALEXANDER (1966), onde com uma intensidade de 40%, o progresso esperado foi de 10,4% (Tabela 2). O esquema IGR apresentou valores de 6,47% (calculado pelo \underline{ds}) e 7,66% (calculado pelo \underline{i}); este valor se aproxima daquele encontrado por JINAHYON e MOORE (1973). Vale ressaltar que em virtude do progresso esperado calculado em função de \underline{ds} ser muito sujeito a erros experimentais, merecem maior confiabilidade os ganhos genéticos de seleção estimados em função de \underline{i} , quando o objetivo da comparação é com base em seleção truncada. Em caso contrário, o progresso esperado em função de \underline{ds} é mais realístico.

Quanto ao ganho genético observado, pode ser visto na Figura 1 que os esquemas que apresentaram resultados que mais se aproximaram dos esperados foram o IGR e o IGC. Os demais mostraram discrepâncias mais acentuadas, culminando com o ganho negativo (-2,6%) apresentado por aquele baseado em progênies S_1 . Este fato pode ser explicado pelo problema climático ocorrido por ocasião do estabelecimento dos lotes isolados. O lote referente ao esquema S_1 foi plantado sob condições de deficiência hídrica que concorreu para uma baixa germinação das sementes, irregularidade no desenvolvimento das plantas bem espessadas e aumento do grau de protandria. Isso deve ter contribuído sobremaneira para o aparecimento do efeito da endogamia na população supostamente melhorada. No referente aos outros esquemas, essas discrepâncias têm sido observadas em outros trabalhos (PENNY e EBERHART, 1971; BURTON *et alii*, 1971; EBERHART *et alii*, 1973), o que demonstra que nem sempre o melhorista pode conseguir um ganho genético real com magnitude semelhante ao ganho genético esperado por seleção realizada ou truncada.

A eficiência comparativa dos quatro esquemas através da fixação da intensidade de seleção em 25%, isto é, sem haver variação no número total de progênies inicialmente empregadas, está indicada na Tabela 17 e Figura 2. O maior ganho foi alcançado pelas progênies S_1 (12,42%) e o menor (4,02%) ficou por conta do esquema IGC. O esquema IGRS mostrou valor de 10,10%, enquanto que para IGR o valor foi de 7,77%.

Com relação à fixação do tamanho efetivo populacional (N_e) e variando os valores de intensidade de seleção, os progressos também estão representados na Tabela 17 e Figura 2. Para o caso de $N_e = 16$, o

esquema S_1 voltou a predominar com o valor de 16,04% (Figura 2), ao passo que o esquema IGC também mostrou o menor valor (7,90%). Para o caso específico da comparação entre os esquemas IGRS e IGR, o valor foi superior para aquele onde não foram realizadas autofecundações.

Quando o tamanho efetivo foi fixado em 28 os valores do progresso para todos os esquemas foram inferiores àqueles para $N = 16$ (Tabela 17 e Figura 2). Esses resultados estão de acordo com os comentários de HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) no referente a que a utilização de maiores tamanhos efetivos conduzem à obtenção de menores progressos, o que torna-se desejável no caso de o melhorista pretender conduzir um programa de seleção de longa duração. Para essa magnitude de tamanho efetivo populacional, o esquema S_1 mostrou o maior valor (13,29%) enquanto que o esquema IGC apresentou o menor valor, ou seja, 7,06% (Figura 2). Na eficiência comparativa dos esquemas IGRS e IGR, este último foi superior, com progresso de 9,88% contra 7,29% para IGRS (Figura 2). A comparação entre os métodos com o tamanho efetivo $N_e = 28$ é mais aceitável do que $N_e = 16$, se for levado em consideração que trata-se de um valor mais próximo a 30, que segundo RAWLINGS (1970), se constitui em um número razoável para tamanho efetivo populacional. Em seleção artificial ou mesmo natural o tamanho efetivo é um parâmetro importante, pois, interfere de maneira pronunciada no limite de seleção (ROBERTSON, 1960), na probabilidade de fixação de alelos favoráveis (COMSTOCK, 1974; VENCOVSKY e GODOI, 1976), na manutenção da variabilidade genética (VENCOVSKY, 1978c), entre outros aspectos, daí a sua aplicabilidade no presente trabalho.

Como pode ser observado na presente pesquisa, a eficiência comparativa aqui realizada foi feita com dados de apenas um ciclo de seleção, o que em última análise é confiável, pois, foi usada uma população já em estágio avançado de melhoramento aliado a aplicação de métodos de reconhecida eficiência. Mesmo assim, sendo a população utilizada oriunda de seis ciclos de seleção recorrente entre e dentro de

famílias de meios irmãos, ainda é portadora de larga variabilidade genética. Isso foi atestado neste trabalho através do efeito depressivo da endogamia (39,5%) nas progênes oriundas do método de autofecundação da primeira espiga (esquema S_1), conforme a Tabela 18. Isso mostra que grande parte dos locos controladores do caráter de produção de grãos ainda está em heterozigose e com pronunciado grau de dominância. Portanto, o grau de depressão por endogamia revela níveis de heterozigose e dominância gênica em maior grau do que se pode supor pelas magnitudes relativas das variâncias genéticas aditiva e dominante. Deve-se considerar também que as comparações de médias de populações são menos sujeitas a erros aleatórios do que os componentes da variância (VENCOSKY, 1970). Por seu turno, MOTA (1974) relatou um menor valor de depressão pela endogamia (34,3%) em trabalhos com a mesma variedade Centralmex, porém, advinda de quatro ciclos de seleção recorrente entre e dentro de famílias de meios irmãos. O valor 39,5% foi ainda superior aos encontrados por WEST *et alii* (1980) que mostraram a depressão em progênes S_1 com magnitude de 37% e 29%. Também, aquele valor situou-se em plano mais elevado em relação ao encontrado por GENTER (1971), cuja depressão foi de 33%.

Esses resultados, que atestam a superioridade do esquema S_1 , confirmam aquilo que foi encontrado em outros trabalhos (GENTER e ALEXANDER, 1962; HORNER, 1963; BURTON *et alii*, 1971; CARANGAL *et alii*, 1971; WEST *et alii*, 1980, dentre outros) onde esse esquema também apresentou performance superior. Por outro lado, o esquema IGC não demonstrou ser mais efetivo no incremento da produção de grãos em relação aos cruzamentos pareados conforme apontaram HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981). Pela relação de variâncias no presente trabalho, não há evidência de elevados níveis de dominância, sendo que os progressos esperados são coerentes com os resultados de COMSTOCK (1964), onde o autor concluiu pela superioridade do esquema de progênes S_1 , principalmente na ausência de sobredominância.

4.2. Avaliação das populações melhoradas

Os resultados obtidos nessa avaliação estão mostrados nas Tabelas 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26 e 27. Uma análise geral dos dados indicam que houve a ocorrência da interação do genótipo pelo ambiente.

Pela análise da Tabela 8 pode ser notado que esse fato foi devido, principalmente, a diferença na distribuição de chuvas no decorrer do período de condução dos ensaios experimentais. No município de Ribeirão Preto o total de precipitação pluviométrica mensal mostrou valores superiores ao de Piracicaba nos três primeiros meses, que são considerados vitais ao bom desenvolvimento e produção da planta de milho. Além dessa baixa precipitação, a ocorrência de chuvas em Piracicaba aconteceu de maneira muito irregular dentro dos meses, contribuindo assim para a obtenção dos resultados superiores para o caráter de produção de grãos observados em Ribeirão Preto. Conforme enfatizou SOUZA JUNIOR (1981) a ocorrência de déficits hídricos em plantios de milho pode causar os seguintes danos:

a. Na fase de crescimento vegetativo - diminui a taxa fotossintética, bem como a alongação celular e massa vegetativa. Quando cessa o déficit a menor massa vegetativa possui menor capacidade fotossintética, incidindo diretamente na produção de grãos (DENMEAD e SHAW, 1960; CLAASSEN e SHAW, 1970).

b. Por ocasião do florescimento - ocorrência de dissecação dos estilo-estígmas impedindo a germinação dos grãos de pólen, incremento do intervalo entre a antese e a saída dos estilo-estígmas (aumento do grau de protandria), aborto dos sacos embrionários, distúrbios na meiose, aborto de espiguetas e morte de grãos de pólen (ROBINS e DOMINGO, 1953; DOWNEY, 1971; MOSS e DOWNEY, 1971; HERRERO e JOHNSON, 1981).

Assim, pode ser visto como todas essas evidências de controle extra-celular (influências de fatores ambientais) podem explicar as diferenças observadas entre os genótipos nos dois locais.

4.2.1. Produção de grãos

Na Tabela 19 estão apresentados os resultados para produção de grãos obtidos nos dois locais. A média geral observada em Ribeirão Preto (5,709 kg/10 m²) foi superior aquela apresentada em Piracicaba, que situou-se em 4,949 kg/10 m².

A análise da variância realizada com os dados de Ribeirão Preto não acusou diferença estatística para tratamentos, sendo que o mesmo não ocorreu para o caso de Piracicaba. No entanto, o desdobramento do número de graus de liberdade para tratamentos acusou diferença estatística entre as populações melhoradas onde foram aplicados os métodos envolvendo progênies de irmãos germanos. Realmente, pela análise da Tabela 24 pode ser observado que entre as populações advindas desses métodos aquela que alcançou maior produção foi oriunda do método de irmãos germanos sem autofecundação - seleção IGR (5958 kg/ha) cujo valor foi 4,64% superior à produção apresentada pela população original. Enquanto isso, as populações dos outros dois esquemas (seleção IGRS e IGC) mostraram produções inferiores à população original. Vale ressaltar que entre as populações melhoradas, aquela advinda das progênies S₁ (seleção S₁) também foi superior à original em 0,33%, sem no entanto haver diferença estatística, como já foi visto. O experimento de Ribeirão Preto foi conduzido com boa precisão, o que é atestado pelo coeficiente de variação experimental de 9,61%.

No referente ao experimento de Piracicaba houve uma inversão de comportamento entre os tratamentos, em decorrência das condições climáticas adversas, de acordo com os comentários já efetuados. A diferença estatística entre os tratamentos (Tabela 19) relacionou-se com os diferentes comportamentos apresentados pelas populações melhoradas, onde aquelas advindas dos métodos com envolvimento de irmãos germanos foram superiores ao método de progênies S₁. A menor produção apresentada pela população oriunda da seleção S₁ (Tabela 24) é o reflexo do ambiente adverso ocorrido por ocasião da condução do lote de recombinação, de acordo com aquilo já enfocado. Isso conduziu, inclusive, a que essa

população fosse a única a apresentar produção inferior à testemunha (população original), quando levado em consideração a média de locais (Tabela 24).

Um fato que chamou atenção foi a maior performance para produção alcançada pela população originada da seleção IGRS que inclusive foi a mais estável em relação aos dois locais. Essa população foi formada a partir da recombinação de progênies S_1 oriundas da autofecundação da segunda espiga, onde o lote de recombinação também sofreu influência ambiental negativa. A explicação plausível para esse comportamento é a de que por ocasião da aplicação do referido método houve uma seleção indireta para prolificidade e de acordo com os trabalhos de HALLAUER e TROYER (1972), VINCENT e WOOLLEY (1972) e SKOROBREKHA e ZAKHOBA (1979), trata-se de um dos caracteres capazes de induzirem a resistência a seca em milho. Os demais referem-se ao menor grau de protandria, comprimento de raízes e a condição braquítica (SOUZA JUNIOR, 1981).

Apesar das condições ambientais, o experimento de Piracicaba apresentou um coeficiente de variação considerado médio, ou seja, 12,96%.

A análise conjunta dos dados (Tabela 23) confirmou a diferença estatística entre os locais. Apesar da referida análise não ter acusado diferença entre os tratamentos, o desdobramento do número de graus de liberdade permitiu detectar diferença estatística entre as seleções, mostrando superioridade daquelas que envolveram progênies de irmãos germanos em relação às progênies S_1 . Realmente, pela análise da Tabela 24 pode ser observado na média de locais que a seleção S_1 foi inferior, inclusive à população original, em 2,58%. A seleção IGR mostrou produção de 5524 kg/ha que alcançou o maior índice (4,80%) em relação à testemunha (variedade Centralmex MI-VI). A análise conjunta mostrou ainda diferença estatística na interação de tratamentos com locais. A decomposição do número de graus de liberdade acusou que essa interação significativa a 5% foi devida às populações melhoradas que se comportaram diferentemente nos locais, bem como a interação dos esquemas que envolveram irmãos

germanos versus progênes S_1 . Esses resultados estão de acordo com os comentários antes efetuados.

4.2.2. Índice de espigas

Para esse caráter a análise da variância não acusou diferença estatística entre os tratamentos para o experimento de Ribeirão Preto (Tabela 20). A média geral acusou pouco mais de uma espiga por planta (1,0108) enquanto que o coeficiente de variação experimental foi baixo (9,07%). A Tabela 25 mostra que a população oriunda da seleção IGRS e a original mostraram valores inferiores a uma espiga por planta. Para o caso particular da seleção IGRS, esse resultado não deveria ocorrer em face dos comentários já enfocados; o acamamento deve ter influenciado, pois, foi mais pronunciado nessa população (Tabela 26).

No experimento de Piracicaba foi detectada diferença estatística entre os tratamentos, ao nível de 5% da probabilidade (Tabela 20). O desdobramento do número de graus de liberdade para as populações melhoradas acusou diferença estatística quando os métodos que utilizaram progênes de irmãos germanos foram testados contra as progênes S_1 . O coeficiente de variação experimental foi médio (13,04%) e a média geral foi um pouco superior àquela apresentada no experimento de Ribeirão Preto, ou seja, 1,0260. A Tabela 25 confirma os resultados da análise da variância, pois, como pode ser observado, somente a seleção S_1 não apresentou índice superior à testemunha. O cálculo do índice utilizando a média dos dois locais acusou que as populações melhoradas mostraram maiores valores que a população original (Tabela 25).

A análise conjunta da variância (Tabela 23), mostrou uma interação significativa das populações melhoradas com locais, onde o desdobramento do número de graus de liberdade indicou que isso ocorreu quando os métodos com envolvimento de progênes de irmãos germanos foram analisados contra as progênes S_1 nos dois locais.

4.2.3. Percentagem de plantas acamadas

Conforme pode ser vista na Tabela 21, a análise da variância não acusou diferença estatística entre os tratamentos no experimento de Piracicaba, onde o coeficiente de variação experimental foi considerado médio (19,84%). A Tabela 26 mostra uma certa consistência entre os valores obtidos.

No entanto, no experimento de Ribeirão Preto, onde as plantas devem ter alcançado maior desenvolvimento em decorrência das melhores condições pluviométricas, foi detectada diferença entre os tratamentos a 1% de probabilidade (Tabela 21). Esse resultado foi também condicionado pela ocorrência de ventos de moderados a fortes na região. Dados obtidos junto à Seção de Climatologia do Instituto Agronômico (Campinas-SP), indicaram a ocorrência de ventos com velocidade média superior a 10 metros/segundo nos meses de dezembro de 1980 e março e abril de 1981. Esse parâmetro climático deve ter influenciado de maneira pronunciada no acamamento das plantas. Os resultados da análise da variância (Tabela 21) indicam que houve diferença estatística entre as populações melhoradas. A população oriunda da seleção IGR foi aquela que mostrou o menor valor (36,90), ao passo que a população advinda da seleção IGRS apresentou o maior número de plantas acamadas (Tabela 26). Na média dos dois locais o comportamento foi o mesmo, isto é, a seleção IGR mostrou o menor número de plantas acamadas e a seleção IGRS o maior (Tabela 26). O coeficiente de variação experimental apresentado no experimento de Ribeirão Preto foi de 16,9%, indicando que foi conduzido com média precisão.

A análise conjunta da variância (Tabela 23) acusou diferença significativa ao nível de 1% entre locais, já enfocada anteriormente. Também, os tratamentos comportaram-se de maneira diferente. A decomposição do número de graus de liberdade mostrou diferença estatística entre as seleções que empregaram progênies de irmãos germanos. Pela análise da Tabela 26 pode ser observado que a seleção IGRS mostrou o maior índice de plantas acamadas (7,05% em relação a variedade Centralmex MI-VI),

enquanto que a seleção IGR apresentou um índice de -5,64% em relação à população original. Na interação de tratamentos por locais, também foi detectada diferença ao nível de 5%. O desdobramento dos graus de liberdade mostrou que as populações melhoradas se conduziram diferentemente nos dois locais, com ênfase àquelas que se originaram dos métodos de seleção onde foram envolvidas as progênes de irmãos gêmeos.

4.2.4. Altura de plantas e de espigas

Esses caracteres foram estudados somente com os dados advindos do experimento de Ribeirão Preto visando ter-se uma idéia do comportamento das populações em um ambiente onde as condições hídricas foram ideais ao normal desenvolvimento das plantas. Conforme pode ser observado na Tabela 22, não foi detectada diferença estatística entre os tratamentos, mesmo porque não se constituíram em caracteres considerados no processo seletivo. A altura de plantas situou-se em uma média de 2,61 m, ao passo que a altura de espiga foi de 1,62 m. Os coeficientes de variação experimental foram considerados baixos, pois, atingiram valores de 3,21% e 5,12% para altura de plantas e de espigas, respectivamente. A Tabela 27 confirma a consistência dos dados obtidos para esses dois caracteres.

4.3. Considerações gerais

De uma maneira geral os resultados obtidos no presente trabalho conduziram a uma adequação no objetivo proposto, que foi o de comparar a eficiência dos quatro esquemas de seleção. O trabalho mostra originalidade em alguns aspectos, como a comparação dos esquemas usando a mesma população básica sob condições ambientais semelhantes, valendo-se de processos biométricos da Genética Quantitativa. Evidencia ainda um processo de estimativa de parâmetros genéticos (aproximação ao delineamento I) para o caso do cruzamento em cadeia. Entretanto, foram observadas algumas dificuldades metodológicas. Como exemplo, pode ser

citado o insucesso do experimento instalado no município de Anhembi tendo em vista avaliar as progênes advindas dos trabalhos iniciais de polinização. Com isso, conforme já foi visto, não foi possível isolar a interação do genótipo pelo ambiente (σ_{AE}^2) que pode interferir como fonte de erro nas estimativas de parâmetros genéticos (GARDNER, 1963). Entretanto, os resultados disponíveis apresentaram-se como adequados e com grau de confiabilidade suficiente para a condição do presente trabalho. Foram notadas certas discrepâncias como aquela relacionada com o ganho genético negativo observado para o esquema S_1 , e com a magnitude relativa da variância genética dominante. Pelos resultados obtidos de depressão causada pela endogamia era de se esperar uma amplitude mais pronunciada de σ_D^2 , o que iria contribuir para um maior valor da relação σ_D^2/σ_A^2 da análise global aqui realizada. Essas possíveis distorções das estimativas, podem ter sido influenciadas por fatores como: a) seleção para prolificidade no esquema IGRS; b) efeito de endogamia no comportamento de progênes S_1 ; c) erro aleatório associado às estimativas dos componentes da variância; d) restrição de frequência gênica ($\bar{p} = 0,5$) para progênes S_1 . Para o caso dessa restrição, se por ventura a mesma fosse para $\bar{p} > 0,5$, talvez conduzisse à obtenção de um menor valor estimado da σ_A^2 e maior para σ_D^2 . Os resultados apresentados por RAMALHO (1977), mostram que para uma dada distribuição de frequências gênicas com $\bar{p} > 0,5$ a relação σ_D^2/σ_A^2 é superior àquela obtida para uma distribuição com $\bar{p} = 0,5$, indicando menor valor da σ_A^2 e relativo aumento da σ_D^2 . Para $\bar{p} < 0,5$ o valor da relação σ_D^2/σ_A^2 encontrado por aquele autor foi inferior quando comparado com a situação de $\bar{p} = 0,5$.

Por outro lado, a metodologia utilizada de estimativa das variâncias genéticas com o emprego de médias ponderadas para cada grupo de dois experimentos por esquema de seleção, em princípio chama atenção, em virtude de ter sido detectada homogeneidade das variâncias. Este aspecto justificaria levar em consideração a estimativa média dos efeitos residuais dos oito experimentos de avaliação das progênes oriundas dos trabalhos iniciais de polinização. No entanto, o teste de homogeneidade não leva em consideração as variâncias associadas a cada esquema em decorrência da diferente variação dentro de progênes, o que justifica o

processo aqui empregado. Entretanto, como alternativa metodológica, em casos semelhantes pode ser utilizado o método do quadrado mínimo englobando as variâncias genéticas e quadrados médios residuais, ou mesmo, o método do quadrado mínimo ponderado quando o trabalho se relacionar com o presente, isto é, diferentes números de tratamentos e de repetições nos experimentos de avaliação de progênes.

Outro aspecto que merece menção refere-se aos fatores empregados nos cálculos dos tamanhos efetivos populacionais aqui utilizados. Necessariamente esses parâmetros não dependem do número de plantas no campo, mas, do número de indivíduos que contribui para formar a próxima geração (VENCOVSKY, 1978b). Assim, cada progênie de autofecundação equivale a um tamanho efetivo de 1, enquanto que aquela de irmãos germanos equivale ao tamanho de 2, além de ser, aproximadamente, o valor de 4 quando encontra-se em uso progênie de meios irmãos. Esses comentários justificam o emprego dos fatores utilizados no presente trabalho de pesquisa.

5. CONCLUSÕES

Baseado na interpretação dos resultados obtidos no presente trabalho, as principais conclusões que podem ser extraídas são as seguintes:

a. Em termos da magnitude da variância genética, o método que apresentou liberação em maior amplitude foi o de avaliação de progênies S_1 . No referente à variância genética aditiva e variância genética dominante os maiores valores corresponderam ao método de avaliação de progênies de irmãos germanos com autofecundação que no entanto foram devidos a erros aleatórios.

b. Na comparação efetiva dos quatro métodos em termos de ganho genético esperado, o esquema correspondente a avaliação de progênies S_1 apresentou-se superior em todas as condições de estimação, ou seja, progressos com diferentes tamanhos efetivos e diferentes intensidades de seleção, com a mesma intensidade de seleção, bem como com o mesmo tamanho efetivo populacional e diferentes intensidades de seleção. Isto demonstra o maior potencial desse método em possibilitar progressos mais pronunciados para casos como o presente onde foi utilizado apenas um ciclo de seleção, aliado ao fato de ser de aplicação mais prática, considerando tanto a realização das polinizações como o tempo gasto na sua execução.

c. A análise dos métodos que envolveram a avaliação de progênies de irmãos germanos mostrou certa vantagem em favor do esquema onde apenas foram realizados os cruzamentos recíprocos, em virtude, de um lado, apresentar maiores progressos em relação ao cruzamento em cadeia, e por outro, ser menos trabalhoso do que o esquema onde foram acrescentadas as autofecundações. Este último método de seleção apresenta ainda a desvantagem de uma maior tendência à redução do tamanho efetivo da população e, conseqüentemente, a um aumento da endogamia. O cruzamento em cadeia, nas condições do presente trabalho, não foi capaz de possibilitar o alcance de progressos acentuados por ciclo de seleção.

d. A magnitude do coeficiente de herdabilidade, bem como do índice de variação confirmam o maior desempenho que pode ser alcançado na aplicação do método de avaliação de progênies S_1 , mesmo em populações em ciclos avançados de seleção.

e. Apesar da variedade Centralmex utilizada ter sido submetida a seis ciclos de seleção recorrente entre e dentro de famílias de meios irmãos, ainda é possuidora de grande parte dos seus locos em heterozigose e com pronunciado grau de dominância para o caráter de produção de grãos. Isso foi detectado em decorrência da forte depressão causada pela endogamia no método que envolveu a avaliação de progênies originadas da autofecundação das primeiras espigas (progênies S_1).

f. Nas condições do presente trabalho, os progressos observados para produção de grãos apresentaram discrepâncias em relação ao esperado, incluindo a presença de ganho negativo para aquele método que mostrou maiores progressos esperados (progênies S_1) o que foi atribuído a condições climáticas adversas sobre o lote de recombinação. Os valores mais consistentes foram apresentados pelos métodos que envolveram a avaliação de famílias de irmãos germanos sem autofecundação e cruzamento em cadeia.

g. Na avaliação das populações em dois locais (Piracicaba e Ribeirão Preto), houve a presença da interação de genótipo por ambiente, que teve como causa principal as diferentes condições climáticas ocorridas. Para o caso do caráter mais explorado no presente trabalho (produção de grãos), o método referente a avaliação de famílias de irmãos germanos sem autofecundação obteve a maior média e conseqüentemente, o maior ganho genético de seleção observado. No entanto, o método que explorou famílias de irmãos germanos com autofecundação foi mais estável, apresentando inclusive, superioridade no ambiente onde as condições climáticas foram inferiores (Piracicaba) quanto ao suprimento de água.

h. Foram identificadas possíveis causas de distorções nas estimativas de parâmetros genéticos, que podem ser explicadas através da seleção para prolificidade no esquema de avaliação de progênies de irmãos germanos com autofecundação, depressão pela endogamia no comportamento de progênies S_1 , restrição de frequência gênica ($\bar{p} = 0,5$) para progênies S_1 e erro aleatório associado às estimativas dos componentes da variância, aspectos estes verificados no presente trabalho.

i. Os aspectos observados da não utilização de dados de teste de progênies de mais de um local ou ano, bem como do emprego de apenas um ciclo de seleção na eficiência comparativa dos vários métodos podem ser considerados aceitáveis. Isso em virtude de, por um lado, os resultados obtidos serem comparáveis àqueles encontrados em outras pesquisas onde foi possível isolar a interação do genótipo com ambiente, e por outro, devido ao fato de terem sido empregados esquemas de seleção de reconhecida eficiência em uma população já em fase adiantada de melhoramento genético.

6. LITERATURA CITADA

- BAUMAN, L.F., 1959. Evidence of non-allelic gene interaction in determining yield, ear height and kernel row number in corn. *Agron. J.* Madison, 51:531-534.
- BURTON, J.W., L.H. PENNY, A.R. HALLAUER e S.A. EBERHART, 1971. Evaluation of synthetic populations developed from a maize variety (BSK) by two methods of recurrent selection. *Crop Sci.* Madison, 11:361-365.
- CARANGAL, V.R., S.M. ALI, A.F. KOBLE, E.H. RINKE e J.C. SENTZ, 1971. Comparison of S_1 with testcross evaluation for recurrent selection in maize. *Crop Sci.* Madison, 11:658-661.
- CHI, R.K., S.A. EBERHART e L.H. PENNY, 1969. Covariances among relatives in a maize variety (*Zea mays* L.). *Genetics.* Austin, 63:511-520.
- CLAASSEN, M.M. e R.H. SHAW, 1970. Water deficit effects on corn. I. Vegetative components. *Agr. Journal.* Madison, 62:649-652.
- COCKERHAM, C.C., 1963. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W.D. e H.F. ROBINSON, Ed. *Statistical genetics and plant breeding.* Washington. National Academy of Sciences - National Research Council. nº 82, p.53-94.

- COMPTON, W.A., C.O. GARDNER e J.H. LONNQUIST, 1965. Genetic variability in two open-pollinated varieties of corn (*Zea mays* L.) and their F_1 progenies. *Crop Sci.* Madison, 5:505-508.
- COMPTON, W.A., 1977. Full-sib family selection in krug under irrigation in Lincoln, Nebraska: Four cycles of progress. North Central Corn Breeding Research Committee (NCR-2) meeting. Ames. Iowa State Univ., p. 1-10 (mimeografado).
- COMPTON, W.A. e K. BAHADUR, 1977. Ten cycles of progress from modified ear-to-row selection in corn. *Crop Sci.* Madison, 17:378-380.
- COMSTOCK, R.E. e H.F. ROBINSON, 1948. The components of genetic variances in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics.* Raleigh, 4:254-266.
- COMSTOCK, R.E. e H.F. ROBINSON, 1952. Estimation of average dominance of genes. In: GOWEN, J.W., Ed. *Heterosis*. Ames, Iowa State College Press. 494-516.
- COMSTOCK, R.E., 1964. Selection procedures in corn improvement. *Proc. 19th Annual Hybrid Corn Industry.* Am. Seed Trade Ass. Pub., 19:87-94.
- COMSTOCK, R.E., 1974. Consequences of genetic linkage. *Proceedings of the 1st World Congress on genetics applied to livestock production.* Madrid, 1:353-364.
- CROW, J.F. e M. KIMURA, 1970. *An introduction to population genetics theory.* New York, Hasper e Row. 591 p.
- DARRAH, L.L., S.A. EBERHART e L.H. PENNY, 1972. A maize breeding methods study in Kenya. *Crop Sci.* Madison, 12:605-608.

- DENMEAD, O.T. e R.H. SHAW, 1960. The effects of soil moisture stress at different stages of growth on the development and yield of corn. *Agr. Journal. Madison*, 52:272-274.
- DOWNEY, L.A., 1971. Effect of gypsum and drought stress on maize (*Zea mays* L.) I. Growth, light absorption and yield. *Agr. Journal. Madison*, 63:569-572.
- DUCLOS, L.A. e P.L. CRANE, 1968. Comparative performance of top crosses and S_1 progeny for improving populations of corn (*Zea mays* L.). *Crop Sci. Madison*, 8:191-194.
- DUDLEY, J.W. e R.H. MOLL, 1969. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variances in plant breeding. *Crop Sci. Madison*, 9:257-261.
- EBERHART, S.A., R.H. MOLL, H.F. ROBINSON e C.C. COCKERHAM, 1966. Epistatic and other genetic variances in two varieties of maize. *Crop Sci. Madison*, 6:275-280.
- EBERHART, S.A., 1970. Factors effecting efficiencies of breeding methods. *African Soils/sols Africans*. 15:669-680.
- EBERHART, S.A., S. DEBELA e A.R. HALLAUER, 1973. Reciprocal recurrent selection in the BSSS and BSCB1 maize population and half-sib selection in BSSS. *Crop Sci. Madison*, 13:451-456.
- EMPIG, L.T., O. GARDNER e W.A. COMPTON, 1972. Theoretical gains for different populations improvement procedures. *Nebraska Agr. Exp. Sta. Bull. MP26*. 21 p.
- FALCONER, D.S., 1960. *Introduction to quantitative genetics*. New York, The Ronald Press Co. 365 p.

- FISHER, R.A. e F. YATES, 1971. *Tabelas estatísticas para pesquisas em biologia, medicina e agricultura*. São Paulo, Polígono. 150 p.
- GARDNER, C.O., P.H. HARVEY, R.E. COMSTOCK e H. F. ROBINSON, 1953. Dominance of genes controlling quantitative characters in maize. *Agron. J.* Madison, 45:186-191.
- GARDNER, C.O., 1963. Estimates of genetic parameters in cross-fertilizing plant and their implications in plant and their implications in plant breeding. In: HANSON, W.D. e H.F. ROBINSON. Ed. *Estatistical genetics and plant breeding*. Washington. National Academy of Sciences-National Research Council, nº 82, p.225-252.
- GARDNER, C.O. e E. PATERNIANI, 1967. A genetic model use to evaluate the breeding potential of open-pollinated varieties of corn. *Ciência e Cultura*. São Paulo, 19:95-101.
- GARDNER, C.O., 1977. Quantitative genetic studies and population improvement in maize and sorghum. *Nebraska Agric. Expt. Sta. Bull.* nº 5262. 15 p.
- GENTER, C.F. e M.W. ALEXANDER, 1962. Comparative performance of S_1 progenies and test-crosses of corn. *Crop Sci.* Madison, 2:516-519.
- GENTER, C.F. e M.W. ALEXANDER, 1966. Development and selection of productive S_1 inbred lines of corn. *Crop Sci.* Madison, 6:429-431.
- GENTER, C.F., 1971. Yields of S_1 lines from original and advanced synthetic varieties of maize. *Crop Sci.* Madison, 11:821-824.
- GENTER, C.F., 1973. Comparison of S_1 and test cross evaluation after two cycles of recurrent selection in maize. *Crop Sci.* Madison, 13: 524-527.

- GENTER, C.F., 1976. Recurrent selection for yield in the F_2 of a maize single cross. *Crop Sci.* Madison, 16:350-352.
- GOODMAN, M.M., 1965. Estimates of genetic variance in adapted and exotic populations of maize. *Crop Sci.* Madison, 5:87-90.
- GORSLINE, G.W., 1961. Phenotypic epistasis for ten quantitative characters in maize. *Crop Sci.* Madison, 1:55-58.
- GOULAS, C.K. e J.H. LONNQUIST, 1976. Combined half-sib and S_1 family selection in a maize composite population. *Crop Sci.* Madison, 16:461-464.
- GOULAS, C.K. e J.H. LONNQUIST, 1977. Comparison of combined half-sib and S_1 family selection with half-sib, S_1 and selection index procedures in maize. *Crop Sci.* Madison, 17:754-757.
- HALLAUER, A.R. e J.A. WRIGHT, 1967. Genetics variances in the open-pollinated variety of maize. Iowa Ideal. *Der Zuchter.* Berlin, 37:178-185.
- HALLAUER, A.R., 1970. Genetic variability for yield after four cycles of reciprocal recurrent selections in maize. *Crop Sci.* Madison, 10:482-485.
- HALLAUER, A.R. e A.F. TROYER, 1972. Prolific corn hybrids and minimizing risk stress. *Proc. 27th Annual Corn and Sorghum Research Conference.* Washington, 27:140-158.
- HALLAUER, A.R. e J.B. MIRANDA FILHO, 1981. *Quantitative genetics in maize breeding.* Ames, Iowa State University Press. 468 p.
- HARLAND, S.C., 1946. A new method of maize improvement. *Tropical Agriculture.* Saint Augustine, 23:114.

- HAYMAM, B.I., 1958. The separation of epistatic from additive and dominance variation in generation means. *Heredity*. London, 12:371-390.
- HERRERO, M.P. e R.R. JOHNSON, 1981. Drought stress and its effects on maize reproductive systems. *Crop Sci.* Madison, 21:105-110.
- HORNER, E.S., 1963. A comparison of S_1 line and S_1 plant evaluation for combining ability in corn (*Zea mays* L.) *Crop Sci.* Madison, 3: 519-522.
- HORNER, E.S., W.H. CHAPMAN, M.C. LUTRICK e H.W. LUNDY, 1969. Comparison of selection based on yield of topcross progenies and of S_2 progenies in maize (*Zea mays* L.) *Crop Sci.* Madison, 9:539-543.
- HORNER, E.S., H.W. LUNDY, M.C. LUTRICK e W.H. CHAPMAN, 1973. Comparisons of three methods of recurrent selection in maize. *Crop Sci.* Madison, 13:485-489.
- JINAHYON, S. e C.L. MOORE, 1973. Recurrent selection techniques for maize improvement in Thailand. *Agron. Absts.* p. 7.
- JONES, L.P., W.A. COMPTON e C.O. GARDNER, 1971. Comparisons of full and half-sib reciprocal recurrent selection. *Theoretical and Applied Genetics*. Berlin, 41:36-39.
- KEMPTHORNE, O., 1973. *An introduction to genetic statistics*. 2nd ed. Ames, Iowa State University Press. 545 p.
- LINDSEY, M.F., J.H. LONNQUIST e C.O. GARDNER, 1962. Estimates of genetic variance in open-pollinated varieties of cornbelt corn. *Crop Sci.* Madison, 2:105-108.

- LONNQUIST, J.H. e M.D. RUMBAUGH, 1958. Relative importance of test sequence for general and specific combining ability in corn breeding. *Agron. J.* Madison, 50:541-544.
- LONNQUIST, J.H., 1961. Progress from recurrent selection procedures for the improvement of corn populations. Nebraska. Agric. Expt.Sta. Res. Bull. 197: 33 p.
- LONNQUIST, J.H. e M. F. LINDSEY, 1964. Topcross versus S_1 line performance in corn (*Zea mays* L.). *Crop Sci.* Madison, 4:580-584.
- LONNQUIST, J.H., 1965. Metodos de seleccion ūtiles para mejoramento dentro de poblaciones. *Fitotecnia Latino-Americana*. Sāo Josē, Costa Rica, 2:1-10.
- LONNQUIST, J.H., 1967. Relativa eficiencia de diferentes metodos de mejoramiento del maiz. CIMMYT. 13 p. (mimeografado).
- LONNQUIST, J.H. e M. CASTRO, 1967. Relation of intrapopulation genetic effects to performance of S_1 lines of maize. *Crop Sci.* Madison, 7:361-364.
- LONNQUIST, J.H., 1968. Further evidence on testcross versus line performance in maize. *Crop Sci.* Madison, 8:50-53.
- MARQUEZ-SANCHEZ, F. e A.R. HALLAUER, 1970. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I - Grain yield. *Crop Sci.* Madison, 10:357-361.
- MATHER, K. e J.L. JINKS, 1971. *Biometrical genetics*. 2nd ed. London, Chapman & Hall Ltd. 382 p.
- MILES, J.W., J.W. DUDLEY, D.G. WHITE e R.J. LAMBERT, 1980. Improving corn population for gain yield and resistance to leaf blight and stalk rot. *Crop Sci.* Madison, 20:247-251.

- MIRANDA FILHO, J.B. e R. VENCovsky, 1972. Estimativas da variância genética aditiva de diversas populações locais de milho. In: Relatório Científico do Departamento de Genética e Instituto de Genética. ESALQ/USP. Piracicaba, nº 6, p.61-66.
- MIRANDA FILHO, J.B., 1978a. Princípios de experimentação e análise estatística. In: PATERNIANI, E., Coord. *Melhoramento e produção do milho no Brasil*. Fundação Cargill. Piracicaba, ESALQ/USP. p:620-650.
- MIRANDA FILHO, J.B., 1978b. Efeitos da seleção em função da herdabilidade e das correlações genéticas. Publicação Didática do Departamento de Genética. ESALQ/USP, 16 p.
- MOCK, J.J. e A.A. BAKRI, 1976. Recurrent selection for cold tolerance in maize. *Crop Sci.* Madison, 16:230-233.
- MOLL, R.H., M.F. LINDSEY e H.F. ROBINSON, 1964. Estimates of genetic variances and level of dominance in maize. *Genetics*. Austin, 49: 411-423.
- MOLL, R.H. e H.F. ROBINSON, 1966. Observed and expected response in four selection experiments in maize. *Crop Sci.* Madison, 6:319-324.
- MOLL, R.H. e H.R. ROBINSON, 1967. Quantitative genetic investigations of yield of maize. *Der Zuchter*. Berlin, 37:192-199.
- MOLL, R.H. e C.W. STUBER, 1971. Comparison of response to alternative selection procedures initiated with two populations of maize (*Zea mays* L.). *Crop Sci.* Madison, 11:706-711.
- MOLL, R.H., C.W. STUBER e W.D. HANSON, 1975. Correlated responses and response to selection index involving yield and ear height of maize. *Crop Sci.* Madison, 15:243-248.

- MOSS, G.I. e L.A. DOWNEY, 1971. Influence of drought stress on female gametophyte development in corn (*Zea mays* L.) and subsequent grain yield. *Crop Sci.* Madison, 11:368-372.
- MOTA, M.G.C., 1974. Comportamento de progênies de meios irmãos e S_1 na variedade de milho (*Zea mays* L.) Centralmex. Piracicaba, ESALQ/USP. 73 p. (Dissertação de Mestrado).
- OBILANA, A.T. e A.R. HALLAUER, 1974. Estimation of variability of quantitative traits in BSSS by using unselected maize inbred lines. *Crop Sci.* Madison, 14:99-103.
- OSÓRIO, E.A., 1972. Heterose e influência da ação gênica epistática em cruzamentos interracialis de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP. 40 p. (Dissertação de Mestrado).
- PATERNIANI, E., 1968. Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no melhoramento do milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP. 92 p. (Tese para cargo de Professor Catedrático).
- PATERNIANI, E., 1969a. Melhoramento de populações de milho. *Ciência e Cultura.* São Paulo, 21:3-10.
- PATERNIANI, E., 1969b. Melhoramento genético de populações de milho. In: KERR, W.E., Org. *Melhoramento e genética.* São Paulo. Edições Melhoramentos, p. 39-57.
- PATERNIANI, E., 1971. Melhoramento do milho Centralmex. In: Relatório Científico do Departamento de Genética e Instituto de Genética. ESALQ/USP. Piracicaba, nº 5, p.136-137.
- PATERNIANI, E., J.R. ZINSLY e J.B. MIRANDA FILHO, 1977. Populações melhoradas de milho obtidas pelo Instituto de Genética. In: Relatório Científico do Departamento de Genética e Instituto de Genética. ESALQ/USP. Piracicaba, nº 11, p.108-114.

- PATERNIANI, E. e J.B. MIRANDA FILHO, 1978. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E., Coord. *Melhoramento e produção do milho no Brasil*. Fundação Cargill. Piracicaba, ESALQ/USP. p:202-256.
- PENNY, L.H., W.A. RUSSEL, G.F. SPRAGUE e A.R. HALLAUER, 1963. Recurrent selection. In: HANSON, W.D. e H.F. ROBINSON, Ed. *Statistical genetics and plant breeding*. Washington. National Academy of Sciences - National Research Council. nº 82, p.352-367.
- PENNY, L.H., G.E. SCOTT e W.D. GUTHRIE, 1967. Recurrent selection for European corn borer resistance in maize. *Crop Sci.* Madison, 7:407-409.
- PENNY, L.H. e S.A. EBERHART, 1971. Twenty years of reciprocal recurrent selection with two synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.). *Crop Sci.* Madison, 11:900-903.
- PIMENTEL GOMES, F., 1966. *Curso de estatística experimental*. 3a. ed. São Paulo, Livraria Nobel. 404 p.
- RAMALHO, M.A.P., 1977. Eficiência relativa de alguns progressos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endôgamias. Piracicaba, ESALQ/USP. 122 p. (Tese de Doutorado).
- RAWLINGS, J. e C.C. COCKERHAM, 1962. Triallel analysis. *Crop Sci.* Madison, 2:228-231.
- RAWLINGS, J.O., 1970. Present status of research on long and short term recurrent selection in finite populations-choice of population size. *Proc. Second Meet. Work. Group Quant. Genet.* USDA-SFES. New Orleans, p. 1-15.
- ROBERTSON, A., 1960. A theory of limits in artificial selection. *Proceedings of the Royal Society. Biological Sciences.* London, 153: 234-249.

- ROBINS, J.S. e C.E. DOMINGO, 1953. Some effects of severe soil moisture deficits at specific growth stages in corn. *Agr. Journal*. Madison, 45:618-621.
- ROBINSON, H.F., R.E. COMSTOCK e P.H. HARVEY, 1949. Estimates of heritability and the degree of dominance in corn. *Agron. J.* Madison, 41:353-359.
- ROBINSON, H.F. e R.E. COMSTOCK, 1955. Analysis of genetic variability in corn with reference to probable effects of selection. *Cold Spr. Harb. Symp. Quant. Biology*, 20:127-136.
- ROBINSON, H.F., R.E. COMSTOCK e P.H. HARVEY, 1955. Genetic variances in open pollinated varieties of corn. *Genetics*. Austin, 40:45-60.
- ROBINSON, H.F., A. KHALIL, R.E. COMSTOCK e C.C. COCKERHAM, 1958. Joint interpretation of heterosis and genetic variances in two open pollinated varieties of corn and their cross. *Genetics*. Austin, 43: 868-877.
- ROBINSON, H.F. e C.C. COCKERHAM, 1961. Heterosis and inbreeding depression in population involving two open-pollinated varieties of maize. *Crop Sci*. Madison, 1:68-71.
- SCOTT, G.E. e E.E. ROSENKRANZ, 1974. Effectiveness of recurrent selection for corn stunt resistance in a maize variety. *Crop Sci*. Madison, 14: 758-760.
- SENTZ, J.C., 1971. Genetic variances in a synthetic variety of maize estimated by two mating designs. *Crop Sci*. Madison, 11:234-238.
- SILVA, J.C. e A.R. HALLAUER, 1975. Estimation of epistatic variance in Iowa Stiff Stalk Synthetic maize. *The Journal of Heredity*. Washington, 66:290-296.

- SILVA, W.J. e J.H. LONNQUIST, 1968. Genetic variances in populations developed from full-sib and S_1 test cross progeny selection in an open-pollinated variety of maize. *Crop Sci.* Madison, 8:201-204.
- SKOROBREKHA, P.I. e V.P. ZAKHOBA, 1979. The expression of morphological and biological characteristics in inbred lines of maize under drought conditions. *Plant Breeding Abstracts*, 49(2):82.
- SOUZA JUNIOR, C.L., 1981. Resistência à seca em milho (*Zea mays* L.). Departamento de Genética. Piracicaba, ESALQ/USP. 72 p. (mimeografado).
- SPRAGUE, G.F., W.A. RUSSELL, L.H. PENNY, T.W. HORNER e W.D. HANSON, 1962. Effect of epistasis on grain yield in maize. *Crop Sci.* Madison, 2: 205-208.
- SPRAGUE, G.F., 1964. Estimates of genetic variations in two open-pollinated varieties of maize and their reciprocal F_1 hybrids. *Crop Sci.* Madison, 4:332-334.
- SPRAGUE, G.F., 1967. Quantitative genetics in plant improvement. In: FREY, K.J., Ed. *Plant Breeding: A Symposium Held at Iowa State University*. 2nd ed. Ames, Iowa State University Press. 315-354.
- SPRAGUE, G.F. e W.I. THOMAS, 1967. Further evidence of epistasis in single and three-way cross yields of maize (*Zea mays* L.). *Crop Sci.* Madison, 7:355-356.
- SPRAGUE, G.F. e S.A. EBERHART, 1977. Corn breeding. In: SPRAGUE, G.F., Ed. *Corn and corn improvement*. Madison. American Society of Agronomy. p:305-362.
- STEEL, R.G.D. e J.H. TORRIE, 1960. *Principles and procedures of statistics with special reference to the biological science*. New York, Mc Graw Hill. 481 p.

- STUBER, C.W., R.H. MOLL e W.D. HANSON, 1966. Genetic variances and interrelationships of six traits in a hybrid population of *Zea mays* L. *Crop Sci.* Madison, 6:455-458.
- STUBER, C.W. e R.H. MOLL, 1969. Epistasis in maize (*Zea mays* L.). I - F₁ hybrids and their S₁ progeny. *Crop Sci.* Madison, 9:124-127.
- SUBANDI e W.A. COMPTON, 1974. Genetic studies in an exotic population of corn (*Zea mays* L.), grown under two plant densities. I. Estimates of genetic parameters. *Theoretical and Applied Genetics*. Berlim, 44: 153-159.
- TORRES SEGOVIA, R. e E. PATERNIANI, 1975. Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho Centralmex. In: Relatório Científico do Departamento de Genética e do Instituto de Genética. ESALQ/USP. Piracicaba, nº 9, p.166-169.
- TORRES SEGOVIA, R., 1976. Seis ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho (*Zea mays* L.) Centralmex. Piracicaba, ESALQ/USP. 98 p. (Tese de Doutorado).
- VALVA, F. D'AYALA, 1977. Progressos obtidos no melhoramento de populações de milho. Instituto de Genética. Piracicaba, ESALQ/USP. 56 p. (mimeografado).
- VELLO, N.A. e R. VENCOVSKY, 1974. Variâncias associadas às estimativas de variância genética e coeficientes de herdabilidade. In: Relatório Científico do Departamento de Genética e Instituto de Genética, ESALQ/USP. Piracicaba, nº 8, p.238-248.
- VENCOVSKY, R., 1969. Genética quantitativa. In: KERR, W.E., Org. *Melhoramento e genética*. São Paulo. Edição Melhoramentos, p.17-37.

- VENCOVSKY, R., 1970. Alguns aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos de variedades. Piracicaba, ESALQ/USP. 59 p. (Tese de Livre-Docência).
- VENCOVSKY, R. e J.B. MIRANDA FILHO, 1972. Determinação do número de possíveis compostos e pares de compostos. In: Relatório Científico do Departamento de Genética e Instituto de Genética. ESALQ/USP. Piracicaba, nº 6, p.120-123.
- VENCOVSKY, R., 1973. Princípios de genética quantitativa. Publicação Didática do Departamento de Genética. Piracicaba, ESALQ/USP. 97 p.
- VENCOVSKY, R., 1976. Extensão do conceito de tamanho efetivo e populações submetidas à seleção. I. Espécies monoicas. In: Relatório Científico do Departamento de Genética e Instituto de Genética, ESALQ/USP. Piracicaba, nº 10, p.223-227.
- VENCOVSKY, R. e C.R.M. GODOI, 1976. Immediate response and probability of fixation of favorable alleles in some selection schemes. *Proceedings of the 9th International Biometric Conference*. Boston, 9(2):292-297.
- VENCOVSKY, R., 1978a. Effective size of monoecious populations submitted to artificial selection. *Revista Brasileira de Genética*. Ribeirão Preto, 1:181-191.
- VENCOVSKY, R., 1978b. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E., Coord. *Melhoramento e produção do milho no Brasil*. Fundação Cargill. Piracicaba, ESALQ/USP. p:122-201.
- VENCOVSKY, R., 1978c. Tamanho efetivo em populações submetidas à seleção. Sexos separados. In: Relatório Científico do Departamento de Genética e Instituto de Genética. ESALQ/USP. Piracicaba, nº 12, p. 282-287.

- VINCENT, G.B. e D.G. WOOLLEY, 1972. Effect of moisture stress at different stages of growth: II - Cytoplasmic male - sterile corn. *Agr. Journal*. Madison, 64:599-602.
- WEBEL, O.D. e J.H. LONNQUIST, 1967. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L.). *Crop Sci.* Madison, 7:651-655.
- WELLHAUSEN, E.J., L.M. ROBERTS e E. HERNANDEZ, 1951. Razas de maiz en Mexico. *Bohn.*, Secretaria de Agricultura y Ganaderia, nº 5. 237 p.
- WEST, D.R., W.A. COMPTON e M.A. THOMAS, 1980. A comparison of replicated S_1 per se vs reciprocal full-sib index selection in corn. I - Indirect response to population densities. *Crop Sci.* Madison, 20:35-42.
- WRIGHT, J.A., A.R. HALLAUER, L.H. PENNY e S.A. EBERHART, 1971. Estimating genetic variance in maize by use of single and three-way crosses among unselected inbred line. *Crop Sci.* Madison, 11:690-695.
- ZUBER, M.S., 1942. Relative efficiency of incomplete block designs using corn uniformity trial data. *J. Am. Soc. Agron.* Madison, 34:30-47.

TABELAS E FIGURAS

Tabela 11. Caracterização dos experimentos de avaliação de progênes com relação aos parâmetros: média geral (t/ha), coeficientes de variação (CV) dos delineamentos em blocos casualizados e em látice, quadrados médios do resíduo (blocos casualizados) e erro intra bloco (látice), erro padrão da média, eficiência do látice, número de tratamentos e de repetição e teste F. Piracicaba, 1978-79

Parâmetros	Exp. 9	Exp. 10	Exp. 11	Exp. 12	Exp. 13	Exp. 14	Exp. 15	Exp. 16
Média geral	7,704	7,028	7,644	7,520	7,776	7,624	4,568	4,882
CV - blocos (%)	15,1	15,3	14,8	12,8	14,1	14,3	22,3	21,5
CV - látice (%)	-	14,9	14,5	-	14,0	14,1	22,1	21,5
Resíduo	0,3389	0,2886	0,3186	0,2273	0,3023	0,2964	0,2584	0,2761
Erro intra bloco	-	0,3128	0,2939	-	0,3594	0,2695	0,2477	0,2682
Erro padrão (m)	0,2377	0,3102	0,2524	0,3372	0,3175	0,3850	0,2934	0,1381
Efic.do látice (%)	-	105,0	103,2	-	101,8	102,4	100,1	100,3
Nº de tratamentos	36	36	81	25	100	36	100	36
Nº de repetições	6	3	5	2	3	2	3	2
Teste F	2,70**	4,21**	2,52**	2,39**	1,17(n.s.)	2,08*	3,29**	4,29**

* significativo ao nível de 5% de probabilidade

** significativo ao nível de 1% de probabilidade

n.s. não significativo

Tabela 12. Resultados da análise da variância para peso de grãos e estimativas da variância genética entre progênes (σ_p^2) e do erro experimental (σ_e^2) dos experimentos de avaliação das progênes oriundas dos quatro métodos. Análises como blocos casualizados

Popul. rep.	Nº	Progênes				Resíduo		σ_p^2	σ_p^2 ponderada
		G.L.	S.Q.	Q.M.	G.L.	S.Q.	Q.M.		
lote 1	6	35	32,0859	0,916740	175	59,3201	0,338972	$0,096295 \pm 3,6028 \times 10^{-2}$	0,153568
lote 1	3	29	36,7256	1,266400	70	20,2053	0,288647	$0,325918 \pm 1,08416 \times 10^{-1}$	
lote 2	5	80	63,3628	0,792035	320	101,9451	0,318578	$0,094691 \pm 2,5239 \times 10^{-2}$	0,112273
lote 2	2	19	11,1170	0,585107	24	5,4558	0,227325	$0,178891 \pm 9,5629 \times 10^{-2}$	
lote 3	3	99	44,8173	0,452700	198	59,8601	0,302324	$0,050125 \pm 2,3495 \times 10^{-2}$	0,075828
lote 3	2	32	20,2184	0,631825	35	10,3724	0,296354	$0,167736 \pm 8,4012 \times 10^{-2}$	
lote 4	3	99	82,6850	0,835202	198	51,1617	0,258392	$0,192270 \pm 4,0112 \times 10^{-2}$	0,218561
lote 4	2	31	26,5964	0,857948	35	9,6647	0,276134	$0,290907 \pm 1,10377 \times 10^{-1}$	
						1055	317,9852	0,301408§	

Teste de BARTLETT (homogeneidade da variância) = 5,114 (n.s.)

§ Estimativa média do erro experimental.

Tabela 13. Análise da variância entre progênes de irmãos germanos decomposta em genótipos (pares de progênes) e progênes dentro de genótipos, segundo o esquema de cruzamento em cadeia

F.V.	G.L.	Q.M.	E(Q.M.) [§]
Genótipos	52	0,483379	$\sigma^2 + 3 \sigma_{p/G}^2 + 6 \sigma_G^2$
Prog./Genótipos	53	0,389336	$\sigma^2 + 3 \sigma_{p/G}^2$
Resíduo ^{&}	198	0,302324	σ^2

[§] Aproximação ao delineamento I (COMSTOCK e ROBINSON, 1948)

[&] Extraído do experimento 5 (Tabela 12)

$$\hat{\sigma}_G^2 = 0,015674; \quad \hat{\sigma}_{p/G}^2 = 0,029004$$

Tabela 14. Estimativas da variância genética (σ_p^2), variância residual (σ^2), variância fenotípica (σ_F^2), variância genética aditiva (σ_A^2) e variância genética dominante (σ_D^2) para peso de grãos para os quatro esquemas de seleção

Esquema de seleção	σ_p^2	σ^2	σ_F^2	σ_A^2 (Kg/5m ²)	σ_D^2 (Kg/5m ²)
Lote 1 - Esquema IGRS	0,153568	0,301408	0,219820	0,281760	0,050752
Lote 2 - Esquema IGR	0,112273	0,301408	0,187259	0,205994	0,037104
Lote 3 - Esquema IGC	0,075828	0,301408	0,186711	0,139126	0,025060
Genótipos	0,015674	-	0,080563	-	-
Prog./Genótipos	0,029004	-	0,129779	-	-
Lote 4 - Esquema S ₁	0,218561	0,301408	0,319146	0,209143	0,037672

Análise global: $\sigma_A^2 = 0,209339$ em Kg/5m² ou seja $3,3494 \times 10^{-4}$ em Kg/planta

$\sigma_D^2 = 0,037707$ em Kg/5m² ou seja $0,6033 \times 10^{-4}$ em Kg/planta

Relação $\sigma_D^2/\sigma_A^2 = 0,180124$

Tabela 15. Coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de progê-
nias (h_x^2), coeficientes de variação genética (CVg) e ex-
perimental (CVe) e índice de variação (b), para progê-
nias nos quatro esquemas de seleção

Esquema de seleção	h_x^2 %	CVg %	CVe %	b
Lote 1 - Esquema IGRS	64,1	10,5	15,3	0,689
Lote 2 - Esquema IGR	55,0	8,8	14,7	0,599
Lote 3 - Esquema IGC	37,3	7,3	14,4	0,504
Lote 4 - Esquema S_1	65,5	20,5	22,4	0,915

Tabela 16. Número de progê-
nias avaliadas (N) e selecionadas (n), tama-
nho efetivo esperado (Ne), diferencial de seleção observado
(ds), intensidade de seleção (n/N), progresso esperado
(G_S^1 e G_S^2) e progresso observado [$G_{S(ob)}$] por seleção

Esquema de seleção	N	n	Ne	(n/N)%	ds	G_S^1 (kg/5m ²)	G_S^2 (kg/5m ²)	$G_{S(ob)}$ (kg/5m ²)
Lote 1 - Esquema IGRS	66	16	16	24,2	0,477	0,306	0,385	0,051
Lote 2 - Esquema IGR	101	27	54	26,7	0,445	0,245	0,290	0,126
Lote 3 - Esquema IGC [§]	133	26	52	19,6	0,396	0,148	0,227	0,038
Lote 4 - Esquema S_1	132	28	28	21,2	0,758	0,497	0,503	-0,068

G_S^1 e G_S^2 : progresso esperado em função do diferencial de seleção obser-
vado (ds) e estandardizado (i , obtido de tabelas), respecti-
vamente.

§ - G_S^2 para seleção entre genótipos e entre progê-
nias/genótipos: 0,173
e 0,054, respectivamente.

Tabela 17. Progresso esperado por seleção (Gs) para intensidade de seleção (n/N) constante e para tamanho efetivo (Ne) constante para os quatro esquemas de seleção

Esquema de seleção	Ne = 16		Ne = 28		n/N : 25%	
	n/N%	Gs (Kg/5m ²)	n/N%	Gs (Kg/5m ²)	Ne	Gs (Kg/5m ²)
Lote 1 - Esquema IGRS	24,2	0,385	42,4	0,276	16,5	0,382
Lote 2 - Esquema IGR	7,9	0,443	13,9	0,374	50,6	0,294
Lote 3 - Esquema IGC	6,0	0,290	10,5	0,267	66,6	0,152
Entre genótipos	-	0,245	-	0,213	-	0,098
Progênie/Genótipos	-	0,054	-	0,054	-	0,054
Lote 4 - Esquema S ₁	12,1	0,607	21,2	0,503	33,0	0,470

Tabela 18. Peso médio de grãos em kg/ha de progênie nos quatro esquemas de seleção e depressão por endogamia de progênie S₁ em relação às demais

Esquema de seleção	Produção kg/ha	Depressão %
Lote 1 - Esquema IGRS	7466	38,87
Lote 2 - Esquema IGR	7596	39,92
Lote 3 - Esquema IGC	7582	39,81
Lote 4 - Esquema S ₁	4565	-
Média	7548 [§]	39,53

[§] Valor médio dos IG.

Tabela 19. Resultados da análise da variância para pesos de grãos dos experimentos instalados nos dois locais envolvendo progênies oriundas dos quatro métodos, após a recombinação, e a variedade Centralmex como testemunha

F.V.	G.L.	Piracicaba		Ribeirão Preto	
		Q.M.		Q.M.	
Blocos	19	1,1167**	0,4119		
Tratamentos	4	1,3430*	0,4930		
Seleções	3	1,7053**	0,6554		
Sel. IG	2	0,2311	0,9832*		
Sel. IG vs. S ₁	1	4,6537**	0,0000§		
Sel. vs. Test.	1	0,2560	0,0058		
Erro	76	0,4115	0,3007		
Total	99				
Média (kg/10 m ²)		4,949	5,709		
C.V. (%)		12,96	9,61		
Tukey (5%)		0,568	0,486		

Sel. IG e Sel. S₁ referem-se aos métodos que utilizam famílias de irmãos germanos e famílias S₁, respectivamente.

* Significativo à 5% de probabilidade.

** Significativo à 1% de probabilidade.

§ Valor exato é 2×10^{-6} .

Tabela 20. Resultados da análise da variância para Índice de espiga dos experimentos instalados nos dois locais envolvendo progênies oriundas dos quatro métodos, após a recombinação, e a variedade Centralmex como testemunha

F.V.	G.L.	Piracicaba		Ribeirão Preto	
		Q.M.	Q.M.	Q.M.	Q.M.
Blocos	19	0,0347*		0,0061	
Tratamentos	4	0,0457*		0,0049	
Seleções	3	0,0475		0,0044	
Sel. IG	2	0,0037		0,0013	
Sel IG vs. S ₁	1	0,1353**		0,0106	
Sel. vs. Test.	1	0,0401		0,0061	
Erro	76	0,0179		0,0084	
Total	99				
Média		1,0260		1,0108	
C.V. (%)		13,04		9,07	
Tukey (5%)		0,1185		-	

Sel. IG e Sel. S₁ referem-se aos métodos que utilizam famílias de irmãos germanos e famílias S₁, respectivamente.

* Significativo à 5% de probabilidade.

** Significativo à 1% de probabilidade.

Tabela 21. Resultados da análise da variância para percentagem de plantas acamadas dos experimentos instalados nos dois locais envolvendo progênies oriundas dos quatro métodos, após a recombinação, e a variedade Centralmex como testemunha

F.V.	G.L.	Piracicaba		Ribeirão Preto	
		Q.M.		Q.M.	
Blocos	19	47,5258	139,1281**		
Tratamentos	4	5,0983	211,3809**		
Seleções	3	6,7936	280,7046**		
Sel. IG	2	1,1126	402,8557**		
Sel. IG vs. S ₁	1	18,1555	36,4027		
Sel. vs. Test.	1	0,0124	3,4096		
Erro	76	35,2730	49,5018		
Total	99				
Média		29,94\$	41,64\$		
C.V. (%)		19,84	16,90		
Tukey (1%)		-	7,54		

Sel. IG e Sel. S₁ referem-se aos métodos que utilizam famílias de irmãos germanos e famílias S₁, respectivamente.

** Significativo à 1% de probabilidade.

\$ Dados transformados para arc. sen. $\sqrt{p\%/100}$.

Tabela 22. Resultados da análise da variância para alturas de plantas e de espigas do experimento instalado em Ribeirão Preto, envolvendo progênies oriundas dos quatro métodos, após a recombinação, e a variedade Centralmex como testemunha

F.V.	G.L.	Altura das Plantas		Altura de Espigas	
		Q.M.	Q.M.	Q.M.	Q.M.
Blocos	19	0,0201*	0,0197**		
Tratamentos	4	0,0126	0,0062		
Seleções	3	0,0148	0,0075		
Sel. IG	2	0,0110	0,0084		
Sel. IG vs. S ₁	1	0,0222	0,0058		
Sel. vs. Test.	1	0,0062	0,0022		
Erro	76	0,0070	0,0069		
Total	99				
Média (m)		2,61	1,62		
C.V. (%)		3,21	5,12		
Tukey (5%)		-	-		

Sel. IG e Sel. S₁ referem-se aos métodos que utilizam famílias de irmãos germanos e famílias S₁, respectivamente.

* Significativo à 5% de probabilidade.

** Significativo à 1% de probabilidade.

Tabela 23. Resultados da análise conjunta da variância dos dados para os caracteres de peso de grãos, Índice de espigas e acamamento dos experimentos instalados em Ribeirão Preto e Piracicaba envolvendo progênies oriundas dos quatro métodos, após a recombinação, e a variedade Centralmex como testemunha

F.V.	Peso de Grãos		Índice de Espigas		Acamamento	
	G.L.	Q.M.	Q.M.	Q.M.	Q.M.	Q.M.
Blocos/Locais	38	0,7643**	0,0204*	93,3269**		
Locais (L)	1	28,9233**	0,0115	6846,3721**		
Tratamentos	4	0,7990	0,0199	103,4091*		
Seleções	3	1,0089*	0,0136	137,3771*		
Sel. IG	2	0,3512	0,0028	205,2803**		
Sel. IG vs S ₁	1	2,3244*	0,0351	1,5709		
Sel. vs. Test.	1	0,1694	0,0387	1,5051		
Trat. x Locais	4	1,0370*	0,0307	113,0700*		
Sel. x Locais	3	1,3518*	0,0384*	150,1211*		
Sel. IG x Locais	2	0,8631	0,0022	198,6880**		
(IG vs. S ₁) x Locais	1	2,3294*	0,1109**	52,9872		
(Sel. vs. Test.) x L	1	0,0924	0,0075	1,9169		
Erro médio	152	0,3561	0,0132	42,3874		

Sel. IG e Sel. S₁ referem-se aos métodos que utilizam famílias de irmãos germanos e famílias S₁, respectivamente.

* Significativo à 5% de probabilidade.

** Significativo à 1% de probabilidade.

Tabela 24. Peso médio de grãos das progênies oriundas dos quatro métodos (após a recombinação) em relação a testemunha (Centralmex), dos experimentos conduzidos em Piracicaba e Ribeirão Preto

Populações	Piracicaba		Ribeirão Preto		Média/Locais	
	Produção Kg/ha	Índice (%)	Produção Kg/ha	Índice (%)	Produção Kg/ha	Índice (%)
Seleção IGRS	5231	107,92	5514	96,84	5373	101,94
Seleção IGR	5089	104,99	5958	104,64	5524	104,80
Seleção IGC	5020	103,57	5673	99,63	5347	101,44
Seleção S ₁	4556	94,00	5713	100,33	5135	97,42
Original - Centralmex MI-VI	4847	100	5694	100	5271	100

Tabela 25. Índice de espigas apresentado pelas progênies oriundas dos quatro métodos (após a recombinação) em relação a testemunha (Centralmex), dos experimentos conduzidos em Piracicaba e Ribeirão Preto

Populações	Piracicaba		Ribeirão Preto		Média/Locais	
	I. Espiga (%)	Índice (%)	I. Espiga (%)	Índice (%)	I. Espiga (%)	Índice (%)
Seleção IGRS	1,055	107,00	0,999	100,40	1,027	103,63
Seleção IGR	1,075	109,03	1,012	101,71	1,044	105,35
Seleção IGC	1,049	106,39	1,014	101,91	1,032	104,14
Seleção S ₁	0,965	97,87	1,035	104,02	1,000	100,91
Original - Centralmex MI-VI	0,986	100	0,995	100	0,991	100

Tabela 26. Percentagem de plantas acamadas (dados transformados para arc. sen. $\sqrt{p\%/100}$) oriundas dos quatro métodos (após a recombinação) em relação a testemunha (Centralmex) dos experimentos conduzidos em Piracicaba e Ribeirão Preto

Populações	Piracicaba		Ribeirão Preto		Média/Locais	
	Acama- mento	Índice (%)	Acama- mento	Índice (%)	Acama- mento	Índice (%)
Seleção IGRS	30,38	101,40	45,87	111,15	38,13	107,05
Seleção IGR	30,31	101,17	36,90	89,41	33,61	94,36
Seleção IGC	29,94	99,93	41,26	99,98	35,60	99,94
Seleção S ₁	29,11	97,16	42,90	103,95	36,01	101,09
Original - Centralmex MI-VI	29,96	100	41,27	100	35,62	100

Tabela 27. Alturas de plantas e de espigas apresentadas pelas progênies oriundas dos quatro métodos (após a recombinação) em relação a testemunha (Centralmex), do experimento conduzido em Ribeirão Preto

Populações	Altura de Plantas		Altura de Espigas	
	Média (m)	Índice (%)	Média (m)	Índice (%)
Seleção IGRS	2,63	100,38	1,65	101,23
Seleção IGR	2,62	100	1,62	99,39
Seleção IGC	2,59	98,85	1,61	98,77
Seleção S ₁	2,57	98,09	1,61	98,77
Original - Centralmex MI-VI	2,62	100	1,63	100

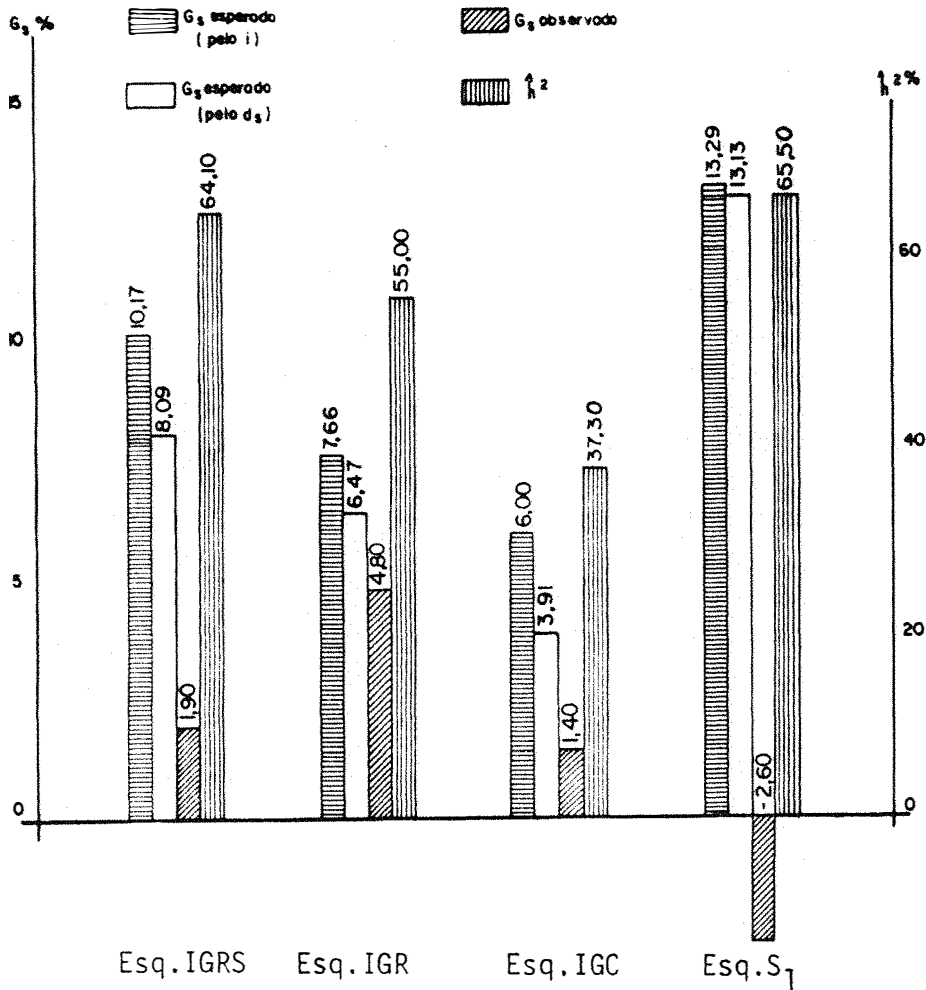


Figura 1. Comparação entre os métodos de seleção considerando a estimativa do ganho genético percentual ($\frac{G_s}{\bar{x}} \times 100$) esperado, calculada pelo diferencial de seleção estandardizado (i) e pelo diferencial de seleção (d_s), ganho genético percentual observado e coeficiente de herdabilidade (\bar{h}^2)

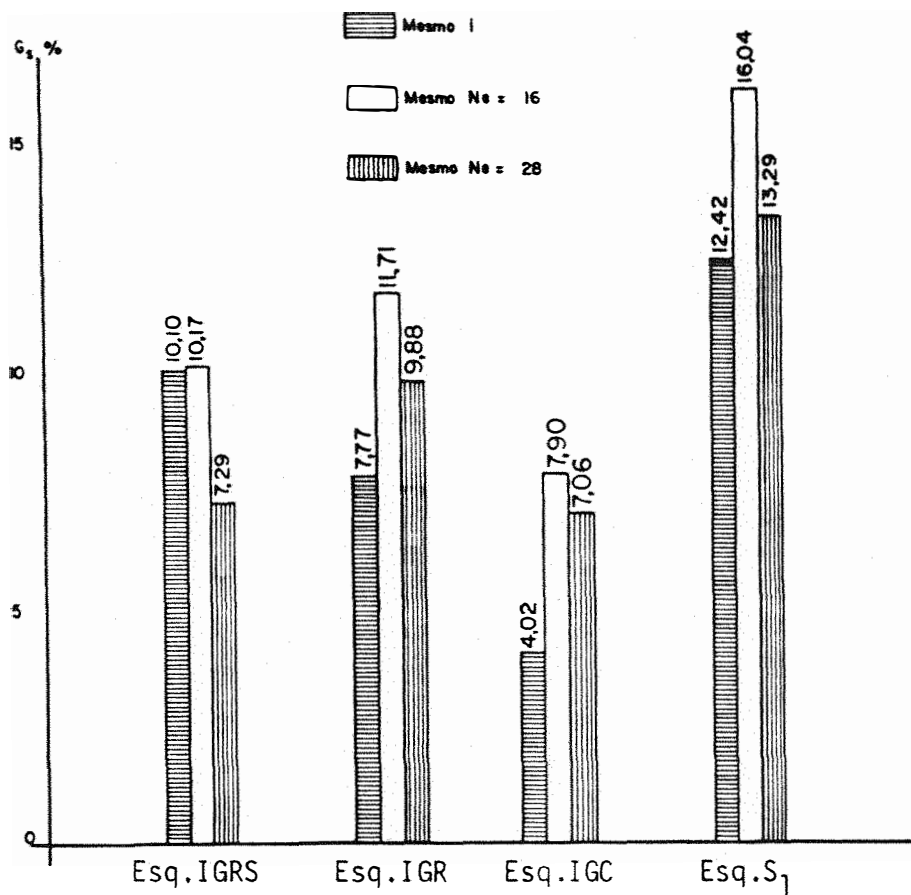


Figura 2. Comparação entre os métodos de seleção através do ganho genético percentual ($\frac{G_s}{x_i} \times 100$) considerando a mesma intensidade de seleção ($i = 25\%$) e mesmo tamanho efetivo populacional ($N_e = 16$ e $N_e = 28$)

A P È N D I C E

Tabela 28. Peso de grãos (Kg/5m²) de progênies de irmãos germanos (Lote 1 - Esquema IGRS) da variedade Centralmex MI-VI. Blocos casualizados. Piracicaba, 1978-79 (Experimento 1)

Rep.	1	2	3	4	5	6	Total	Média
901	3,03	3,60	4,58	3,33	4,27	2,94	21,75	3,625
902	2,33	3,53	3,62	2,84	4,12	2,73	10,17	3,195
903	3,94	3,87	4,47	3,86	4,49	4,43	25,06	4,177
904	3,37	4,14	4,68	3,29	3,60	3,28	22,36	3,727
905	3,79	4,33	4,38	5,37	3,91	3,83	25,61	4,268
906	4,22	4,00	4,79	3,47	3,83	4,32	24,63	4,105
907	3,81	3,68	3,62	3,18	3,98	4,59	22,86	3,810
908	3,38	3,42	3,75	2,78	3,08	3,85	20,26	3,377
909	5,60	3,79	4,12	3,61	4,74	4,20	26,06	4,343
910	3,74	4,22	4,24	3,24	4,68	4,43	24,55	4,092
911	4,16	4,67	3,08	4,03	4,53	3,50	23,97	3,995
912	4,22	3,92	3,88	4,04	4,38	3,89	24,33	4,055
913	4,05	4,32	4,04	4,00	3,48	3,34	23,23	3,872
914	1,91	3,93	3,50	3,73	2,99	3,18	19,24	3,207
915	4,74	4,71	4,00	4,00	3,09	4,17	24,71	4,118
916	5,30	4,36	5,07	4,95	4,18	3,88	27,74	4,623
917	4,83	4,75	4,21	4,43	3,69	3,74	25,65	4,275
918	4,85	4,33	4,43	3,18	3,40	3,60	23,79	3,965
919	4,12	3,70	4,10	3,60	4,53	3,93	23,98	3,997
920	3,63	3,23	4,53	3,37	4,89	3,08	22,73	3,788
921	3,52	3,73	3,23	3,44	4,64	3,87	22,43	3,738
922	4,33	4,82	5,39	2,77	3,88	2,89	24,08	4,013
923	3,86	3,76	5,44	2,68	4,48	3,60	23,82	3,970
924	3,91	3,24	4,78	3,70	3,31	3,09	22,03	3,672
925	3,26	3,58	3,40	2,65	4,17	3,03	20,09	3,348
926	2,24	3,46	3,28	3,16	2,98	2,67	17,79	2,965
927	2,84	3,76	4,27	4,03	3,42	3,74	22,06	3,677
928	4,52	4,32	3,31	4,33	3,56	4,27	24,31	4,052
929	3,24	3,27	5,07	3,10	4,27	3,48	22,43	3,738
930	1,87	3,50	3,80	2,94	3,85	3,60	19,56	3,260
931	3,81	3,61	3,40	3,33	2,74	2,99	19,88	3,313
932	4,75	4,32	4,00	3,68	3,34	3,52	23,61	3,935
933	5,92	4,43	5,04	2,65	4,77	4,00	26,81	4,468
934	2,60	4,34	4,22	2,97	4,79	2,89	21,81	3,635
935	4,43	4,54	4,23	4,87	4,14	4,33	26,54	4,423
936	4,53	3,33	4,18	3,89	3,32	3,86	23,11	3,852
Total	138,65	142,51	150,13	128,49	141,52	130,74	832,04	3,852

Tabela 29. Peso de grãos (Kg/5m²) de progênies de irmãos germanos (Lote 1 - Esquema IGRS) da variedade Centralmex MI-VI. Látice triplo 6x6. Piracicaba, 1978-79 (Experimento 2)

Rep.	1	2	3	Total	Média
1001	3,71	3,74	3,57	11,02	3,673
1002	4,33	4,16	3,35	11,84	3,947
1003*	3,41	4,17	3,96	11,54	3,847
1004	3,47	4,33	3,23	11,03	3,677
1005	3,33	3,52	3,09	9,94	3,313
1006	3,09	3,31	3,56	9,96	3,320
1007	4,53	3,40	3,32	11,25	3,750
1008	3,76	3,68	4,43	11,87	3,957
1009	4,28	2,41	3,27	9,96	3,320
1010	2,94	3,91	3,18	10,03	3,343
1011	2,74	1,74	2,50	6,98	2,327
1012	2,41	2,83	3,09	8,33	2,777
1013	3,65	3,51	2,83	9,99	3,330
1014	2,26	2,34	2,26	6,86	2,287
1015	3,22	3,73	4,00	10,95	3,650
1016	3,86	3,38	3,46	10,70	3,567
1017	2,94	4,63	3,52	11,09	3,697
1018	3,28	3,61	2,52	9,41	3,137
1019	4,04	3,99	4,16	12,19	4,063
1020	3,38	3,98	3,71	11,07	3,690
1021*	3,52	4,16	2,60	10,28	3,427
1022	4,08	3,58	5,89	13,55	4,517
1023	3,92	4,12	4,38	12,42	4,140
1024	3,99	3,50	4,48	11,97	3,990
1025	3,02	2,70	2,61	8,33	2,777
1026	3,92	3,65	4,19	11,76	3,920
1027	4,03	3,40	3,46	10,89	3,630
1028	4,13	3,86	4,13	12,12	4,040
1029	4,04	5,14	3,22	12,40	4,133
1030	1,09	1,76	1,35	4,20	1,400
1031	4,23	3,73	3,50	11,46	3,820
1032	3,50	2,81	4,71	11,02	3,673
1033*	4,22	3,44	3,08	10,74	3,580
1034*	3,61	3,50	3,64	10,75	3,583
1035*	4,27	3,35	4,27	11,89	3,963
1036*	3,49	2,78	3,46	9,73	3,243
Total	127,69	125,85	125,98	379,52	3,514

* Testemunha - Centralmex

Tabela 30. Peso de grãos (Kg/5m²) de progênie de irmãos germanos (Lote 2 - Esquema IGR) da variedade Centralmex MI-VI. Látice 9 x 9. Piracicaba, 1978-79 (Experimento 3)

Rep.	1	2	3	4	5	Total	Média
1101	3,36	3,40	3,32	3,92	4,25	18,25	3,650
1102	4,58	3,58	3,61	3,09	3,50	18,36	3,672
1103	3,73	4,54	3,79	3,98	4,40	20,44	4,088
1104	4,11	4,23	4,97	4,20	4,59	22,10	4,420
1105	3,52	2,98	3,95	3,88	3,55	17,88	3,576
1106	4,14	3,65	3,65	3,45	4,44	19,33	3,866
1107	4,05	4,17	3,96	4,06	3,83	20,07	4,014
1108	4,09	3,58	3,41	3,41	3,36	17,85	3,570
1109	4,43	3,73	3,68	3,19	4,96	19,99	3,998
1110	4,65	3,29	3,80	3,13	4,16	19,03	3,806
1111	4,43	4,80	3,32	4,28	4,11	20,94	4,188
1112	4,37	5,27	4,39	3,45	4,48	21,96	4,392
1113	3,68	3,47	3,93	3,53	3,73	18,34	3,668
1114	4,63	4,77	4,82	3,63	3,76	21,61	4,322
1115	4,38	4,93	3,87	3,60	3,70	20,48	4,096
1116	3,74	3,36	3,86	3,77	3,91	18,64	3,728
1117	4,00	3,95	3,75	4,45	4,66	20,81	4,162
1118	4,10	2,83	3,38	2,00	4,62	16,93	3,386
1119	4,62	4,04	5,79	5,54	4,22	24,21	4,842
1120	3,68	3,55	3,36	3,41	2,54	16,54	3,308
1121	3,71	3,70	4,96	2,98	3,38	18,73	3,746
1122	4,36	4,53	4,20	4,01	4,27	21,37	4,274
1123	3,46	2,18	3,76	3,73	3,29	16,42	3,284
1124	3,50	3,03	3,56	4,37	3,34	17,80	3,560
1125	3,31	4,71	3,88	4,31	4,08	20,29	4,058
1126	2,77	3,86	2,67	3,52	3,56	16,38	3,276
1127	3,60	3,76	4,43	4,28	4,33	20,40	4,080

- continua -

Tabela 30. (continuação)

Rep. Trat.	1	2	3	4	5	Total	Média
1128	3,92	3,98	5,49	3,77	3,69	20,85	4,170
1129	3,42	3,73	4,48	4,75	3,50	19,88	3,976
1130	3,93	3,76	4,64	3,90	3,64	19,87	3,974
1131	1,80	3,77	3,27	2,77	4,62	16,23	3,246
1132	4,04	2,57	3,52	3,36	3,68	17,17	3,434
1133	4,33	4,04	3,81	4,20	3,14	19,52	3,904
1134	4,18	5,60	4,16	3,81	3,81	21,56	4,312
1135	3,97	2,74	4,05	3,65	3,93	18,34	3,668
1136	3,50	3,18	3,34	4,24	4,18	18,44	3,688
1137	4,72	3,91	4,79	4,37	4,68	22,47	4,494
1138	4,86	4,53	4,53	3,42	4,92	22,26	4,452
1139	2,59	4,32	3,34	4,05	4,43	18,73	3,746
1140	3,05	3,41	3,77	3,91	3,91	18,05	3,610
1141	3,37	3,73	4,64	3,89	4,14	19,77	3,954
1142	3,58	3,43	3,53	4,38	4,17	19,09	3,818
1143	3,85	3,79	5,01	4,99	4,19	21,83	4,366
1144	4,04	4,00	4,89	2,62	4,88	20,43	4,086
1145	3,76	3,82	4,27	3,82	4,66	20,33	4,066
1146	3,47	4,25	4,43	4,23	2,50	18,88	3,776
1147	4,11	4,74	4,18	3,80	4,09	20,92	4,184
1148	3,55	3,03	3,47	3,73	3,53	17,31	3,462
1149	3,60	3,59	4,10	2,74	4,09	18,12	3,624
1150	4,38	3,27	3,32	3,38	4,46	18,81	3,762
1151	3,06	4,97	3,41	2,33	4,19	17,96	3,592
1152	3,05	2,57	3,19	3,55	3,68	16,04	3,208
1153	4,82	2,98	4,08	3,37	4,08	19,33	3,866
1154	3,50	3,42	4,74	3,61	4,33	19,60	3,920

- continua-

Tabela 30. (continuação)

Trat.	Rep.					Total	Média
	1	2	3	4	5		
1155	5,78	4,38	3,18	3,42	4,11	20,87	4,174
1156	3,60	4,67	3,08	3,22	4,33	18,90	3,780
1157	2,90	2,72	3,00	3,84	3,25	15,71	3,142
1158	3,95	3,70	2,88	3,18	4,19	17,90	3,580
1159	3,33	3,76	3,44	3,85	3,76	18,14	3,628
1160	3,52	4,05	3,60	3,45	4,38	19,00	3,800
1161	3,73	3,55	3,27	3,88	3,93	18,36	3,672
1162	3,58	3,09	3,73	3,03	3,03	16,46	3,292
1163	2,99	3,13	3,79	3,24	3,48	16,63	3,326
1164	4,71	3,58	3,33	3,72	3,77	19,11	3,822
1165	4,43	4,38	3,00	3,50	4,02	19,33	3,866
1166	4,16	4,32	4,50	3,42	3,98	20,38	4,076
1167	4,44	4,27	3,77	4,13	4,43	21,04	4,208
1168	4,48	3,13	4,09	3,55	3,64	18,89	3,778
1169	3,29	3,81	3,92	4,82	3,22	19,06	3,812
1170	3,12	3,56	3,74	2,98	4,22	17,63	3,526
1171	4,37	3,80	4,58	4,38	3,27	20,40	4,080
1172	5,32	3,29	3,61	4,73	3,64	20,59	4,118
1173	3,58	3,90	4,06	4,18	3,83	19,55	3,910
1174	3,71	3,41	4,39	4,44	3,86	19,81	3,962
1175	3,66	3,47	4,54	4,48	3,90	20,05	4,010
1176	3,95	4,43	3,93	4,38	4,18	20,87	4,174
1177	1,91	2,20	1,64	2,45	2,12	10,32	2,064
1178	3,88	2,54	2,74	1,57	4,79	15,52	3,104
1179	3,37	4,03	3,50	4,53	3,93	19,36	3,872
1180	4,13	3,22	3,04	4,71	4,16	19,26	3,852
1181	3,63	3,37	3,60	3,42	3,81	17,83	3,566
Total	310,98	302,78	312,47	302,31	319,37	1547,91	3,822

Tabela 31. Peso de grãos (Kg/5m²) de progênies de irmãos germanos (Lote 2 - Esquema IGR) da variedade Centralmex MI-VI. Blocos casualizados. Piracicaba, 1978-79 (Experimento 4)

Rep.	1	2	Total	Média
Trat.				
1201	3,09	3,80	6,89	3,445
1202	3,06	3,67	6,73	3,365
1203	3,84	4,11	7,95	3,975
1204	3,77	2,94	6,71	3,355
1205	4,04	4,68	8,72	4,360
1206	3,66	3,16	6,82	3,410
1207	3,48	4,54	8,02	4,010
1208	3,41	2,54	5,95	2,975
1209	2,31	3,60	5,91	2,955
1210	4,18	3,79	7,97	3,985
1211	3,73	4,53	8,26	4,130
1212	4,52	4,08	8,60	3,300
1213	3,57	4,23	7,80	3,900
1214	5,07	4,86	9,93	4,965
1215*	2,93	3,86	7,79	3,395
1216	3,95	3,70	7,65	3,825
1217	2,97	3,09	6,06	3,030
1218*	3,80	3,33	7,13	3,565
1219	3,73	4,58	8,31	4,155
1220	2,98	2,93	5,91	2,955
1221	4,16	3,60	7,76	3,880
1222	3,09	4,37	7,46	3,730
1223*	4,33	3,82	8,15	4,075
1224*	3,60	3,86	7,46	3,730
1225*	4,73	4,41	9,14	4,570
Total	92,00	96,08	188,08	3,762

* Testemunha - Centralmex

Tabela 32. Peso de grãos (Kg/5m²) de progênies de irmãos germanos (Lote 3 - Esquema IGC) da variedade Centralmex MI-VI. Látice triplo 10 x 10. Piracicaba, 1978-79 (Experimento 5)

Rep.					
Trat.	1	2	3	Total	Média
1301	2,89	2,93	2,76	8,58	2,860
1302	4,00	3,89	3,48	11,37	3,790
1303	3,44	4,24	4,85	12,53	4,177
1304	3,91	4,40	4,88	13,19	4,397
1305	4,05	4,22	4,12	12,39	4,130
1306	3,60	4,27	3,41	11,28	3,760
1307	3,73	3,88	3,48	11,09	3,697
1308	3,18	3,79	3,45	10,42	3,473
1309	3,40	3,66	3,63	10,69	3,563
1310	3,18	4,04	3,95	11,17	3,723
1311	5,33	5,62	3,65	14,60	4,867
1312	3,93	4,12	3,81	11,86	3,953
1313	3,90	4,14	3,98	12,02	4,007
1314	4,75	3,45	4,30	12,50	4,167
1315	4,03	3,97	4,32	12,32	4,107
1316	3,94	5,06	4,05	13,05	4,350
1317	4,32	3,95	5,49	13,76	4,587
1318	4,75	4,67	4,59	14,01	4,670
1319	4,53	3,86	3,82	12,21	4,070
1320	3,09	3,63	3,43	10,15	3,383
1321	3,46	3,66	2,88	10,00	3,333
1322	3,34	3,68	4,49	11,51	3,837
1323	2,85	4,58	3,73	11,16	3,720
1324	3,78	4,56	4,67	13,01	4,337
1325	3,52	4,31	3,73	11,56	3,853
1326	4,20	4,05	3,93	12,18	4,060
1327	3,34	2,71	4,96	11,01	3,670
1328	3,29	3,75	3,81	10,85	3,617
1329	3,57	3,70	3,71	10,98	3,660
1330	3,78	4,29	3,05	11,12	3,707
1331	4,10	3,28	4,06	11,44	3,813
1332	3,65	3,34	3,67	10,66	3,553
1333	4,04	3,60	3,22	10,86	3,620
1334	3,33	4,43	4,48	12,24	4,080
1335	3,80	4,29	4,25	12,34	4,113
1336	5,65	4,86	3,89	14,40	4,800
1337	4,22	4,16	4,37	12,75	4,250

- continua -

Tabela 32. (continuação)

Rep. Trat.	1	2	3	Total	Média
1338	3,60	4,43	3,55	11,58	3,860
1339	4,33	5,43	3,55	13,31	4,437
1340	3,38	3,67	3,96	11,01	3,670
1341	3,57	4,78	3,37	11,72	3,907
1342	2,98	3,81	4,18	10,97	3,657
1343	3,38	4,16	3,55	11,09	3,697
1344	4,65	3,25	3,95	11,85	3,950
1345	3,08	2,89	3,97	9,94	3,313
1346	3,84	4,06	4,23	12,13	4,043
1347	3,63	4,73	4,97	13,33	4,443
1348	4,53	4,73	2,77	12,03	4,010
1349	4,03	4,89	4,27	13,19	4,397
1350	3,22	4,28	4,13	11,63	3,877
1351	4,27	3,60	4,30	12,17	4,057
1352	4,22	3,38	4,11	11,71	3,903
1353	3,99	3,09	3,86	10,94	3,647
1354	3,50	2,89	2,91	9,30	3,100
1355	3,54	5,32	4,48	13,34	4,447
1356	3,33	3,24	3,66	10,23	3,410
1357	3,08	3,49	3,73	10,30	3,433
1358	3,56	4,00	2,66	10,22	3,407
1359	4,38	4,93	4,56	13,87	4,623
1360	3,93	3,47	5,22	12,62	4,207
1361	3,41	3,52	3,89	10,82	3,607
1362	3,60	3,24	4,43	11,27	3,757
1363	3,68	4,25	4,52	12,45	4,150
1364	2,99	3,55	3,18	9,72	3,240
1365	3,88	4,27	3,93	12,08	4,027
1366	3,78	3,42	3,64	10,84	3,613
1367	4,43	3,52	3,97	11,92	3,973
1368	2,95	4,13	3,04	10,12	3,373

- continua -

Tabela 32. (continuação)

Rep. Trat.	1	2	3	Total	Média
1369	3,63	4,04	3,99	11,66	3,887
1370	3,74	3,15	4,13	11,02	3,673
1371	3,32	4,05	5,25	12,62	4,207
1372	3,18	2,38	3,23	8,79	2,930
1373	4,22	4,08	4,00	12,30	4,100
1374	4,19	3,86	3,03	11,08	3,693
1375	3,88	3,03	3,20	10,11	3,370
1376	3,66	4,32	4,32	12,30	4,100
1377	4,49	3,88	2,48	10,85	3,617
1378	4,67	3,85	4,60	13,12	4,373
1379	4,16	3,76	3,36	11,28	3,760
1380	4,18	3,93	3,25	11,36	3,787
1381	3,53	5,32	3,14	11,99	3,997
1382	4,82	4,00	3,48	12,30	4,100
1383	3,35	3,38	3,36	10,09	3,363
1384	4,19	3,50	4,33	12,02	4,007
1385	3,27	4,04	5,19	12,50	4,167
1386	4,28	3,95	3,37	11,60	3,867
1387	3,91	3,84	3,09	10,84	3,613
1388	3,73	4,06	3,73	11,52	3,840
1389	3,82	5,60	4,08	13,50	4,500
1390	3,98	4,43	3,92	12,33	4,110
1391	3,68	3,61	4,05	11,34	3,780
1392	3,52	3,66	2,65	9,83	3,277
1393	4,34	4,32	4,43	13,09	4,363
1394	3,80	3,36	4,42	11,58	3,860
1395	3,23	3,85	5,33	12,41	4,137
1396	2,54	3,88	3,88	10,30	3,433
1397	4,12	4,38	3,98	12,48	4,160
1398	3,81	4,14	3,29	11,24	3,747
1399	3,73	4,78	3,16	11,67	3,890
13100	4,11	4,04	4,06	12,21	4,070
Total	379,68	397,93	388,67	1166,28	3,888

Tabela 33. Peso de grãos (Kg/5m²) de progênies de irmãos germanos (Lote 3 - Esquema IGC) da variedade Centralmex MI-VI. Látice simples 6 x 6. Piracicaba, 1978-79 (Experimento 6)

Rep.	1	2	Total	Média
1401	3,47	4,03	7,50	3,750
1402	4,99	5,43	10,42	5,210
1403	4,89	5,67	9,56	4,780
1404	3,73	4,97	8,70	4,350
1405	3,33	3,98	7,31	3,655
1406	2,57	3,14	5,71	2,855
1407	3,18	4,38	7,56	3,780
1408	4,19	2,90	7,09	3,545
1409	3,88	5,23	9,11	4,555
1410	3,88	2,85	6,73	3,365
1411	3,50	3,46	6,96	3,480
1412	2,77	3,63	6,40	3,200
1413	3,52	4,40	7,92	3,960
1414	3,72	3,65	7,37	3,685
1415	4,04	4,43	8,47	4,235
1416	4,54	3,40	7,94	3,970
1417	3,74	3,03	6,77	3,385
1418	2,78	2,93	5,71	2,855
1419	4,33	3,27	7,60	3,800
1420	4,16	4,72	8,88	4,440
1421	4,29	3,36	7,65	3,825
1422	5,53	4,11	9,64	4,820
1423	4,29	3,97	8,26	4,130
1424	3,93	3,34	7,27	3,635
1425*	3,50	4,26	7,76	3,880
1426	3,95	4,05	8,00	4,000
1427	3,78	3,42	7,20	3,600
1428*	4,27	4,17	8,44	4,220
1429	3,23	3,52	6,75	3,375
1430	4,11	3,55	7,66	3,830
1431*	3,93	2,71	6,64	3,320
1432	3,91	4,13	8,04	4,020
1433	3,92	3,71	7,63	3,815
1434	3,27	2,53	5,80	2,900
1435	3,41	2,65	6,06	3,030
1436	4,00	3,99	7,99	3,995
Total	138,53	135,97	274,50	3,813

* Testemunha - Centralmex

Tabela 34. Peso de grãos ($\text{Kg}/5\text{m}^2$) de progênies S_1 (Lote 4 - Esquema S_1) da variedade Centralmex MI-VI. Látice triplo 10 x 10. Piracaba, 1978-79 (Experimento 7)

Rep.	1	2	3	Tótal	Média
1501	3,05	2,26	2,85	8,16	2,720
1502	1,69	1,59	1,69	4,97	1,657
1503	1,04	1,54	2,34	4,92	1,640
1504	1,94	1,64	2,49	6,07	2,023
1505	2,59	2,44	2,40	7,43	2,477
1506	1,95	2,45	3,06	7,46	2,487
1507	3,06	1,46	1,55	6,07	2,023
1508	1,96	1,60	1,90	5,46	1,820
1509	1,40	1,06	1,12	3,58	1,193
1510	2,41	2,16	3,02	7,59	2,530
1511	1,58	2,32	2,01	5,91	1,970
1512	2,78	1,97	2,31	7,06	2,353
1513	3,21	3,00	2,37	8,58	2,860
1514	2,42	3,38	1,83	7,63	2,543
1515	1,49	1,96	1,39	4,84	1,613
1516	3,00	2,19	2,18	7,37	2,457
1517	1,89	1,33	2,01	5,23	1,743
1518	2,23	2,21	1,49	5,93	1,977
1519	2,19	2,56	2,11	6,86	2,287
1520	1,34	0,96	1,34	3,64	1,213
1521	2,37	2,11	1,68	6,16	2,053
1522	2,00	2,85	2,99	7,84	2,613
1523	2,25	0,98	1,85	5,08	1,693
1524	2,20	1,79	2,60	6,59	2,197
1525	3,17	2,14	3,26	8,57	2,857
1526	2,77	2,89	3,32	8,98	2,993
1527	3,66	4,23	4,30	12,19	4,063
1528	2,39	1,73	2,51	6,63	2,210
1529	3,36	2,24	2,77	8,37	2,790
1530	2,79	1,03	1,79	5,61	1,870
1531	3,70	3,45	2,83	9,98	3,327
1532	2,32	1,72	2,78	6,82	2,273
1533	2,24	1,36	2,19	5,79	1,930
1534	2,46	1,33	2,65	6,44	2,147
1535	2,70	2,02	1,27	5,99	1,997
1536	3,32	2,53	2,29	8,14	2,713
1537	2,62	1,96	2,31	6,89	2,297
1538	2,46	2,35	2,15	6,96	2,320
1539	2,19	2,72	2,65	7,56	2,520

- continua -

Tabela 34. (continuação)

Trat.	Rep.	1	2	3	Total	Média
1540		2,46	1,29	0,23	3,98	1,327
1541		1,68	0,78	1,72	4,18	1,393
1542		2,77	1,72	2,42	6,91	2,303
1543		2,04	3,20	3,16	8,40	2,800
1544		2,34	1,81	2,14	6,29	2,097
1545		1,94	2,71	2,42	7,07	2,357
1546		2,72	2,32	2,29	7,33	2,443
1547		2,49	2,16	1,90	6,55	2,183
1548		2,88	2,78	2,97	8,63	2,877
1549		3,56	2,97	2,52	9,05	3,017
1550		2,49	1,68	1,97	6,14	2,047
1551		2,87	1,58	1,79	6,24	2,080
1552		1,87	2,39	1,66	5,92	1,973
1553		1,71	1,52	2,42	5,65	1,883
1554		1,33	1,39	1,21	3,93	1,310
1555		3,23	3,00	2,79	9,02	3,007
1556		2,84	1,96	2,22	7,02	2,340
1557		2,77	3,85	1,80	8,42	2,807
1558		1,60	2,99	2,31	6,90	2,300
1559		1,73	2,72	2,96	7,41	2,470
1560		1,44	1,13	1,84	4,41	1,470
1561		2,83	2,04	1,93	6,80	2,267
1562		2,53	3,08	2,38	7,99	2,663
1563		1,44	1,96	1,69	5,09	1,697
1564		3,03	2,41	3,49	8,93	2,977
1565		2,32	3,10	2,91	8,33	2,777
1566		1,61	1,11	1,92	4,64	1,547
1567		2,45	1,87	2,96	7,28	2,427
1568		4,25	3,57	3,54	11,36	3,787
1569		2,34	2,26	2,35	6,95	2,317
1570		2,49	4,67	2,72	9,88	3,293

- continua -

Tabela 34. (continuação)

Rep. Trat.	1	2	3	Total	Média
1571	2,25	2,90	2,78	7,93	2,643
1572	2,07	2,24	3,23	7,54	2,513
1573	3,38	2,88	2,29	8,55	2,850
1574	2,73	2,45	2,04	7,22	2,407
1575	2,49	1,85	1,93	6,27	2,090
1576	2,47	1,33	1,88	5,68	1,893
1577	2,23	1,21	2,53	5,97	1,990
1578	1,52	1,39	1,82	4,73	1,577
1579	1,60	1,67	1,65	4,92	1,640
1580	1,83	2,81	2,39	7,03	2,343
1581	2,83	2,39	3,99	9,21	3,070
1582	2,22	3,10	3,38	8,70	2,900
1583	1,86	2,17	1,63	5,66	1,887
1584	2,66	2,41	2,33	7,40	2,467
1585	2,67	2,40	1,96	7,03	2,343
1586	1,76	2,22	1,44	5,42	1,807
1587	2,40	2,42	2,78	7,60	2,533
1588	1,80	2,16	2,53	6,49	2,163
1589	1,90	2,42	1,93	6,25	2,083
1590	3,58	2,95	1,71	8,24	2,747
1591	2,67	1,72	1,27	5,66	1,887
1592	1,29	1,73	1,81	4,83	1,610
1593	1,43	2,61	3,00	7,04	2,347
1594	2,04	1,94	1,87	5,85	1,950
1595	2,14	2,81	1,93	6,88	2,293
1596	2,66	2,04	2,13	6,83	2,277
1597	2,02	2,49	2,06	6,57	2,190
1598	3,34	2,25	2,33	7,92	2,640
1599	2,80	2,64	3,19	8,63	2,877
15100	1,12	2,74	1,11	4,97	1,657
Total	236,00	221,87	227,20	685,07	2,284

Tabela 35. Peso de grãos (Kg/5m²) de progênies S₁ (Lote 4 - Esquema S₁) da variedade Centralmex MI-VI. Látice simples 6 x 6. Piracicaba, 1978-79 (Experimento 8)

Rep.	1	2	Total	Média
1601	1,68	2,37	4,05	2,025
1602	2,04	3,25	5,29	2,645
1603	1,60	3,06	4,66	2,330
1604	3,52	2,05	5,57	2,785
1605	1,54	3,06	4,60	2,300
1606	1,83	1,95	3,78	1,890
1607	2,89	3,04	5,93	2,965
1608	4,04	3,22	7,26	3,630
1609	2,48	1,90	4,38	2,190
1610	2,02	1,83	3,85	1,925
1611	1,52	2,19	3,71	1,855
1612	1,81	2,40	4,21	2,105
1613	1,94	1,72	3,66	1,830
1614	1,60	1,49	3,09	1,545
1615	1,05	1,61	2,66	1,330
1616	0,75	0,75	1,50	0,750
1617	2,47	2,26	4,73	2,365
1618	2,40	2,06	4,46	2,230
1619	2,75	2,47	5,22	2,610
1620	1,58	1,52	3,10	1,550
1621	3,57	2,56	6,13	3,065
1622	3,92	2,90	6,82	3,410
1623	2,17	2,60	4,77	2,385
1624	1,67	2,29	3,96	1,980
1625	3,31	3,44	6,75	3,375
1626	1,86	1,53	3,39	1,695
1627	2,32	2,05	4,37	2,185
1628	2,64	2,19	4,83	2,415
1629	3,16	3,90	7,06	3,530
1630	2,41	1,63	4,04	2,020
1631	1,72	1,92	3,64	1,820
1632	2,05	2,32	4,37	2,185
1633*	4,53	3,27	7,80	3,900
1634*	3,31	4,01	7,32	3,660
1635*	3,91	3,73	7,64	3,820
1636*	4,27	2,89	7,16	3,580
Total	88,33	87,43	175,76	2,441

* Testemunha - Centralmex

Tabela 36. Peso de grãos ($\text{Kg}/5\text{m}^2$) de pares de progênies de irmãos germa nos obtidas por cruzamento em cadeia (Lote 3). Médias de três repetições

Pares	Progênies		Total	Pares	Progênies		Total
1	4,176	4,396	8,572	28	3,903	3,669	7,572
2	4,396	3,786	8,182	29	3,669	4,070	7,739
3	3,786	3,866	7,652	30	4,070	4,866	8,936
4	3,866	4,206	8,072	31	3,383	4,396	7,779
5	4,206	3,313	7,519	32	4,396	4,349	8,745
6	4,080	3,363	7,443	33	4,349	3,746	8,095
7	3,363	4,336	7,699	34	3,433	4,206	7,639
8	4,026	3,756	7,782	35	4,206	4,150	8,356
9	3,756	3,853	7,609	36	3,906	4,099	8,005
10	3,696	4,130	7,826	37	3,553	3,613	7,166
11	4,130	3,656	7,786	38	3,613	3,696	7,309
12	4,106	4,176	8,282	39	3,696	3,619	7,315
13	3,973	3,813	7,786	40	4,109	3,406	7,515
14	3,333	3,276	6,609	41	4,099	4,166	8,265
15	3,276	3,563	6,839	42	4,166	3,996	8,162
16	3,563	4,160	7,723	43	3,996	4,500	8,496
17	4,069	3,673	7,742	44	3,409	2,929	6,338
18	3,673	4,670	8,343	45	2,929	3,240	6,169
19	4,006	3,836	7,842	46	3,240	3,859	7,099
20	3,606	3,815	7,421	47	4,443	3,876	8,319
21	3,815	3,200	7,015	48	3,693	4,586	8,279
22	4,623	4,000	8,623	49	4,586	3,789	8,375
23	3,616	4,060	7,676	50	3,859	3,670	7,529
24	4,060	4,043	8,103	51	3,723	4,136	7,859
25	3,839	4,446	8,285	52	4,136	4,009	8,145
26	3,719	4,250	7,969	53	3,760	3,659	7,419
27	4,250	3,369	7,619				

Tabela 37. Peso de grãos (Kg/10m²) de progênies de irmãos germanos (Lotes 1, 2, 3) e de progênies S₁ (Lote 4) após recombinação, e original (Centralmex MI-VI). Blocos casualizados, Piracicaba, 1980-81

Trat. Rep.	Lote 1	Lote 2	Lote 3	Lote 4	Original	Total
1	5,338	5,802	5,206	6,027	5,407	27,780
2	5,613	5,478	5,132	4,756	4,650	25,629
3	5,047	4,481	5,986	4,378	6,103	25,995
4	4,588	6,293	5,663	4,683	3,644	24,871
5	5,563	4,384	4,779	4,854	4,969	24,549
6	4,980	4,439	4,634	3,812	5,959	23,824
7	5,745	4,165	4,314	4,777	5,369	24,370
8	5,075	4,879	4,119	3,841	4,824	22,738
9	4,910	5,145	3,619	3,377	3,782	20,833
10	4,172	3,447	3,843	4,189	3,894	19,545
11	4,712	5,087	4,601	5,192	4,437	24,029
12	4,606	4,637	6,034	3,684	5,234	24,195
13	5,111	3,796	4,704	4,607	4,266	22,484
14	5,981	4,709	5,859	5,525	4,316	26,390
15	5,330	5,636	4,608	3,590	5,413	24,577
16	5,029	6,063	5,059	5,766	4,726	26,643
17	5,015	5,648	4,434	4,318	4,164	23,579
18	5,925	5,421	4,887	4,096	3,857	25,186
19	5,602	6,731	5,972	4,652	5,691	28,648
20	6,274	5,531	5,948	4,999	6,243	28,995
Total	104,616	101,772	100,401	91,123	96,948	494,860
Média	5,231	5,089	5,020	4,556	4,847	4,949

Tabela 38. Índice de espigas de progênes de irmãos germanos (Lotes 1, 2, 3) e de progênes S_1 (Lote 4) após recombinação, e original (Centralmex MI-VI). Blocos casualizados. Piracicaba, 1980-81

Trat. Rep.	lote 1	lote 2	lote 3	lote 4	Original	Total
1	1,0370	1,1470	1,0000	1,2222	1,2307	5,6369
2	1,1875	1,1777	1,1481	1,1538	0,9722	5,6393
3	1,0250	0,8181	1,2692	0,8965	1,1025	5,1113
4	0,9666	1,1875	1,1212	0,8108	0,7428	4,8289
5	1,0555	0,8648	0,9600	1,0416	0,8750	4,7969
6	0,9687	0,9729	0,9459	0,8857	1,1724	4,9456
7	1,0789	0,9047	0,9714	0,9166	1,0000	4,8716
8	0,9736	1,1470	0,8333	0,8947	0,8974	4,7460
9	1,0322	1,1000	0,9428	0,8095	0,8974	4,7819
10	0,7954	0,7812	0,8148	1,0000	0,8484	4,2398
11	1,0384	1,3600	0,9677	1,2800	1,0740	5,7201
12	1,0357	1,0322	1,4444	0,8235	1,1428	5,4786
13	1,0666	1,0000	1,0294	0,8717	1,0344	5,0021
14	1,1428	1,0000	1,3333	1,0882	0,8478	5,4121
15	1,0000	1,0666	0,9655	0,7368	1,0000	4,7689
16	0,9354	1,1470	0,9200	1,0370	1,0555	5,0949
17	1,0689	1,2222	0,9142	0,9629	0,7837	4,9519
18	1,2413	1,0500	1,1785	0,8823	0,8000	5,1521
19	1,1388	1,3461	1,1428	0,9411	1,0487	5,6175
20	1,3200	1,1724	1,0750	1,0400	1,1923	5,7997
Total	21,1083	21,4974	20,9775	19,2949	19,7180	120,5961
Média	1,0554	1,0749	1,0489	0,9647	0,9859	1,0260

Tabela 39. Percentagem de plantas acamadas ($\text{arc. sen. } \sqrt{p\%/100}$) de progênies de irmãos germanos (Lotes 1, 2, 3) e de progênies S_1 (Lote 4) após recombinação, e original (Centralmex MI-VI). Blocos casualizados. Piracicaba, 1980-81

Trat. Rep.	lote 1	lote 2	lote 3	lote 4	Original	Total
1	28,11	26,99	24,43	24,12	31,24	134,89
2	27,90	24,95	25,48	36,03	24,12	138,48
3	26,56	29,47	28,73	31,69	32,08	148,53
4	26,56	27,90	31,50	36,33	28,59	150,88
5	30,00	23,73	16,43	30,00	31,63	131,79
6	37,76	29,53	23,73	35,85	29,40	156,27
7	29,13	35,24	49,08	30,00	32,90	176,35
8	25,40	30,98	24,12	27,35	18,72	126,57
9	21,05	26,56	28,59	29,20	32,08	137,48
10	34,33	25,70	28,11	38,00	29,47	155,61
11	26,06	29,33	23,66	23,58	28,11	130,74
12	34,51	32,58	30,59	14,06	45,00	156,74
13	35,24	30,00	36,45	23,11	35,97	160,77
14	30,00	33,21	35,24	24,80	21,13	144,38
15	28,38	28,86	40,05	30,85	18,44	146,58
16	26,13	26,99	31,95	15,79	30,00	130,86
17	38,00	43,91	30,46	30,59	33,02	175,98
18	38,00	26,56	30,00	24,80	39,23	158,59
19	30,00	33,71	28,59	41,61	24,43	158,34
20	34,45	40,05	31,63	34,45	33,71	174,29
Total	607,57	606,25	598,82	582,21	599,27	2994,12
Média	30,38	30,31	29,94	29,11	29,96	29,94

Tabela 40. Peso de grãos (Kg/10m²) de progênies de irmãos germanos (Lotes 1, 2, 3) e de progênies S₁ (Lote 4) após recombinação, e original (Centralmex MI-VI). Blocos casualizados. Ribeirão Preto, 1980-81

Trat.						
Rep.	lote 1	lote 2	lote 3	lote 4	Original	Total
1	5,667	6,213	5,854	4,838	4,820	27,392
2	5,896	6,307	5,447	5,455	6,385	29,490
3	5,222	5,739	6,065	4,918	4,822	26,766
4	5,079	5,356	5,277	5,434	6,210	27,356
5	5,672	6,073	5,420	6,194	6,514	29,873
6	5,561	6,513	6,465	5,565	5,190	29,294
7	4,307	6,525	5,975	5,211	6,405	28,423
8	5,481	5,077	5,695	7,058	5,565	22,876
9	5,074	5,965	5,440	6,352	4,934	27,765
10	5,493	6,327	5,783	5,625	5,407	28,635
11	5,678	6,285	5,487	6,627	6,073	30,150
12	6,303	6,016	6,044	6,014	5,286	29,663
13	6,094	6,102	5,865	6,262	6,200	30,523
14	5,868	6,322	7,196	4,902	5,769	30,057
15	5,634	6,717	5,582	5,936	6,129	29,998
16	5,498	4,765	5,277	6,140	5,284	26,964
17	5,615	5,894	5,727	5,505	5,632	28,373
18	5,915	6,501	5,244	5,319	5,946	28,925
19	6,303	5,421	4,869	5,461	5,453	27,507
20	3,915	4,918	4,751	5,448	5,855	24,887
Total	110,275	119,036	113,463	114,264	113,879	570,917
Média	5,514	5,958	5,673	5,713	5,694	5,709

Tabela 41. Índice de espigas de progênies de irmãos germanos (Lotes 1, 2, 3) e de progênies S_1 (Lote 4) após recombinação, e original (Centralmex MI-VI). Blocos casualizados. Ribeirão Preto, 1980-81

Trat. Rep.	lote 1	lote 2	lote 3	lote 4	Original	Total
1	1,0200	1,0000	1,0455	1,0227	0,8800	4,9682
2	1,0000	0,9600	1,0000	0,9565	1,0000	4,9165
3	1,0476	1,0000	1,1277	1,0000	0,9400	5,1153
4	0,9167	0,9592	0,9574	0,8958	1,0417	4,7708
5	0,9400	1,0217	0,8750	1,0526	1,2000	5,0893
6	0,9778	1,1333	1,2162	0,8750	0,9375	5,1398
7	0,8261	1,1364	1,0444	0,9388	1,0444	4,9901
8	1,0870	0,9574	1,2000	1,2439	0,9000	5,3883
9	0,9787	1,0200	1,0200	1,2750	1,1190	5,4127
10	0,9167	1,0000	1,0227	0,9583	0,9375	4,8352
11	0,9583	1,0417	1,0444	1,0870	1,0455	5,1769
12	1,1064	0,9565	0,9556	1,0227	0,9333	4,9745
13	1,1429	1,0513	0,9787	1,1053	0,9800	5,2582
14	0,9167	1,1087	1,0417	0,9250	0,9583	4,9504
15	1,0400	0,9778	0,9130	1,2121	1,0244	5,1673
16	1,0909	0,9302	1,0426	1,1026	0,9184	5,0847
17	1,0500	1,0208	0,9800	1,0612	0,9800	5,0920
18	0,9375	0,9762	1,0222	0,9600	1,0816	4,9775
19	1,0851	0,9149	0,9800	1,0833	0,9200	4,9833
20	0,9362	1,0652	0,8085	0,9149	1,0625	4,7873
Total	19,9746	20,2313	20,2756	20,6927	19,9041	101,0783
Média	0,9987	1,0116	1,0138	1,0346	0,9952	1,0108

Tabela 42. Percentagem de plantas acamadas ($\text{arc. sen. } \sqrt{p\%/100}$) de progênies de irmãos germanos (Lotes 1, 2, 3) e de progênies S_1 (Lote 4) após recombinação, e original (Centralmex MI-VI). Blocos casualizados. Ribeirão Preto, 1980-81

Rep.	Trat.					Total
	lote 1	lote 2	lote 3	lote 4	Original	
1	41,55	45,00	37,11	48,91	54,33	226,90
2	37,23	38,06	30,98	41,27	39,70	187,24
3	50,48	40,51	49,31	40,22	48,45	228,97
4	56,04	38,53	43,17	45,00	42,59	225,33
5	60,67	47,52	54,76	43,51	34,76	241,22
6	46,89	35,24	37,94	36,51	37,76	194,34
7	43,74	32,96	35,24	40,92	41,78	194,64
8	45,00	40,74	47,87	34,27	49,60	217,48
9	54,33	38,06	57,67	45,00	45,00	240,06
10	41,44	35,24	50,24	42,59	48,62	218,13
11	53,49	35,24	48,22	46,26	63,15	246,36
12	53,01	38,70	41,79	50,24	39,23	222,96
13	49,08	32,08	50,53	54,21	36,87	222,77
14	51,00	47,52	27,13	42,13	36,51	204,29
15	48,45	21,39	36,15	45,86	42,88	194,73
16	39,76	48,33	31,76	42,82	49,08	211,75
17	31,63	34,02	27,97	33,58	31,95	159,15
18	22,46	29,20	29,60	42,71	25,40	149,37
19	38,23	28,93	49,60	34,02	25,10	175,88
20	53,01	30,72	38,23	48,04	32,71	202,71
Total	917,49	737,99	825,26	858,07	825,47	4164,28
Média	45,87	36,90	41,26	42,90	41,27	41,64

Tabela 43. Altura de plantas (m) de progênies de irmãos germanos (Lotes 1, 2, 3) e de progênies S_1 (Lote 4) após recombinação, e original (Centralmex MI-VI). Blocos casualizados. Ribeirão Preto, 1980-81

Trat. Rep.	lote 1	lote 2	lote 3	lote 4	Original	Total
1	2,56	2,54	2,55	2,45	2,51	12,61
2	2,60	2,58	2,51	2,67	2,60	12,96
3	2,64	2,59	2,50	2,44	2,70	12,87
4	2,49	2,66	2,67	2,57	2,65	13,04
5	2,68	2,65	2,71	2,71	2,72	13,47
6	2,73	2,59	2,69	2,54	2,57	13,12
7	2,69	2,66	2,46	2,56	2,47	12,84
8	2,56	2,65	2,63	2,59	2,52	12,95
9	2,39	2,53	2,39	2,40	2,46	12,17
10	2,67	2,60	2,52	2,49	2,69	12,97
11	2,61	2,64	2,58	2,68	2,63	13,14
12	2,75	2,65	2,68	2,68	2,59	13,35
13	2,59	2,57	2,68	2,62	2,58	13,04
14	2,62	2,65	2,65	2,57	2,71	13,20
15	2,51	2,62	2,51	2,51	2,69	12,84
16	2,55	2,56	2,38	2,49	2,61	12,59
17	2,77	2,79	2,72	2,70	2,49	13,47
18	2,74	2,76	2,69	2,70	2,70	13,59
19	2,65	2,73	2,68	2,44	2,77	13,27
20	2,76	2,46	2,51	2,67	2,79	13,19
Total	52,56	52,48	51,71	51,48	52,45	260,68
Média	2,63	2,62	2,59	2,57	2,62	2,61

Tabela 44. Altura de espigas (m) de progênies de irmãos germanos (Lotes 1, 2, 3) e de progênies S_1 (Lote 4) após recombinação, e original (Centralmex MI-VI). Blocos casualizados. Ribeirão Preto, 1980-81

Trat.						
Rep.	lote 1	lote 2	lote 3	lote 4	Original	Total
1	1,60	1,62	1,61	1,54	1,50	7,87
2	1,65	1,59	1,61	1,71	1,66	8,22
3	1,73	1,62	1,59	1,49	1,75	8,18
4	1,53	1,69	1,67	1,65	1,58	8,12
5	1,78	1,68	1,78	1,76	1,76	8,76
6	1,83	1,46	1,75	1,64	1,55	8,23
7	1,66	1,65	1,55	1,69	1,51	8,06
8	1,61	1,65	1,64	1,61	1,96	8,47
9	1,41	1,50	1,51	1,46	1,54	7,42
10	1,65	1,62	1,53	1,50	1,66	7,96
11	1,62	1,61	1,55	1,67	1,60	8,05
12	1,78	1,64	1,63	1,63	1,57	8,25
13	1,68	1,58	1,62	1,61	1,54	8,03
14	1,63	1,59	1,64	1,60	1,59	8,05
15	1,44	1,58	1,53	1,57	1,65	7,77
16	1,57	1,55	1,43	1,52	1,57	7,64
17	1,69	1,80	1,69	1,69	1,52	8,39
18	1,73	1,76	1,77	1,68	1,69	8,63
19	1,66	1,68	1,65	1,48	1,75	8,22
20	1,75	1,49	1,49	1,64	1,72	8,09
Total	33,00	32,36	32,24	32,14	32,67	162,41
Média	1,65	1,62	1,61	1,61	1,63	1,62