

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
CAMPUS JATAÍ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**VARIABILIDADE GENÉTICA EM QUATRO
POPULAÇÕES SEMIEXÓTICAS DE MILHO**
(*Zea mays* L.)

Luana de Oliveira Rodrigues

Engenheira Agrônoma

JATAÍ – GOIÁS – BRASIL

Abril 2013

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
CAMPUS JATAÍ
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**VARIABILIDADE GENÉTICA EM QUATRO
POPULAÇÕES SEMIEXÓTICAS DE MILHO**
(*Zea mays* L.)

Luana de Oliveira Rodrigues

Orientador: Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis

Co-orientador: Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Goiás – UFG, Campus Jataí, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Agronomia (Produção Vegetal).

JATAÍ – GOIÁS – BRASIL
Abril 2013

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação na (CIP)
BSCAJ/UFG

R696v

Rodrigues, Luana de Oliveira.

Variabilidade genética em quatro populações
semiexóticas de milho (*Zea mays L.*) / Luana de Oliveira
Rodrigues. - 2013.

57 f. : il., figs, tabs.

Orientador: Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis; Co-
orientador: Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Goiás,
Regional Jataí, 2013.

Bibliografia.

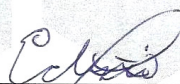
1. Milho – Produtividade. 2. Milho – Variabilidade
genética. 3. Milho – Endogamia. 4. Germoplasma.

CDU: 633.15

LUANA DE OLIVEIRA RODRIGUES

TÍTULO: “VARIABILIDADE GENÉTICA EM QUATRO POPULAÇÕES SEMIEXÓTICAS DE MILHO (*Zea mays* L.)”,

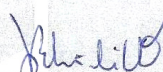
Dissertação DEFENDIDA e APROVADA em 22 de abril de 2013, pela Banca Examinadora constituída pelos membros:



Prof. Dr. Edésio Fialho dos Reis
Presidente – CAJ/UFG



Prof. Dr. Antônio Paulino da Costa Netto
Membro -CAJ/UFG



Prof. Dr. José Branco de Miranda Filho
Membro Externo – ESALQ/USP



Prof. Dr. João Antonio da Costa Andrade
Membro Externo– UNESP

Jataí - Goiás
Brasil

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

LUANA DE OLIVEIRA RODRIGUES - nasceu em Uberlândia – MG, em 09 de setembro de 1984, filha de José Donizete Rodrigues e Aparecida Maria de Oliveira Rodrigues. Graduiu-se em Agronomia na Universidade Estadual de Goiás (UEG), em julho de 2010. Ingressou no mestrado em março de 2011 pelo Programa de Pós-graduação em Agronomia da Universidade Federal de Goiás (UFG), obtendo o título de mestre em abril de 2013.

Aos meus pais, José e Aparecida, meus irmãos Ernani e Gracielle e ao meu noivo Evandro.

DEDICO.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus pela oportunidade concedida.

Aos meus queridos pais José e Aparecida, pelo amor e incentivo, pessoas honestas e trabalhadoras e que sempre acreditaram em mim, aos meus irmãos Ernani e Gracielle pelo carinho e ao meu noivo Evandro pelo amor e compreensão, durante o mestrado.

Ao professor Edésio Fialho dos Reis, pela orientação, exemplo profissional, incentivo e confiança depositada. Obrigada por contribuir com minha formação profissional.

Ao professor José Branco de Miranda Filho pela orientação, ensinamentos e pelo exemplo de competência nos campos da genética quantitativa e melhoramento de milho. Levarei comigo esse privilégio.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, pela concessão da bolsa de estudos.

A Universidade Federal de Goiás (UFG) pela oportunidade e formação proporcionada.

Aos docentes do Programa de Pós-Graduação da Universidade Federal de Goiás pelos ensinamentos transmitidos.

A todos que contribuíram direta ou indiretamente para concretização deste trabalho.

A todos, muito obrigada!

SUMÁRIO

RESUMO	vii
SUMMARY	viii
1. INTRODUÇÃO	9
2. REVISÃO BIBLIOGRAFICA	11
2.1. Importância econômica do milho	11
2.2. Seleção Recorrente	12
2.3. Germoplasma exótico	13
2.4. Variabilidade Genética Intrapopulacional.....	16
2.4.1. Produção.....	16
2.4.2. Caracteres da Planta.....	19
2.4.3. Caracteres da Espiga.....	19
2.5. Endogamia em milho	20
2.6. Estimativas de Parâmetros Genéticos	23
3. MATERIAL E MÉTODOS	25
3.1. Populações base	25
3.2. Obtenção das famílias de irmãos germanos e autofecundação	26
3.3. Avaliação experimental.....	26
3.4. Análises quantitativas dos resultados.....	27
3.5. Definição e estimação de parâmetros quantitativos.....	28
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	31
4.1. Avaliação geral das progênies	31
4.2. Depressão por endogamia.....	34
4.3. Progênies IG.....	36
4.3.1. Análise de variância	36
4.3.2. Parâmetros genéticos	37
4.4. Progênies S1	41
4.4.1. Análise de variância	41
4.4.2. Parâmetros genéticos	43
5. CONCLUSÕES	45
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRAFICAS	46

VARIABILIDADE GENÉTICA EM QUATRO POPULAÇÕES SEMI-EXÓTICAS DE MILHO (*Zea mays* L.)

RESUMO: A existência de variabilidade genética é condição básica para o sucesso num programa de melhoramento genético. O milho, como espécie (*Zea mays* L.) é caracterizado por uma ampla variabilidade (raças locais ou indígenas, populações adaptadas e germoplasma exótico ou semi-exótico). O presente trabalho foi conduzido para gerar informações sobre o potencial de produtividade e de variabilidade, bem como os efeitos de endogamia, em quatro populações semiexóticas. Foram utilizadas famílias não endógamas (irmãos germanos) e endógamas (S_1), avaliadas em experimentos delineados como blocos casualizados com três repetições. Foram avaliados os seguintes caracteres: peso total de espigas despalhadas, peso total de grãos, altura da planta, altura da espiga, comprimento da espiga, diâmetro da espiga e grau de resistência a doenças. Também foram anotados: estande final, número total de espigas na parcela e número de plantas acamadas. As médias das famílias de irmãos germanos variaram de 4,8 a 5,8 t ha⁻¹. As melhores populações foram às populações PAQ-01e PAQ-02, com produção (PE) de 54,6% e 57,5% das testemunhas. Para peso de grãos, esses valores representam 49,6% e 54,8%, respectivamente. Pelos resultados observa-se um bom potencial de produtividade das populações semiexóticas, indicando viabilidade na introgressão de germoplasma exótico para precocidade. As médias das famílias de autofecundação das quatro populações apresentaram elevado peso de espigas, e suas famílias S_1 apresentaram variabilidade suficiente para serem exploradas em programas de seleção recorrente.

Palavras-chave: Depressão endogâmica, Germoplasma exótico, introgressão, seleção recorrente

GENETIC VARIABILITY IN FOUR SEMI-EXOTIC POPULATIONS OF MAIZE (*Zea mays* L.)

SUMMARY: In breeding programs, a basic condition for the success of the selection is the existence of genetic variability in level appropriate to the objectives. As a species, maize (*Zea mays* L.) is characterized by a wide variability (local or indigenous races, adapted populations and exotic or semi-exotic germplasm). The present study was conducted to generate information about the potential of productivity and variability as well as the effects of inbreeding in four semiexotic populations. For that purpose, non inbred families (full-sibs) and inbbed families (S_1) were evaluated in experiments designed as complete blocks with three replications. The following primary traits were evaluated: total weight of unhusked ear, total grain weight, plant height, ear height, ear length, ear diameter and rate of disease resistance; final stand, number of ears per plot and number of lodged plants were also recorded. In general, the semi-exotic populations PAQs had an excellent pattern of genetic variability, which indicates favorable prospects for driving a recurrent selection program aiming mainly to increased productivity. The best populations were the populations PAQ PAQ-02-01e, with production (PE) of 54.6% and 57.5% of witnesses. For grain weight, these values represent 49.6% and 54.8%, respectively. The data analysis is a good potential for productivity populations semiexóticas, indicating viability of introgression of exotic germplasm for earliness. The average of the four families of selfing populations had higher ear weight, and their families S_1 showed sufficient variability to be explored in recurrent selection programs

Keywords: Inbreeding depression, exotic germplasm, introgression, recurrent selection

1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays*) é uma planta anual que pertence à família das *Poaceae* sendo uma das culturas de interesse econômico de maior importância mundial e a mais estudada geneticamente. É um grão de grande importância sócio-econômica devido aos diversos usos, destacando-se a alimentação de animais, alimentação humana e obtenção de bioenergia, sendo cultivado em praticamente todo o território nacional e em diversos níveis de tecnologia (Palhares, 2003). No cenário internacional, o Brasil aparece como o terceiro maior produtor de milho, ficando atrás dos Estados Unidos e da China (CONAB, 2012).

A utilização de germoplasma exótico em programas de melhoramento é um mecanismo de elevado potencial para aumentar a variabilidade genética das populações (Wellhausen, 1965). A importância de ampliar a base genética de populações sob melhoramento via introgressão de germoplasma exótico, tem sido enfatizada por diversos autores (Brown, 1953; Wellhausen, 1956; 1965; Miranda Filho, 1985; Hallauer e Miranda Filho, 1988; Nass; Miranda Filho; Santos, 2001). A identificação do germoplasma apropriado a ser introduzido representa um passo fundamental neste contexto. O cruzamento com populações adaptadas tem sido o procedimento mais usado para possibilitar a utilização de novos alelos e da variabilidade resultante (Hallauer, 1978). Do mesmo modo, a escolha da população adequada como base para a introgressão gênica é direcionada pelas suas características próprias e pelo seu comportamento nos cruzamentos.

Assim, a introgressão se processa pelo cruzamento exótico x local seguido de intercruzamento para recombinação gênica. Informações como o potencial de produtividade, de variabilidade e da expressão da heterose nos cruzamentos também são importantes para a escolha da população base.

Depois de realizada a introgressão, o melhoramento genético da população se faz necessário para elevar o padrão de adaptação e a expressão da produtividade e de outros caracteres importantes, assim viabilizando o desenvolvimento de cultivares (populações melhoradas e híbridos) superiores para atender à demanda do sistema produtivo. Para esse fim, a seleção recorrente tem sido recomendada.

Diante do exposto o presente trabalho teve como objetivos:

- a) Verificar o potencial produtivo para melhoramento de quatro populações semiexóticas de milho.
- b) Verificar a depressão endogâmica nas populações semiexóticas.
- c) Estimação de parâmetros genéticos em nível intrapopulacional, das populações semiexóticas.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Importância econômica do milho

O milho é um dos cereais de maior cultivo do mundo bem como de maior importância na economia mundial. Cerca de 75% do milho é destinado à alimentação animal; assim, o consumo indireto é maior do que o consumo direto. O milho fornece produtos que vão desde a alimentação humana e animal até matérias primas para a indústria assumindo um importante papel sócio-econômico (Macagnan, 1995). Devido a sua composição química e valor nutritivo, o milho representa o segundo cereal de maior consumo no mundo, ficando atrás apenas do trigo.

No cenário internacional, o Brasil aparece como o terceiro maior produtor de milho, ficando atrás dos Estados Unidos e da China. O país ocupa essa posição por cultivar uma grande área territorial e não por alcançar elevadas produtividades. Na safra agrícola 2011/12, no Brasil, a área cultivada com milho foi de 15.156,7 mil ha, a partir da qual foi estimada uma produção de 72.731,2 mil t, o que indica uma produtividade média de 4,7 t ha⁻¹ (CONAB, 2012). Esses valores correspondem a um aumento de 9,8% em relação à safra passada. O cultivo nacional do cereal foi recorde, tanto em área como em produção. A produção nacional foi maior devido a vários fatores como: aumento da área semeada, maior uso de tecnologia e condições climáticas favoráveis na maioria dos estados produtores. Verificou-se um crescimento nos principais estados produtores, principalmente na região Centro-Oeste (CONAB, 2012).

Dentre as diferentes regiões do Brasil, o Centro-Oeste está entre as principais produtoras de milho. Na safra agrícola 2011/12, a produção foi estimada em 30.714,2 mil t sendo 15.610,4 mil t no Mato Grosso e 8.575,9 mil t em Goiás (CONAB, 2012).

Em Goiás, na mesma safra agrícola 2011/12, foram cultivados 1.241,9 mil ha, a partir dos quais a estimativa de produtividade de grãos foi de 6.905 kg ha⁻¹, tendo como destaque a região de Jataí no Sudoeste de Goiás, identificada entre as maiores produtoras do país (CONAB, 2012).

2.2 Seleção Recorrente

A busca por ganhos adicionais pela seleção tem sido complementada com esforços no melhoramento de outros caracteres agronômicos importantes que, direta ou indiretamente, tem influência na produtividade da cultura. Para se obter progresso em um programa de melhoramento, para qualquer caráter, o fator primordial é a existência de variabilidade genética. Em milho, a maior parte dos esforços direcionados na avaliação da variabilidade está concentrada em caracteres quantitativos. A seleção recorrente é um método importante em programas de melhoramento populacional de milho e pode ser definida como a seleção sistemática de indivíduos desejáveis de uma população, seguida pela recombinação dos indivíduos selecionados (Fehr, 1987).

Desse modo, a seleção recorrente visa obtenção de população melhorada, com consequentes aumentos das frequências de alelos favoráveis (Hallauer e Miranda Filho, 1988; Scapim et al., 2006; Amaral Junior et al., 2008).

Os vários processos de seleção recorrente, com descrição detalhada de cada método, podem ser encontrados em (Hallauer; Carena; Miranda Filho, 2010).

O uso de famílias endogâmicas é recomendado para caracteres de baixa herdabilidade, uma vez que a endogamia remete ao aumento da variância genética entre famílias (Rodriguez e Hallauer, 1991; Edwards e Lamkey, 2002) e conduz a aumento do progresso esperado com a seleção (Parteniani; Miranda Filho, 1987).

A escolha de determinado método de seleção dependerá do objetivo do programa, ou seja, obtenção de populações melhoradas ou de híbridos (Hallauer, 1987).

Se o objetivo for à obtenção de um cultivar de polinização aberta ou a adaptação do germoplasma exótico, pode-se dar ênfase ao melhoramento intrapopulacional. Entretanto, se a finalidade for o melhoramento do potencial da população para extração de linhagens e, consequentemente, obtenção de híbridos, o melhoramento interpopulacional pode ser o mais apropriado. No entanto, as combinações dos métodos intra e interpopulacional também podem ser usadas.

Na Tabela 1 são mostrados alguns resultados de seleção recorrente com famílias de irmãos germanos.

Tabela 01. Progressos (G%: ganho/ciclo) obtidos por seleção com progênes de irmãos germanos em nível intrapopulacional, para produção de grãos em diversas populações de milho.

População	Ciclos	G%	Referência ¹
Krug ^{a1}	1	8,9	1. Lonnquist (1961)
Krug ^{b1}	1	-2,6	2. Lonnquist (1961)
Krug ^{a2}	1	10,6	2. Lonnquist (1961)
Krug ^{b2}	1	-4,9	2. Lonnquist (1961)
Krug	1	14,9	3. Silva e Lonnquist (1968)
Jarvis	6	3,5	4. Moll e Stuber (1971)
Indian Chief	6	2,8	4. Moll e Stuber (1971)
[Jarvis x Indian Chief] ^b	6	2,5	4. Moll e Stuber (1971)
[Jarvis x Indian Chief] ^a	6	2,8	4. Moll e Stuber (1971)
[CI 21 x NC 17]	10	4,0	4. Moll e Stuber (1971)
Cupurico x Flint Composite	4	7,1	5. Jinahyon e Moore (1973)
(Va 17 x Va 29) F ₂	4	9,3	6. Genter (1976)
CIMMYT	4-5	5,9	7. CIMMYT (1984)
NDSAB(MER-FS)	1	12,5	8. Carena (2005)
NDBS22(R-FS) ^c	2	15,2	9. Sezegen e Carena (2009)
Krug	4	4,7	10. Compton e Lonnquist (1982)

^{a1, b1}[Seleção divergente (a: alta; b: baixa produção) em famílias de irmãos germanos de cruzamento pareado]; ^{a2, b2}[idem ao anterior com famílias de cruzamentos em cadeia]; ^h [ganho no híbrido interpopulacional]; ^s [ganho na geração de recombinação do híbrido]; ^e [resposta correlacionada da seleção divergente para tolerância ao frio]; ^t [adaptados de Hallauer et al. (2010), exceto (3) e (10)].

Fonte: Adaptada de Hallauer, Carena e Miranda Filho. (2010)

Lonnquist (1961) introduziu uma modificação quanto à obtenção das progênes de irmãos germanos de tal maneira que as progênes são obtidas segundo um esquema em cadeia. O autor constatou em um ciclo de seleção divergente para produção de grãos uma maior eficiência desse esquema em relação ao método original.

Valois (1982) e Valois e Miranda Filho (1984) observaram que a variabilidade entre progênes de irmãos germanos e o progresso esperado por seleção foram superiores no esquema usual em relação ao esquema em cadeia.

2.3 Germoplasma exótico

Dentre as categorias de germoplasmas materiais exóticos (ex: raças locais) constituem as principais fontes de variabilidade a serem incorporadas em programas de melhoramento (Hoyt, 1992). Na opinião de Lonnquist (1974), milho exótico foi considerado como oriundo de outra área, estando representados por adaptações diferentes a altitudes, latitudes, tipos de solo, fatores ambientais, etc. O termo

exótico é definido por Hallauer (1978) como de origem estrangeira, estranho, não nativo, não totalmente neutralizado ou aclimatizado. Por sua vez, (Hallauer; Carena; Miranda Filho, 2010), definiram material exótico como aquele que não é imediatamente útil ou adaptado a determinada região, em geral incluindo todos os materiais que não apresentam utilidade imediata sem a seleção prévia para adaptação em uma determinada área. Uma vez que co-evoluíram com pragas e patógenos em diversos ambientes, estes materiais frequentemente apresentam genes de resistência e adaptação ainda inexplorados.

Dentro desta ampla diversificação de significados, os germoplasmas exóticos podem ser constituídos por raças, populações, linhagens, etc., desde que quando cultivados em áreas diferentes dos seus locais de adaptação, não manifestem suas potencialidades sem um ajuste fisiológico (Santos 1985).

De acordo com Sprague (1980), pesquisadores têm procurado ampliar a variabilidade genética manipulada em seus programas, principalmente pelos intercâmbios de linhagens elites entre programas distintos de melhoramento genético. No entanto, os germoplasmas exóticos existentes nos centros de origem, centro de diversificação e bancos de germoplasma, ainda são poucos explorados.

As raças, variedades e linhagens de milho, apresentam grande uniformidade quanto à morfologia dos cromossomos (Galinat, 1977). Tal uniformidade permite que germoplasmas exóticos sejam amplamente cruzados. Dessa forma, para obtenção de combinações gênicas com funções bioquímicas eficientes dentro do genoma, é necessário permitir a recombinação genética acompanhada por seleção branda (Hallauer; Carena; Miranda Filho, 2010).

Entretanto, em geral estima-se que apenas uma pequena porção da variabilidade tem sido efetivamente utilizada no sistema produtivo. No Brasil, a introdução de germoplasma exótico tem contribuído de forma importante e contínua para o melhoramento (Miranda Filho e Viégas, 1987) e, nos últimos anos, a utilização de novas fontes de germoplasma tem despertado o interesse de pesquisadores, principalmente em relação a problemas de tolerância a estresses bióticos e abióticos (Nass; Miranda Filho; Santos, 2001). Baseado na utilização de germoplasma exótico, Paterniani (1962) considerou duas possibilidades: raças ou variedades com base genética ampla e linhagens endogâmicas com base genética estreita. A escolha entre as possibilidades e seu sucesso depende do nível de

melhoramento do milho, da situação econômica e social, da variabilidade genética e do potencial do germoplasma local.

A potencialidade de incorporar germoplasmas exóticos em linhagens adaptadas, para posterior desenvolvimento de milho híbrido, foi mostrada por Griffing e Lindstrom (1954), Efron e Everett (1969) e Nelson (1972). Enquanto que Kramer e Ullstrup (1959) e Thompson (1968), mostraram benefícios da introgressão de genes exóticos como fontes de resistência a doenças e na produção de silagem.

O procedimento comum em estudos de germoplasma exótico é a realização de cruzamentos entre materiais exóticos e adaptados (Hallauer, 1978). Com estes cruzamentos pode-se detectar heterose nas populações semiexóticas resultantes, quantificar os efeitos da incorporação de caracteres com alta herdabilidade via seleção massal e, em alguns casos, estimar os componentes da variação genética destas populações, com objetivo de comparar a variabilidade genética em relação à população originalmente adaptada e melhorada (Santos 1985).

As diversas estratégias para incorporação de germoplasma exótico são apresentadas por Nass, Miranda Filho e Santos (2001). Algumas informações adicionais como a avaliação preliminar do germoplasma exótico *per se* (adaptação e expressão de características agrônomicas) ou em cruzamento (comportamento de híbridos e expressão da heterose) podem dar subsídios valiosos para a estratégia da introgressão (Nass; Miranda Filho; Santos, 2001). Eberhart (1971) considerou que o primeiro retrocruzamento para germoplasma adaptado é a melhor opção para a prática de seleção.

Estudos demonstraram que, com o aumento do nível de dominância e com a utilização de parentais mais contrastantes, é recomendável lançar mão de gerações adicionais de retrocruzamentos antes de iniciar a seleção (Dudley, 1982). Quando o germoplasma exótico não é adaptado para um determinado local, um ou dois retrocruzamentos para material adaptado são necessários. No entanto, quando a população exótica tem sido previamente selecionada para adaptabilidade, podem ser obtidos efeitos positivos imediatos (Crossa; Gardner; Mumm, 1987; Mungoma; Pollak, 1988). Segundo Griffing e Lindstrom (1954), híbridos F_1 mais produtivos foram aqueles onde houve a participação de linhagens com 25% a 50% de exóticos em cruzamentos com linhagens adaptadas.

Crossa (1989), considerando a probabilidade de fixação de alelos, verificou que se a população exótica tem sido selecionada para adaptabilidade e possui

alelos favoráveis em alta frequência, a população de cruzamento pode ser utilizada diretamente como população base no processo de seleção. Caso o retrocruzamento para o parental adaptado seja utilizado, então um aumento no tamanho da população é necessário para conservar os alelos favoráveis que foram previamente incorporados.

2.4 Variabilidade Genética Intrapopulacional

2.4.1 Produção

No melhoramento de populações, para que se obtenham ganhos com a seleção, uma condição básica é que as populações base, que serão exploradas, apresentem variabilidade genética, e as estimativas das variâncias genéticas devido ao efeito médio e de dominância dos genes auxiliam na escolha do método de seleção. A decomposição da variância genética de uma população foi introduzida por Fisher (1918) em estudos sobre correlação e covariação entre parentes. Este autor mostrou que a variância genética de uma população panmítica pode ser decomposta em três componentes: a) variância genética aditiva, que está associada aos efeitos médios dos genes; b) variância genética dominante, que está associada aos efeitos das interações intra-alélicas e, c) variância genética epistática, que é devido aos efeitos das interações interalélicas.

Hallauer e Miranda Filho (1995) apresentaram uma análise detalhada dos procedimentos genético-estatísticos para a estimação dos componentes das variâncias genéticas em nível intrapopulacional. Detalhes metodológicos para a estimação de parâmetros em população também são apresentados por Vencovsky e Barriga (1992) e Andrade e Miranda Filho (2008). No Brasil, predominam os trabalhos envolvendo progênies de meios irmãos, as quais permitem estimar a variância genética aditiva, a herdabilidade e, conseqüentemente, o progresso esperado por seleção (Souza Júnior, 1983).

Um resumo das estimativas obtidas pelo Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” é apresentado por Ramalho (1977) e ampliado por Sampaio (1986).

Em sequência, Vencovsky, Miranda Filho e Souza Júnior (1988) verificaram que a média das estimativas da variância genética aditiva para o caráter produção

de grãos foi de 309 (g/planta)², com um intervalo de variação de 41 a 753. Algumas estimativas da variância genética aditiva são apresentadas na Tabela 2.

Tabela 02. Estimativas da variância genética aditiva (σ²_A) para produção de grãos em diversas populações de milho no Brasil

Populações	σ ² _A (g/pl.) ²	Referências
Compostos GN	502,10 a 761,70	Nass e Miranda Filho (1999)
NAP-PM	91,11	Costa et al. (2000)
IAC V3	623,30	Paterniani et al. (2000)
Caraíba	278,28	Mesquita et al. (2000)
Samambaia	283,58	Mesquita et al. (2000)
BR 5011 Sertanejo	171,80 a 865,00	Carvalho et al. (2000)
Composto Flintisa	595,92	Anjos e Andrade (2000)
Populações GO	199,83 a 306,05	Silva (2001)
ESALQ-PB1	581,7 ^e e 470,8 ^a	Andrade e Miranda Filho (2008)
Populações NAP	241,76 a 684,85	Costa et al. (2001), Gorgulho et al. (2001), Miranda Filho et al. (2001a,b,c)
MPA1	(581,7)(608,3)(558,0) ¹	Kist et al. (2010)
GN04	(239,1)(241,1)(128,5) ²	Miranda Filho e Cunha (2011)
Populações Brasileiras	309,00 ³	Vencovsky et al. (1988)

^{e,a} [peso de espigas e peso de grãos, respectivamente]; ¹ [estimativas de três amostras avaliadas em três locais próximos a Anchieta, SC]; ² [estimativas em dois locais e conjunta, respectivamente]; ³ [Valor médio de 58 estimativas]

Harland (1946) propôs uma metodologia pela qual cruzamentos aos pares eram testados em ensaios com repetições, seguido de seleção das melhores progênies e recombinação das sementes remanescentes destas. Famílias de irmãos germanos também têm sido utilizadas na estimação de variâncias genéticas, mas em frequência bem menor do que com progênies de meios irmãos. Este fato se deve, sobretudo, à impossibilidade de efetuar-se a decomposição da variância genética em seus componentes principais, a não ser sob hipóteses estabelecidas com base nos valores relativos dos componentes da variância.

Nass (1992) relatou estimativas de variância genética em três populações de milho, as quais variaram de 86,14 a 109,58 (g/planta)².

Frank e Hallauer (1999), trabalhando com seis populações de milho, observaram estimativas da variância genética cuja amplitude variou de 54,41 a 69,95 (g/planta)².

Lonnquist (1961) sugeriu, em vez de cruzamentos planta a planta, que as progênies de irmãos germanos fossem obtidas por cruzamentos em cadeia. Observa-se que, neste caso, um mesmo genótipo é avaliado em duas progênies de

irmãos germanos distintas ao passo que nos cruzamentos planta a planta os genótipos são avaliados em uma única progênie. A dupla avaliação de um genótipo contribui para uma maior precisão das estimativas e aumenta o ganho com seleção, sendo o método recomendado para populações que já tenham sido submetidas a outros ciclos de seleção. O autor comparou os dois métodos de obtenção de progênies de irmãos germanos, realizando um ciclo de seleção divergente para produção de grãos. Para o caso de progênies de irmãos germanos obtidos por cruzamento planta a planta, obteve ganhos de + 8,9% e – 2,6% com seleção para aumentar e diminuir o caráter. Para aquelas obtidas com cruzamento em cadeia obteve ganhos de + 10,6% e – 4,9%, respectivamente.

Valois e Miranda Filho (1984) observaram que a variabilidade entre progênies de irmãos germanos e o progresso esperado com seleção foram inferiores no esquema de cruzamento em cadeia em relação ao esquema usual.

Miranda Filho (1982) desenvolveu as expressões para obtenção de componentes da variância genética, segundo o esquema de cruzamentos em cadeia, as quais foram utilizadas por Benitez Torres (1986) para estimação de parâmetros genéticos em duas populações de milho. Para os três caracteres avaliados, o autor relatou que os valores encontrados foram da mesma magnitude daqueles obtidos por autores que utilizaram outros delineamentos genéticos.

Outras considerações sobre a metodologia de cruzamentos em cadeia foram apresentadas por Miranda Filho (2003) e resultados experimentais com estimativas dos componentes da variância foram apresentados por Miranda Filho e Cunha (2011).

Progênies endogâmicas obtidas por autofecundação também têm sido utilizadas no melhoramento de populações. A utilização desse tipo de progênie justifica-se quando se trata de caracteres de baixa herdabilidade, pois a endogamia favorece um aumento na variância genética entre progênies (Paterniani e Miranda Filho, 1987).

Outro ponto favorável da utilização de progênies endogâmicas é a possibilidade de se eliminar genes deletérios e, conseqüentemente, populações melhoradas com a utilização desse tipo de progênies apresentarão menor depressão por endogamia (Hallauer, 1980; Miranda Filho, 1981). A variabilidade entre progênies endogâmicas, originárias de uma amostragem de plantas S_0 da população de referência, também pode ser usada para estimar variabilidade

genética (Hallauer e Miranda Filho, 1988). Estes autores, em uma extensa revisão sobre o assunto, reportaram estimativas da variância genética aditiva para produção de grãos, obtidas com progênies S_2 , oscilando de 120,7 a 389,0 (g/planta)².

Gul Zaffar e Shafiq (2001), estudando o potencial para o melhoramento de um composto, encontraram um valor expressivo para variância aditiva de 380,21 (g/planta)².

2.4.2 Caracteres da Planta

Os caracteres altura da planta e da espiga são importantes no melhoramento de milho, uma vez que a redução dos mesmos pode conferir vantagens tais como, maior resistência ao acamamento, facilidade de colheita e semeadura mais densa (Sampaio, 1986).

Santos (1985) observou estimativas da variância genética aditiva, em populações brasileiras de milho, oscilando entre 176,56 a 668 (cm/planta)² e 46,14 a 584,00 (cm/planta)² para altura da planta e altura da espiga, respectivamente.

Hallauer e Miranda Filho (1995), a partir de vários trabalhos executados nas condições ambientais dos Estados Unidos, relataram estimativas médias de 212,9 e 152,70 (cm/planta)² para altura da planta e da espiga, respectivamente. No entanto, ambas as estimativas evidenciaram que, para os caracteres em questão, os efeitos de aditividade dos genes são mais importantes que os de dominância.

Estudando as populações BR-105 e BR-106, Arias e Souza Júnior (1998), estimaram a variância genética aditiva para altura da planta e da espiga, cujos valores respectivos obtidos foram 185,74 e 127,45 (cm/planta)², para a população BR-105, e 109,31 e 74,04 (cm/planta)², para a população BR-106.

Wolf, Peternelli e Hallauer (2000), avaliando uma população F_2 , reportaram para altura da planta uma estimativa da variância genética aditiva de 180,01 (cm/planta)² e, para altura da espiga, 136,65 (cm/planta)².

2.4.3 Caracteres da Espiga

Vários caracteres componentes da produção de grãos podem ser mensurados a partir da espiga, ou seja, é uma expressão combinada do genótipo e ambiente, do início até o final do período de crescimento (Hallauer et al., 2010).

Embora sejam vários os caracteres da espiga, no presente estudo foram focalizados somente o comprimento e o diâmetro da espiga.

Quanto ao comprimento da espiga, Hallauer e Miranda Filho (1995) relataram estimativa média no valor de $152,4 \times 10^{-2}(\text{cm/planta})^2$ para a variância genética aditiva.

Em estudos realizados por Santos (1985), ocorreram estimativas no intervalo de $90,00 \times 10^{-2}(\text{cm/planta})^2$ a $352,40 \times 10^{-2}(\text{cm/planta})^2$.

Nass (1992), avaliando quatro compostos, relatou estimativas para a variância genética aditiva, onde o menor valor foi de 1,43 e o maior de 4,15 $(\text{cm/planta})^2$.

Na tabela 3 encontram-se alguns resultados obtidos para o comprimento da espiga, referentes à estimativa da variância genética aditiva.

Tabela 03. Estimativas da variância genética aditiva (σ^2_A), em $(\text{cm/planta})^2$, para o caráter comprimento da espiga em diversas populações de milho.

Populações	σ^2_A	Referências
American Early ^{da}	265,20	Galal et al., (1977)
American Ealy ^{da}	134,40	Galal et al., (1977)
BS 10 x BS11	160,00	Obilana et al., (1979)
Populações americanas	152,4	Hallauer e Miranda Filho (1988)
EE-1 (S ₁)	259,67	Nass (1992)
EE-1 (IG)	415,13	Nass (1992)
Variedade 'Ribadumia'	91,00	Malvar et al., (1996)
Variedade 'Tuy'	37,00	Malvar et al., (1996)
B73 x Mol17 (F ₂)	60,00	Wolf et al., (2000)
Composto	54,00	Gul Zaffar e Shafiq (2001)
ESALQ-PB1	264,0	Andrade e Miranda Filho (2008)
GN04	(130,2)(167,2)(149,0) ^{dc}	Miranda Filho e Cunha (2011)

^a[Estimativas multiplicadas por 10^2]; ^{da}, ^{db} [densidades alta e baixa, respectivamente]; EE-1: geração segregante de ESALQ x Entrelaçado; ^{dc} [estimativas em dois locais e conjunta, respectivamente].

Analizando o caráter diâmetro da espiga, Santos (1985), avaliando três populações, relatou estimativas para a variância genética aditiva entre $5,00 \times 10^{-2}$ e $8,14 \times 10^{-2} (\text{cm/espiga})^2$. Nass (1992), trabalhando com duas populações semiexóticas, obteve estimativas entre $18,85 \times 10^{-2}$ e $5,51 \times 10^{-2} (\text{cm/espiga})^2$. Hallauer e Miranda Filho (1995) relataram um valor médio de $4,60 \times 10^{-2} (\text{cm/espiga})^2$, com base em 35 estimativas. Wolf, Peternelli e Hallauer (2000), analisando uma população F₂, relataram estimativa de $2,15 \times 10^{-2} (\text{cm/espiga})^2$.

2.5 Endogamia em milho

Em programas de melhoramento genético de espécies alógamas como o milho, são necessárias informações a respeito do efeito de eventuais danos

provocados pelo cruzamento de indivíduos aparentados. Esse efeito, denominado depressão por endogamia, caracteriza-se pela redução no valor médio de caracteres quantitativos, relacionados com a capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica da planta, devido à homozigose de alelos com efeitos deletérios (Falconer, 1989).

As causas genéticas que a controlam não são completamente conhecidas, existindo algumas hipóteses para explicá-la. Uma dessas explicações está ligada ao fato de que os genes favoráveis tendem a ser dominantes ou parcialmente dominantes, e a segunda explicação é o fato do heterozigoto ter um valor fenotípico maior que o homozigoto (Crow e Kimura, 1970). No primeiro caso em especial, a depressão por endogamia resultaria, então, da quebra da combinação ideal dos alelos que governam o caráter em questão.

Segundo Allard (1960) e Falconer (1989), a teoria da dominância parcial preconiza que a existência de dominância entre alelos faz com que ocorram diferenças entre os valores fenotípicos de indivíduos homozigotos e heterozigotos, ressaltando que a depressão causada pela endogamia é proporcional ao grau de dominância, sendo maior para os locos com frequências intermediárias. Desse modo, uma vez que os caracteres quantitativos estão sob controle de muitos locos, a redução no valor fenotípico do caráter dependerá, também, do grau de dominância que o controla.

Falconer (1989) afirma que os maiores níveis de depressão por endogamia são esperados em populações com elevada frequência de heterozigotos em locos com dominância gênica, como os híbridos simples, e em populações que apresentem acentuada carga genética, como populações não melhoradas. No geral, híbridos apresentam maior depressão por endogamia se comparando a outras classes genéticas.

Quando uma população é melhorada por seleção recorrente, em termos teóricos, a frequência de alelos favoráveis aumenta à medida que ocorre o decréscimo na frequência de alelos deletérios. Em consequência disso, quando a população melhorada é submetida à autofecundação, poucos alelos deletérios são expressos para determinado caráter quantitativo, refletindo em estimativas menores de depressão por endogamia ao longo dos ciclos de seleção, quando comparadas às populações originais não melhoradas.

Geraldi e Vencovsky (1980) apresentaram estimativas de depressão por endogamia em nove populações de milho onde estas oscilaram entre 36,7% a 54,8% para a variável produtividade.

Lima; Miranda Filho e Gallo (1984), em seus estudos com relação aos efeitos de depressão por endogamia em 32 populações brasileiras de milho, verificaram as amplitudes dos valores compreendidas entre 27 a 57,9% para produtividade, 7,5 a 20,3% para altura de plantas e 6,9 a 27,4% para altura de espigas.

Santos e Miranda Filho (1992) avaliaram o potencial genético de duas raças brasileiras de milho, sendo estas a raça Cravo que se caracteriza por apresentar um grande número de fileiras de grãos, e Entrelaçado, caracteriza por apresentar espigas longas, que foram cruzadas com ESALQ-PB1, uma população local e adaptada. As duas populações semiexóticas obtidas apresentaram resultados animadores devido a um incremento substancial que foi observado na variabilidade genética, sendo os resultados considerados promissores para utilização desses materiais como populações base em programas de seleção recorrente.

Maldonado e Miranda Filho (2002) avaliaram diferentes subpopulações de milho com o objetivo de estudar o efeito da endogamia em caracteres quantitativos, como consequência da redução do tamanho da população. Constataram que a depressão por endogamia esperada, para 50% de homozigose foi baixa, podendo ser devida a pouca exposição da carga genética potencial. Por outro lado, em progênies S_1 , obtidas por autofecundação, a exposição da carga genética devido a genes recessivos de efeitos letais ou deletérios, foi muito maior que nas subpopulações de tamanho reduzido.

Simon et al. (2004) avaliaram oito populações S_0 de milho de pipoca com o objetivo de obter estimativas de depressão por endogamia. As gerações S_1 , juntamente com as populações S_0 , foram avaliadas em dois anos e apresentaram estimativas de depressão por endogamia que variam de 5,38% a 58,80%. Segundo Scapim et al. (2006) outro trabalho semelhante, realizado com milho pipoca, encontrou valores de depressão para produtividade entre 10,5% e 45,2%.

De um modo geral o que se pode constatar é que os níveis de depressão por endogamia variam entre as populações de mesma espécie devido às diferenças nas frequências alélicas, nos níveis de dominância existentes entre os diferentes caracteres e no grau de parentesco entre os indivíduos da população. Logo, as populações menos sensíveis à depressão por endogamia podem ser indicadas

como fonte potencial para a extração de linhagens, e as que apresentam uma alta taxa de depressão podem ser direcionadas a programas de seleção recorrente de modo a reduzir a frequência dos alelos deletérios. A depressão por endogamia também varia dentro das populações, isto é, os genótipos de uma população apresentam diferentes valores fenotípicos médios sob endogamia.

2.6 Estimativas de Parâmetros Genéticos

A genética quantitativa é de fundamental importância para o melhoramento de plantas, pois possibilita estimar os parâmetros genéticos nas populações de estudo e permite prever o progresso de acordo com a intensidade e o tipo de seleção. De posse das informações é possível avaliar se a população é adequada para o melhoramento, bem como comparar os diferentes tipos de seleção, mantendo constante o tamanho efetivo da população (Hallauer; Carena; Miranda Filho, 2010).

As estimativas de herdabilidade podem ser aplicáveis em métodos de melhoramento específico, podendo ter sua magnitude afetado pelo tipo de progênie utilizada (irmãos germanos, meio-irmãos, S_1 , S_2), número de repetições e ambientes, tornando a herdabilidade um parâmetro específico para determinada situação de avaliação (Hallauer, 2007).

Entretanto para que seja possível estimar de uma maneira adequada o potencial de seleção, faz-se necessário dimensionar as magnitudes das variáveis de origem genética frente às variâncias devido ao ambiente (Hallauer; Carena; Miranda Filho, 2010; Falconer, 1989).

Paterniani e Miranda Filho (1987) destacam que quando se deseja alterar as frequências gênicas de uma população deve-se analisar a variabilidade genética presente na população, que é consequência da frequência gênica na população original, o método de seleção empregado, a técnica e precisão das avaliações dos genótipos, a influência do ambiente, bem como a interação com o ambiente (locais e anos), os efeitos pleiotrópicos, o tamanho efetivo da população e as correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente, atuando contra ou a favor da seleção.

Os parâmetros genéticos estimados mediante as variâncias mencionadas, geralmente são: coeficiente de variação genética ($CV_G\%$), coeficiente de variação ambiental ($CV_E\%$), índice de variação (CV_G/CV_E), herdabilidade no sentido amplo e

no sentido restrito, ganhos genéticos absolutos e relativos, correlações fenotípica, genética aditiva e ambiental (Miranda; Costa, Cruz, 1988; Siqueira et al., 1994).

Segundo Falconer (1989) a herdabilidade é um importante parâmetro para o melhoramento, mostrando a proporção da variação fenotípica total que é atribuída ao efeito médio dos genes.

Falconer (1989) afirma ainda que a herdabilidade é uma propriedade não apenas de uma determinada característica, mas da população e das condições ambientais onde esta se encontra, uma vez que o valor da herdabilidade depende da magnitude de todos os componentes da variância, salientando que quando se fizer referência à uma característica, esse valor refere-se a uma população particular sob determinadas condições.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Populações base

Foram utilizadas quatro populações (**PAQ-01**, **PAQ-02**, **PAQ-03**, **PAQ-04**), obtidas de germoplasma exótico por introgressão em germoplasma local adaptado. A fonte de germoplasma exótico, catalogado como **PEX**, tem origem nas condições de alta temperatura do Paquistão e revelou-se extremamente precoce (florescimento com < 45 dias) nas condições brasileiras e foi introduzida via CIMMYT (*Centro Internacional de Mejoramiento de Maiz y Trigo*, México). Como base para introgressão da população exótica, foram utilizadas quatro linhagens endogâmicas, originárias da população **AG-ITU** (geração segregante de híbrido pré-comercial da empresa AGROCERES de Ituiutaba, 1994). As referidas linhagens, identificadas por **L-27**, **L-07**, **L-29** e **L-14** constituíram a base para a obtenção das populações semiexóticas (**PAQ-01**, **PAQ-02**, **PAQ-03**, **PAQ-04**, respectivamente). As linhas endogâmicas foram obtidas por seleção com base na capacidade de combinação de progênies S₁ da população, usando a população PIO-I (geração segregante de híbrido pré-comercial da empresa PIONEER de Itumbiara). As linhas selecionadas foram conduzidas por mais três gerações de autofecundação.

Foram feitos os cruzamentos entre a população exótica **Pex** com as linhagens endogâmicas originadas das populações AG-ITU, seguindo-se uma geração de retrocruzamento com a respectiva linhagem parental endogâmica; assim sendo, as populações semiexóticas são constituídas por 25% de germoplasma exótico. Em seguida, foram multiplicadas em lotes isolados como parte de um conjunto de 36 populações com variada proporção de germoplasma exótico, na região de Jataí (GO); deste conjunto, foram escolhidas 26 populações, incluindo as quatro populações **PAQ**, que foram avaliadas em dois experimentos (I- safra normal em Anhembi, SP; II- safrinha em Piracicaba, SP) para diversos caracteres. A produção, avaliada pelo peso total de espigas e peso de cinco espigas mostrou a seguinte ordem de classificação das populações: **PAQ-04** < **PAQ-01** < **PAQ-02** < **PAQ-03** (Miranda Filho et al., 2012).

3.2 Obtenção das famílias de irmãos germanos e autofecundação

As famílias de irmãos germanos (IG) e de autofecundação (S_1), utilizadas no presente trabalho, foram obtidas das populações semiexóticas **PAQ-01**; **PAQ-02**; **PAQ-03** e **PAQ-04**. As quatro populações semiexóticas (PAQ) foram semeadas em lotes de polinização manual para obtenção das famílias de IG e de S_1 . O campo foi conduzido na área experimental da Universidade Federal de Goiás – Campus Jataí, localizada na região sudoeste do estado de Goiás, latitude de 17°53' S, longitude de 51°44' W, altitude média de 696 m e clima tropical úmido de Savana, mesotérmico, com chuva no verão e seca no inverno segundo a classificação de Köppen. A semeadura foi em 11 de setembro de 2011.

Cada população foi semeada em dois lotes de polinização manual: a) cinco linhas de dez metros (~250 plantas) para obtenção de famílias de IG por cruzamento planta-a-planta; e b) cinco linhas de dez metros (~250 plantas) para obtenção de famílias S_1 por autofecundação. Assim, foram obtidos os seguintes números de famílias: 73, 88, 131 e 112 IG; e 16, 19, 29 e 14 S_1 nas populações **PAQ-01**, **PAQ-02**, **PAQ-03**, **PAQ-04**, respectivamente.

3.3 Avaliação experimental

Todos os experimentos foram semeados na Fazenda Três Fronteiras, na região de Jataí (GO), os mesmos foram instalados em quatro de março de 2012. A adubação foi feita a lanço com a fórmula 08.20.18 (N.P.K) na quantidade de 400 kg por hectare. Para controle de plantas daninhas foi aplicado o herbicida Atrazina nas dosagens recomendadas. Também foi feita aplicação aérea de fungicida Ópera e Inseticida Tracer na época pré-florescimento.

As famílias IG de cada população foram avaliadas em blocos casualizados com três repetições de parcelas com uma linha de 4m (espaçamento de 0,90m) com 20 plantas. Foram avaliados os seguintes caracteres: PE- peso total de espigas despalhadas (kg), PG- peso total de grãos (kg), AP- altura da planta (cm), AE- altura da espiga (cm), AC- número de plantas acamadas, CE - comprimento da espiga (cm), DE- diâmetro da espiga (mm). Também foram anotados St- estande final, Ne- número total de espigas na parcela (corrigido para NE=20) e RD- grau de resistência a doenças. As análises de variância foram realizadas para todos os caracteres. O

caráter resistência a doença foi avaliado segundo uma escala para avaliação da severidade [escala AGROCERES: notas 1 (resistente) a 9: (suscetível)]. Os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), comprimento de espiga (CE) e diâmetro de espiga (DE) foram avaliados em amostras de quatro plantas por parcela. Foram utilizadas duas testemunhas (híbridos T1 = DAS (2B-710) e T2 = Pionner (30F35H) semeadas intercaladamente e de maneira alternada a cada dez parcelas em todas as repetições. Os experimentos de avaliação de famílias S₁ tiveram estrutura semelhante, exceto que não foram utilizadas testemunhas para evitar possíveis efeitos de competição (híbridos comerciais) sobre as parcelas com famílias endogâmicas com expressão fenotípica prejudicada pelo efeito da endogamia.

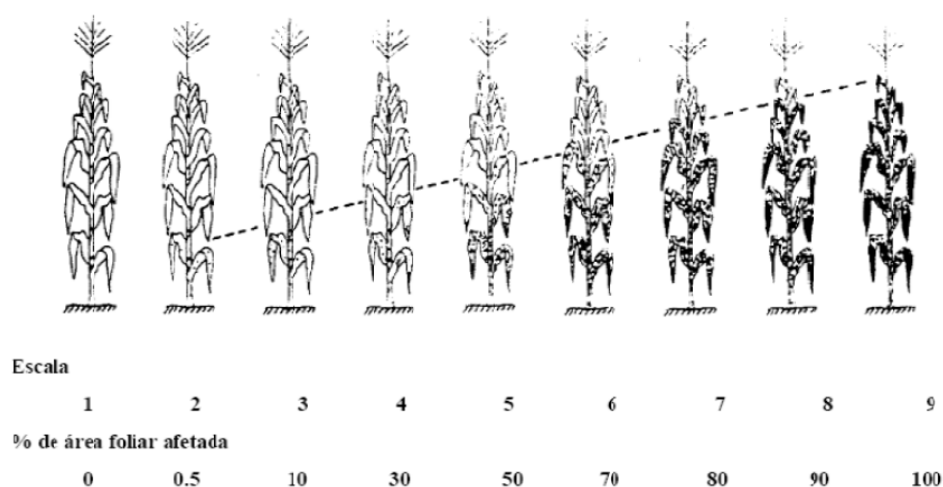


Figura 1. Escala diagramática para avaliação das doenças foliares do milho proposta pela Agrocere (1996).

3.4 Análises quantitativas dos resultados

As análises dos experimentos foram conduzidas segundo o delineamento de blocos casualizados, de acordo com o modelo

$$Y_{ij} = m + f_i + b_j + e_{ij}$$

onde a unidade experimental (Y_{ij}) é representada pelo total da parcela nos caracteres PE, PG e pela média de parcelas (amostras de quatro plantas) nos caracteres AP, AE, CE e DE.

No modelo, m é a média geral do experimento; f_i é o efeito aleatório de famílias com esperanças $E(f_i) = 0$ e $E(f_i^2) = \sigma_p^2$; b_j é o efeito aleatório de repetições (blocos); e_{ij} é o efeito aleatório do erro experimental entre parcelas, com distribuição normal e esperanças $E(e_i) = 0$ e $E(e_{ij}^2) = \sigma^2$.

As análises da variância foram processadas somente com os resultados referentes a famílias com a finalidade de estimar parâmetros e testar hipóteses inerentes a cada população; as informações sobre as testemunhas foram utilizadas somente para fins comparativos (contraste de médias) não envolvendo testes de hipóteses.

O esquema de análise da variância é apresentado na Tabela 4.

Tabela 4. Esquema de análise da variância de famílias em populações de polinização livre.

Fontes	GL	QM	E(QM)
Repetições	r-1	Q_R	---
Famílias	n-1	Q_F	$\sigma^2 + r\sigma_p^2$
Erro	(n-1)(r-1)	Q_E	σ^2

GL = Grau de liberdade; QM= Quadrado Médio; E(QM)= Esperança do quadrado médio; r= número de blocos; n= número de tratamentos; Q_R = Quadrado de repetições; Q_F = Quadrado de famílias; Q_E =Quadrado do erro; σ^2 = Variância, σ_p^2 = Variância entre famílias.

3.5 Definição e estimação de parâmetros quantitativos

A média geral (m_0) entre famílias de irmãos germanos é uma estimativa da média da população base não endógama ($F = 0$; sendo F o coeficiente de endogamia de WRIGHT).

Em termos de componentes de médias, $m_0 = \mu^* + a^* + d^*$, sendo μ^* o somatório para todos os locos do efeito médio dos dois homozigotos em um modelo para um loco com dois alelos.

Segundo este modelo, a quantidade $A = \mu^* + a^*$ representa média esperada de uma amostra aleatória de linhagens totalmente endogâmicas ($F = 1$) extraída da população. Na análise de famílias endogâmicas (famílias S_1 com $F = 1/2$), o parâmetro d^* representa a contribuição total dos desvios dos heterozigotos

causados pelos efeitos de dominância (Eberhart; Gardner, 1966; Lima et al., 1992; Miranda Filho; Costa; Gorgulho, 2001a).

Na análise de famílias S_1 (endógamas com $F = 1/2$), a média geral das famílias representa $m_1 = \mu^* + a^* + \frac{1}{2}d^*$ e a quantidade $\delta = m_1 - m_0 = \frac{1}{2}d^*$ é chamada de *depressão por endogamia* que, no caso de famílias S_1 , é a alteração esperada na expressão de um caráter quantitativo na população com uma proporção esperada de 50% de homozigose (Miranda Filho; Gorgulho; Costa, 2001b).

A variância genética entre famílias de irmãos germanos (não endógamas) é expressa por $\sigma_p^2 = \frac{1}{2}\sigma_A^2 + \frac{1}{4}\sigma_D^2$, sendo σ_A^2 e σ_D^2 as variâncias aditiva e dominante, respectivamente, definidas para a população base; assim sendo os componentes σ_A^2 e σ_D^2 não são estimáveis separadamente. Porém, tais estimativas podem ser obtidas considerando-se hipóteses sobre o valor relativo dos componentes.

Os caracteres AP, AE, CE e DE avaliados no presente trabalho, geralmente apresentam um baixo grau médio de dominância sendo as estimativas de $\phi = \sigma_D^2/\sigma_A^2$ não superiores a 0,5 na maioria dos casos (Hallauer; Miranda Filho, 1988). Portanto, nestes casos dois limites hipotéticos para a estimação dos componentes da variância genética podem ser usados, considerando as hipóteses $H_1: \sigma_D^2 = 0$ e $H_2: \sigma_D^2 = \frac{1}{2}\sigma_A^2$. Por outro lado o caráter produção de grãos expressa maior grau de dominância, sendo $\frac{1}{2} < \phi < 1$ na maioria dos casos (Hallauer; Miranda Filho, 1988) e duas hipóteses realistas para caracteres dessa natureza podem ser $H_2: \sigma_D^2 = \frac{1}{2}\sigma_A^2$ e $H_3: \sigma_D^2 = \sigma_A^2$. Tais aproximações foram utilizadas por Nass (1992).

Na análise com famílias S_1 a variância entre famílias é expressa por $\sigma_p^2 = \sigma_A^2 + \frac{1}{4}\sigma_D^2 + D_1 + \frac{1}{8}D_2$, sendo D_1 a covariância entre os efeitos aditivos e dominantes nos homozigotos e D_2 a variância dos efeitos de dominância nos homozigotos (Cockerham, 1983).

Devido aos efeitos depressivos da endogamia, à complexidade da expressão dos componentes da variância e a amostragem inadequada, no presente trabalho foi apresentada somente a estimativa da variância genética entre famílias S_1 . As formulações para estimação dos parâmetros de interesse são apresentadas na Tabela 5.

Tabela 5. Formulações para a estimação dos parâmetros de interesse no estudo de quatro populações semiexóticas de polinização livre.

Parâmetro	Estimativa
▪ Média geral das famílias IG (não endógamas)	$m_0 = \frac{1}{nr} \sum Y_{ij}^0$
▪ Média geral das famílias S ₁ (endógamas)	$m_1 = \frac{1}{nr} \sum Y_{ij}^1$
▪ Depressão por endogamia	$\delta = m_1 - m_0 = \frac{1}{2} d^*$
▪ Média esperada de linhagens totalmente endogâmicas ^k	$A = 2 m_1 - m_0$ $A = u + a = 2m_1 - m_0$
▪ Efeito geral dos desvios de dominância	$d^* = 2(m_0 - m_1)$
▪ Variância genética entre famílias (IG ou S ₁)	$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{1}{3} (Q_F - Q_E)$
▪ Variância fenotípica entre médias de famílias	$\hat{\sigma}_F^2 = \frac{1}{3} Q_F$
▪ Variância genética aditiva (com base em IG)	
– hipótese (1): $\sigma_D^2 = 0$	$\hat{\sigma}_{A1}^2 = 2 \hat{\sigma}_p^2$
– hipótese (2): $\sigma_D^2 = \frac{1}{2} \sigma_A^2$	$\hat{\sigma}_{A2}^2 = \frac{8}{5} \hat{\sigma}_p^2$
– hipótese (3): $\sigma_D^2 = \sigma_A^2$	$\hat{\sigma}_{A3}^2 = \frac{4}{3} \hat{\sigma}_p^2$
▪ Coeficiente de variação experimental	$CV\% = 100. \sqrt{Q_E} / m_0$
▪ Coeficiente de variação genética	$CVg\% = 100. \hat{\sigma}_p / m_0$
▪ Índice de variação	$\theta = CVg/CV = \hat{\sigma}_f / \hat{\sigma}$
▪ Coeficiente de herdabilidade – sentido amplo	$h_f^2 = (Q_F - Q_E) / Q_F$
– sentido restrito, hipótese (1): $\sigma_D^2 = 0$	$h_{f1}^2 = h_f^2$
– sentido restrito, hipótese (2): $\sigma_D^2 = \frac{1}{2} \sigma_A^2$	$h_{f2}^2 = 3 \hat{\sigma}_{A2}^2 / 2Q_F$
– sentido restrito, hipótese (3): $\sigma_D^2 = \sigma_A^2$	$h_{f3}^2 = 3 \hat{\sigma}_{A3}^2 / 2Q_F$

Fonte: Eberhart; Gardner (1966).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Avaliação geral das progênies

Os valores médios (m_0) obtidos para os caracteres número de espigas (NE), peso de espigas (PE_n), peso de espigas em percentagem de m_0 ($PE_n\%$), peso de grãos (PG_n), altura de planta (AP), altura de espiga (AE), relação altura planta/espiga (R), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE) e grau de resistência a doenças (RD) nas quatro populações semiexóticas, referentes aos dois tipos de progênies (IG e S_1) e às testemunhas, encontram-se nas Tabelas 6 e 7.

Na seqüência, são apresentados os resultados sempre na ordem PAQ-1 → PAQ-2 → PAQ-3 → PAQ-4.

Para progênies IG o número médio de espigas por parcela para as quatro populações foi de 17,7, 18,5, 17,7 e 17,3 que correspondem a 91,6%, 96,9%, 91,1% e 89,8% das testemunhas, respectivamente. Nas progênies de autofecundação as médias populacionais de NE foram de 15,5, 14,9, 16,9 e 12,9. Este resultado mostra que a endogamia de 50% (valor esperado nas famílias S_1) afetou o caráter NE, o qual está relacionado com o estande (número de plantas por parcela). O decréscimo médio de NE foi de 2,75% espigas/parcela; Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010) relataram decréscimo no estande de aproximadamente 4 plantas por parcela, na média de diversas estimativas. Neste estudo houve um decréscimo de 0,5% plantas por parcela na média das quatro populações.

As médias de produtividade de famílias IG foram de 5,88, 5,23, 4,89 e 4,91 t/ha para PE_n que correspondem a 54,6%, 57,5%, 53,2% e 50,4% da média das testemunhas, respectivamente. Para PG_n (t/ha), as médias foram de 4,51, 4,12, 3,87 e 3,74 equivalentes a 49,6%, 54,8%, 48,7% e 44,4% em relação às testemunhas. As populações PAQ-1 e PAQ-2 apresentaram neste estudo um maior potencial de produtividade. Os níveis de produtividade das populações semiexóticas PAQ foram inferiores às populações semiexóticas NAP apresentadas por Rodrigues et al. (2012). A produtividade relativamente baixa das populações PAQ, em relação às testemunhas, é compensada pela grande variação entre famílias, pois os valores extremos (famílias mais produtivas) de PE_n atingiram níveis equivalentes a 83,4%, 112,7%, 90,7% e 92,7% das testemunhas. Enquanto isso os valores extremos das

famílias menos produtivas de PEn atingiram níveis equivalentes a 36,8%, 37,8%, 29,1% e 24,0% das testemunhas. Levando-se em consideração que as testemunhas são híbridos com elevado potencial de produtividade, pode-se constatar que as populações no presente estudo, de um modo geral, apresentam altas produtividades. Nas progênes S₁, os valores médios de PEn foram 3,86, 3,70, 4,13 e 3,39 t/ha, correspondendo a 65,6%, 70,7%, 84,5% e 69,1% em percentagem de peso de espigas de irmãos germanos.

Tabela 6. Médias observadas (ψ) de famílias de irmãos germanos (m_0) e sua amplitude de variação (m_S : superior; m_I : inferior) e média das testemunhas (m_T) para oito caracteres^a em quatro populações de milho. Jataí (2012).

População	ψ	Caracteres								
		Ne	PEn	PGn	AP	AE	Я	CE	DE	RD
PAQ-01 [n = 73]	m_0	17,7 (91,6)	5,888 (54,6)	4,507 (49,6)	212,7 (97,6)	109,0 (90,2)	0,508	14,4 (90,7)	4,70 (90,8)	5,2
	m_S	21,0 (108,6)	8,989 (83,4)	7,088 (78,0)	240,4 (110,3)	132,1 (109,3)	0,585	17,6 (110,5)	5,25 (101,4)	8,0
	m_I	12,0 (62,1)	3,961 (36,8)	1,978 (21,8)	178,8 (82,0)	87,9 (72,8)	0,401	11,3 (70,7)	4,08 (78,9)	3,0
	m_T	19,3	10,776	9,090	217,9	1208	0,555	15,9	5,18	
PAQ-02 [n = 88]	m_0	18,5 (96,9)	5,237 (57,5)	4,119 (54,8)	195,7 (89,8)	105,3 (87,2)	0,554	12,9 (88,6)	4,81 (99,9)	4,1
	m_S	23,0 (120,8)	10,265 (112,7)	8,537 (113,6)	241,7 (110,9)	143,8 (119,0)	0,679	17,7 (121,1)	5,33 (110,8)	7,0
	m_I	8,0 (42,0)	3,438 (37,8)	2,278 (30,3)	165,8 (76,1)	82,9 (69,6)	0,416	10,3 (70,3)	4,33 (90,0)	1,5
	m_T	19,0	9,105	7,513	217,9	120,8	0,555	14,6	4,81	
PAQ-03 [n = 134]	m_0	17,7 (91,1)	4,893 (53,2)	3,870 (48,7)	215,6 (100,5)	118,0 (95,3)	0,564	13,1 (89,2)	4,51 (91,8)	6,29
	m_S	21,7 (111,2)	8,354 (90,7)	6,789 (85,5)	245,0 (114,3)	139,6 (112,7)	0,680	16,5 (112,5)	5,08 (103,5)	9,00
	m_I	11,0 (56,5)	2,683 (29,1)	2,156 (27,1)	187,9 (87,6)	95,0 (76,7)	0,491	10,8 (73,3)	3,58 (73,0)	2,50
	m_T	19,5	9,205	7,945	214,4	123,8	0,578	14,7	4,91	
PAQ-04 [n = 112]	m_0	17,3 (89,8)	4,917 (50,4)	3,742 (44,4)	201,3 (96,6)	109,8 (90,6)	0,563	13,5 (88,4)	3,38 (66,7)	4,65
	m_S	20,3 (105,3)	9,037 (92,7)	6620 (78,6)	220,8 (106,0)	130,0 (107,2)	0,636	15,3 (100,3)	3,83 (75,7)	8,00
	m_I	9,7 (50,1)	2,344 (24,0)	1335 (15,9)	165,4 (79,4)	90,0 (74,2)	0,458	10,8 (70,9)	2,71 (53,5)	2,50
	m_T	19,3	9,753	8418	208,3	121,3	0,582	15,3	5,06	

^a [Caracteres — NE: número de espigas por parcela, PEn: peso de espigas (t/há¹) corrigido para NE = 20, PGn: peso de grãos (t/ha) corrigido para NE = 20, AP: altura da planta (cm), AE: altura da espiga (cm), Я : relação AE/AP, CE: comprimento da espiga (cm), DE: diâmetro da espiga (cm), RD: grau de resistência a doenças]. ^b[Valores em parêntesis: médias expressas em percentagem da testemunha].

Para o caráter AP (cm) as médias das populações foram 212,7, 195,7, 215,6 e 201,3 para famílias IG, valores que correspondem a 97,6%, 89,8%, 100,5 e 96,6%, das testemunhas. O porte baixo das populações PAQ é atribuído essencialmente ao germoplasma exótico usado na introgressão. O caráter AE (cm) apresentou médias de 109,0, 105,3, 118,0 e 109,8, correspondendo a 90,2%, 87,2%, 95,3% e 90,6% das testemunhas. Na literatura sobre populações semi-exóticas são encontrados

resultados médios para AP e AE que apresentam valores superiores (Goodman, 1965; Shauman, 1971) ou inferiores (Troyer; Brown, 1972; Genter, 1976) que as médias da população local, dependendo dos germoplasmas exóticos que participaram nos cruzamentos e da população base utilizada.

Nas progênies S_1 , as médias de AP (cm) e AE (cm) foram 191,9 e 108,7; 177,1 e 99,5; 202,4 e 115,5; 183,4 e 108,4, respectivamente.

Para o caráter CE, as médias de IG foram 14,4, 12,9, 13,1 e 13,5 nas respectivas populações. Estes valores equivalem a 90,7%, 86,6%, 89,2% e 88,4%, respectivamente, da média das testemunhas. Todas as populações apresentaram espigas mais curtas que as testemunhas. Tanto as populações semiexótica quanto as testemunhas apresentaram comprimento da espiga menor do que 17,5 cm e 16,2 relatados por Santos e Miranda Filho (1992) e Andrade e Miranda Filho (2008) para a população ESALQ-PB1. Para famílias S_1 , as médias foram 13,6, 12,9, 12,8 e 12,4. Estes valores equivalem a 94,4%, 100,0%, 97,7% e 91,9% em relação às respectivas médias das famílias não endógamas.

As médias para o caráter DE nas progênies de IG foram, 4,70, 4,81, 4,51 e 3,38, valores que correspondem a 90,8%, 99,9%, 91,8% e 91,8% das testemunhas. Nas quatro populações as médias foram $\leq 4,81$ cm relatado por Andrade e Miranda Filho (2008) para a população ESALQ-PB1. As médias das famílias endógamas (S_1) foram 4,20, 4,52, 4,32 e 4,43 cm, valores que equivalem a 89,4%, 94,0%, 95,8% e 95,3% em relação às respectivas médias das famílias não endógamas.

Na avaliação de RD, na escala de 1 (resistente) a 9 (suscetível) as médias de famílias IG foram 5,2, 4,1, 6,3 e 4,7, demonstrando sensibilidade das populações às doenças foliares típicas da região em condições de safrinha. Entre as doenças foliares as mais freqüentes são as causadas por *Phaeosphaeria maydis*, *Cercospora zeae-maydis*, *Exserohilum turcicum* e complexo de enfezamento (viroses). Os níveis de resistência foram na ordem PAQ-2 > PAQ-4 > PAQ-1 > PAQ-3. As testemunhas apresentaram um alto grau de resistência geral as doenças, o que torna possível uma comparação direta com as famílias representativas das populações. A população PAQ-2 apresentou o melhor padrão de resistência, com média de 4,1 e variação de 1,5 a 7,0. Nas famílias endogâmicas, as médias de resistência foram 5,8, 5,7; 6,8 e 5,9 e os níveis de resistência foram praticamente na mesma ordem das famílias IG. Com a endogamia esperada de 50% o nível de suscetibilidade aumentou 1 ponto na média das quatro populações.

Tabela 7. Médias observadas (ψ) de S_1 (m_1) e sua amplitude de variação (m_{1S} : superior; m_{1I} : inferior) e média de famílias de irmãos germanos (m_0) das respectivas populações para nove caracteres^a em quatro populações de milho. Jataí (2012).

População	Caracteres									
	ψ	Ne	PEn	PEn%	AP	AE	Я	CE	DE	RD
PAQ-01 [n = 17]	m_1	15,5	3,864	65,6	191,9	108,7	0,566	13,6	4,20	5,8
	m_{1S}	22,0	4,807	81,6	218,1	130,0	0,619	16,6	4,67	9,0
	m_{1I}	6,0	2,324	39,5	146,3	81,3	0,510	11,8	3,83	3,0
	m_0	17,7	5,888	100,0	212,7	109,0	0,508	14,4	4,70	5,2
PAQ-02 [n = 24]	m_1	14,9	3,703	70,7	177,1	99,5	0,560	12,9	4,52	5,7
	m_{1S}	22,0	5,338	101,9	191,9	119,4	0,641	15,1	5,00	9,0
	m_{1I}	10,0	2,504	47,8	155,6	75,0	0,449	11,0	4,08	3,0
	m_0	18,5	5,237	100,0	195,7	105,3	0,554	12,9	4,81	4,1
PAQ-03 [n = 30]	m_1	16,9	4,133	84,5	202,4	115,5	0,574	12,8	4,32	6,8
	m_{1S}	21,0	6,873	140,5	255,0	141,9	0,634	15,4	4,92	9,0
	m_{1I}	12,0	2,658	54,3	181,3	91,9	0,507	10,8	3,50	3,0
	m_0	17,7	4,893	100,0	215,6	118,0	0,564	13,1	4,51	6,3
PAQ-04 [n = 16]	m_1	12,9	3,398	69,1	183,4	108,4	0,591	12,4	4,43	5,9
	m_{1S}	17,7	4,677	95,1	210,6	132,5	0,648	14,5	4,92	8,0
	m_{1I}	4,7	2,218	45,1	167,5	93,8	0,518	9,6	4,00	4,0
	m_0	17,3	4,917	100,0	201,3	109,8	0,563	13,5	4,65	4,7

^a [Caracteres — NE: número de espigas por planta, PEn: peso de espigas ($t/há^{-1}$) corrigido para NE = 20, PEn%: peso de espigas em percentagem de m_0 , AP: altura da planta (cm), AE: altura da espiga (cm), Я : relação AE/AP, CE: comprimento da espiga (cm), DE: diâmetro da espiga (cm), RD: grau de resistência a doenças]. ^b[Valores em parêntesis: médias expressas em percentagem da testemunha].

4.2 Depressão por endogamia

Na Tabela 8, são apresentados os valores das estimativas de depressão por endogamia (I), porcentagem em relação à população não endógama (I%), contribuição relativa dos homozigotos (A), e dos heterozigotos (d^*), para a média observada de seis caracteres avaliados nas quatro populações, PAQ-1, PAQ-2 PAQ-3 e PAQ-4, respectivamente.

No caráter PEn nota-se que as populações PAQ-2 e PAQ-4 foram as mais afetadas pela endogamia, em relação a população não endógama as porcentagens apresentadas foram de 29,3% para PAQ-2 e 30,9% para PAQ-4. As populações PAQ-1 e PAQ-3 apresentam valores 28,5% e 17,8%, respectivamente, mostrando que foram as menos afetadas pela endogamia. Diversos trabalhos apresentam, em valores médios, efeitos de depressão por endogamia para produtividade variando de 37,5% a 68% (Mota, 1974; Vianna et al., 1982; Gama et al., 1985; Miranda Filho e Meireles, 1986; Nass e Miranda Filho, 1995; Packer 1998; Simon et al., 2004), e para peso de espiga em torno de 44% (Nass e Miranda Filho, 1995).

De um modo geral, as estimativas da depressão por endogamia, quanto à altura de plantas e altura de espigas foram baixas quando comparadas com rendimento de grãos (Tabela 8). Valores baixos de depressão por endogamia para estas características também foram obtidos em populações de milho normal e de milho pipoca de grãos amarelos (Lima; Miranda Filho; Gallo, 1984; Simon et al, 2004). As possíveis razões das diferenças entre as estimativas de depressão por endogamia para os diversos caracteres podem ser discutidas em função da redução de 50% do nível de heterozigose. A mais rápida obtenção de estabilidade de médias para altura de plantas e altura de espigas pode ser devido à menor complexidade genética deles em relação ao caráter produtividade (Jones, 1939).

Tabela 8. Estimativas da depressão por endogamia (I) e da contribuição dos homozigotos (A) e dos heterozigotos (d*) para a média observada de seis caracteres avaliados em quatro populações.

Estimativas	Caracteres*					
	Pen t/ha	PEn g/planta	AP —	AE cm/planta	CE —	DE —
População PAQ-1						
I	1,537	27,67	20,8	0,3	0,81	0,50
I%	28,5	28,5	9,8	0,2	5,62	10,6
A	1,840	33,12	171,1	108,4	12,8	3,70
d*	4,048	72,86	41,6	0,5	1,6	1,00
População PAQ-2						
I	1,535	27,63	18,5	5,8	0,02	0,29
I%	29,3	29,3	9,5	5,6	0,16	6,09
A	2,168	39,02	1,586	0,936	12,9	4,22
d*	3,069	55,24	0,370	0,117	0,04	0,59
População PAQ-3						
I	0,872	15,70	14,0	3,0	0,35	0,20
I%	17,8	17,8	6,5	2,5	2,67	4,34
A	3,148	56,66	187,6	112,1	12,4	4,12
d*	1,744	31,39	28,0	5,9	0,70	0,39
População PAQ-4						
I	1,519	27,34	17,9	1,4	1,14	0,27
I%	30,9	30,9	8,9	1,3	8,40	0,27
A	1,879	33,82	165,6	107,0	11,2	5,49
d*	3,038	54,68	35,7	2,9	2,3	-2,11

* [Caracteres — NE: número de espigas por planta, PEn: peso de espigas (t/há⁻¹) corrigido para NE = 20, PEn%: peso de espigas em percentagem de m₀, AP: altura da planta (cm), AE: altura da espiga (cm), A : relação AE/AP, CE: comprimento da espiga (cm), DE: diâmetro da espiga (cm), RD: grau de resistência a doenças]. [§] [Valores em parêntesis: médias expressas em percentagem da testemunha].

Do ponto de vista dos efeitos genéticos, as estimativas da depressão por endogamia são menores para altura da planta e altura de espiga em relação a produtividade porque os efeitos gênicos de dominância são menos importantes

(Lima; Miranda; Gallo, 1984). A contribuição dos locos em heterozigose (desvios devido à dominância) às médias do rendimento de grãos das populações foi, geralmente, maior que a dos locos em homozigose (efeitos aditivos). Esse resultado implica, indiretamente, na existência de heterogeneidade genética nas populações.

Em relação à altura de plantas e altura de espigas a contribuição dos locos em homozigose (efeito aditivo) foi maior do que a contribuição dos locos em heterozigose. Resultados semelhantes foram obtidos em milho normal e em milho de grãos amarelos (Hallauer; Miranda Filho, 1988; Simon et al., 2004).

De uma maneira geral, a depressão endogâmica foi mais pronunciada na população PAQ-4, com os caracteres PE_n , PE_n , e CE. Para os caracteres AP e DE a depressão endogâmica foi mais pronunciada na população PAQ-1.

Kassouf e Miranda Filho (1986) observaram a ocorrência de variabilidade quanto aos efeitos da endogamia para esses caracteres, através das distribuições de médias de linhagens S_1 e progênies de irmãos germanos da população ESALQ-PB1. Para os caracteres PE_n e PE_n os resultados obtidos para depressão por endogamia encontram-se dentro da amplitude de variações constatadas em diversas populações brasileiras e introduzidas (Gerald; Vencovsky, 1980; Vianna et al, 1982; Valois; Miranda Filho, 1984).

4.3 Progênies IG

4.3.1 Análise de variância

Na Tabela 9 os quadrados médios apresentaram significância para efeito de repetição e alta significância ($P < 0,01$ pelo teste F) para variação entre famílias IG em todos os caracteres, demonstrando boa expressão de variabilidade para fins de seleção.

Para as condições de desenvolvimento dos experimentos, os coeficientes de variação estiveram dentro de limites aceitáveis, não ultrapassando os 20% (Tabela 9). Os coeficientes de variação experimental (CV%), para a variável AP ficaram compreendidos entre um valor mínimo de 4,56% PAQ-4 e um valor máximo de 5,69% PAQ-2. A variável AE apresentou valores entre 8,23% PAQ-4 e 9,57% PAQ-3. Os valores para PE_n e PG_n ficaram dentro de um intervalo delimitado por um mínimo de 10,75% e 14,08% PAQ-1 e um máximo de 18,58% e 22,21% PAQ-4. CE

e DE apresentaram valores mínimos 7,63% e 4,23% PAQ-1 e valores máximos 9,38% e 8,10% PAQ-4, respectivamente. Segundo as classificações propostas por Pimentel Gomes (1977) e Scapim, Carvalho e Cruz (1995), de uma maneira geral, os CV% refletiram a alta precisão experimental.

Tabela 9. Quadrados médios na análise da variância e teste F para variação entre progênie de IG em quatro populações de milho. Jataí (2012).

Fontes de variação	Caracteres*							
	gl	PE _n	PG _n	AP	AE	CE ¹	DE ²	RD ²
População PAQ-1								
F		6,805	6,886	4,094	3,076	3,779	7,255	2,742
Repetições	2	181,93	209,46	250,14	347,10	8,025	4,195	1,264
Famílias IG	72	882,69	898,70	460,82	333,15	45,808	28,757	16,627
Erro	144	129,71	130,51	112,55	108,31	12,122	3,964	6,064
CV%		10,75	14,08	4,98	9,54	7,63	4,23	10,94
População PAQ-2								
F		6,836	6,038	4,065	3,456	3,273	2,380	2,345
Repetições	2	375,31	331,13	537,0	225,3	10,869	0,373	310,8
Famílias IG	87	1179,31	969,73	505,50	337,29	37,363	15,021	21,118
Erro	174	172,52	160,60	124,35	97,61	11,415	6,312	9,004
CV%		13,93	17,09	5,699	9,382	8,270	5,225	15,16
População PAQ-3								
F		5,317	5,334	3,135	2,461	2,549	5,368	3,509
Repetições	2	515,49	475,22	337,1	1352,5	66,983	2,239	6,105
Famílias IG	133	972,53	700,41	451,29	314,22	31,684	27,552	29,763
Erro	266	182,91	131,30	143,96	127,68	12,429	5,133	8,481
CV%		15,36	16,45	5,565	9,557	8,517	5,027	11,79
População PAQ-4								
F		4,752	4,061	3,929	2,173	1,977	1,725	3,300
Repetições	2	3,69	1,57	71,5	3132,6	8,338	5,212	0,207
Famílias IG	111	1284,49	908,76	332,22	177,87	31,771	19,857	14,876
Erro	222	270,33	223,79	84,56	81,86	16,071	10,044	4,508
CV%		18,58	22,21	4,568	8,238	9,384	8,105	9,948

* [Caracteres — NE: número de espigas por planta, PEn: peso de espigas (t/há⁻¹) corrigido para NE = 20, PEn%: peso de espigas em percentagem de m₀, AP: altura da planta (cm), AE: altura da espiga (cm), Я : relação AE/AP, CE: comprimento da espiga (cm), DE: diâmetro da espiga (cm), RD: grau de resistência a doenças]. ¹[Valores em parêntesis: médias expressas em percentagem da testemunha].

*Unidades de cálculo: PEn PG_n: g/planta; AP, AE, CE, DE: cm/planta; ^{1,2}[quadrados médios multiplicados por 10 e 10², respectivamente].

4.3.2 Parâmetros genéticos

Os valores dos coeficientes de CV_g% (Tabela 10), que serve como indicativo do percentual de variabilidade genética existente na média da população, para a variável AP ficaram compreendidos entre um intervalo mínimo de 4,51% (PAQ-4) e um valor máximo de 5,76% (PAQ-2).

Tabela 10. Estimativas de variância entre famílias (σ_p^2), variância genética aditiva (σ_A^2), coeficiente de herdabilidade, coeficiente de variação genético (CV_g) e do índice de variação (θ) para médias de famílias (h_f^2) IG de sete caracteres em quatro populações.

Parâ- metros ¹	Caracteres						
	PEn	PGn	AP	AE	CE	DEx100	RDx100
População PAQ-1							
σ_p^2	250,99	256,06	116,09	74,95	1,1228	8,2644	3,5210
σ_{A1}^2	501,99	512,13	232,18	149,89	2,2457	0,1653	---
σ_{A2}^2	401,59	409,70	185,75	119,91	1,7965	0,1322	---
σ_{A3}^2	334,66	341,42	154,79	99,93	1,4971	0,1102	---
h_f^2	0,853	0,855	0,756	0,675	0,735	0,862	0,635
h_{f1}^2	0,853	0,855	0,756	0,675	0,735	0,862	---
h_{f2}^2	0,682	0,684	0,605	0,540	0,588	0,690	---
h_{f3}^2	0,569	0,570	0,504	0,450	0,490	0,575	---
$CV_g\%$	14,95	19,72	5,066	7,943	7,345	1,444	8,337
θ	1,515	1,401	1,016	0,832	0,962	0,862	0,762
População PAQ-2							
σ_p^2	335,60	269,71	127,05	79,89	0,865	2,9031	4,0380
σ_{A1}^2	671,19	539,42	254,10	159,79	1,7299	0,0581	---
σ_{A2}^2	536,95	431,54	203,28	127,83	1,3839	0,0464	---
σ_{A3}^2	447,46	359,61	169,40	106,53	1,1533	0,0387	---
h_f^2	0,854	0,834	0,754	0,711	0,694	0,580	0,574
h_{f1}^2	0,854	0,834	0,754	0,711	0,694	0,580	---
h_{f2}^2	0,683	0,668	0,603	0,568	0,556	0,464	---
h_{f3}^2	0,569	0,556	0,503	0,474	0,463	0,387	---
$CV_g\%$	19,43	22,15	5,761	8,488	7,199	3,544	10,151
θ	1,395	1,296	1,011	0,905	0,870	0,678	0,670
População PAQ-3							
σ_p^2	263,21	189,70	102,44	62,18	0,6418	7,4731	7,0937
σ_{A1}^2	526,41	379,40	204,89	124,36	1,2837	0,1495	---
σ_{A2}^2	421,13	303,52	163,91	99,49	1,0269	0,1196	---
σ_{A3}^2	350,94	252,94	136,59	82,91	0,8558	0,0996	---
h_f^2	0,812	0,813	0,681	0,594	0,608	0,814	0,715
h_{f1}^2	0,812	0,813	0,681	0,594	0,608	0,814	---
h_{f2}^2	0,650	0,650	0,545	0,475	0,486	0,651	---
h_{f3}^2	0,541	0,542	0,454	0,396	0,405	0,542	---
$CV_g\%$	18,42	19,77	4,695	6,683	6,121	6,066	10,786
θ	1,200	1,202	0,844	0,698	0,719	1,207	0,915

Continuação da Tabela 10

População PAQ-4							
σ_p^2	338,05	228,32	82,55	32,001	0,5233	3,4281	3,4561
σ_{A1}^2	676,11	456,64	165,10	64,00	1,0467	0,0686	---
σ_{A2}^2	540,89	365,32	132,08	51,20	0,8373	0,0549	---
σ_{A3}^2	450,74	304,43	110,07	42,67	0,6978	0,0457	---
h_f^2	0,790	0,777	0,745	0,540	0,494	0,420	0,697
h_{f1}^2	0,790	0,754	0,745	0,540	0,494	0,420	---
h_{f2}^2	0,632	0,603	0,596	0,432	0,395	0,336	---
h_{f3}^2	0,526	0,502	0,497	0,360	0,329	0,280	---
CV _g %	20,77	22,43	4,514	5,150	5,355	3,984	8,710
θ	1,118	1,010	0,988	0,625	0,571	0,492	0,876

^a [Caracteres — NE: número de espigas por planta, PEn: peso de espigas (t/há⁻¹) corrigido para NE = 20, PEn%: peso de espigas em percentagem de m₀, AP: altura da planta (cm), AE: altura da espiga (cm), Я : relação AE/AP, CE: comprimento da espiga (cm), DE: diâmetro da espiga (cm), RD: grau de resistência a doenças]. ^b[Valores em parêntesis: médias expressas em percentagem da testemunha].

A variável AE apresentou valores entre 5,15% (PAQ-4) e 8,48% (PAQ-2). Os valores para PE_n e PG_n ficaram dentro de um intervalo delimitado por um mínimo de 14,95% e 19,72% (PAQ-1) e um máximo de 20,77% e 22,43% (PAQ-4). O caráter CE e DE apresentaram como valores mínimos 5,35% (PAQ-4) e 1,44% (PAQ-1) e valores máximos 7,34% (PAQ-1) e 6,06% (PAQ-3). Quanto à RD os valores ficaram compreendidos entre um valor mínimo de 8,33% (PAQ-1) e um máximo de 10,78% (PAQ-3).

O quociente entre CV_g e CV (índice θ), representa uma informação a mais para o melhorista com relação à seleção de progênies (Vencovsky, 1987). Como por exemplo, pode-se mencionar a utilização do índice em estudos com progênies de meios irmãos onde, Vencovskye e Barriga (1992), sugerem que valores acima de 1,0 indicam uma situação muito favorável para seleção. Os valores para PE_n e PG_n ficaram compreendidos entre um valor mínimo de 1,11 e 1,01 (PAQ-4) e um valor máximo de 1,51 e 1,40 (PAQ-1). Com relação à variável AP e AE todas as populações (Tabela 10) apresentaram índice θ abaixo de 1. Os índices de variação foram superiores a 0,5 para os caracteres CE, DE e RD em todos os casos, com exceção a população PAQ-4 para caráter DE.

As estimativas de variância estão apresentadas na Tabela 10. Para PEn, na sequência das populações, os valores encontrados para a variância entre famílias ($\hat{\sigma}_p^2$) foram 250,99, 335,60, 263,21 e 338,05. Quanto à magnitude das estimativas, a sequência foi aproximadamente PAQ-1 $\approx$ PAQ-3 < PAQ-2 $\approx$ PAQ-4. A mesma sequência é observada para as estimativas da variância aditiva (σ_A^2) sob qualquer hipótese considerada. Hallauer e Miranda Filho (1988) reportaram estimativas médias, de um total de 99 trabalhos, de 469,1 para a estimativa da (σ_A^2); no presente trabalho, as estimativas de σ_A^2 foi na faixa de 330 a 450 (g/planta)², sob a hipótese H₃ ($\sigma_D^2 = \sigma_A^2$), um pouco inferiores à média relatada por Hallauer e Miranda Filho (1988) e um pouco superiores à estimativa média de 309 (g/planta)² relatada por Vencovsky et al. (1987). Os valores para o coeficiente de herdabilidade (h_f^2 : sentido amplo) para médias de famílias oscilaram entre 0,80 (PAQ-3 e PAQ-4) a 0,85 (PAQ-1 e PAQ-2). Sob a hipótese H₃ os coeficientes de herdabilidade no sentido restrito foram muito próximos nas quatro populações e na ordem de 0,520 a 0,570.

Para PGn, na sequência das populações, os valores encontrados para a variância entre famílias ($\hat{\sigma}_p^2$) foram 256,06; 269,71; 189,70 e 228,32. Quanto à magnitude das estimativas, a sequência foi aproximadamente PAQ-1 $\approx$ PAQ-2 > PAQ-3 < PAQ-4. A mesma sequência é observada para as estimativas da variância aditiva (σ_A^2) sob qualquer hipótese considerada. Os valores para o coeficiente de herdabilidade (h_f^2 : sentido amplo) para médias de famílias oscilaram entre 0,77(PAQ-4) a 0,85 (PAQ-1). Packer (1998) obteve valores de herdabilidade entre 54,4 e 65,3% para progênies de irmãos germanos obtidas de quatro populações. Ressalta-se, assim, o aumento médio que surge na variabilidade genética devido ao aumento da endogamia (Rodriguez; Hallauer, 1991; Edwards; Lamkey, 2002), podendo implicar em um aumento no progresso esperado por ciclo de seleção (Paterniani; Miranda Filho, 1987). Com base nos resultados encontrados para PEn, pode-se considerar que as quatro populações apresentam variabilidade suficiente para ser explorada em programas de seleção recorrente.

Para o caráter AP na sequência das populações, os valores encontrados para a variância entre famílias ($\hat{\sigma}_p^2$) foram 116,09; 127,05; 102,44 e 82,55. Quanto à magnitude das estimativas, a sequência foi aproximadamente PAQ-1 $\approx$ PAQ-2 >

PAQ-3 > PAQ-4. A mesma sequência é observada para as estimativas da variância aditiva (σ_A^2) sob qualquer hipótese considerada. Para a variável AE considera-se a mesma sequência. Os valores de AP para o coeficiente de herdabilidade (h_f^2 : sentido amplo) para médias de famílias oscilaram entre 0,68 (PAQ-3) a 0,75 (PAQ_s-1,2 e 4). Para o caráter AE o coeficiente de herdabilidade (h_f^2 : sentido amplo) para médias de famílias oscilaram entre 0,54 (PAQ-4) a 0,71 (PAQ,2).

Com relação ao caráter CE na sequência das populações, os valores encontrados para a variância entre famílias ($\hat{\sigma}_p^2$) foram 1, 122, 0, 865, 0, 641 e 0, 523. Quanto à magnitude das estimativas, a sequência foi aproximadamente PAQ-1 > PAQ-2 > PAQ-3 > PAQ-4. A mesma sequência é observada para as estimativas da variância aditiva (σ_A^2) sob qualquer hipótese considerada. Para o coeficiente de herdabilidade (h_f^2 : sentido amplo) para médias de famílias oscilaram entre 0,49 (PAQ-4) a 0,73 (PAQ-1).

O caráter DE apresenta na sequência das populações, os valores encontrados para a variância entre famílias ($\hat{\sigma}_p^2$) foram 8, 264, 2, 903, 7, 473 e 3, 428. Quanto à magnitude das estimativas, a sequência foi aproximadamente PAQ-1 ≈ PAQ-3 < PAQ-2 < PAQ-4. A mesma sequência é observada para as estimativas da variância aditiva (σ_A^2) sob qualquer hipótese considerada. Para o coeficiente de herdabilidade (h_f^2 : sentido amplo) para médias de famílias oscilaram entre 0,42 (PAQ-4) a 0,86 (PAQ-1).

4.4 Progênes S₁

4.4.1 Análise de variância

Com base nos resultados das análises de variâncias das quatro populações Tabela11, pôde ser verificado que estas apresentaram significância ao nível de 1% pelo teste F, para a fonte de variação progênes, com relação aos seis caracteres avaliados em estudo.

Por meio dos coeficientes de variação experimental Tabela11, considerando as classificações propostas por Scapim, Carvalho e Cruz. (1995) e Pimentel Gomes (2000), pode-se constatar uma alta precisão experimental em razão dos

baixos $CV_s\%$ para os seis caracteres em estudo, compreendido entre 2,94% a 13,38%.

Os valores dos coeficientes de variação genéticos ($CV_g\%$), que serve como indicativo do percentual de variabilidade genética existente na média da população, ficaram compreendidos dentro de um intervalo de 16,82% (PAQ-3) a 20,51% (PAQ-2) para o caráter PE_n . Para o caráter AP e AE, a população PAQ-1 (9,40%) e PAQ-2 (10,27%) apresentaram o maior indicativo do percentual de variabilidade genética.

Tabela 11. Quadrados médios da análise da variância e teste F para variação entre progênie S₁ em quatro populações de milho. Jataí (2012).

Fontes de variação		Caracteres*					
		PEn	AP	AE	CE	DE	RD
População PAQ-1							
F		14,50	11,52	3,065	9,234	5,095	2,853
Repetições	2	119,60	200,18	16,59	27,435	1,563	25,519
Famílias S ₁	16	488,59	714,01	334,03	56,858	19,991	18,275
Erro	32	33,69	62,00	108,97	6,157	3,924	6,405
CV%		8,345	4,103	9,602	5,763	4,713	10,66
População PAQ-2							
F		8,684	4,431	3,496	1,938	5,012	4,459
Repetições	2	25,64	4,69	20,35	9,090	4,797	5,2
Famílias S ₁	23	633,61	229,07	292,68	32,079	18,241	23,206
Erro	46	72,96	51,70	83,73	16,549	3,640	5,205
CV%		12,82	4,059	9,201	9,97	4,225	9,684
População PAQ-3							
F		5,743	7,861	5,045	4,643	8,557	12,87
Repetições	2	412,38	544,19	611,11	7,122	2,474	0,056
Famílias S ₁	28	538,45	434,52	226,53	46,989	34,046	71,217
Erro	56	93,76	55,27	44,90	10,120	3,979	4,044
CV%		13,38	3,687	5,826	7,897	4,627	5,557
População PAQ-4							
F		7,256	10,98	4,390	18,71	3,327	3,330
Repetições	2	26,56	15,82	107,86	1,038	0,595	52,412
Famílias S ₁	15	436,73	320,21	185,41	104,792	16,644	14,997
Erro	30	60,19	29,15	42,24	5,601	5,002	4,070
CV%		12,68	2,943	5,995	6,048	5,044	8,377

* [Caracteres — NE: número de espigas por planta, PE_n: peso de espigas (t/há⁻¹) corrigido para NE = 20, PE_n%: peso de espigas em percentagem de m₀, AP: altura da planta (cm), AE: altura da espiga (cm), R: relação AE/AP, CE: comprimento da espiga (cm), DE: diâmetro da espiga (cm), RD: grau de resistência a doenças]. ^{1,2}[Valores em parêntesis: médias expressas em percentagem da testemunha].

*Unidades de cálculo: PE_n PGN: g/planta; AP, AE, CE, DE: cm/planta; ^{1,2}[quadrados médios multiplicados por 10 e 10², respectivamente].

Analisando o caráter CE e DE, a população PAQ-4 (14,69%) e PAQ-3 (7,34%) apresentaram os maiores valores para $CV_g\%$. Os valores para RD ficaram

compreendidos entre um valor mínimo de 9,70% (PAQ-4) e um valor máximo de 13,54% (PAQ-3).

Os índices de variação foram superiores a 0,5 em todos os casos, considerando-se que de um modo geral, valores de θ em torno de 1,0 são bastante promissores para a seleção efetiva (Vencovsky; Barriga, 1992).

4.4.2 Parâmetros genéticos

Pelos parâmetros estimados Tabela 12, com relação as variáveis AP e AE pôde ser verificado que a população PAQ-1 apresentou, em termos de variância entre famílias (σ_s^2), as maiores valores 326,01 e 112,53 quando comparados aos das demais populações. Com relação às estimativas de herdabilidade (h_s^2) para AP, foram verificados valores entre 0,77 (PAQ-2) a 0,91 (PAQ-1).

Tabela 12. Estimativas da variância entre famílias S_1 (σ_s^2), coeficiente de herdabilidade para médias de famílias (h_s^2), coeficiente de variação genético ($CV_g\%$) e índice de variação (θ), para de seis caracteres em quatro populações. Jataí (2012).

Parâmetros ¹	Caracteres					
	PEn	AP	AE	CE	DE	RD
População PAQ-1						
σ_s^2	151,63	326,01	112,53	1,6900	5,3559	5,9351
h_s^2	0,931	0,913	0,674	0,892	0,804	0,650
$CV_g\%$	17,70	9,408	9,758	9,549	5,506	10,26
θ	2,121	2,293	1,016	1,657	1,168	0,963
População PAQ-2						
σ_s^2	186,9	88,69	104,48	0,5177	4,8672	9,0008
h_s^2	0,885	0,774	0,714	0,484	0,800	0,776
$CV_g\%$	20,51	5,316	10,278	5,578	4,886	12,73
θ	1,600	1,310	1,117	0,559	1,156	1,315
População PAQ-3						
σ_s^2	148,2	189,62	90,82	1,229	10,023	12,424
h_s^2	0,826	0,873	0,802	0,785	0,883	0,922
$CV_g\%$	16,82	6,830	8,285	8,702	7,344	13,54
θ	1,257	1,852	1,422	1,102	1,587	2,436
População PAQ-4						
σ_s^2	125,51	145,53	71,59	3,306	3,880	5,463
h_s^2	0,862	0,909	0,772	0,947	0,699	0,729
$CV_g\%$	18,32	6,576	7,805	15,69	4,442	9,705
θ	1,444	2,234	1,302	2,430	0,881	1,159

^a [Caracteres — NE: número de espigas por planta, PEn: peso de espigas (t/há⁻¹) corrigido para NE = 20, PEn%: peso de espigas em percentagem de m₀, AP: altura da planta (cm), AE: altura da espiga (cm), Я : relação AE/AP, CE: comprimento da espiga (cm), DE: diâmetro da espiga (cm), RD: grau de resistência a doenças]. ^b[Valores em parêntesis: médias expressas em percentagem da testemunha].

Os valores ficaram acima dos encontrados por Pinto, Lima Neto e Souza Júnior (2000) para amostras de 25, 50, 75 e 100 progênies, e próximos aos de Franchini et al (1998). Nájera e Moreno (2004), avaliando famílias S₁ em solos ácidos, constataram que houve uma redução no porte da planta e inserção da espiga, sendo que as estimativas de h²_s nessas variáveis foram consideradas altas, podendo este fato ser atribuído aos efeitos aditivos que atuaram no comportamento das populações. Outra possível explicação poderia estar ligada ao CV, uma vez que em solos ácidos existe uma grande variação na área experimental, que ocasiona a obtenção de erros experimentais elevados.

Com relação à variável PEn, os valores para (h²_s) oscilaram entre 0,82 (PAQ-3) a 0,93 (PAQ-1). De acordo com σ^2_s pode ser verificado a ordem PAQ-1 < PAQ-2 < PAQ-3 > PAQ-4. Daros; Amaral Júnior e Pereira (2004) trabalhando com 222 famílias S₁ de milho pipoca, encontrou valores de h²_% para peso de grãos de 84,15%. Packer (1998) obteve valores de herdabilidade entre 54,4 e 65,3% para progênies de irmãos germanos e 68,96 e 85,67% para progênies S₁ obtidas de quatro populações. Ressalta-se, assim, o aumento médio que surge na variabilidade genética devido ao aumento da endogamia (Rodriguez; Hallauer, 1991; Edwards; Lamkey, 2002), que pode implicar em um aumento no progresso esperado por ciclo de seleção (Paterniani; Miranda Filho, 1987). Com base nos resultados encontrados para PEn pode-se considerar que as quatro populações apresentam variabilidade suficiente para ser explorada em programas de seleção recorrente.

No tocante à variável AE para as populações PAQ-3 e PAQ-4, ocorreram às maiores estimativas de h²_s (0,80 e 0,77). Os maiores valores para os dados referentes à σ^2_s , com relação à variável AE, foram verificados para as populações PAQ-1 (112,53) e PAQ-2 (104,48). As populações apresentaram valores de h²_s entre 0,48 (PAQ-2) a 0,94 (PAQ-4) para CE, e estimativas de σ^2_s variando de 0, 517 (PAQ-2) a 3, 306 (PAQ-4). Com relação ao caráter DE as estimativas de herdabilidade estiveram dentro de um intervalo de 0,69 (PAQ-4) a 0,88 (PAQ-3), e as estimativas de σ^2_s ficaram compreendidas em intervalo de 3,88 (PAQ-4) a 10,02 (PAQ-3).

5 CONCLUSÕES

O presente estudo mostrou bom potencial de produtividade das populações semiexóticas, principalmente as populações PAQ-01e PAQ-02, com produção de 54,6% e 57,5% das testemunhas.

Os resultados indicam a viabilidade da introgressão de germoplasma exótico para precocidade.

As quatro populações de famílias de autofecundação apresentaram elevado peso de espigas, e suas famílias S_1 apresentaram variabilidade suficiente para serem exploradas em programas de seleção recorrente.

A população PAQ-03 apresentou a maior produtividade média e, apesar da menor variabilidade genética de suas famílias S_1 , pode ser direcionada mais especificamente para trabalhos de melhoramento intrapopulacional.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRAFICAS

AGROCERES. **Guia Agrocere de Sanidade**. São Paulo: Agrocere, 1994. 56p.

ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. New York: J. Willey, 1960. 485p.

AMARAL JÚNIOR, A.; FREITAS JÚNIOR, S.P.; RANGEL, R.M.; et al. Quantitative variation in the tropical maize population ESALQ-PB1. **Scientia Agricola**, v. 65, p.174-182, 2008.

ANDRADE, J. A. C.; MIRANDA FILHO, J. B. Quantitative variation in the tropical maize population ESALQPB1. **Scientia Agricola**, v. 65, p. 174-182, 2008.

ANJOS, M. H. G.; ANDRADE, J. A. C. **Variabilidade genética no composto Flintisa de milho (*Zeamays* L.)**. CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 23, Uberlândia, 2000. Resumos. Sete Lagoas: ABMS/Embrapa Milho e Sorgo/ Universidade Federal de Uberlândia, 2000. p. 33.

ARIAS, C. A. A.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Genetic variance and covariance components related to intra – and interpopulation recurrent selection in maize (*Zea mays* L.). **Genetics and Molecular Biology**, v. 21, n. 4, p. 537-544, 1998.

BENITEZ TORRES, L. **Avaliação de progênies de irmãos germanos obtidos por cruzamento em cadeia em duas populações de milho (*Zeamays* L.)**. 1986. 102 f. Piracicaba, Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura ‘Luís de Queiroz’, Universidade de São Paulo, 1986.

BROWN, W. L. Sources of germoplasm for hybrid corn. **Proc. Of the 8th Annu. HybridCorn Ind. Res. Conf.**, v. 8: p. 11-16, 1953.

BUSO, J. A. **Estimativas de parâmetros genéticos de caracteres de plantas e bulbo de cebola (*Allium cepa* L.)**. 1978. 132 f. Dissertação (Mestrado). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1978.

CARVALHO, H. W. L.; LEAL, M. L. S.; SANTOS, M. X. et al. Potencial genético da cultivar de milho BR-5011-Sertanejo nos tabuleiros costeiros do nordeste brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n.6, p. 1169-1176, 2000.

COCKERHAM, C. C. Covariances of relatives from self – fertilization. **Crop Science**, Madison, v. 23, p. 1177–1180, 1983.

COMPTON, W. A.; LONNQUIST, J. H. A multiplicative selection index applied to four cycles of full-sib recurrent selection in maize. **Crop Science**, Madison, v. 22, p. 981-983, 1982.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Safras – Grãos**. Disponível em: <http://www.conab.gov.br>. Acesso em: 27, novembro, 2012.

COSTA, F. M. P.; MIRANDA FILHO J. B.; NASS, L. L. **Valor genético de um composto selecionado para resistência à *Phaeosferiamaidis***. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO. Uberlândia. Resumos. Sete Lagoas: ABMS/Embrapa Milho e Sorgo/ Universidade Federal de Uberlândia, 2000. p. 66.

COSTA, F. M. P.; GORGULHO, E. P.; MIRANDA FILHO, J. B. **Yield potential and variability in the maize composite RPM (resistance to *Phaeosphaeria maydis*)**. In: Anais do III SIRGEALC, p. 626-628, 2001.

CROSSA, J.; GARDNER, C. O.; MUMM, R. F. Heterosis among populations of maize (*Zea mays* L.) with different levels of exotic germplasm. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlim, v. 73, p. 445-450, 1987.

CROW, J. F.; KIMURA, M. **An introduction to population genetics theory**. Minneapolis: Alpha Editions, 1970, 591p.

DAROS, M.; AMARAL JUNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G. et al. Selection in inbred popcorn families. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 61, n. 6, p. 609-614, 2004.

DUDLEY, J. W. Theory for transfer off alleles. **Crop Science**, Madison, v. 22, p. 631-637, 1982.

EBERHART, S. A. Regional maize diallels with U.S. and semi-exotic varieties. **Crops Science**, Madison, v. 11, p. 911-914, 1971.

EBERHART, S. A.; GARDNER, C. O. A general model for genetic effects. **Biometrics**, v. 22, p. 864-881, 1966.

EDWARDS, J. W.; LAMKEY, K. R. Quantitative genetics of inbreeding in a synthetic maize population. **Crop Science**, Madison, v.42, p. 1094-1104, 2002.

EFRON, Y.; EVERETT, H. L. Evaluation of exotic germplasm for improving corn hybrids in northern United States. **Crop Science**, Madison, v. 9, p. 44-47, 1969.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 3rd ed. New York: Longman, 1989. 340 p.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development – theory and technique**. 2 ed. New York Macmillan Publishing Co., 1987. 536 p.

FISHER, W. R. **Principes of cultivar development**. New York: Macmillan Publishing Company, 1918. 536 p.

FRANCHINI, C. R. B.; AYALA-OSUNA, J. T.; LARA, F.M. et al. Avaliação dos parâmetros genéticos em progênies de meios irmãos de uma sub-população de milho composto “Flint” para resistência à lagarta-da-espiga *Helicoverpa zea* (Bod.). **Anais da Sociedade Entomológica do Brasil**, v. 27, n. 4, p. 605-609, 1998.

FRANK, T. E.; HALLAUER, A. R. Inter and intrapopulation genetic variances after ten cycles of reciprocal full-sib recurrent selection in the BS10 and BS11 synthetic maize populations. **Maydica**, v. 44, p. 9-24, 1999.

GALAL, H. E.; ABD-ALLA, S. A.; KASSABY, Y. A. Effect of sample size on precision of the estimates of genetic variance in maize. I. Ear characters. **Egypty Journal Genetics Cytology**, v. 6, p. 306-318, 1977.

GALINAT, W. C. The origin of corn. In: SPRAGUE, G. F., ed. Corn and corn improvement. Madison, **American Society of Agronomy**, p. 1-47, 1977.

GAMA, E. E. G.; VIANNA, R. T.; NASPOLI FILHO, V. et al. Efeito depressivo da endogamia em gerações avançadas de quatro tipos genéticos de híbridos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 20, p. 1293-1300, 1985.

GENTER, C. F. Mass selection in a composite of intercrosses of Mexican races of maize. **Crop Science**. Madison, v. 16, p. 556-558, 1976.

GERALDI, I. O.; VENCOVSKY, R. Depressão por endogamia em populações de milho. In: Reunião Brasileira de Milho e Sorgo, 1980, Londrina. **ANAIS...** Londrina, IAPAR, p.45, 1980.

GOODMAN, M. M. Estimates of genetic variance in adapted and exotic populations of maize. **Crop Science**, Madison, 5: 87-90, 1965.

GORGULHO, E. P.; MIRANDA FILHO, J. B.; COSTA, F. M. P. Yield potential and variability in the maize composite RCE (resistance to corn stunt complex). In: **Anais do III SIRGEALC**, p. 643-645, 2001.

GRIFFING, B.; LINDSTROM, E. W. A study of the combining abilities of corn inbreds having varying proportions of Corn Belt and non Corn Belt germplasm. **Agronomy Journal**, Madison, v. 46, p. 545-552, 1954.

GUL ZAFFAR, G. H. Z.; SHAFIQ, W. A. Estimation of genetic variances in a maize composite. **Indian Journal Genetics**, v.61, n.2, p.111-114, 2001.

HALLAUER, A. R. Breeding systems. In: CHRISTIE, B. R. (Ed.) **Handbook of plant science in agriculture**. v. 1, Boca Raton: CRC Press, p. 61-87, 1987.

HALLAUER, A. R. Potential of exotic germplasm for maize improvemet. In: WALDEN, D. B., (Ed). **Maize breeding and genetics**. New York, John Wiley. p. 229-277, 1978.

HALLAUER, A. R. Relation of quantitative genetics to applied maize breeding. **Revista Brasileira de Genética**, v. 3, p. 207-233, 1980.

HALLAUER, A. R. History, contribution, and future of quantitative genetics in plant breeding: lessons from maize. **Crop Science**, Madison, v. 47, p, 4-19, 2007.

HALLAUER, A. R; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 663p.

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

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2.ed. Ames: Iowa State University Press, 1995. 468 p.

HARLAND, S. C. A new method of maize improvement. **Tropical Agriculture**, v. 23, p.112, 1946.

HOYT, E. **Conservação dos parentes silvestres das plantas cultivadas**. s.l.: IBPGR/IUCN/WWF/Addison–Wesley Iberoamericana 1992, 52 p.

JONES, D. F. Continued inbreeding in maize, **Genetics**, Bethesda, v. 24, p. 462–473, 1939.

KASSOUF, A. L.; MIRANDA FILHO, J. B. Variabilidade e endogamia na população de milho ESALQ-PB1. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15., Maceió, 1984. **Anais**. Brasília, EMBRAPA/DDT, p. 119-31, 1986.

KIST, V.; OGLIARI, J. B.; MIRANDA FILHO, J. B.; et al. Genetic potential of a maize population from Southther Brazil for the modified convergent-divergent selection scheme. **Euphytica**, v. 176, p. 25-36, 2010.

KRAMER, H. H.; ULLSTRUP, A. J. Preliminary evaluation of exotic maize germplasm. **Agronomy Journal**, Madison, v. 51, p. 687-689, 1959.

LIMA, M.; MIRANDA FILHO, J. B.; GALLO, P. B. Inbreeding depression in brazilian populations of maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, Bergamo, v. 29, p. 203-215, 1984.

LIMA, M.; FURLANI, P. R.; MIRANDA FILHO, J. B. de. Divergent selection for aluminum tolerance in a maize (*Zea mays* L.) population. **Maydica**, Bergamo, v.37, p.123-132, Jan./Mar. 1992.

LONNQUIST, J. H. Progress from recurrent selection procedures for the improvement of corn populations. **Nebraska Agriculture Experimental Station Bulletin**, n. 197, p.1-33, 1961.

LONNQUIST, J. H. Consideration and experiences with recombinations of exotic and Corn Belt maize germplasms. In: ANNUAL CORN AND SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, Chicago, 1974. **Proceedings**. Washington, American Seed Trade Association, 1974. p. 102-117.

MACAGNAN, I. **Seleção entre e dentro de progênies na população de milho (ZeamaysL.) C.P.A 5202A, sem sementes remanescentes**. 1995. Dissertação (Mestrado). UFPEL. Pelotas. 1995.

MALDONADO, F. A. A.; MIRANDA FILHO, J. B. Inbreeding depression in maize populations of reduced size. **Scientia agrícola**, Piracicaba, v. 59, n. 2, p. 335-340, 2002.

MIRANDA FILHO, J. B. **Seleção e Métodos de Melhoramento**. Anais da 14^a Reunião Regional da Soc. Bras. Genética (Jaboticabal,SP), p.145-150, 1981.

MIRANDA FILHO, J. B. **Componentes da variância genética em progênes de cruzamentos em cadeia**. Piracicaba: ESALQ, Dept. Gen., Inst. Genética, (Relatório Científico,16), p.77-86, 1982.

MIRANDA FILHO, J. B. Breeding methodologies for tropical maize. In: BRANDOLINI, A.; SALAMINI, F., ed. **Breeding strategies for maize production improvement in the tropics**. Florence, FAO, p. 177-206, 1985.

MIRANDA FILHO, J. B. **Chain crosses for estimating components of the genetic variance**. A.R.Hallauer International Symposium on Plant Breeding. Abstracts, p. 274-275, 2003.

MIRANDA FILHO, J. B. de; MEIRELLES, W. F. Depressão por endogamia em progênes S_1 de duas populações de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, Belo Horizonte, 1986. **Anais**. Sete Lagoas: EMBRAPA, CNPMS, 1986. p. 320-327.

MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. Milho Híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed). Melhoramento e produção do milho. Campinas: **Fundação Cargill**, v.1, p.277-340, 1987.

MIRANDA FILHO, J. B.; COSTA, F. M. P.; GORGULHO, E. P. Yield potential and variability in the maize composite RET (resistance to *Exserohilum turcicum*). In: **Anais do III SIRGEALC**, p. 659-661, 2001a.

MIRANDA FILHO, J. B.; GORGULHO, E. P.; COSTA, F. M. P. Yield potential and variability in the maize composite RPP (resistance to *Puccinia polysora*). In: **Anais do III SIRGEALC**, p. 662-664, 2001b.

MIRANDA FILHO, J. B.; GORGULHO, E. P.; COSTA, F. M. P. Yield potential and variability in the maize composite RPZ (resistance to *Physopella zaeae*). In: **Anais do III SIRGEALC**, p. 665-667. 2001c.

MIRANDA FILHO, J. B.; CUNHA, R. N. V. **Componentes da variância em progênies de cruzamentos em cadeia na população de milho (*Zeamays* L.) GN-04**. 6^o Congr. Bras. Melhoramento de Plantas, Búzios (RJ), 5p, 2011.

MIRANDA J. E. C.; COSTA C. P.; CRUZ, C. D. Correlações genotípica e de ambiente entre caracteres de fruto e planta de pimentão (*Capsicum annum* L.). **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 11, n. 2, p. 457-468, 1988.

MOTA, M.G.C. **Comportamento de progênies de meios irmãos e S₁ na variedade de milho (*Zea mays* L.) Centralmex**. 1974. 73 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1974.

MUNGOMA, C.; POLLAK, L. M. Heterotic patterns among ten Corn Belt and exotic maize populations. **Crop Science**, Madison, v. 28, p. 500-504, 1988.

NÁJERA, G. C.; MORENO, L. L. Comportamiento de famílias S₁ de maiz em distintos pH del suelo. **Bragantia**, Campinas, v. 63, n. 1, p. 63-72, 2004.

NASS, L. L. **Variabilidade genética de populações semiexóticas de milho (*Zeamays* L.)**. 1992, 141 f. Tese (Doutorado). Escola Superior de Agricultura Luís de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.

NASS, L. L.; MIRANDA FILHO, J. B. Inbreeding depression rates of two semi-exotic maize (*Zeamays* L.) populations. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v. 18, p. 585-592, 1995.

NASS, L. L.; MIRANDA FILHO, J. B.; SANTOS, M. X. Uso de germoplasma exótico no melhoramento. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S., et al. (eds.) – **Recursos Genéticos e Melhoramento: Plantas**. Fundação MT, Rondonópolis (MT), p. 101-122, 2001.

NELSON, M. G. **The use of exotic germplasm in practical corn breeding programs**. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY – RESEARCH CONFERENCE,

Chicago, 1972. **Proceedings**. Washington, American Seed Trade Association, 1972, p. 115-118.

OBILANA, A. T.; HALLAUER, A. R.; SMITH, O. S. Estimated genetic variability in a maize interpopulation. **The Journal of Heredity**, v.70, p.127-132, 1979.

PACKER, D. **Variabilidade genética e endogamia em quatro populações de milho (Zeamays L.)**. 1998. 102 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.

PALHARES, M. **Distribuição e população de plantas e produtividade de grãos de milho**. 2003. 90 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queirós, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

PATERNIANI, E. **Evaluation of maize germplasm for the improvemet of yield**. UN Conf. Appl. Sci. Tech. Benefit Less Developed Areas, 1962. p. 1-3.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed.), Fundação Cargill, Piracicaba p. 202, 256, 1987.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 7 ed., Piracicaba, 1977, 448p.

PINTO, R. M.; LIMA NETO, F.P; SOUZA JUNIOR, C. L. Estimativa do número apropriado de progênies S_1 para a seleção recorrente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n.1, p. 63-73, 2000.

RAMALHO, M. A. P. **Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas**. 1977. 122 f. Tese (Doutorado) Escola Superior de Agricultura Luís de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1977.

RIBEIRO, R. M.; MORAIS R. C.; SCHUELTER, A. R. Improvement of a popcorn population using selection indexes from a fourth cycle of recurrent selection program carried out in two different environments. **Genetics and Molecular Research**, v. 9, n. 1, p. 340-347, 2010.

RODRIGUES, L. O.; MIRANDA FILHO, J. B.; REIS, E. F et al. **Variabilidade em populações de milho na região do sudoeste de Goiás**. XXIX Congresso Nacional de Milho e Sorgo. Águas de Lindóia (SP), 2012.

RODRIGUEZ, O. A.; HALLAUER, A. R. Variation among full-sib families of corn for different generations of inbreeding. **Crop Science**, Madison, v. 31, p.43-47, 1991.

SAMPAIO, N. F. **Propriedades genéticas e potencial para o melhoramento dos compostos de milho (Zeamays L.) ESALQ-PB4 e ESALQ-PB5**. 1986. 105 f. Dissertação (Mestrado). Escola Superior de Agricultura Luís de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1986.

SANTOS, M. X. **Estudo do potencial genético de duas raças brasileiras de milho (Zeamays L.) para fins de melhoramento**. 1985. 186 f. Tese (Doutorado). Escola Superior de Agricultura Luís de Queiroz. Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1985.

SANTOS, M. X.; MIRANDA FILHO, J. B. Genetic potential of two Brazilian races of maize (*Zea mays* L.) for inbreeding purposes. **Journal of Genetics and Breeding**, Roma, v. 46, p. 83-90, 1992.

SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n.5, p. 683-686, 1995.

SCAPIM, C. A.; LUCCA E BACCINI, A.; PINTO, R. J. B.; et al. Componentes genéticos de médias e depressão por endogamia em populações de milho pipoca. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 1, p. 36-41, 2006.

SHAUMAN, W. L. **Effect of incorporation of exotic germoplasm on variance components of an adapted open – pollinated corn variety at two populations densities**. Lincoln, 1971. 93p. (Ph.D. University of Nebraska).

SILVA, R. M. Valor genético e potencial heterótico de populações de milho (*Zeamays* L.) Piracicaba, 2001. 121p. **Tese (Doutorado)**. Escola Superior de Agricultura Luís de Queiroz. Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

SIMON, G. A.; SCAPIM, C. A.; PACHECO, C. A. P., et al. Depressão por endogamia em populações de milho pipoca. **Bragantia**, Campinas, v. 63, n. 1, p. 55-62, 2004.

SIQUEIRA, W. J.; ILLG, R. D.; FORNAISIER, J. B.; GRANJA, N. P. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e eficiência de três métodos de seleção no melhoramento da cenoura, variedade Campinas. **Revista Brasileira de Genética**, n. 17, v. 4, p. 417-424, 1994.

SOUZA JÚNIOR, C. L. **Variabilidade genética em milho (*Zea mays* L.) e relações com a seleção recorrente intra e interpopulacional**. 1983. 151 f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura Luís de Queiroz. Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1983.

SPRAGUE, G. F. Germplasm resources of plants: their preservation and use. **Annual Review oh Phytopathology**, Palo Alto, v. 18, p. 147-65, 1980.

THOMPSON, D. L. Silage yield of exotic corn. **Agronomy Journal**, Madison, v. 60, p. 579-581, 1968.

TROYER, A. F.; BROWN, N. L. Selection for early flowering in corn. **Crop Science**, Madison, v. 12, p. 301-304, 1972.

VALOIS, A. C. C. **Eficiência comparativa de quarto métodos de seleção em uma população melhorada de milho (*Zeamays* L.)**. 1982. 119 f. Tese (Doutorado).

Escola Superior de Agricultura Luís de Queiroz. Universidade de São Paulo, Piracicaba , 1982.

VALOIS, A. C. C.; MIRANDA FILHO, J. B. Comparação entre métodos de seleção em milho cv. Centralmex. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 19, p. 479-488, 1984.

VENCOVSKI, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fito melhoramento**. Sociedade Brasileira de genética, Ribeirão Preto, 1992, 496p.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (ed.) Melhoramento e produção do milho. Campinas, **Fundação Cargil**, v.1, p. 137-214, 1987.

VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J. B.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Quantitative genetics and corn breeding im Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., Raleigh, 1987. **Proceedings**. Sunderland: Sinauer, 1988. p. 465-77.

VIANNA, R. T.; GOMES e GAMA, E. E.; NASPOLI FILHO, V.; et al. Inbreeding depression of several introduced populations of maize (*Zea mays* L.) **Maydica**, Bergamo, v. 27, p. 151-157, 1982.

WELLAUSEN, E. J. Improving American corn with exotic germoplasm. **Prec. Of the 11th Hybrid Corn Ind. Res. Conf.**, v. 11, p. 85-96., 1956.

WELLHAUSEN, E. J. Exotic germoplasm for improvement of Corn Belt maize. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY- RESERCH CONFERENCE, Chigaco, 1965. **Proceedings. Washington, American Seed Trade Association**, 1965. p. 31-45.

WOLF, D. P.; PETERNELLI, L. A.; HALLAUER, A. R. Estimates of genetic variance in an F2 maize population. **The Journal of Heredity**, v. 91. n. 5, p. 384-391, 2000.