

Ficha catalográfica preparada pela Área de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV

T

A851v
1990

Assunção, Maurício da Silva.

Variabilidade genética nos milhos braquíticos
'Piranão' e 'Cimmyt' e avaliação de seus híbridos
crípticos. Viçosa, UFV, 1990.
70p.

Tese (M.S.) - UFV

1. Milho - Melhoramento genético. 2. Milho -
Variedades - Seleção. 3. Milho híbrido - Seleção.
4. Milho braquítico - Seleção. 5. Milho - Porte
baixo. I. Universidade Federal de Viçosa. II. Títu-
lo.

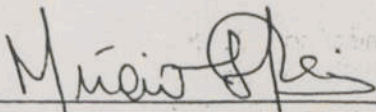
CDD 18.ed. 633.153
CDD 19.ed. 633.153

MAURÍCIO DA SILVA ASSUNÇÃO

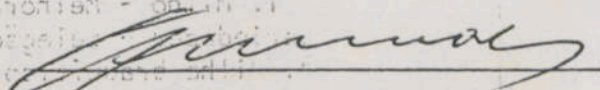
VARIABILIDADE GENÉTICA NOS MILHOS BRAQUÍTICOS 'PIRANÃO' E
'CIMMYT' E AVALIAÇÃO DE SEUS HÍBRIDOS CRÍPTICOS

Tese Apresentada à Universidade
Federal de Viçosa, como Parte das
Exigências do Curso de Genética e
Melhoramento, para Obtenção do
Título de "Magister Scientiae".

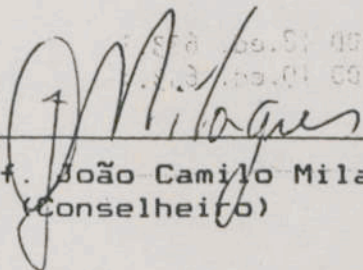
APROVADA: 15 de setembro de 1989.



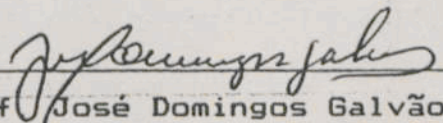
Prof. Múcio Silva Reis



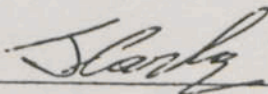
Prof. Carlos F. de Moraes



Prof. João Camilo Milagres
(Conselheiro)



Prof. José Domingos Galvão



Prof. José Carlos Silva
(Orientador)

AGRADECIMENTOS

A minha esposa Leonor, Lica, pela oportunidade de

Aos meus filhos Caio e Tiago,

Ap. Professor Dr. José Carlos DEDICO, pela orientação,

Aos meus pais Paulo e Francisca,

Aos meus irmãos Maura, Matilde,

Milton, Marcos, Mariza e Mirene,

OFEREÇO

Aos funcionários do Curso de Genética da Universidade Federal de Viçosa, em especial ao técnico Geraldo Francisco de Carvalho, pela amizade e pela colaboração nos trabalhos de campo.

Aos colegas de curso, em especial ao Pedro Hélio E. Ribeiro, Rosildo N. Araujo Jr., Marcelo S. Silveira e Wellington T. Santos, pelo convívio e pela amizade.

AGRADECIMENTOS

Aos meus colegas de curso, em especial ao Pedro Hélio E. Ribeiro, pelo apoio nas horas difíceis.

À Edir da Dilvete Barbosa, pela revisão do trabalho.

À Pioneer Sementes Ltda., pela oportunidade de aperfeiçoamento técnico, em nível de mestrado.

Ao Professor Dr. José Carlos Silva, pela amizade, pelos ensinamentos e pela orientação segura na realização deste trabalho.

Aos Professores José Domingos Galvão, João Camilo Milagres, Carlos Floriano de Moraes, Múcio Silva Reis e Tuneo Sedyama, pelas críticas e sugestões.

Aos amigos Dr. Mauro Cândido de Souza Dias (in memoriam) e à sua esposa Nadir Ribeiro de Souza, aos quais devo minha formação acadêmica na área agrônômica.

Ao melhorista da Pioneer Hi-Bred International Inc., Joseph David Anderson, pela contribuição na minha formação profissional e pelo estímulo à minha especialização.

Aos Professores Adair José Regazzi e Cosme Damião Cruz, pelas sugestões.

Aos colegas Orlando P. de Moraes, Paulo A. Ximenes e sua esposa Augusta M. A. S. Ximenes, pela amizade e pelas sugestões.

Aos funcionários do Campo de Genética da Universidade Federal de Viçosa, em especial ao técnico Geraldo Francisco de Carvalho, pela amizade e pela colaboração nos trabalhos de campo.

Aos colegas de curso, em especial ao Pedro Hélio E. Ribeiro, Romildo R. Azevedo Jr., Marcelo G. Silveira e Nerilson T. Santos, pelo convívio e pela amizade.

Aos meus sogros Lourival P. Feliciano e Luiza J. Di Lázaro, pelo apoio nas horas difíceis.

Ao Edir de Oliveira Barbosa, pela revisão de Português.

A todos que, de alguma forma, contribuíram para a realização deste trabalho.

Finalmente, gostaria de expressar meus sinceros agradecimentos à minha esposa Leonor Primo F. Assunção, pelo apoio incessante e pela paciência e dedicação à nossa família, em todos os momentos.

BIOGRAFIA

CONTÉUDO

Página

MAURÍCIO DA SILVA ASSUNÇÃO, filho de Paulo Ferreira Assunção e Francisca da Silva Assunção, nasceu em São Cristóvão-SE, no dia primeiro de agosto de 1958.

Em janeiro de 1982, graduou-se em Engenharia Agrônômica pela Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, "Campus" de Jaboticabal.

Em maio de 1982, foi admitido pela Companhia Pioneer Sementes Ltda., para trabalhar na Estação Experimental de Itumbiara-GO, na área de melhoramento de milho e sorgo.

Em fevereiro de 1987, iniciou o Curso de Mestrado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa-MG.

Atualmente, mantém vínculo empregatício com a Companhia Pioneer Sementes Ltda.

3.2.3. Análise Estatística 27

3.2.3.1. Análise de Variância 28

3.2.3.2. Análise para obter as Covariâncias 31

3.2.3.3. Estimativas das Correlações 33

3.2.4. Precisão das Estimativas 34

3.2.4.1. Variâncias Associadas às Estimativas
de Variâncias Genética (V_{G^2}),
Ambiental (V_{A^2}) e Fenotípica (V_{F^2})
em Nível de Média de Progenies B_1 's 35

CONTEUDO

	Página
LISTA DE QUADROS	viii
EXTRATO	xi
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Generalidades sobre o Gene Braquítico-2	6
2.2. Melhoramento de Milho	10
2.2.1. Considerações Gerais	10
2.2.2. Considerações sobre Melhoramento de Popu- lações.....	11
2.2.3. Considerações sobre Caracteres Correlacio- nados	17
3. MATERIAL E METODOS	20
3.1. Origem do Material	20
3.2. Métodos	21
3.2.1. Obtenção do Material	22
3.2.2. Condução dos Experimentos	23
3.2.2.1. Coleta de Dados.....	24
3.2.2.2. Correção dos Dados.....	26

3.2.3. Análise Estatística	27
3.2.3.1. Análise de Variância	28
3.2.3.2. Análise para Obter as Covariâncias ...	31
3.2.3.3. Estimativas das Correlações	33
3.2.4. Precisão das Estimativas	34
3.2.4.1. Variâncias Associadas às Estimativas de Variâncias Genética [$\hat{V}(\sigma_G^2)$], Ambiental [$\hat{V}(\sigma_E^2)$] e Fenotípica [$\hat{V}(\hat{V}_F)$] em Nível de Média de Progênes S_1 's ..	35
3.2.4.2. Variâncias Associadas às Estimativas de Coeficientes de Herdabilidade (\hat{h}_m^2), em Nível de Médias de Progênes S_1 's	36
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	37
4.1. Estimativas de Médias	37
4.2. Análises de Variância	40
4.3. Estimativas de Parâmetros Genético, Ambiental e Fenotípico	49
4.4. Correlações Genética, Ambiental e Fenotípica ..	55
5. RESUMO E CONCLUSÕES	60
BIBLIOGRAFIA	65

da Variação Relativa em 12 Caracteres Estudados no Experimento I (Híbridos S₀ x S₀). Viçosa-MG, 1977/78

Resumo da Análise de Variância em Blocos ao Acaso, das 12 Características Estudadas no Experimento II (Progenitores S₁ e S₂ da Variedade Piracema). Viçosa-MG, 1977/78

Resumo da Análise de Variância em Blocos ao Acaso, das 12 Características Estudadas no Experimento III (Progenitores S₁ e S₂ da Variedade Piracema). Viçosa-MG, 1977/78

LISTA DE QUADROS

QUADRO		Página
1	Métodos de Seleção Recorrente para Melhoramento Intra e Interpopulacional (HALLAUER, 1980)	15
2	Esquema da Análise de Variância em Blocos ao Acaso, com as Esperanças dos Quadrados Médios, para Todos os Caracteres Estudados no Experimento I (Híbridos S ₀ x S ₀)	29
3	Esquema da Análise de Variância em Blocos ao Acaso, com as Esperanças dos Quadrados Médios, para Todos os Caracteres Estudados nos Experimentos II e III	30
4	Esquema para Estimar as Covariâncias entre cada par de Caracteres e Esperanças dos Produtos Médios nos Experimentos II e III	32
5	Estimativas das Médias com os Respectiveiros Erros-Padrão, em Valor Absoluto e em %, dos Caracteres Altura de Planta (AP), em m, Altura de Espiga (AE), em m, Número de Plantas Acamadas/Parcela (PA), Número de Plantas Quebradas/Parcela (PQ), "Stand" (STD), Número de Espigas/Parcela (NE), Peso de 50 Grãos (PG50), em g, Peso de Espigas/Parcela (PE), em kg, Peso de Grãos/Parcela (PG), em kg, Número de Folhas Acima da Espiga (FACI), Número de Folhas Abaixo da Espiga (FABA) e Umidade (UMID), em %, Estudados nos Experimentos I, II e III. Viçosa-MG, 1977/78 ^a	38
6	Resumo da Análise de Variância em Blocos ao Acaso, com Decomposição dos Graus de Liberdade para Tratamento, e Estimativas dos Coeficientes	

	de Variação Relativos aos 12 Caracteres Estudados no Experimento I (Híbridos $S_0 \times S_0$). Viçosa-MG, 1977/78	41
7	Resumo da Análise de Variância em Blocos ao Acaso, das 10 Características Estudadas no Experimento II (Progênes S_1 's da Variedade Piranão). Viçosa-MG, 1977/78	42
8	Resumo da Análise de Variância em Blocos ao Acaso, das 10 Características Estudadas no Experimento III (Progênes S_1 's da Variedade CIMMYT). Viçosa-MG, 1977/78	43
9	Produção em Grãos (kg/ha), em Ordem Decrescente, Corrigida para Umidade de 15,5% e "Stand" Ideal de 24 Plantas por Parcela, e Porcentagens em Relação à Média Geral do Experimento, das 12 Características Estudadas no Experimento I ^{b/} . Viçosa-MG, 1977/78	45
10	Estimativas de Variâncias Genética (δ_G^2), Ambiental (δ_E^2) e Fenotípica (σ_F^2), em Nível de Médias de Progênes com Desvios-Padrão, em Valor Absoluto e em %, para as 10 Características Estudadas no Experimento II ^a . Viçosa-MG, 1977/78	50
11	Estimativas de Variâncias Genética (δ_G^2), Ambiental (δ_E^2) e Fenotípica (σ_F^2), em Nível de Médias de Progênes, com Desvios-Padrão, em Valor Absoluto e em %, para as 10 Características Estudadas no Experimento III. Viçosa-MG, 1977/78 ^{a/}	51
12	Estimativas Obtidas em Nível de Médias de Progênes dos Coeficientes de Herdabilidade (h^2) no Sentido Restrito, com seus Respectivos Desvios-Padrão, em Valor Absoluto e em %, das 10 Características Estudadas nos Experimentos II e III Viçosa-MG, 1977/78 ^{a/}	53
13	Coeficientes de Correlações Genética (r_G), Ambiental (r_E) e Fenotípica (r_F), Correspondentes às Combinações dos Caracteres Altura de Planta (AP), em m, Altura de Espiga (AE), em m, Número de Plantas Acamadas/Parcela (PA), Número de Plantas Quebradas/Parcela (PQ), "Stand" (STD), Número de Espigas/Parcela (NE), Peso de 50 Grãos (PG50), em g, Peso de Espigas/Parcela (PE), em kg, Peso de Grãos/Parcela (PG), em kg, e Umidade (UMID), em %, Estudados no Experimento II (Progênes S_1 's do 'Piranão'). Viçosa-MG, 1977/78	56

4	Coeficientes de Correlações Genética (r_G), Ambiental (r_E) e Fenotípica (r_F), Correspondentes às Combinações dos Caracteres Altura de Planta (AP), em m, Altura de Espiga (AE), em m, Número de Plantas Acamadas/Parcela (PA), Número de Plantas Quebradas/Parcela (PQ), "Stand" (STD), Número de Espigas/Parcela (NE), Peso de 50 Grãos (PG50), em g, Peso de Espigas/Parcela (PE), em kg, Peso de Grãos/Parcela (PG), em kg, e Umidade (UMID), em %, Estudados no Experimento III (Progenies S_1 's do 'CIMMYT'). Viçosa-MG, 1977/78	57
---	---	----

EXTRATO

ASSUNÇÃO, Maurício da Silva, M.S., Universidade Federal de Viçosa, março de 1990. Variabilidade genética nos milhos braquíticos 'Piranão' e 'CIMMYT' e avaliação de seus híbridos crípticos. Professor Orientador: José Carlos Silva. Professores Conselheiros: Tuneo Sedyama e João Camilo Milagres.

No presente trabalho, avaliaram-se os híbridos, planta a planta ($S_0 \times S_0$), obtidos de cruzamentos entre as variedades braquíticas Piranão e CIMMYT, e estudou-se a variabilidade genética em ambas as variedades, por meio de avaliação de suas respectivas progênes S_1 's, em "lattice" simples. Um ensaio com híbridos ($S_0 \times S_0$) teve 81 entradas no total, incluindo as testemunhas ('Piranão', 'CIMMYT' e o híbrido comercial 'AG-305 B' produzido pela Companhia de Sementes Agroceres S/A). Outros dois ensaios tiveram, respectivamente, 169 e 144 progênes S_1 's das variedades Piranão e CIMMYT. Os caracteres estudados foram: altura de planta, altura de espiga, número de plantas acamadas, número de plantas quebradas, "stand" final, número de espigas,

peso de 50 grãos, peso de espigas, peso de grãos, número de folhas acima da espiga, número de folhas abaixo da espiga e umidade. No experimento dos híbridos ($S_0 \times S_0$), onde o efeito de tratamentos foi considerado como fixo, decidiu-se selecionar 21 híbridos ($S_0 \times S_0$) superiores em relação à produção. Estes híbridos tiveram 10% da produção maior que a média geral do experimento e, também, 14, 18 e 51% de produção maior que as testemunhas 'Piranão', 'AG-305 B' e 'CIMMYT', respectivamente. Para os outros dois experimentos das progênies S_1 's, onde se considerou o efeito de progênies como aleatório, encontrou-se significância em quase todos os caracteres estudados, evidenciando considerável variabilidade genética em ambas as variedades, passível de ser explorada num programa de melhoramento. Tais evidências também puderam ser verificadas pelos altos coeficientes de herdabilidade obtidos para a maioria dos caracteres estudados nos dois experimentos. Somente para os caracteres número de plantas acamadas, número de plantas quebradas e "stand" final, no experimento das progênies S_1 's do 'CIMMYT', a análise de variância não apresentou diferenças significativas. Observou-se, nos dois experimentos (S_1 's da variedade Piranão e S_1 's da variedade CIMMYT), que, de maneira geral, as correlações genéticas foram maiores que as ambientais e as fenotípicas, evidenciando a presença marcante de efeitos genéticos. Em ambos os experimentos das progênies S_1 's, encontrou-se correlação genética positiva entre altura de planta e altura de espiga, altura de planta e peso de grãos e altura de espiga e peso de grãos.

1. INTRODUÇÃO

A importância do milho no Brasil pode ser constatada não só por ser a cultura mais extensivamente cultivada, como também por ser a exploração responsável pelo maior emprego de mão-de-obra no setor rural; por constituir matéria-prima básica para expressiva série de produtos industrializados, movimentando grandes complexos industriais, onde milhares de empregos são criados; por ser o principal fornecedor de insumos alimentícios para as atividades de criação animal; e por ser uma cultura de abrangência nacional, plantada de norte a sul do País (ANUÁRIO ESTATÍSTICO DO BRASIL, 1985).

Paralelamente à grande difusão da cultura do milho desde os tempos remotos, muitas pesquisas foram e estão sendo desenvolvidas no sentido de melhorar a capacidade produtiva desta planta. Além dos avanços tecnológicos utilizados nos tratamentos culturais para aumentar a produção, a exploração do potencial genético tem sido alvo de muitas pesquisas na área de melhoramento genético.

Grande avanço na produtividade do milho foi alcançado no princípio deste século, com a obtenção do milho híbrido. Entretanto, progressos subseqüentes ficaram cada vez menores e conseguidos à custa de grandes esforços. Com o desenvolvimento da genética quantitativa e com o melhor conhecimento dos tipos de ação gênica responsáveis pela produção, novos métodos de melhoramento foram usados, e daí partiu-se para a retomada de novos progressos (PATERNIANI, 1969b).

O melhoramento de populações tem sido objeto de trabalho de vários pesquisadores, com o intuito de aumentar as frequências de genes favoráveis na população, possibilitando, assim, a obtenção de variedades superiores. Dentre os diversos métodos citados na literatura, o da seleção recorrente recíproca proposto por COMSTOCK et alii (1949) tem recebido especial atenção, em virtude de poder melhorar, simultaneamente, duas populações.

HALLAUER (1967) e LONNQUIST e WILLIAMS (1967), utilizando o conceito de seleção recorrente recíproca, propuseram, em trabalhos separados, um método de obtenção simultânea de linhagens e híbridos, também conhecido por Método dos Híbridos Crípticos, cuja finalidade principal é a diminuição do tempo gasto para se obterem linhagens e híbridos. Para tanto, estes pesquisadores utilizaram populações prolíficas, que exibiam heterose quando intercruzadas. As primeiras espigas eram utilizadas para cruzamentos e as segundas, para autofecundações.

Mais tarde, HALLAUER e EBERHART (1970) propuseram um método semelhante para o melhoramento recíproco de duas

populações, denominado seleção recorrente recíproca com família de irmãos germanos. O método de HALLAUER (1967) e LONNQUIST e WILLIAMS (1967), juntamente com esta ampliação de HALLAUER e EBERHART (1970), foi o utilizado na presente pesquisa.

Portanto, o presente trabalho teve por finalidades:

- 1) avaliar os híbridos crípticos ($S_0 \times S_0$) obtidos entre as variedades braquíticas Piranão e CIMMYT, por meio da seleção recorrente recíproca, com base em famílias de irmãos germanos; e 2) estudar a variabilidade genética das variedades Piranão e CIMMYT, por meio da avaliação de suas respectivas progênes S_1 's.

2. REVISÃO DE LITERATURA

A origem do milho é objeto de muitas controvérsias e especulações entre pesquisadores do mundo inteiro. Entretanto, há um consenso de que sua origem tenha sido na América Latina, mais provavelmente no México. Quanto ao aspecto evolucionário, alguns estudiosos sugerem que o milho originou-se do teosinto, enquanto outros acreditam ter o milho originado de um milho primitivo tunicado (BEADLE, 1980). Além de ter sido cultura de grande expressão na alimentação de povos indígenas nas américas em séculos passados, o milho constitui um dos mais importantes cereais cultivados no mundo, suplantado apenas pelo trigo e o arroz (FAO, 1980).

BEADLE (1980) cita que o milho atingiu completa dependência dos cuidados do homem, de modo que, caso fosse abandonada uma espiga para a perpetuação da espécie, ele correria o risco de extinção, em virtude da concorrência por água e nutrientes do solo, entre as plântulas formadas na própria espiga. Ao lado da ervilha e do tomate, o milho é

uma das espécies mais estudadas do ponto de vista genético (BANDEL, 1987). Isto se deve, sem dúvida, em parte, à facilidade de cruzamento com as plantas do milho, devido à separação física, na própria planta, das inflorescências masculina e feminina.

Basicamente, o melhoramento do milho pode ser conduzido sobre dois aspectos: 1) obtenção de variedades melhoradas; e 2) obtenção de linhagens para se cruzarem e obterem híbridos (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981; PATERNIANI e MIRANDA FILHO, 1987).

BANDEL (1987) menciona que as plantas altas de milho estão mais sujeitas ao acamamento do colmo e da raiz pela ação dos ventos, em relação às plantas de porte baixo. Outra vantagem das plantas de milho de porte baixo está relacionada com a colheita desta cultura, pois a colheita mecânica adapta-se melhor às plantas de porte baixo. ALLARD (1971) cita o exemplo clássico do sucesso da introdução de variedades anãs de sorgo granífero nos Estados Unidos, que pôde transformar uma cultura de pouca significância numa cultura de grande importância naquele país.

Durante o processo de melhoramento, existe a preocupação de melhorar as características agrônômicas, das quais, no presente trabalho, a altura de planta será enfocada com maior atenção, depois da produção.

As maneiras possíveis de reduzir o porte das plantas mencionadas na literatura são: 1) seleção de plantas de porte baixo entre milhos normais, fazendo-se o uso dos poligenes, e 2) utilização de genes maiores (VALVA e PATERNIANI, 1978; SOARES FILHO, 1987). Esta última

possibilidade é que foi estudada no presente trabalho, com o uso do gene braquítico-2 (br-2).

2.1. Generalidades sobre o Gene Braquítico-2

O termo "braquítico", conforme citado por KEMPTON (1920), foi utilizado pela primeira vez por Cook (1915), para designar tipos de plantas cujos internódios não apresentam alongamento normal, sendo que estes se diferiam dos tipos anões, que apresentam redução em todos os órgãos. KEMPTON (1920) ainda descreve que a característica "braquítica" é condicionada pelo gene maior br-2, que, quando em homozigose, determina um encurtamento dos internódios, que se apresentam mais grossos, reduzindo, conseqüentemente, o tamanho das plantas, não afetando, contudo, o número e o tamanho das folhas. O motivo pelo qual não há desenvolvimento normal dos internódios é devido a distúrbios no metabolismo de uma auxina responsável pelo alongamento da parede celular. Comprovando esta proposição, observa-se que, quando plantas braquíticas são tratadas com ácido giberélico (GA_3), elas se desenvolvem normalmente (GALSTON e DAVIES, 1972; BANDEL, 1987).

LAMBERT (1963), estudando o gene br-2, verificou que este gene está localizado no braço longo do cromossomo 1, onde se encontra também o gene br-1, o qual está distanciado 50 unidades de recombinação do br-2.

Nas regiões subtropicais e tropicais, como é o caso do Brasil, o gene braquítico pode ser uma alternativa para a diminuição da altura das plantas, visto que, na tentativa

de se reduzir o porte das plantas por seleção em milhos normais, alguns autores (VERA e CRANE, 1970; Acosta e Crane, 1972, citados por PATERNIANI, 1973; ARBOLEDA e LONNQUIST, 1976; dentre outros) têm encontrado também redução da produtividade. Outro aspecto que deve ser levado em consideração é a maior tendência de ocorrer acamamento de colmos e raízes à medida que se aumenta a altura das plantas (ANDERSON e CHOW, 1963; CAMPBELL, 1965; PATERNIANI, 1973; GALVÃO, 1974; VALVA, 1976). Com a expansão da cultura do milho, que, para ser viável em grandes áreas, deve ter a colheita mecanizada, torna-se necessária a utilização de plantas mais adaptadas à colheita mecânica. Lavouras com altos índices de plantas quebradas e acamadas podem acarretar sérios prejuízos no caso da colheita mecanizada, em virtude de as espigas das plantas quebradas e acamadas não serem, em sua maioria, coletadas pela colheitadeira.

ALDRICH et alii (1975) mencionam que, além dos prejuízos diretos causados pelo acamamento de colmos e raízes, que são as perdas das espigas pela colheitadeira, muitas vezes plantas com colmos quebrados têm suas espigas sobre o solo, as quais germinam e podem depreciar a qualidade dos grãos quando colhidas também mecanicamente.

O potencial de produtividade do milho também pode ser aumentado com maior densidade de plantas por unidade de área, sendo que os milhos braquíticos permitem isso com vantagens (VALVA, 1976; BANDEL, 1987). LEITE e PATERNIANI (1973) e VALVA (1976) relatam aumento na produção quando o espaçamento entre linhas foi reduzido de 100 para 75 cm. GALVÃO (1974) também obteve maior produção com a variedade

Piranão (br2 br2) em altas densidades, quando comparada com o cultivar Centralmex de porte normal.

RISSI (1980) cita que Leng (1957) verificou decréscimo de 8 a 20% na produtividade de híbridos braquíticos, em comparação com as versões normais. Uma das causas apontadas por esse autor seriam o número insuficiente de retrocruzamentos para as linhagens originais e a pouca oportunidade de seleção para a capacidade de combinação.

Nos Estados Unidos da América, a introdução do gene braquítico em plantas normais de milho não teve grandes sucessos, sendo as principais causas apontadas por CAMPBELL (1965): 1) os trabalhos com gene braquítico foram desenvolvidos em regiões onde as alturas da planta e da espiga não eram problema sério, inclusive produzindo plantas excessivamente baixas, por ocasião da introdução do gene br-2; 2) introdução do gene br-2 em linhagens, ao invés de populações onde o sucesso é mais garantido; 3) número insuficiente de retrocruzamento para a linhagem recorrente; 4) as práticas agrícolas não foram adequadas no caso de milhos braquíticos, aplicando-se as mesmas práticas dos milhos de porte normal; 5) pouca utilização dos genes modificadores; 6) em virtude de relatos sobre a excelente resistência ao acamamento, aumentou-se em demasia a densidade populacional, juntamente com aplicações excessivas de fertilizantes, na tentativa de obter recordes de produção; e 7) comparações inadequadas entre os milhos braquíticos pouco testados e os melhores híbridos normais disponíveis. De certa forma, em virtude do exposto, houve relativo desinteresse dos melhoristas norte-americanos na

utilização dos milhos braquíticos, chegando ao ponto de causar influência negativa em outros países, quanto ao desenvolvimento de pesquisas visando à utilização do gene br-2.

Outras críticas encontradas em nosso meio, conforme menciona VALVA (1976), é que os milhos braquíticos seriam mais prejudicados pela concorrência das ervas daninhas, em virtude do seu baixo porte. Entretanto, PATERNIANI (1973) já defendia a utilização do milho braquítico, apresentando os seguintes argumentos: 1) as folhas largas do milho braquítico e a possibilidade de plantá-lo numa população mais densa fazem com que haja boa competição com as ervas daninhas, e com a utilização de herbicidas, que cresce a cada dia, haverá melhor controle das ervas daninhas. O referido autor exemplifica com a cultura do sorgo que, apesar de apresentar porte inclusive mais baixo do que o do milho braquítico, está obtendo excelente sucesso, também com a utilização de herbicidas; e 2) o insucesso da utilização do milho braquítico nos Estados Unidos, onde as alturas de planta e de espiga já são relativamente baixas, não significa que não se deve plantá-lo e estudá-lo no Brasil. Exemplo concreto do uso do milho braquítico no Brasil foi a obtenção da variedade Piranão por PATERNIANI (1973), que, além da utilização como variedade comercial, pode constituir excelente fonte para extração de linhagens e obtenção de híbridos (LEITE e PATERNIANI, 1973; GALVÃO, 1974; VALVA, 1976; RISSI, 1980; CASTRO, 1983; CASTIGLIONI, 1986; MARTINS, 1986).

2.2. Melhoramento de Milho

2.2.1. Considerações Gerais

O melhoramento de plantas tem conseguido grandes avanços, desde o princípio deste século, com os novos conhecimentos da Genética, desenvolvidos a cada dia. No início deste século, o biólogo dinamarquês W. L. Johannsen, com seus experimentos de feijão, conseguiu demonstrar que o fenótipo, ou seja, o valor fenotípico, é constituído de componentes genéticos e ambientais (ALLARD, 1971).

Posteriormente, Fisher (1918) foi o primeiro pesquisador a dividir a variância genética ou hereditária em três componentes: 1) uma fração aditiva, devido aos efeitos médios dos genes; 2) uma parte dominante, originada de interações entre alelos; e 3) uma porção epistática, devida a interações não-alélicas (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981). COCKERHAM (1954) e KEMPTHORNE (1954) apresentam estudo mais detalhado dos componentes fenotípicos e genotípicos, incluindo epistasia. Apesar de a variância genética dominante ser importante na heterose, é no conhecimento da variância genética aditiva, parte herdável da variância genética total, que se fundamentam, em sua maioria, os programas de melhoramento de milho.

Outro momento importante no desenvolvimento da genética quantitativa de milho foi a obtenção de linhagens autofecundadas, produzidas por East (1908) e Shull (1908), as quais possibilitaram o desenvolvimento do método do milho

híbrido, conforme citado por SPRAGUE e EBERHART (1977). Para a produção dos híbridos simples, utilizavam-se as linhagens endogâmicas de baixa produtividade, o que inviabilizava a produção comercial dos mesmos. Contudo, este método do milho híbrido, que perdura e faz sucesso até os nossos dias, teve grande impulso com o trabalho de JONES (1918), que, cruzando dois híbridos simples, obteve o híbrido duplo. A concretização do sucesso do milho híbrido veio reforçar-se, alguns anos posteriores, com os excelentes trabalhos de predição de híbridos duplos propostos por Jenkins (1934), Doxtator e Johnson (1936) e Anderson (1938), citados por ZINSLY (1976), HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) e MIRANDA FILHO e VIEGAS (1987).

Diversos modelos estatísticos foram propostos para estimar os componentes genéticos em milho como, por exemplo, os Delineamentos I, II e III, propostos por Comstock e Robinson (1948, 1952), conforme menciona SILVA (1974).

2.2.2. Considerações sobre Melhoramento de Populações

O melhoramento genético, segundo PATERNIANI (1969b), a princípio, visa basicamente a dois objetivos: 1) obtenção de populações melhoradas, em que a frequência de genes favoráveis seja tão alta quanto possível; e 2) exploração de uma geração F1 com vigor híbrido, que apresenta combinação gênica desejável. O referido autor salienta, ainda, que excelentes respostas ao melhoramento serão obtidas, se houver complementação entre estes dois processos, dependendo das condições locais, evolução dos trabalhos e variabilidade

genética disponível. A maneira pela qual os objetivos serão atingidos dependerá de cada melhorista e do método a ser utilizado. Via de regra, deve-se considerar a escolha da população como início fundamental num programa de melhoramento, visto que, se não houver variabilidade genética, principalmente do tipo aditiva, que está diretamente relacionada com o progresso de seleção, de nada adiantarão os esforços do melhorista em querer melhorar determinadas populações (HALLAUER, 1980; HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981; PATERNIANI e MIRANDA FILHO, 1987). Outro aspecto de fundamental importância que também deve ser considerado, segundo alguns autores (Vencovsky, Miranda Filho e Vello, 1973; Miranda Filho, 1974; Paterniani e Miranda Filho, 1978), citados por SOARES FILHO (1987), diz respeito à média da população-base, relativa aos caracteres a serem melhorados, pois se a expressão média do caráter mostrar-se muito distante de uma condição aceitável, será necessário grande número de ciclos de seleção até que se atinjam níveis médios satisfatórios.

No final da década de 30, após os excelentes resultados obtidos com os primeiros milhos híbridos, começou uma inquietação entre os melhoristas de milho, por não se obterem mais progressos compensadores, como se tivessem atingido um teto na produção dos híbridos. E várias tentativas foram feitas para explicar as dificuldades apontadas. Segundo PATERNIANI (1969b), os argumentos aceitos na época eram os de que se deveriam conhecer, com profundidade, os tipos de ação gênica envolvidos no fenômeno da heterose. Na tentativa de solucionar o problema,

inúmeros métodos de obtenção de linhagens endogâmicas [teste precoce da capacidade de combinação (Sprague, 1946); método da cova única (Jones e Singleton, 1934); seleção em "pedigree" (Hays e Johnson, 1939); dentre outros, citados por PATERNIANI (1969b)], foram sugeridos, apesar de não terem tido êxito e o problema ter continuado.

LONNQUIST (1949, 1951) e PATERNIANI (1966, 1969a) sugeriram o melhoramento de variedades, a fim de torná-las melhores fontes de linhagens mais produtivas e de características agrônômicas mais desejáveis. A formação de compostos também foi sugerida por outros autores (Castro *et alii*, 1968; Paterniani, 1968, citados por LOPES, 1974), com a finalidade de melhor aproveitar a variabilidade existente nas diferentes variedades e raças.

HULL (1945) propôs o método da seleção recorrente, o qual, basicamente, deve resultar aumento contínuo da frequência dos genes favoráveis na população. Este método consiste na seleção dos indivíduos superiores, seguida de intercruzamento entre si, obtendo-se, assim, a população do primeiro ciclo. Repete-se o processo nesta população resultante, obtendo o ciclo seguinte. Desta forma, mediante os sucessivos ciclos de seleção, a seleção recorrente visa aumentar, continuamente, a frequência dos genes favoráveis na população. PATERNIANI e MIRANDA FILHO (1987) mencionam que este processo, sem ter essa denominação, já era utilizado no passado, por ocasião da utilização da seleção massal e dos métodos baseados nos testes de progênies.

Com o progresso obtido na área de genética quantitativa, vários métodos de seleção têm sido propostos,

sendo que revisões detalhadas podem ser encontradas em LONNQUIST (1965), SPRAGUE e EBERHART (1977), HALLAUER (1980), HALLAUER e MIRANDA FILHO (1981) e PATERNIANI e MIRANDA FILHO (1987).

MOLL e STUBER (1974) subdividiram a seleção recorrente em duas categorias: 1) melhoramento intrapopulacional, que visa à obtenção de variedades melhoradas ou ao melhoramento de populações "per se"; e 2) melhoramento interpopulacional, que visa ao melhoramento de populações em conjunto, para extração de linhagens superiores. Um resumo destes métodos, intra e interpopulacional, utilizados em seleção recorrente é apresentado no Quadro 1 (HALLAUER, 1980).

COMSTOCK et alii (1949) propuseram uma modificação no método proposto por HULL (1945), de modo que em duas populações básicas A e B eram selecionados os melhores genótipos de A que manifestavam maior vigor híbrido em cruzamento com B e os melhores genótipos de B que manifestavam maior vigor híbrido com A. Com posterior recombinação entre estes genótipos, obtinham-se as novas populações de A e B. Esse método foi denominado por esses autores como seleção recorrente recíproca, o qual apresentava boa base genética, fazendo uso da ação gênica aditiva, dominante e sobredominante. PATERNIANI e MIRANDA FILHO (1987) mencionam que, apesar de todas as vantagens apresentadas pelo método, pouco interesse tem havido por parte dos melhoristas e, como justificativa, sugerem as limitações de ordem prática, apontadas por Paterniani e Vencovsky (1977): 1) muito trabalho envolvido para

QUADRO 1. Métodos de Seleção Recorrente para Melhoramento
Intra e Interpopulacional (HALLAUER, 1980)

Intrapopulacional

Seleção massal ou fenotípica (Gardner, 1961)

Seleção espiga por fileira modificada (Lonnquist, 1964)

Seleção de meio-irmão (Jenkins, 1940)

Seleção de meio-irmão (Hull, 1945)

Seleção de irmãos completos

Seleção entre famílias S_1 , S_2 etc.

Interpopulacional

Seleção recorrente recíproca (Comstock et alii, 1949)

Seleção recorrente recíproca com linhagem testadora
(Russel e Eberhart, 1975)

Seleção recorrente recíproca modificada I (Paterniani e
Vencovsky, 1977)

Seleção recorrente recíproca modificada II (Paterniani e
Vencovsky, 1977)

Seleção recorrente recíproca com famílias de irmãos
completos (Hallauer e Eberhart, 1970)

autofecundar e cruzar simultaneamente as plantas de milho; 2) as quatro ou cinco plantas utilizadas para cruzar com a planta autofecundada podem não ser uma amostra adequada do testador; 3) falta de adequada recombinação entre as progênes S_1 selecionadas; e 4) grande intervalo de tempo entre ciclos que, além de trazer menor ganho por ano, pode reduzir o progresso quando a população melhorada for mais amplamente avaliada, em virtude da interação genótipo x ano.

Com base no conceito de seleção recorrente recíproca, HALLAUER (1967) e LONNQUIST e WILLIAMS (1967) propuseram, em trabalhos separados, um novo método para a obtenção de híbridos simples, havendo pequenas diferenças no método adotado por esses autores. O método baseia-se na utilização de famílias de irmãos completos, também conhecido como Método dos Híbridos Cripticos, que consiste, essencialmente, no cruzamento e na autofecundação simultânea de pares de plantas S_0 de duas populações. Posteriormente, HALLAUER e EBERHART (1970) propuseram um método semelhante para o melhoramento recíproco de duas populações, denominado por estes autores de seleção recorrente recíproca com família de irmãos germanos. Este método de seleção recorrente recíproca foi o utilizado na presente pesquisa.

Na literatura, encontram-se diversos trabalhos que foram realizados com sucesso, com relação à obtenção de híbridos cripticos e ao melhoramento simultâneo das populações envolvidas (SILVA, 1970; MOLL e STUBER, 1971; MAGNAVACA, 1973; LOPES, 1974; ZINSLY, 1976; AJUDARTE NETO, 1978).

Os trabalhos com melhoramento de populações de milho vieram contribuir com os melhoristas, na tentativa de elucidarem as dúvidas existentes em épocas remotas. Atualmente, já há um consenso entre os melhoristas de milho de que, para se obterem melhores milhos híbridos, há a necessidade de contar com populações melhoradas (HALLAUER e EBERHART, 1970; HALLAUER, 1980; HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981). As linhagens obtidas a partir de uma variedade ou população ocorrem com uma probabilidade que é função direta das freqüências gênicas na população (PATERNIANI e MIRANDA FILHO, 1987). Deste modo, à medida que aumentam as freqüências de genes favoráveis na população, aumenta também a probabilidade de retirar linhagens superiores desta população.

2.2.3. Considerações sobre Caracteres Correlacionados

No contexto evolucionário da genética quantitativa, não se pode deixar de mencionar o conceito de coeficiente de Parentesco proposto por Malecot (1948), por meio da união dos princípios dados por Fisher (1918), com a teoria dos coeficientes de trilha apresentada por Wright (1921), conforme mencionado por SILVA (1974). O conceito de variâncias e covariâncias entre os indivíduos deve seu desenvolvimento à idéia de parentesco, e a teoria de correlação entre os caracteres é o passo seqüencial, como se pode ver nos trabalhos de alguns autores, como Kempthorne (1955a), Falconer (1954b) e Cockerham (1954), dentre outros, citados por FALCONER (1981).

O conhecimento das associações entre características correlacionadas é fundamental na execução de um programa de melhoramento. A correlação genética fornece indicação do grau de associação genética aditiva entre duas características, e, caso esse grau de associação seja alto, algumas vezes pode ser útil e interessante provocar mudança em um caráter por meio de seleção em outro caráter (DEMPSTER, 1963). Os melhoristas em geral buscam a alteração simultânea de diversas características, e neste contexto o conhecimento das correlações é muito importante. O pleiotropismo e a ligação de genes muito próximos são as principais causas genéticas dos efeitos correlacionados (FALCONER, 1981).

Os estudos de correlações genéticas e ambientais na literatura são escassos, em se tratando de milho braquítico. Entretanto, para milho de porte normal, diversos autores (Smith, 1909; Acosta e Crane, 1972; dentre outros, citados por RISSI, 1980), têm observado, desde há muito tempo, associação entre os caracteres altura de planta e altura de espiga. Para as correlações entre altura de planta e produção, existe um número consistente de trabalhos indicando a existência de correlação positiva entre estes caracteres (QUEIROZ, 1969; VERA e CRANE, 1970; CRISOSTOMO, 1978; LORDELO, 1982).

Em se tratando de milho braquítico, RISSI (1980) encontrou correlações positivas dos caracteres altura de planta e altura de espiga com a produção de espiga, em duas subpopulações da variedade Piranão (br2 br2). Resultados

semelhantes também foram obtidos por LORDELO (1982), quando estudava as populações de milho 'Piranão VD-2' e 'Piranão' VF-1.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Origem do Material

No presente trabalho foram utilizadas duas variedades de milho (Piranão e CIMMYT), híbridas de milho e plantas resultantes de cruzamentos intra-varietais dessas variedades e progênios F₂ e F₃ derivadas. Como teste único, utilizaram-se os próprios progenitores, as variedades Piranão e CIMMYT e o híbrido (Piranão x CIMMYT) produzido pela Companhia de Sementes Agrícolas S/A.

As variedades Piranão e CIMMYT são oriundas da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ), Piracicaba-SP, e foram obtidas por seleção de plantas por observação direta e seleção indireta, baseada na observação direta de caracteres de interesse. O milho Piranão foi desenvolvido em 1950, e o milho CIMMYT em 1960, sendo ambos obtidos por seleção de plantas por observação direta e seleção indireta, baseada na observação direta de caracteres de interesse.

parte do programa de Seleção Recorrente Recíproca da UFV, visando à obtenção de híbridos de milho de porte baixo.

A variedade Piranão originou-se do cruzamento da variedade Piranão III, com o Turpoço BR, conforme descreve PATERNIANI (1973). Esta variedade caracteriza-se por apresentar plantas com as seguintes características: porte baixo; colmo grosso; muito resistente ao acamamento e alta produtividade.

3. MATERIAL E MÉTODOS

As variedades de milho, utilizadas no presente trabalho, foram selecionadas a partir de uma amostra de milho de grãos duros, obtida em Piracicaba-SP, em 1972, contida a seguir.

A variedade variedade Cimmyt, foi selecionada a partir de uma amostra de milho de grãos duros, obtida em Piracicaba-SP, em 1972, contida a seguir.

3.1. Origem do Material

Partindo de uma amostra de milho de grãos duros, obtida em Piracicaba-SP, em 1972, contida a seguir.

No presente trabalho, foram utilizadas duas variedades de milhos braquíticos (Piranão e CIMMYT), híbridos planta a planta, resultantes de cruzamentos intervarietais dessas variedades e progênies S_1 's delas derivadas. Como testemunhas, utilizaram-se os próprios Progenitores, as variedades Piranão e CIMMYT, e o híbrido comercial AG-305 B (braquítico), produzido pela Companhia de Sementes Agroceres S/A.

Ambas as variedades, Piranão e CIMMYT, são oriundas da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ), Piracicaba-SP., e passaram por dois ciclos de seleção, visando à prolificidade e à menor depressão por endogamia, na Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa-MG, o que tornou possível a aplicação do método utilizado no presente trabalho. As versões melhoradas dessas variedades fazem

Parte do programa de Seleção Recorrente Recíproca da UFV, visando à obtenção de híbridos de milho de porte baixo.

A variedade Piranão originou-se do cruzamento da variedade Piramex III com o Tuxpeño br2, conforme descreve PATERNIANI (1973). Esta variedade caracteriza-se por apresentar plantas com as seguintes características: porte baixo, colmo grosso, muito resistente ao acamamento e boa produtividade; espigas grossas e cilíndricas, com 14 a 16 fileiras de grãos, dentados e de coloração amarela (PATERNIANI et alii, 1977).

A segunda variedade, denominada CIMMYT, foi introduzida pela ESALQ, Piracicaba-SP, em 1972, obtida a partir de uma amostra de milho de grãos duros, pouco dentados, de cor laranja, homozigótica para o gene br-2, recebida do "Centro International de Mejoramiento de Maiz y Trigo" (CIMMYT), conforme mencionam PATERNIANI et alii (1977).

3.2. Métodos

No presente trabalho, foram analisados três experimentos do Programa de Seleção Recorrente Recíproca (SRR) da UFV, o qual segue o método descrito por HALLAUER (1967) e LONNQUIST e WILLIAMS (1967), com a ampliação proposta por HALLAUER e EBERHART (1970), com algumas adaptações.

3.2.1. Obtenção do Material

No ano agrícola 1976/77, foram produzidas 70 famílias de irmãos completos, em cruzamentos entre as variedades Piranão e CIMMYT, 169 progênies S_1 's da variedade Piranão e 144 progênies S_1 's da variedade CIMMYT.

O método utilizado para a obtenção do material experimental foi o seguinte, conforme programa de SRR da UFV (item 3.2.):

1) Cruzam-se, individualmente, as segundas espigas das plantas S_0 de ambas as populações entre si, obtendo, assim, os híbridos $S_0 \times S_0$. Essa necessidade de primeiro polinizar a segunda espiga visa evitar que a dominância apical venha a prejudicar seu desenvolvimento, conforme observado por LONNQUIST e WILLIAMS (1967). Posteriormente, são autofecundadas as primeiras espigas das mesmas plantas cruzadas, para manutenção dos seus respectivos genes. Os híbridos $S_0 \times S_0$ são avaliados em ensaios de produção e as sementes autofecundadas, armazenadas para utilização futura.

2) Após selecionados os melhores híbridos $S_0 \times S_0$, plantam-se os pares S_1 das plantas selecionadas e repete-se o mesmo processo anterior, ou seja, autofecundam-se e cruzam-se os pares das melhores plantas S_1 . Os híbridos $S_1 \times S_1$ vão para ensaios de produção, e as sementes S_2 são armazenadas.

3) Este processo é repetido até que as linhagens selecionadas nos cruzamentos tornam-se homozigotas e homogêneas.

4) Paralelamente às etapas anteriores, os melhores S_1 's de cada variedade seriam recombinados para a obtenção do Ciclo I (HALLAUER e EBERHART, 1970), e assim o processo poderia prosseguir indefinidamente. Desta maneira, com este método, podem-se melhorar as populações envolvidas e, simultaneamente, obter híbridos, à semelhança do Método dos Híbridos Crípticos proposto por HALLAUER (1967) e LONNQUIST e WILLIAMS (1967).

3.2.2. Condução dos Experimentos

No ano agrícola 1977/78, realizaram-se três experimentos, no delineamento em "lattice" simples (duas repetições). Um primeiro experimento, aqui denominado Experimento I, contendo 81 entradas (70 híbridos $S_0 \times S_0$, cinco entradas repetidas de 'Piranão', quatro entradas repetidas de 'CIMMYT' e duas entradas repetidas do híbrido AG-305 B), foi plantado dia 10/10/77, no Campo Experimental da Genética da UFV, em Viçosa-MG. O segundo experimento, denominado Experimento II, contendo 169 entradas (todas S_1 's da variedade Piranão), foi plantado dia 10/11/77, na área experimental da Barrinha, município de Viçosa-MG. O terceiro experimento, denominado Experimento III, contendo 144 progênies S_1 's da variedade CIMMYT, também foi plantado dia 10/11/77, na área experimental da Barrinha. Nos três experimentos, cada parcela constituiu uma fileira de 5,5 m de comprimento, com 1,0 m de espaçamento entre fileiras e 0,5 m entre covas. Na semeadura, colocaram-se quatro sementes por cova e, mais ou menos 30 dias após o plantio,

fez-se o desbaste, deixando-se duas plantas nas covas internas e três plantas nas covas externas de cada parcela, resultando 24 plantas por parcela. Desta forma, obteve-se uma densidade populacional em torno de 43,6 mil plantas/ha.

Adubaram-se, uniformemente, as duas áreas experimentais, da seguinte maneira: a) no plantio (no sulco): 15 kg/ha de N, 40 kg/ha de P_2O_5 e 30 kg/ha de K_2O ; e b) em cobertura, aplicaram-se 27 kg/ha de N, na forma de sulfato de amônio. Os tratos culturais foram realizados de maneira a manter os experimentos isentos de ervas daninhas e pragas.

Cabe ressaltar que os três experimentos foram delineados em "lattice" simples, contudo, em virtude de a análise em "lattice" para o Experimento I ter apresentado baixa eficiência e, nos Experimentos II e III, terem ocorrido perdas de parcelas, dificultando muito a análise em "lattice", optou-se pela análise em blocos ao acaso, nos três experimentos.

3.2.2.1. Coleta de Dados

As seguintes características agronômicas foram avaliadas, após o completo desenvolvimento vegetativo das plantas:

a) No Campo

Altura de Planta: altura média, em metro, com precisão de 0,05 m, de seis plantas competitivas na parcela, do nível do solo ao nó de inserção da folha-bandeira.

Altura de Espiga: altura média, em metro, com precisão de 0,05 m, do solo à inserção da espiga superior, das mesmas seis plantas competitivas.

Plantas Acamadas: número de plantas na parcela que apresentavam ângulo de inclinação superior a 30° com a vertical.

Plantas Quebradas: número de plantas na parcela com colmos quebrados abaixo da espiga superior.

"Stand" Final: número de plantas na parcela por ocasião da colheita.

Número de Espigas: número total de espigas colhidas por parcela.

Número de Folhas Acima da Espiga: utilizou-se a média obtida das contagens das folhas existentes acima da primeira espiga das mesmas seis plantas competitivas.

Número de Folhas Abaixo da Espiga: utilizou-se a média obtida das contagens das folhas existentes abaixo da primeira espiga das mesmas seis plantas competitivas.

b) No Laboratório

Peso de Espiga: peso, em quilograma, das espigas despalhadas por parcela, com aproximação de centésimos de quilograma.

Peso de Grãos: peso, em quilograma, dos grãos debulhados por parcela, com aproximação de centésimos de quilograma.

Peso de 50 Grãos: peso, em grama, de uma amostra aleatória de 50 grãos sadios da parcela, com aproximação em décimos de grama.

Umidade: determinou-se o teor de umidade em %, medido imediatamente após a pesagem, em uma amostra representativa de grãos da parcela, com aproximação de 0,1%.

3.2.2.2. Correção dos Dados

Os dados de pesagem foram corrigidos para 15,5% de umidade, para cada parcela, por meio da seguinte fórmula:

$$PC = \frac{PU (100 - UMID)}{100 - 15,5}$$

em que: PC = peso corrigido a 15,5% de umidade;

PU = peso observado no campo; e

UMID = teor de umidade observado, em %.

Esta expressão permite corrigir as pesagens, com base na umidade, sem alterar a proporção de matéria seca dos grãos.

Os dados de pesagem (peso dos grãos e peso das espigas) foram ainda corrigidos para o "stand" ideal de 24 plantas/parcela, para os três ensaios, conforme a fórmula sugerida por ZUBER (1942), como segue:

$$PCC = PC \left[\frac{H - 0,3F}{H - F} \right]$$

em que: PCC = peso de campo corrigido;

PC = peso corrigido a 15,5% de umidade;

H = número ideal de plantas por parcela; e

F = número de falhas observado por parcela.

O ajuste acima adiciona 70% da produção média para cada planta perdida e considera que 30% é recuperado pelas plantas vizinhas à falha.

Os dados dos números de plantas acamadas e quebradas, por não seguirem distribuição normal e apresentarem muitos valores baixos, inferiores a 10 e, principalmente, zero, foram transformados em raiz quadrada de $X + 1,0$, conforme sugerido por BARTLETT (1936).

A fim de estudar, comparativamente, os resultados (principalmente a produção de grãos) entre todos os 70 cruzamentos $S_0 \times S_0$, no Experimento I, transformaram-se todos os resultados em porcentagem relativa à média geral do experimento. Decidiu-se aplicar uma intensidade de seleção de 30%, e, dos melhores híbridos $S_0 \times S_0$, usaram-se as respectivas progênies S_1 's remanescentes das variedades Piranão e CIMMYT, as quais foram recombinadas para formar as novas populações Piranão-I e CIMMYT-I.

3.2.3. Análise Estatística

Todas as análises estatísticas foram realizadas, usando-se o programa "Sistemas para Análises Estatísticas - SAEG", com recursos computacionais da Central de Processamento de Dados da Universidade Federal de Viçosa.

As análises de variância e as estimativas das covariâncias foram obtidas, utilizando-se os procedimentos estatísticos preconizados por KEMPTHORNE (1973).

3.2.3.1. Análise de Variância

O modelo estatístico utilizado nos três experimentos em blocos ao acaso foi o seguinte:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + R_j + e_{ij}$$

em que: Y_{ij} = observação da progênie i na repetição j ;

μ = média geral do experimento;

G_i = efeito do tratamento i para o Experimento I e efeito da progênie i para os Experimentos II e III, com $i = 1, 2, \dots, t$. ($t = 81$ para o Experimento I, $t = 169$ para o Experimento II e $t = 144$ para o Experimento III;

R_j = efeito da repetição j , com $j = 1, 2$; e

e_{ij} = erro experimental associado à parcela ij .

No modelo supracitado, para o Experimento I, dos híbridos $S_0 \times S_0$, consideraram-se apenas os efeitos do erro experimental como aleatórios e os demais, como fixos. Os graus de liberdade de tratamentos, neste experimento, foram decompostos em três grupos: híbridos, testemunhas e um contraste híbrido vs testemunha, conforme se pode observar no esquema de análise de variância no Quadro 2. Os componentes em questão foram testados pelo teste F, utilizando-se o quadrado médio residual para todas as fontes de variação.

3.2.3.1. Análise de Variância

O modelo estatístico utilizado nos três experimentos em blocos ao acaso foi o seguinte:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + R_j + e_{ij}$$

em que: Y_{ij} = observação da progênie i na repetição j ;

μ = média geral do experimento;

G_i = efeito do tratamento i para o Experimento I e efeito da progênie i para os Experimentos II e III, com $i = 1, 2, \dots, t$. ($t = 81$ para o Experimento I, $t = 169$ para o Experimento II e $t = 144$ para o Experimento III;

R_j = efeito da repetição j , com $j = 1, 2$; e

e_{ij} = erro experimental associado à parcela ij .

No modelo supracitado, para o Experimento I, dos híbridos $S_0 \times S_0$, consideraram-se apenas os efeitos do erro experimental como aleatórios e os demais, como fixos. Os graus de liberdade de tratamentos, neste experimento, foram decompostos em três grupos: híbridos, testemunhas e um contraste híbrido vs testemunha, conforme se pode observar no esquema de análise de variância no Quadro 2. Os componentes em questão foram testados pelo teste F, utilizando-se o quadrado médio residual para todas as fontes de variação.

QUADRO 2 - Esquema da Análise de Variância em Blocos ao Acaso, com as Esperanças dos Quadrados Médios, para Todos os Caracteres Estudados no Experimento I (Híbridos $S_0 \times S_0$)

F. V.	G.L. ^{a/}	QM	E(QM)	F
Bloco	(r - 1)	-	-	-
Tratamentos	(t - 1)	QM ₁	$\sigma^2 + r \sum \sigma_t^2 / (t-1)$	QM ₁ / QM ₅
Híbridos (H)	(h - 1)	QM ₂	$\sigma^2 + r \sum \sigma_h^2 / (h-1)$	QM ₂ / QM ₅
Testemunhas (C)	(c - 1)	QM ₃	$\sigma^2 + r \sum \sigma_c^2 / (c-1)$	QM ₃ / QM ₅
H vs C	1	QM ₄	-	QM ₄ / QM ₅
Erro	(r - 1)(t - 1)	QM ₅	σ^2	

a/ r = 2, t = 81, h = 70, c = 11.

Para os Experimentos II e III, os efeitos de progênies e do erro experimental foram considerados como aleatórios, e calcularam-se as variâncias genotípica, ambiental e fenotípica, utilizando os procedimentos estatísticos preconizados por KEMPTHORNE (1973), conforme o esquema de análise de variância e a esperança dos quadrados médios [E(QM)] apresentados no Quadro 3.

QUADRO 3. Esquema da Análise de Variância em Blocos ao Acaso, com as Esperanças dos Quadrados Médios, para Todos os Caracteres Estudados nos Experimentos II e III

FV	GL ^{a/}	QM	E (QM) ^{b/}
Bloco	(r-1)	-	-
Progênes	(t-1)	QM _P	$\sigma^2 + r \sigma_G^2$
Erro	(r-1)(t-1)	QM _R	σ^2
Total	rt - 1		

a/ Para o Experimento II, têm-se r = 2 e t = 169.
Para o Experimento III, têm-se r = 2 e t = 144.

b/ σ_G^2 = componente de variância genotípica entre as progênes.

σ^2 = componente de variância da observação, que é consequência do erro experimental.

O estimador da variância genotípica (σ_G^2) entre Progênes S₁'s foi obtido da seguinte maneira:

$$\sigma_G^2 = (QM_P - QM_R) / r$$

em que: QM_P = quadrado médio de progênes;

QM_R = quadrado médio do erro; e

r = número de repetições.

Da relação entre a variância genética entre progênes e a variância fenotípica entre as médias das progênes, obtém-se o coeficiente de herdabilidade (h_m^2) para médias de Progênes, da seguinte maneira:

$$h_m^2 = \sigma_G^2 / \sigma_F^2, \text{ sendo } \sigma_F^2 = QM_P / r.$$

Considerando-se o fato de se trabalhar com famílias endogâmicas, no caso das progênies S_1 's, nos Experimentos II e III, e supondo uma situação especial tal que $p=q=0,5$ e/ou $d=0$, em que p e q referem-se às frequências gênicas e d aos efeitos em virtude da dominância, pôde-se estimar a variância genética aditiva na população-base (V_A), a partir da expressão $\sigma_G^2 = 2FV_A$, em que F corresponde ao grau de endogamia nas progênies (para S_1 's, $F=0,5$) (FALCONER, 1981).

Assim, $\sigma_G^2 = 2F\sigma_A^2 = V_A$, ou seja, σ_G^2 é igual à variância genética aditiva na população-base. Deste modo, a estimativa da herdabilidade em S_1 's pode ser relacionada com a herdabilidade no sentido restrito, na população-base ($h = V_A / V_F$), desde que se tenham as mesmas condições experimentais.

3.2.3.2. Análise para Obter as Covariâncias

Sabendo-se que o estimador da variância da soma de duas variáveis, quaisquer X e Y , é igual à soma dos estimadores das variâncias dessas duas variáveis (X e Y) individuais, mais duas vezes o estimador da covariância entre elas, ou seja:

$$\hat{V}(X + Y) = \hat{V}(X) + \hat{V}(Y) + 2\hat{COV}(X, Y),$$

Pode-se estimar o Produto Médio (PM), que é a $\hat{COV}(X, Y)$, a saber:

$$PM = COV(X, Y) = \frac{\hat{V}(X + Y) - \hat{V}(X) - \hat{V}(Y)}{2}$$

No Quadro 4, tem-se o esquema conjunto das análises

Para estimar as covariâncias genética, ambiental e fenotípica.

QUADRO 4 - Esquema para Estimar as Covariâncias entre cada Par de Caracteres e Esperanças dos Produtos Médios nos Experimentos II e III

F V	G.L. ^{a/}	σH^2 ^{b/}			P M ^{c/}	E (P M) ^{d/}
		X	Y	X + Y		
Bloco	(r - 1)	-	-	-	-	-
Progênes	(t - 1)	$\hat{V}_F(X)$	$\hat{V}_F(Y)$	$\hat{V}_F(X+Y)$	$COV_F(X, Y)$	$COV_E(X, Y) + rCOV_G(X, Y)$
Erro	(r-1)(t-1)	$\hat{V}_E(X)$	$\hat{V}_E(Y)$	$\hat{V}_E(X+Y)$	$COV_E(X, Y)$	$COV_E(X, Y)$

a/ Para o Experimento II, têm-se r = 2 e t = 169.
Para o Experimento III, têm-se r = 2 e t = 144.

b/ \hat{V}_F = estimador da variância fenotípica.

\hat{V}_E = estimador da variância ambiental.

c/ COV_F = estimador da covariância fenotípica.

COV_E = estimador da covariância ambiental.

d/ COV_E = covariância ambiental.

COV_G = covariância genotípica.

3.2.3.3. Estimativas das Correlações

Para a obtenção das estimativas das correlações genética, ambiental e fenotípica, utilizaram-se as informações dos Quadros 3 e 4, conforme os procedimentos descritos por MATHER (1965), a saber:

a - Coeficiente de correlação genética (r_G)

$$r_G = \hat{COV}_G(X, Y) / [\hat{V}_G(X) \cdot \hat{V}_G(Y)]^{1/2}$$

em que: $\hat{COV}_G(X, Y)$ = estimador da covariância genotípica entre os caracteres X e Y;

$\hat{V}_G(X)$ = estimador da variância genotípica para o caráter X, obtido por:

$$\hat{V}_G(X) = [\hat{V}_F(X) - \hat{V}_E(X)] / r, \text{ em que}$$

$\hat{V}_F(X)$ = quadrado médio de progênies para o caráter X;

$\hat{V}_E(X)$ = quadrado médio do erro para o caráter X, e r = número de repetições;

$\hat{V}_G(Y)$ = estimador da variância genotípica para o caráter Y, obtido por:

$$\hat{V}_G(Y) = [\hat{V}_F(Y) - \hat{V}_E(Y)] / r, \text{ em que}$$

$\hat{V}_F(Y)$ = quadrado médio de progênies para o caráter Y;

$\hat{V}_E(Y)$ = quadrado médio do erro para o caráter Y; e

r = número de repetições.

b - Coeficiente de correlação ambiental (r_E)

$$r_E = \hat{COV}_E(X, Y) / [\hat{V}_E(X) \cdot \hat{V}_E(Y)]^{1/2},$$

em que: $\hat{COV}_E(X, Y)$ = estimador da covariância ambiental entre os caracteres X e Y;

$\hat{V}_E(X)$ = quadrado médio do erro para o caráter X; e

$\hat{V}_E(Y)$ = quadrado médio do erro para o caráter Y.

c - Coeficiente de correlação fenotípica (r_F)

$$r_F = \hat{COV}_F(X, Y) / [\hat{V}_F(X) \cdot \hat{V}_F(Y)]^{1/2},$$

em que: $\hat{COV}_F(X, Y)$ = produto médio de progênes para os caracteres X e Y (estimador da covariância fenotípica); e

$\hat{V}_F(X)$ e $\hat{V}_F(Y)$ = quadrados médios de progênes para os caracteres X e Y, respectivamente (estimadores das variâncias fenotípicas).

3.2.4. Precisão das Estimativas

As precisões das estimativas das médias dos experimentos foram obtidas por meio da estimativa dos erros-padrão das médias [$s(\bar{X})$], conforme os procedimentos descritos por PIMENTEL GOMES (1985), a saber:

$$s(\bar{X}) = (QME / r)^{1/2},$$

em que: QME = quadrado médio do erro; e

r = número de repetições.

As estimativas dos componentes de variância e dos coeficientes de herdabilidade tiveram como indicadores de precisão seus respectivos desvios-padrão, conforme as expressões matemáticas a seguir, apresentadas por VELLO e VENCOSKY (1974). As fórmulas foram adaptadas e se referem à obtenção das variâncias associadas às estimativas das variâncias apresentadas no Quadro 3.

3.2.4.1. Variâncias Associadas às Estimativas de Variâncias Genética [$\hat{V}(\sigma^2_G)$], Ambiental [$\hat{V}(\sigma^2_E)$] e Fenotípica [$\hat{V}(\hat{V}_F)$] em Nível de Média de Progênieis S_1 's

$$\hat{V}(\sigma^2_G) = \frac{2}{r^2} \left[\frac{(QM_P)^2}{t+1} + \frac{(QM_R)^2}{(r-1)(t-1)+2} \right]$$

$$\hat{V}(\sigma^2_E) = \frac{2}{r^2} \left[\frac{(QM_R)^2}{(r-1)(t-1)+2} \right]$$

$$\hat{V}(\hat{V}_F) = \frac{2}{r^2} \left[\frac{(QM_P)^2}{t+1} \right]$$

3.2.4.2. Variâncias Associadas às Estimativas de Coeficientes de Herdabilidade (\hat{h}_m^2) , em Nível de Médias de Progenies S_1 's

$$\hat{V}(\hat{h}_m^2) = \left[\frac{2}{t+1} + \frac{2}{(r-1)(t-1)+2} \right] \left[\frac{QM_R}{QM_P} \right]^2$$

QUADRO 5 - Estimativas das Médias com os Respectiveiros Erros Padrão, em Valor Absoluto e em %, dos Caracteres Altura de Planta (AP), em m, Altura da Espiga (AE), em m, Número de Plantas Acamadas/Parcela (PA), Número de Plantas Quebradas/Parcela (PQ), "Stand" (ST), Número de Espigas/Parcela (NE), Peso de 50 Grãos (PG50), em g, Peso de Espigas/Parcela (PE), em kg, Peso de Grãos/Parcela (PB), em kg, Número de Folhas Acima da Espiga (FAC), Número de Folhas Abaixo da Espiga (FABA) e Umidade (UM), em %, Estudados nos Experimentos I, II e III, Viciosa-RJ, 1977/78.

4.RESULTADOS E DISCUSSAO

Caracteres	Experimento I (Múrcia S. e S.)	Experimento II (S. e Piratã)	Experimento III (S. e Piratã)
------------	-----------------------------------	---------------------------------	----------------------------------

4.1. Estimativas de Médias

AP	1,74 m / 0,005 (2,8%)	1,75 m / 0,004 (2,3%)	1,77 m / 0,002 (1,1%)
AE	1,01 m / 0,008 (7,9%)	0,87 m / 0,004 (4,6%)	0,59 m / 0,009 (15,3%)

As estimativas das médias, com os respectivos erros-padrão, para os caracteres altura de planta, altura de espiga, número de plantas acamadas, número de plantas quebradas, "stand", número de espigas, peso de 50 grãos, peso de espigas, peso de grãos, número de folhas acima da espiga, número de folhas abaixo da espiga e umidade, estudados nos Experimentos I, II e III, são apresentadas no Quadro 5. Os dados de número de plantas acamadas e número de plantas quebradas, somente neste quadro de estimativas de médias, não foram corrigidos para raiz quadrada de $x + 1,0$, podendo-se, assim, observar as médias originais de todos os caracteres estudados.

No Experimento I, foi descartado o tratamento de número 56, em virtude da perda das parcelas nas duas repetições. Também, descartaram-se 57 tratamentos no Experimento II e 52 tratamentos no Experimento III em razão,

QUADRO 5 - Estimativas das Médias com os Respectivos Erros Padrão, em Valor Absoluto e em %, dos Caracteres Altura de Planta (AP), em m, Altura da Espiga (AE), em m, Número de Plantas Acamadas/Parcela (PA), Número de Plantas Quebradas/Parcela (PQ), "Stand" (STD), Número de Espigas/Parcela (NE), Peso de 50 Grãos (PG50), em g, Peso de Espigas/Parcela (PE), em kg, Peso de Grãos/Parcela (PG), em kg, Número de Folhas Acima da Espiga (FACI), Número de Folhas Abaixo da Espiga (FABA) e Umidade (UMID), em %, Estudados nos Experimentos I, II e III. Viçosa-MG, 1977/78^{a/}

4,36 8l/m LINEAR
24 8l/PARCELA 43,6 mil 8l/ha 5,5 m²/PARCELA

Caracteres	Experimento I (Híbridos S ₀ x S ₀)	Experimento II (S ₁ 's - Piranão)	Experimento III (S ₁ 's - CIMMYT)
AP	1,74 +/- 0,094 (5,39%)	1,46 +/- 0,106 (7,24%)	1,17 +/- 0,112 (9,59%)
AE	1,01 +/- 0,084 (8,37%)	0,82 +/- 0,086 (10,45%)	0,58 +/- 0,079 (13,57%)
PA ^{b/}	0,35 +/- 0,459 (131,25%)	0,47 +/- 0,203 (43,24%)	0,30 +/- 0,165 (54,92%)
PQ ^{c/}	0,71 +/- 0,596 (83,92%)	0,58 +/- 0,233 (40,32%)	0,98 +/- 0,277 (28,25%)
STD	23,54 +/- 0,937 (4,00%)	21,85 +/- 1,566 (7,17%)	20,32 +/- 2,286 (11,25%)
NE	24,37 +/- 1,569 (6,44%)	19,45 +/- 2,416 (12,42%)	18,15 +/- 3,552 (19,57%)
PG50	18,68 +/- 0,789 (4,22%)	16,31 +/- 1,087 (6,67%)	15,37 +/- 0,819 (5,32%)
PE	4,44 +/- 0,406 (9,15%)	2,44 +/- 0,317 (12,99%)	2,08 +/- 0,259 (17,26%)
PG	3,74 +/- 0,363 (9,71%)	1,90 +/- 0,281 (14,81%)	1,82 +/- 0,320 (17,58%)
FACI	5,74 +/- 0,210 (3,65%)	- - -	- - -
FABA	9,62 +/- 0,570 (5,92%)	- - -	- - -
UMID	12,19 +/- 0,559 (4,58%)	17,11 +/- 0,749 (4,38%)	17,43 +/- 0,976 (5,60%)

a/ Os experimentos I, II e III correspondem aos ensaios em blocos ao acaso, respectivamente, dos híbridos S₀ x S₀ obtidos das variedades Piranão e CIMMYT, dos S₁'s obtidos da variedade Piranão e dos S₁'s obtidos da variedade CIMMYT.

b/ e c/ Os dados são originais, sem correção.

Principalmente, de terem ocorrido falhas maiores que 30% no "stand" final em uma e, as vezes, nas duas repetições dos experimentos. Desta maneira, foram analisados 80, 112 e 92 tratamentos, nos Experimentos I, II e III, respectivamente.

Com exceção dos caracteres número de plantas acamadas e número de plantas quebradas, observa-se que as estimativas das médias foram bastante precisas nos três experimentos. A precisão destas estimativas para os Experimentos II e III (Quadro 5) apresenta estreita relação com a herdabilidade dos caracteres avaliados (Quadro 12), visto que as mais baixas estimativas dos desvios-padrão das médias associaram-se aos caracteres de maiores coeficientes de herdabilidade.

Comparando as médias de altura de planta, altura de espiga, produção em espiga e produção em grãos dos híbridos $S_0 \times S_0$ com as médias das progênes S_1 's de seus progenitores (Quadro 5), verifica-se, como já se esperava, que os híbridos apresentam maiores médias, em virtude dos efeitos de endogamia dentro das progênes S_1 's e de heterose nos híbridos $S_0 \times S_0$.

As progênes S_1 's do 'CIMMYT' apresentaram alturas de planta e de espiga mais baixas, em comparação com as progênes S_1 's do 'Piranão'. As alturas de espigas são muito pequenas, considerando-se que uma altura de espiga da ordem de 60 cm é o critério mínimo aceitável para não haver problemas de colheita mecanizada, conforme asseguram ANDERSON e CHOW. (1963).

Os níveis de produtividade (PE e PG) de ambas as variedades, Piranão e CIMMYT, mostraram-se bastante semelhantes.

4.2. Análises de Variância

Os resultados resumidos das análises de variância de todos os caracteres estudados, nos Experimentos I, II e III, são apresentados nos Quadros 6, 7 e 8, respectivamente.

No Experimento I (Quadro 6), dos híbridos $S_0 \times S_0$, somente as características número de plantas acamadas e número de plantas quebradas não apresentaram diferenças significativas entre os tratamentos, enquanto as demais características o fizeram, pelo menos a 5% de probabilidade. Os coeficientes de variação obtidos neste experimento, de maneira geral, foram baixos, segundo os critérios estabelecidos por PIMENTEL GOMES (1985), sendo os valores altos observados apenas para os caracteres número de plantas acamadas e número de plantas quebradas, ou seja, 20,81 e 23,47%, respectivamente.

Na análise da decomposição dos tratamentos (Quadro 6), puderam-se evidenciar as diferenças entre os híbridos $S_0 \times S_0$, observando significância, em pelo menos a 5% de probabilidade, na maioria das características estudadas. Somente as características número de plantas acamadas, número de plantas quebradas e "stand" não apresentaram diferenças entre os híbridos. Dentro das testemunhas, as características número de plantas quebradas, peso de 50 grãos, número de folhas acima da espiga e teor de umidade não exibiram diferenças significativas, observando-se significância para as demais características.

Alguns autores não recomendam a correção do rendimento em parcelas com "stand" variável quando o teste

QUADRO 6 - Resumo da Análise de Variância em Blocos ao Acaso, com Decomposição dos Graus de Liberdade para Tratamento, e Estimativas dos Coeficientes de Variação Relativos aos 12 Caracteres Estudados no Experimento I (Híbridos S₀ x S₀). Viçosa-MG, 1977/78

Fonte de Variação	G.L.	Altura da Planta (m)	Altura da Espiga (m)	Número de Plantas Acamadas a/	Número de Plantas Quebradas a/	"Stand"	Número de Espigas/Parcela
Bloco	1	-	-	-	-	-	-
Tratamentos	79	0,1367**	0,0980**	0,0752 ^{ns}	0,1157 ^{ns}	4,8452**	18,2371**
Híbridos (H)	69	0,1281**	0,0943**	0,0628 ^{ns}	0,1167 ^{ns}	1,2815 ^{ns}	10,9817**
Testemunhas (C)	9	0,1900**	0,1241**	0,1431**	0,1210 ^{ns}	24,5833**	57,1166**
H vs C	1	0,2535**	0,1191**	0,3204*	0,0016 ^{ns}	73,0322**	168,9449**
Erro	79	0,0176	0,0143	0,0559	0,0884	1,7582	4,9270
Média Geral		1,74	1,01	1,14	1,27	23,54	24,37
C.V. %		7,63	11,85	20,81	23,47	5,63	9,11

Fonte de Variação	G.L.	Peso de 50 Grãos (g)	Peso das Espigas/Parcela (kg)b/	Peso dos Grãos/Parcela (kg) b/	Número de Folhas Acima da Espiga	Número de Folhas Abaixo da Espiga	Teor de Umidade %
Bloco	1	-	-	-	-	-	-
Tratamentos	79	4,2658**	1,0733**	0,7999**	0,2603**	1,3622**	1,0063*
Híbridos (H)	69	4,7055**	0,9028**	0,6691**	0,2871**	1,1569**	1,0481*
Testemunhas (C)	9	1,0712 ^{ns}	1,2517**	1,0010*	0,0591 ^{ns}	3,0802**	0,7635 ^{ns}
H vs C	1	2,6770 ^{ns}	11,2304**	8,0029**	0,2200 ^{ns}	0,0690 ^{ns}	0,3088 ^{ns}
Erro	79	1,2454	0,3303	0,2642	0,0879	0,6493	0,6245
Média Geral		18,68	4,44	3,74	5,74	9,62	12,19
C.V. %		5,97	12,94	13,74	5,18	8,37	6,48

* e ** Significativos a 5 e 1% de probabilidade, pelo teste F, respectivamente.

^{ns} Não-significativo.

a/ Os dados foram transformados em raiz quadrada de X + 1,0.

b/ Análise realizada com dados corrigidos para "stand", pela fórmula de ZUBER (1942).

QUADRO 7 - Resumo da Análise de Variância em Blocos ao Acaso, das 10 Características Estudadas no Experimento II (Progenies S₁'s da Variedade Piranão). Viçosa-MG, 1977/78

Fonte de Variação	G.L.	Altura da Planta (m)	Altura da Espiga (m)	Número de Plantas Acamadas a/	Número de Plantas Quebradas a/	"Stand"
Bloco	1					
Progenies	111	0,1067**	0,0715**	0,1823**	0,1601*	8,5732**
Erro	111	0,0224	0,0147	0,0826	0,1094	4,9078
Média Geral		1,46	0,82	1,16	1,20	21,85
C.V. %		10,22	14,72	24,86	27,46	10,14

Fonte de Variação	G.L.	Número de Espigas/Parcela	Peso de 50 Grãos (g)	Peso das Espigas/Parcela (kg) b/	Peso dos Grãos/Parcela (kg) b/	Teor de Umidade %
Bloco	1					
Progenies	111	38,7795**	9,4584**	0,9129**	0,7031**	3,4936**
Erro	111	11,6701	2,3647	0,2010	0,1583	1,1227
Média Geral		19,45	16,31	2,44	1,90	17,11
C.V. %		17,56	9,42	18,40	20,93	6,19

* e ** Significativos a 5 e 1% de probabilidade, pelo teste F, respectivamente.
ns Não-significativo.

a/ Os dados foram transformados em raiz quadrada de $x + 1,0$.

b/ Análise realizada com dados corrigidos para "stand", pela fórmula de ZUBER (1942).

QUADRO 8 - Resumo da Análise de Variância em Blocos ao Acaso, das 10 Características Estudadas no Experimento III (Progênes S₁'s da Variedade CIMMYT). Viçosa-MG, 1977/78

Fonte de Variação	G.L.	Altura da Planta (m)	Altura da Espiga (m)	Número de Plantas Acamadas a/	Número de Plantas Quebradas a/	"Standf"
Bloco	1					
Progênes	91	0,1181**	0,0649**	0,0666 ^{ns}	0,2166 ^{ns}	13,4772 ^{ns}
Erro	91	0,0252	0,0124	0,0543	0,1533	10,4555
Média Geral		1,17	0,58	1,11	1,34	20,32
C.V. %		13,54	19,25	20,91	29,22	15,91

Fonte de Variação	G.L.	Número de Espigas/ Parcela	Peso de 50 Graos (g)	Peso das Espigas/ Parcela (kg) b/	Peso dos Grãos/ Parcela (kg) b/	Teor de Umidade %
Bloco	1					
Progênes	91	39,3575*	7,8291**	0,6639**	0,6204**	4,4199**
Erro	91	25,2386	1,3411	0,2577	0,2047	1,9037
Média Geral		18,15	15,37	2,08	1,82	17,43
C.V. %		27,68	7,53	24,36	24,83	7,92

* e ** Significativos a 5 e 1% de probabilidade, pelo teste F, respectivamente.
 ns Não-significativo.

a/ Os dados foram transformados em raiz quadrada de $x + 1,0$.

b/ Análise realizada com dados corrigidos para "stand", pela fórmula de ZUBER (1942).

F, na análise de variância para "stand", é significativo. Entretanto, neste trabalho, mesmo quando ocorreu significância, optou-se pela correção do peso de grãos e de espigas para o número ideal de 24 plantas/parcela, nos três experimentos, pois, inicialmente, foram descartados os tratamentos que tinham mais de 30% de falhas.

No Quadro 9, têm-se os resultados referentes à produção de grãos, em kg/ha, em ordem decrescente. Os dados foram corrigidos para 15,5% de umidade e "stand" ideal de 24 plantas por parcela. São apresentados também os dados dos demais caracteres transformados em porcentagem, em relação à média geral do experimento, na tentativa de facilitar as comparações das características estudadas entre os diversos cruzamentos de híbridos $S_0 \times S_0$ e as testemunhas. Como houve diferença significativa entre híbridos a 1% de probabilidade, pelo teste F, para a característica peso de grãos, aplicou-se o teste de Scott-Knott, numa tentativa de selecionar os melhores híbridos $S_0 \times S_0$. Deste modo, obtiveram-se dois grupos de híbridos diferenciados entre si, considerando a produção de grãos.

Com base numa intensidade de 30% de seleção, conforme a sugestão de HALLAUER (1967), dever-se-iam selecionar os melhores híbridos $S_0 \times S_0$, dentre os 71 híbridos testados, e recombinar as sementes S_1 's remanescentes para a obtenção das populações 'Piranão I' e 'CIMMYT I'. Entretanto, tal procedimento não fez parte do presente trabalho, ficando nesta pesquisa apenas os resultados obtidos como ponto de partida do melhoramento das variedades Piranão e CIMMYT.

QUADRO 9 - Produção em Grãos (kg/ha), em Ordem Decrescente, Corrigida para Umidade de 15,5% e "Stand" Ideal de 24 Plantas por Parcela, e Porcentagens em Relação à Média Geral do Experimento, das Características^a Estudadas no Experimento I^b. Viçosa-MG, 1977/78

Número de Ordem	Tratamento c/	Produção (kg/ha) d/	PG	AP	AE	PA	PQ	STD	NE	PG50	PE	FACI	FABA	UMID
1	14	9828 a	145	129	146	88	95	102	113	121	148	93	118	106
2	2	9220 a	136	131	154	88	108	98	121	104	136	94	112	97
3	62	8905 a	131	112	120	88	108	100	119	97	122	102	105	95
4	69	8805 a	129	96	91	88	95	102	119	99	129	102	92	98
5	54	8714 a	128	145	144	150	79	98	96	103	121	111	100	98
6	48	8509 a	125	138	162	88	95	102	131	94	126	99	118	99
7	72	8486 a	125	108	121	120	95	100	113	103	120	87	104	97
8	5	8416 a	124	124	147	88	108	102	109	108	124	94	108	98
9	58	8341 a	123	111	107	106	95	98	103	103	116	98	98	100
10	52	8307 a	122	104	93	88	95	102	105	112	120	106	88	96
11	68	8189 a	120	114	119	88	79	104	113	112	122	107	108	93
12	24	7840 a	115	113	122	106	124	102	113	102	117	98	105	100
13	63	7805 a	115	108	103	88	79	100	98	104	115	103	100	96
14	53	7633 a	112	116	112	88	79	104	98	97	116	105	94	99
15	22	7603 a	112	104	102	88	108	104	105	101	112	98	86	104
16	75	7588 a	112	106	89	106	95	104	103	120	112	112	99	103
17	11	7553 a	111	98	86	88	79	100	98	102	110	115	98	93
18	3	7521 a	111	117	149	88	95	102	111	90	111	101	105	94
19	45	7510 a	110	119	134	106	128	102	113	105	110	96	117	103
20	51	7505 a	110	95	95	88	95	102	96	95	114	110	111	105
21	7	7501 a	110	112	111	88	124	104	107	112	110	100	106	95
22	67	7420 a	109	95	99	106	79	102	105	109	105	99	101	95
23	73	7418 a	109	108	111	106	95	100	105	100	109	101	106	95
24	9	7397 a	109	112	101	88	79	104	105	103	110	106	99	105
25	44	7390 a	109	107	104	106	95	102	107	106	108	96	87	112
26	36	7339 a	108	104	115	88	112	104	96	118	112	101	104	98
27	38	7326 a	108	93	86	106	79	102	109	108	113	92	107	113
28	27	7314 a	108	97	86	88	79	102	115	102	108	108	104	96
29	64	7247 a	107	111	116	88	144	108	121	93	110	101	102	93
30	4	7243 a	107	89	82	88	135	104	101	87	106	102	101	103
31	17	7234 a	106	78	75	88	95	96	90	104	108	102	92	106
32	77	7208 a	106	103	91	132	137	98	98	93	108	111	95	98
33	55	7156 a	105	93	93	88	95	102	98	98	103	111	99	102

(Continua...)

QUADRO 9, cont.

Número de Ordem	Trata- mento c/	Produção (kg/ha) d/	PG	AP	AE	PA	PQ	STD	NE	PG50	PE	FACI	FABA	UMID
34	23	7136 a	105	87	82	120	95	100	86	98	102	97	94	94
35	6	7127 a	105	97	96	88	108	104	98	100	104	102	96	94
36	81	6954 a	102	90	87	120	95	100	98	99	99	96	97	95
37	21	6936 a	102	107	111	88	79	98	92	99	100	102	94	96
38	26	6807 b	100	91	85	120	118	102	123	94	103	96	87	99
39	76	6665 b	98	103	100	88	124	104	107	99	99	103	112	104
40	50	6633 b	98	103	113	88	79	100	101	104	98	89	96	103
41	30	6624 b	97	108	113	88	79	96	103	87	93	99	103	100
42	PIR	6552 b	96	109	113	116	113	104	109	100	97	99	109	100
43	47	6540 b	96	83	78	124	112	104	92	102	100	100	84	98
44	74	6526 b	96	110	113	138	95	108	117	100	98	101	115	89
45	32	6497 b	96	96	97	88	95	100	98	99	90	94	106	101
46	46	6493 b	96	86	86	106	79	66	64	109	81	102	92	96
47	59	6490 b	95	99	105	120	79	83	103	87	93	95	91	98
48	12	6489 b	95	100	95	120	112	100	101	103	95	107	100	99
49	41	6466 b	95	109	108	88	124	102	101	111	103	101	112	108
50	19	6437 b	95	76	71	88	137	96	94	98	94	91	87	97
51	1	6432 b	95	127	135	132	135	104	107	105	100	105	115	99
52	28	6395 b	94	95	89	88	79	106	103	88	98	97	106	94
53	79	6375 b	94	97	91	106	79	102	101	90	92	109	108	94
54	31	6351 b	93	116	113	88	95	100	90	103	95	109	101	108
55	29	6347 b	93	88	81	106	95	98	86	104	93	94	95	99
56	61	6346 b	93	96	96	88	95	100	98	99	97	98	105	93
57	15	6308 b	93	96	90	88	95	96	101	96	91	101	94	102
58	35	6275 b	92	89	89	120	135	106	88	87	93	96	94	96
59	A6	6255 b	92	86	85	97	79	67	63	107	81	100	96	99
60	13	6233 b	92	105	113	88	95	102	92	103	95	102	110	116
61	65	6157 b	91	108	122	88	79	102	109	111	89	107	109	120
62	18	6125 b	90	74	68	88	79	100	86	91	85	98	95	101
63	37	6095 b	90	106	107	124	95	102	107	98	91	98	100	104
64	34	6075 b	89	94	88	88	108	102	103	96	87	99	97	100
65	40	6058 b	89	82	78	124	124	100	98	79	85	96	88	117
66	33	6045 b	89	107	121	88	112	100	103	86	88	85	102	101
67	8	6016 b	88	86	84	88	79	68	62	106	81	98	100	102
68	43	5962 b	88	109	111	124	124	102	101	96	88	96	104	98
69	71	5925 b	87	81	74	88	79	102	101	97	87	101	90	103
70	20	5904 b	87	89	93	106	137	102	98	99	85	94	95	94

(Continua...)

QUADRO 9, cont.

Número de Ordem	Tratamento c/	Produção (kg/ha) d/												
			PG	AP	AE	PA	PQ	STD	NE	PG50	PE	FACI	FABA	UMID
71	16	5794 b	85	85	78	88	95	102	98	95	87	102	95	96
72	49	5752 b	85	102	106	138	137	102	92	101	86	99	113	100
73	10	5661 b	83	80	65	106	95	100	92	99	86	108	90	107
74	70	5504 b	81	97	86	106	79	102	94	101	78	103	105	97
75	39	5359 b	79	87	89	88	108	102	98	97	78	92	97	102
76	57	5284 b	78	85	73	88	79	102	103	102	82	106	101	101
77	66	5234 b	77	96	104	88	124	102	88	93	77	82	97	95
78	25	4926 b	72	76	69	88	108	102	84	94	77	108	108	98
79	80	4753 b	70	91	93	106	79	106	86	84	75	90	95	108
80	CIM	3989 b	59	74	65	109	94	91	73	102	59	96	85	98

a/ As 12 características estudadas são: PG = peso de grãos; AP = altura da planta; AE = altura da espiga; PA = número de plantas acamadas/parcela; PQ = número de plantas quebradas/parcela; STD = "stand"; NE = número de espigas/parcela; PG50 = peso de 50 grãos; PE = peso de espigas/parcela; FACI = número de folhas acima da espiga; FABA = número de folhas abaixo da espiga; e UMID = umidade.

b/ Experimento I corresponde ao ensaio em blocos ao acaso, de híbridos $S_0 \times S_0$, entre as variedades Piranão e CIMMYT e as testemunhas Piranão, CIMMYT e o híbrido AG 305 B.

c/ PIR, AG e CIM correspondem, respectivamente, às testemunhas 'Piranão', híbrido 'AG 305 B' e CIMMYT.

d/ Valores seguidos da mesma letra não diferem entre si, pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

Dentre os híbridos avaliados, os tratamentos, por ordem decrescente de produtividade, com números 14, 2, 62, 69, 54, 48, 72, 5, 58, 52, 68, 24, 63, 53, 22, 75, 11, 3, 45, 51 e 7, seriam os mais recomendados para terem suas respectivas progênes S_1 's recombinadas, em virtude de terem sido os mais produtivos. A produção desses híbridos variou de 7,500 a 9,828 kg/ha, produzindo, no mínimo, 10% a mais que a média geral do experimento e 14, 18 e 51% a mais que as testemunhas 'Piranão', AG305 B e 'CIMMYT', respectivamente.

Com base nos dados do Quadro 9, verifica-se que os híbridos selecionados são compatíveis com o desejado em milhos comerciais, visto que, nas comparações com as testemunhas, eles se mostraram superiores.

Com relação aos Experimentos II e III (Quadros 7 e 8), onde se consideraram os efeitos de progênes como aleatórios, observa-se que foram detectadas diferenças estatísticas significativas entre progênes, relativamente, na quase totalidade dos caracteres analisados. Isto indica a existência de variabilidade genética considerável nas duas variedades braquíticas estudadas, passível de ser utilizada no melhoramento de praticamente todos os caracteres fenotípicos nelas identificados.

No Experimento II, das progênes S_1 's da variedade Piranão (Quadro 7), todas as características estudadas apresentaram diferenças significativas a 1% de Probabilidade, pelo teste F, com exceção do número de Plantas quebradas, que foi significativo apenas a 5% de Probabilidade. Os coeficientes de variação neste experimento variaram de 9,42 a 27,46%, sendo este último

considerado elevado para o experimento em questão (PIMENTEL GOMES, 1985).

Quanto às progênies S_1 's da variedade CIMMYT (Quadro 8), no Experimento III, não houve diferença significativa para as características número de plantas acamadas, número de plantas quebradas e "stand". Para a característica número de espigas/parcela, houve diferença apenas a 5% de Probabilidade, enquanto para as demais características essa diferença foi a 1% de probabilidade. Neste experimento, os coeficientes de variação foram, de maneira geral, elevados, variando de 7,53 a 29,22%.

As magnitudes do valor de F, nos Experimentos II e III, foram consistentemente maiores para os caracteres altura de planta, altura de espiga, peso de espiga, peso de grãos e peso de 50 grãos. Tais resultados dão indícios de que ambas as variedades, Piranão e CIMMYT, apresentam maior variação genética para estas características.

Para as características altura de planta e da espiga nos três experimentos, os valores de CV's encontrados foram mais elevados para altura de espiga, colaborando com um fato interessante, já observado por alguns autores (RISSI, 1980; ANDERSON e CHOW, 1963), de que estas características, apesar de medidas na mesma planta, apresentam resultados diferentes quanto aos coeficientes de variação.

4.3. Estimativas de Parâmetros Genético, Ambiental e Fenotípico

Nos Quadros 10 e 11, são apresentadas as estimativas das variâncias genética, ambiental e fenotípica, em nível de

QUADRO 10 - Estimativas de Variâncias Genética ($\hat{\sigma}_G^2$), Ambiental ($\hat{\sigma}_E^2$) e Fenotípica (\hat{V}_F), em Nível de Médias de Progenies com Desvios-Padrão, em Valor Absoluto e em %, para as 10 Características Estudadas no Experimento II^a. Viçosa-MG, 1977/78

Caracteres ^{b/}	$\hat{\sigma}_G^2$	$\hat{\sigma}_E^2$	\hat{V}_F
AP	0,0422 ± 0,0073 (17,20%)	0,0112 ± 0,0015 (13,30%)	0,0534 ± 0,0071 (13,30%)
AE	0,0284 ± 0,0049 (17,11%)	0,0074 ± 0,0010 (13,30%)	0,0358 ± 0,0048 (13,30%)
PA	0,0498 ± 0,0133 (26,73%)	0,0413 ± 0,0055 (13,30%)	0,0911 ± 0,0121 (13,30%)
PQ	0,0254 ± 0,0129 (50,88%)	0,0547 ± 0,0073 (13,30%)	0,0800 ± 0,0106 (13,30%)
STD	1,8327 ± 0,6571 (35,86%)	2,4539 ± 0,3264 (13,30%)	4,2866 ± 0,5703 (13,30%)
NE	13,5547 ± 2,6938 (19,87%)	5,8350 ± 0,7760 (13,30%)	19,3898 ± 2,5796 (13,30%)
PG50	3,5469 ± 0,6485 (18,28%)	1,1824 ± 0,1573 (13,30%)	4,7292 ± 0,6292 (13,30%)
PE	0,3560 ± 0,0622 (17,47%)	0,1005 ± 0,0134 (13,30%)	0,4565 ± 0,0607 (13,30%)
PG	0,2724 ± 0,0479 (17,60%)	0,0792 ± 0,0105 (13,30%)	0,3516 ± 0,0468 (13,30%)
UMID	1,1854 ± 0,2441 (20,59%)	0,5614 ± 0,0747 (13,30%)	1,7468 ± 0,2324 (13,30%)

a/ Experimento II corresponde ao ensaio em blocos ao acaso, das progenies S_1 's da variedade Piranão.

b/ Os caracteres estudados foram: altura de planta (AP), em m, altura da espiga (AE), em m, número de plantas acamadas/parcela (PA), número de plantas quebradas/parcela (PQ), "stand" (STD), número de espigas/parcela (NE), peso de 50 grãos (PG50), em g, peso de espigas/parcela (PE), em kg, peso de grãos/parcela (PG), em kg, e umidade (UMID), em %.

QUADRO 11 - Estimativas de Variâncias Genética (σ_G^2), Ambiental (σ_E^2) e Fenotípica (\hat{V}_F), em Nível de Médias de Progenies, com Desvios-Padrão, em Valor Absoluto e em %, para as 10 Características Estudadas no Experimento III. Viçosa-MG, 1977/78^{a/}

Caracteres ^{b/}	σ_G^2	σ_E^2	\hat{V}_F
AP	0,0464 ± 0,0089 (19,06%)	0,0126 ± 0,0018 (14,66%)	0,0590 ± 0,0087 (14,66%)
AE	0,0262 ± 0,0048 (18,46%)	0,0062 ± 0,0009 (14,66%)	0,0325 ± 0,0048 (14,66%)
PA	0,0061 ± 0,0063 (103,28%)	0,0272 ± 0,0040 (14,66%)	0,0333 ± 0,0049 (14,66%)
PQ	0,0317 ± 0,0195 (61,47%)	0,0766 ± 0,0112 (14,66%)	0,1083 ± 0,0159 (14,66%)
STD	1,5108 ± 1,2507 (82,78%)	5,2278 ± 0,7664 (14,66%)	6,7386 ± 0,9882 (14,66%)
NE	7,0594 ± 3,4282 (48,56%)	12,6193 ± 1,8500 (14,66%)	19,6787 ± 2,8858 (14,66%)
PG50	3,2440 ± 0,5824 (17,95%)	0,6706 ± 0,0983 (14,66%)	3,9145 ± 0,5741 (14,66%)
PE	0,2031 ± 0,0522 (25,71%)	0,1288 ± 0,0189 (14,66%)	0,3320 ± 0,0487 (14,66%)
PG	0,2078 ± 0,0479 (23,05%)	0,1024 ± 0,0150 (14,66%)	0,3102 ± 0,0455 (14,66%)
UMID	1,2581 ± 0,3529 (28,05%)	0,9519 ± 0,1395 (14,66%)	2,2100 ± 0,3241 (14,66%)

a/ Experimento III corresponde ao ensaio em blocos ao acaso, das progenies S_1 's da variedade CIMMYT.

b/ Os caracteres estudados foram: altura de planta (AP), em m, altura da espiga (AE), em m, número de plantas acamadas/parcela (PA), número de plantas quebradas/parcela (PQ), "stand" (STD), número de espigas/parcela (NE), peso de 50 grãos (PG50), em g, peso de espigas/parcela (PE), em kg, peso de grãos/parcela (PG), em kg, e umidade (UMID), em %.

médias de progênies com os desvios-padrão, em valor absoluto e em %, para todas as características em estudos nos Experimentos II e III, respectivamente. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade, obtidas em nível de média de progênies com os respectivos erros-padrão, em valor absoluto e em %, são apresentadas no Quadro 12. A herdabilidade é de grande importância, porque mostra quanto a variação total existente nas variedades é expressa pela variação genética.

Como já mencionado anteriormente, pelo fato de trabalhar com progênies S_1 's nos Experimentos II e III, considerar-se-á a variância genotípica entre progênies como a variância genética aditiva na população-base, em virtude de o coeficiente de endogamia ser igual a 0,5, conforme a expressão $\sigma_G^2 = 2FV_A$ (FALCONER, 1981). Sendo assim, as estimativas de variâncias genéticas apresentadas nos Quadros 10 e 11 representam, respectivamente, as variâncias genéticas das populações-base Piranão e CIMMYT.

As variâncias genéticas em nível de médias de progênies para altura de planta e espiga, no Experimento II (Quadro 10), foram iguais a 0,0422 e 0,0284 m^2 , com boas precisões, segundo as estimativas dos desvios-padrão (VELLO e VENCOSKY, 1974). O mesmo pode ser observado no Experimento III (Quadro 11), cujas variâncias genéticas para esses caracteres foram iguais a 0,0464 e 0,0262 m^2 . Os coeficientes de herdabilidades (Quadro 12) apresentaram magnitudes da ordem de 80% para esses caracteres, nos dois experimentos. Desta maneira, podem-se explorar as diferenças de altura de planta e espiga existentes em ambas

QUADRO 12 - Estimativas Obtidas em Nível de Médias de Progênes dos Coeficientes de Herdabilidade (h^2) no Sentido Restrito, com seus Respective Desvios-Padrão, em Valor Absoluto e em %, das 10 Características Estudadas^{a/} nos Experimentos II e III. Viçosa-MG, 1977/78

Caracteres ^{b/}	h^2	
	Experimento II (S ₁ 's Piranão)	Experimento III (S ₁ 's CIMMYT)
AP	0,7901 +/- 0,0395 (5,00%)	0,7867 +/- 0,0442 (5,62%)
AE	0,7940 +/- 0,0387 (4,88%)	0,8086 +/- 0,0397 (4,91%)
PA	0,5465 +/- 0,0853 (15,61%)	0,1839 +/- 0,1692 (91,99%)
PQ	0,3167 +/- 0,1286 (40,59%)	0,2922 +/- 0,1468 (50,22%)
STD	0,4275 +/- 0,1077 (25,19%)	0,2242 +/- 0,1609 (71,76%)
NE	0,6990 +/- 0,0566 (8,10%)	0,3587 +/- 0,1330 (37,07%)
PG50	0,7499 +/- 0,0470 (6,27%)	0,8286 +/- 0,0355 (4,29%)
PE	0,7798 +/- 0,0414 (5,31%)	0,6118 +/- 0,0805 (13,15%)
PG	0,7748 +/- 0,0424 (5,47%)	0,6700 +/- 0,0684 (10,21%)
UMID	0,6786 +/- 0,0605 (8,91%)	0,5692 +/- 0,0893 (15,69%)

a/ Os experimentos II e III correspondem, respectivamente, aos ensaios em blocos ao acaso, das progênes S₁'s das variedades Piranão e CIMMYT.

b/ Os caracteres estudados foram: altura de planta (AP), em m, altura de espiga (AE), em m, número de plantas acamadas/parcela (PA), número de plantas quebradas/parcela (PQ), "stand" (STD), número de espigas/parcela (NE), peso de 50 grãos (PG50), em g, peso de espigas/parcela (PE), em kg, peso de grãos/parcela (PG), em kg, e umidade (UMID), em %.

as variedades. Talvez, no caso da variedade CIMMYT, seja interessante elevar um pouco a altura da planta e da espiga, diante das médias tão baixas encontradas para essas características (Quadro 5), respectivamente 1,17 e 0,58 m.

Com relação à produção, as variâncias genéticas em nível de médias de progênies, para peso de espiga e peso de grãos (Quadro 10), foram de 0,3560 e 0,2724 (kg/parcela)², respectivamente, para as progênies S₁'s do 'Piranão'. Os coeficientes de herdabilidade para essas características foram iguais a 77% (Quadro 12). Dentro das progênies S₁'s do 'CIMMYT', as variâncias para as características em questão foram de 0,2031 e 0,2078 (kg/parcela)² (Quadro 11), com coeficientes de herdabilidade iguais a 61 e 67% (Quadro 12), respectivamente. Os desvios-padrão foram considerados baixos, segundo VELLO e VENCOSKY (1974), indicando uma boa precisão dessas estimativas. Deste modo, pelos valores estimados de herdabilidade, pode-se explorar o potencial de produtividade de ambas as variedades.

No experimento II, observou-se baixa precisão das estimativas de variância genética, para os caracteres número de plantas quebradas e "stand" (Quadro 10), com estimativas dos desvios-padrão acima de 30%. O mesmo se observou para estas características no Experimento III (Quadro 11), juntamente com as características número de plantas acamadas e número de espigas/parcela. Presume-se que estes resultados refletem o fato de estes caracteres serem mais sujeitos a efeitos de causas ambientais não-controláveis.

4.4. Correlações Genética, Ambiental e Fenotípica

Nos Quadros 13 e 14, são apresentadas as estimativas dos coeficientes de correlações genética (r_G), ambiental (r_E) e fenotípica (r_F), relativas às combinações dos 10 caracteres estudados nos Experimentos II e III, respectivamente.

De maneira geral, em ambos os experimentos, observou-se que as correlações genéticas foram superiores às correlações fenotípica e de ambiente, evidenciando a influência das causas genéticas na determinação das correlações. Isto torna possível a seleção indireta para vários caracteres correlacionados entre si (DEMPSTER, 1963). Outro fator importante é a igualdade de sinais observados nas estimativas dos coeficientes de correlações genética e ambiental, em ambos os experimentos, evidenciando que as variações genética e de ambiente são influenciadas pelos mesmos mecanismos fisiológicos (FALCONER, 1981).

A altura de planta e a altura de espiga apresentaram altas correlações genéticas em ambos os experimentos ($r_G = 0,9464$ para o Experimento II e $0,9322$ para o Experimento III). Estes valores estão de acordo com trabalhos com milhos normais (CRISOSTOMO, 1978; REGAZZI, 1978; FERRÃO, 1985; dentre outros) e com alguns trabalhos com milhos braquíticos (RISSI, 1980; LORDELO, 1982; CASTIGLIONI, 1986; SOARES FILHO, 1987, entre outros), visto que, quanto maior a altura da planta, maior também a altura da espiga.

No Experimento II, observou-se baixo coeficiente de correlação genética entre altura de planta e peso de grãos

($r_G=0,1561$). Entretanto, já para o Experimento III, esta correlação foi bem mais alta ($r_G=0,5053$), o que concorda com os trabalhos com milhos normais apresentados na literatura (VERA e CRANE, 1970; ARBOLEDA e LONNQUIST, 1976; REGAZZI, 1978; FERRÃO, 1985) e com os trabalhos de milhos braquíticos apresentados por RISSI (1980) e LORDELO (1982), dentre outros.

No Experimento III, observou-se alta correlação genética entre altura de planta e altura de espiga, com número de plantas acamadas, indicando maior acamamento de raízes quando aumentava a altura das plantas e das espigas.

Com relação ao número de plantas quebradas no Experimento II, obteve-se um resultado, correlacionando negativamente com alturas de planta e de espiga, o que contradiz com o esperado, visto que, quando se elevam a altura da planta e a altura da espiga, eleva-se também o centro de gravidade da planta, fazendo com que seja mais facilmente quebrada pela ação do vento. Talvez, este resultado negativo equivalha a um valor real zero ou algum valor positivo muito pequeno ou, ainda, a uma amostragem inadequada para este caráter. O mesmo aconteceu para a correlação entre os caracteres número de planta acamada e "stand" final, apresentando valores baixos e negativos, sendo que, em geral, essas correlações têm-se mostrado positivas (ALDRICH et alii, 1975).

No Experimento III, também se obteve resultado contraditório, isto é, correlações genéticas negativas entre número de plantas quebradas e "stand" final ($r_G = -0,5221$). ALDRICH et alii (1975) citam que, quando ocorre aumento do

"stand", há a tendência de as plantas ficarem com colmos mais finos e, assim, mais predispostas ao quebramento dos mesmos. Esta mesma correlação no Experimento II apresentou-se positiva, concordando com os resultados apresentados por GALVÃO (1974) e VALVA (1976).

A característica número de espigas apresentou alta correlação genética positiva com número de plantas quebradas no Experimento II ($r_G=0,6100$) e valor baixo para essa mesma correlação no Experimento III ($r_G=0,1237$). Também, encontrou-se alta correlação genética positiva entre o número de espigas e o peso de espiga nos Experimentos II e III.

O peso de espigas e o peso de grãos nos Experimentos II e III correlacionaram-se positivamente com o número de plantas acamadas e o número de plantas quebradas, indicando que, com maior produção, as plantas tendem a aumentar os acamamentos de colmos e raízes.

Os caracteres peso de grãos e de espiga apresentaram as estimativas dos coeficientes de correlações genéticas iguais a 0,9876 e 0,9915, para os Experimentos II e III, respectivamente. Tais resultados concordam com os obtidos em milhos braquíticos por CASTIGLIONI (1986), os quais já eram esperados, uma vez que o peso de grãos equivale, aproximadamente, a 80% do peso das espigas.

5. RESUMO E CONCLUSOES

O presente trabalho teve por objetivos avaliar híbridos braquíticos ($S_0 \times S_0$), obtidos de cruzamentos entre as variedades braquíticas Piranão e CIMMYT, e estudar a variabilidade genética de ambas as variedades, por meio da avaliação de suas progênies S_1 's.

As variedades Piranão e CIMMYT foram oriundas da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ), em Piracicaba-SP. Fizeram-se cruzamentos planta a planta entre as variedades, para a obtenção dos híbridos ($S_0 \times S_0$). Simultaneamente, autofecundaram-se as plantas intercruzadas para a obtenção das progênies S_1 's, segundo os procedimentos sugeridos por HALLAUER (1967) e LONNQUIST e WILLIAMS (1967), com a ampliação proposta por HALLAUER e EBERHART (1970), com algumas adaptações.

Para a avaliação dos híbridos e das progênies S_1 's, realizaram-se três experimentos em "lattice" simples. Em razão de o Experimento I ter apresentado baixa eficiência do "lattice" e de nos Experimentos II e III terem ocorrido

perdas de parcelas, dificultando a análise em "lattice", optou-se pela análise em blocos ao acaso, nos três experimentos. O ensaio de híbridos ($S_0 \times S_0$) teve 81 entradas no total, incluindo as testemunhas, que foram as variedades Piranão e CIMMYT, e também o híbrido comercial AG-305 B (braquítico), produzido pela Companhia de Sementes Agroceres S/A. Os outros dois ensaios tiveram progênes S_1 's das variedades Piranão e CIMMYT, respectivamente com 169 e 144 entradas.

Os caracteres estudados foram: altura de planta, altura de espiga, número de plantas acamadas, número de plantas quebradas, "stand" final, número de espigas, número de folhas acima da espiga, número de folhas abaixo da espiga, peso de espigas, peso de grãos, peso de 50 grãos e teor de umidade na colheita.

As análises estatísticas foram realizadas segundo os procedimentos preconizados por KEMPTHORNE (1973). Para o experimento dos híbridos, considerou-se o efeito de tratamentos como fixo, e decidiu-se selecionar 21 híbridos superiores em relação à produção, dentre os 70 híbridos ($S_0 \times S_0$) testados. A produção destes híbridos, em média, foi maior que 10% da média geral do experimento e 14, 18 e 51% maior que as médias das testemunhas 'Piranão', AG-305 B e 'CIMMYT', respectivamente.

Com os resultados das análises de variância para os dois experimentos das progênes S_1 's, em que o efeito de progênes foi considerado aleatório, puderam-se estimar as variâncias genética, ambiental e fenotípica, bem como as respectivas correlações para todos os caracteres em estudo.

Dentro do experimento das progênies S_1 's da variedade Piranão, detectaram-se diferenças significativas, a 1% de probabilidade, para todas as características estudadas, exceto para número de plantas quebradas, que foi significativo somente a 5% de probabilidade.

Para o experimento das progênies S_1 's da variedade CIMMYT, observou-se significância a 1% de probabilidade, para os caracteres altura de planta, altura de espiga, peso de 50 grãos, peso de espiga, peso de grãos e teor de umidade. Para o caráter número de espiga, houve significância somente a 5% de probabilidades, enquanto para os demais caracteres não se observaram diferenças significativas.

As significâncias encontradas nos experimentos das progênies S_1 's, das variedades Piranão e CIMMYT, evidenciaram considerável variabilidade genética passível de ser explorada num programa de melhoramento. Tal variabilidade também pôde ser confirmada com os elevados coeficientes de herdabilidades encontrados para a maioria dos caracteres estudados, nos dois experimentos das progênies S_1 's.

Quanto às correlações entre os caracteres, observou-se que, nos dois experimentos (S_1 's da variedade Piranão e S_1 's da variedade CIMMYT), de maneira geral, as correlações genéticas foram maiores que as ambientais e fenotípicas, indicando a presença marcante de efeitos genéticos. Dos resultados obtidos, pôde-se concluir que:

1) Os híbridos ($S_0 \times S_0$) produzidos entre as variedades Piranão e CIMMYT apresentam produtividade e

características agronômicas compatíveis com o desejado em milhos comerciais.

2) A heterose apresentada pelos híbridos ($S_0 \times S_0$) obtidos entre as variedades Piranão e CIMMYT indica que estas constituem fontes potenciais para a obtenção de linhagens braquíticas.

3) As estimativas de herdabilidade para os caracteres altura de planta, altura de espiga, número de espigas, peso de 50 grãos, peso de espigas, peso de grãos e umidade foram consideradas altas na variedade Piranão.

4) As estimativas de herdabilidade para os caracteres altura de planta, altura de espiga, peso de 50 grãos, peso de espigas, peso de grãos e umidade foram consideradas altas na variedade CIMMYT.

5) Ambas as variedades, Piranão e CIMMYT, apresentam suficiente variabilidade genética para a obtenção de progressos relativamente altos com o emprego de métodos simples de seleção, para a maioria dos caracteres estudados.

6) Para a variedade Piranão, as correlações genéticas que se destacaram foram: altura de planta com altura de espiga ($r_G = 0,9464$), número de plantas quebradas com número de espigas ($r_G = 0,6100$), número de espigas com peso de espigas ($r_G = 0,8155$), número de espigas com peso de grãos ($r_G = 0,7998$) e peso de grãos com peso de espigas ($r_G = 0,9876$).

7) Para a variedade CIMMYT, as correlações genéticas que se destacaram foram: altura de planta com altura de espiga ($r_G = 0,9322$), altura de planta com número de plantas acamadas ($r_G = 0,9889$), altura de planta com peso de espiga

($r_G=0,5617$), altura de planta com peso de grãos ($r_G=0,5033$), altura de espiga com número de planta acamada ($r_G=0,9328$), altura de espiga com peso de espiga ($r_G=0,5137$), altura de espiga com peso de grãos ($r_G=0,4707$), número de espigas com número de plantas acamadas ($r_G=0,9609$), número de espigas com peso de espiga ($r_G=0,7976$), número de espigas com peso de grãos ($r_G=0,7319$) e peso de espigas com peso de grãos ($r_G=0,9915$).

BIBLIOGRAFIA

BIBLIOGRAFIA

AJUDANTE NETO, F. Avaliação de proleções de irmãos
sirenes interpopulacionais obtidas de cruzamentos de
milho (Zea mays L.). Piracicaba, ESAL/UNESP, 1978. 93p.
(Tese M.S.)

BIBLIOGRAFIA

ALDRICH, S.R. & SCOTT, W.D., LING, E.R. Modern corn
production. Ed. Champaign, A & L Publications, 1975.
378p.

ALLARD, R.W. Princípios de melhoramento genético das
plantas. São Paulo, Edgard Blücher, 1974. 381p.

ANDERSON, J.C. & CHOW, P.N. Phenotypes and grain yield
associated with brachytic-B gene in single-cross hybrids
of dent corn. Gen. Sci. 3: 111-3, 1963.

ANUÁRIO ESTATÍSTICO DO BRASIL. Rio de Janeiro, 44: 397-40,
1969.

ARDELEA, R.F. & LONQUIST, J.H. Evaluation of progress in
mass selection of two maize subpopulations. Plant
Breeding Abstracts, 56: 751, 1976.

BANDELL, S. Genética. In: PATERNIANI, E. & VISEGAS, S. (ed.)
Melhoramento e produção de milho. Campinas, Fundação
Ceará, 1987. v. 1. p. 109-34.

BARTLETT, B.S. Some notes on insecticide tests in the
laboratory and in the field. Journal of the Royal
Statistical Society, Londres, 3: 182-94, 1934.

BEADLE, G.W. El origen del maíz. Investigación y Ciencia
45: 84-92, 1980.

CAMPBELL, C.H. New hybrids and modifiers. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 40. Proceedings, 1943. p. 22-7.

CASTILIONI, V.B.R. Estudo da introdução do gene brachytic-2 (br2) sobre características agrônomicas de sete variedades de milho (Zea mays L.). Viçosa, UFV, 1986. 118p. (Tese M.S.).

CASTRO, E. de N. Compatibilidade entre populações de milho normal e brachíticas. Piracicaba, ESALQ/USP, 1983. 125p. (Tese D.Sc.).

COCKERHAM, C.W. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariances among relatives when epistasis. Genetics, 23: 609-622, 1954.

BIBLIOGRAFIA

CONSTOCK, R.E.; ROBINSON, R.F.; HANCOCK, F.H. A breeding procedure designed to take maximum use of both general and specific combining ability. Genetics, 31: 360-7, 1949.

CRISTÓFARO, J.R. Estudo de populações de milho.

AJUDARTE NETO, F. Avaliação de progênies de irmãos germanos interpopulacionais obtidos de compostos de milho (Zea mays L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 1978. 93p. (Tese M.S.).

ALDRICH, S.R.; SCOTT, W.O.; LENG, E.R. Modern corn production. 2.ed. Champaign, A & L Publications, 1975. 378p.

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

ANDERSON, J.C. & CHOW, P.N. Phenotypes and grain yield associated with brachytic-2 gene in single-cross hybrids of dent corn. Crop Sci., 3: 111-3, 1963.

ANUARIO ESTATÍSTICO DO BRASIL. Rio de Janeiro, 46: 339-40, 1985.

ARBOLEDA, R.F. & LONNQUIST, J.H. Evaluation of progress in mass selection of two maize subpopulations. Plant Breeding Abstracts, 46: 751, 1976.

BANDEL, G. Genética In: PATERNIANI, E. & VIÉGAS, G.P., ed. Melhoramento e produção de milho. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v. 1, p. 109-34.

BARTLETT, M.S. Some notes on insecticide tests in the laboratory and in the field. Journal of the Royal Statistical Society, Londres, 3: 185-94, 1936.

BEADLE, G.W. El origen del maiz. Investigacion y Ciência, 42: 84-92, 1980.

- CAMPBELL, C.M. New dwarfs and modifiers. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 20. Proceedings... 1965. p.22-9.
- CASTIGLIONI, V.B.R. Efeito da introdução do gene braquitico-2 (br2) sobre características agronômicas de sete variedades de milho (Zea mays L.). Viçosa, UFV, 1986. 116p. (Tese M.S.).
- CASTRO, E. da M. Competição entre populações de milho normais e braquíticas. Piracicaba, ESALQ/USP, 1983. 155p. (Tese D.S.).
- COCKERHAM, C.C. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariances among relatives when epistasis is present. Genetics, 39: 859-82, 1954.
- COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F.; HARVEY, P.H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. Agron. J., 41: 360-7, 1949.
- CRISOSTOMO, J.R. Estimação de parâmetros genéticos visando seleção em dois compostos de milho (Zea mays L.). Piracicaba, ESALQ/USP., 1978. 71p. (Tese M.S.).
- DEMPSTER, E.R. Concepts and definitions in relation to selection schemes. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.F. Statistical genetics and plant breeding. Washington, Nat. Acad. Sci., 1963. p. 125-39
- FALCONER, D.S. Introdução à genética quantitativa. Viçosa, UFV, Univer. 1981. 279p.
- FERRÃO, M.A.G. Avaliação de compostos de milho (Zea mays L.) "Dentado" resultante de seleção recorrente recíproca baseada em famílias de irmãos completos entre os compostos originais "Dentado" e "Duro". Viçosa, UFV, 1985. 85p. (Tese M.S.).
- FAO PRODUCTION YEARBOOK, Roma, v. 34, 1980.
- GALSTON, A.W. & DAVIES, P.J. Mecanismo de controle no desenvolvimento. São Paulo, Edgard Blucher, 1972. 171p.
- GALVAO, J.D. Comportamento do milho Piranão (br2) e de milhos de porte normal em diferentes densidades de semeadura e níveis de nitrogênio. Piracicaba, ESALQ/USP, 1974. 106 p. (Tese D.S.).
- HALLAUER, A.R. Development of single-cross hybrids from two eared maize populations. Crop Sci., 7: 192-5, 1967.
- HALLAUER, A.R. Relation of quantitative genetics of applied maize breeding. Rev. Bras. Genética, 3: 207-33, 1980.
- HALLAUER, A.R. & EBERHART, S.A. Reciprocal full-sib selection. Crop Sci., 10: 315-6, 1970.

- HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative genetics in maize breeding. Ames, Iowa State University Press, 1981. 468p.
- HULL, F.H. Recurrent selection and specific combining ability in corn. J. Am. Soc. Agron., 37: 134-45, 1945.
- JONES, P.F. The effects of inbreeding and crossbreeding up on development. Proc. Natn. Acad. Sci., 4: 246-50, 1918.
- KEMPTHORNE, O. The correlation between relatives in a random mating population. Proc. R. Soc., 143: 103-13, 1954.
- KEMPTHORNE, O. An introduction to genetic statistics. Ames, Iowa State University Press, 1973. 545p.
- KEMPTON, J.H. Heritable caracteres in maize. III-Brachytic Culms. The Journal of Heredity, 11: 111-5, 1920.
- LAMBERT, R.J. Location of brachytic-2 dwarf. Maize Genet. Coop. News Lett., 37: 41-2, 1963.
- LEITE, D.R. & PATERNIANI, E. Comportamento do milho (*Zea mays* L.) braquítico-2 em diferentes densidades de plantio. Relat. Ci. Dep. Genet. Esc. Sup. Agric. Luiz de Queiroz, (7): 74-82, 1973.
- LONNQUIST, J.H. The development and performance of synthetic varieties of corn. Agron. J., 41: 15-31, 1949.
- LONNQUIST, J.H. Recurrent selection as a means of modifying combing ability in corn. Agron. J., 43: 311-5, 1951.
- LONNQUIST, J.H. Métodos de seleccion útiles para el mejoramiento dentro de poblaciones. Fitotecnia Latinoamericana, São José. 2: 1-10, 1965.
- LONNQUIST, J.H. & WILLIAMS, N.E. Development of maize hybrids through selection among full sibs families. Crop Sci., 7: 369-70, 1967.
- LOPES, A.M. Avaliação de híbridos crípticos entre dois compostos de milho (*Zea mays* L.) na primeira geração de intercruzamento. Piracicaba, ESALQ/USP, 1974. 55p. (Tese M.S.).
- LORDELO, J.A.C. Parâmetros genéticos das populações de milho Piranão VD-2 e Piranão VF-1. Piracicaba, ESALQ/USP, 1982. 63p. (Tese M.S.).
- MAGNAVACA, R. Aplicação do método dos híbridos crípticos para obtenção de linhagens de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 1973. 52p. (Tese M.S.).
- MARTINS, C. da S. Potencial genético de linhagens (*Zea mays* L.) braquítico. Piracicaba, ESALQ/USP, 1986. (Tese M.S.).

- MATHER, W.B. Principles of quantitative genetics. USA, Burgess Publishing, 1965. 152p.
- MIRANDA FILHO, J.B. & VIEGAS, G.P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P. ed. Melhoramento e produção de milho. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1, p. 275-340.
- MOLL, R.H. & STUBER, C.W. Comparisons of response to alternative selection procedures initiated with two populations of maize (*Zea mays* L.). Crop Sci., 11: 706-11, 1971.
- MOLL, R.H. & STUBER, C.W. Quantitative genetics - empirical results relevant to plant breeding. Advances in Agronomy, 26: 277-313, 1974.
- PATERNIANI, E. Genética e melhoramento do milho. In: Cultura e adubação do milho. São Paulo, Inst. Bras. Potassa, 1966. cap. 4, p. 109-51.
- PATERNIANI, E. Melhoramento genético de populações de milho. In: KERR, W.E. Melhoramento e genética. São Paulo, USP, 1969a. cap. 2, p. 39-59.
- PATERNIANI, E. Melhoramento de Populações de milho. Ciência e Cultura, 21: 3-10, 1969b.
- PATERNIANI, E. Origem e comportamento do milho Piranão. Relat. Ci. Dep. Genét. Esc. Sup. Agric. Luiz de Queiroz, (7): 148-60, 1973.
- PATERNIANI, E. & MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., ed. Melhoramento e produção de milho. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1, p. 217-74.
- PATERNIANI, E.; ZINSLY, J.R.; MIRANDA FILHO, J. B. Populações melhoradas de milho obtidas pelo Instituto de Genética. Relat. Ci. Dep. Genét. Esc. Sup. Agric. Luiz de Queiroz, (11): 108-14, 1977.
- PIMENTEL GOMES, F. Curso de estatística experimental. Piracicaba, ESALQ/USP, 1985. 430p.
- QUEIROZ, M.A. Correlações genéticas e fenotípicas em progênies de meios irmãos de milho (*Zea mays* L.) e suas implicações no melhoramento. Piracicaba, ESALQ/USP, 1969. 71p. (Tese M.S.).
- REGAZZI, A.J. Variâncias genéticas e índice de seleção num composto de milho (*Zea mays* L.). Viçosa, UFV, 1978. 57p. (Tese M.S.).
- RISSI, R. Estimação dos parâmetros genéticos em duas subpopulações de milho da variedade Piranão. Piracicaba, ESALQ/USP, 1980. 87p. (Tese M.S.).

- SILVA, J.C. Genetic and environmental variances and covariances estimated in the maize (*Zea mays* L.) variety, Iowa Stiff Stalk Synthetic. Ames, Iowa State University, 1974. 155p. (Tese D.S.).
- SILVA, W.J. Híbridos crípticos em populações melhoradas de milho. In: REUNIÃO BRASILEIRA DE MILHO, 8. Porto Alegre, 1970. p. 44-6.
- SOARES FILHO, W.S. Características fenotípicas e genéticas das populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico Piranão-VD2B e Piranão-VF1B. Piracicaba, ESALQ/USP, 1987. 185p. (Tese D.S.).
- SPRAGUE, G.F. & EBERHART, S.A. Corn breeding. In: SPRAGUE, G.F., ed. Corn and corn improvement. Madison, American Society of Agronomy, 1977. p. 305-62.
- VALVA, F. D'A. Heterose em híbrido intervarietal de milho (*Zea mays* L.) br2 br2 (braquítico-2). Piracicaba, ESALQ/USP, 1976. 96p. (Tese M.S.).
- VALVA, F. D'A. & PATERNIANI, E. Comportamento de um cruzamento entre duas cultivares de milho braquítico-2. In: REUNIÃO BRASILEIRA DE MILHO E SORGO, 2. Piracicaba, 1976. Anais... Piracicaba, ESALQ/USP, 1978. p. 81-91.
- VELLO, N.A. & VENCOVSKY, R. Variâncias associadas às estimativas de variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade. Rel. Ci. Dep. Genét. Esc. Sup. Agric. Luiz de Queiroz, (8): 238-48, 1974.
- VERA, G.A. & CRANE, P.L. Effects of selection for lower ear height in synthetic populations of maize. Crop Sci., 10: 286-8, 1970.
- ZINSLY, R.J. O emprego de progênies de irmãos germanos obtidas de plantas prolíficas para a obtenção de híbridos em milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ/USP, 1976. 63p. (Tese Livre Docência).
- ZUBER, M.S. Relative efficiency of incomplete block designs using uniformity trial data. J. Amer. Soc. Agron., 34: 30-47, 1942.