

ANDERSON AFONSO DONÁ

**GANHOS PREDITOS E REALIZADOS EM DUAS
POPULAÇÕES DE MILHO APÓS SELEÇÃO RECORRENTE
INTRA E INTERPOPULACIONAL**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2006

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

T

D674g
2006

Doná, Anderson Afonso, 1980-
Ganhos preditos e realizados em duas populações de
milho após seleção recorrente intra e interpopulacional
/ Anderson Afonso Doná. – Viçosa : UFV, 2006.
ix, 52f. : il. ; 29cm.

Inclui anexo.

Orientador: Glauco Vieira Miranda.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f. 39-44.

1. Milho - Melhoramento genético. 2. Milho - Populações.
3. Milho - Seleção. 4. Milho - Genética. I. Universidade
Federal de Viçosa. II. Título.

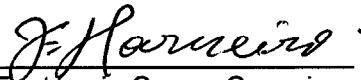
CDD 22.ed. 633.152

ANDERSON AFONSO DONÁ

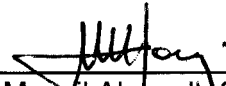
**GANHOS PREDITOS E REALIZADOS EM DUAS
POPULAÇÕES DE MILHO APÓS SELEÇÃO RECORRENTE
INTRA E INTERPOPULACIONAL**

Dissertação apresentada à Universidade
Federal de Viçosa, como parte das
exigências do Programa de Pós-Graduação
em Genética e Melhoramento, para
obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 18 de setembro de 2006.



Prof. José Eustáquio Souza Carneiro
(Co-Orientador)



Prof. Moacir Alves de Souza
(Co-Orientador)



Prof. João Carlos Cardoso Galvão



Prof. Messias Gonzaga Pereira



Prof. Glauco Vieira Miranda
(Orientador)

*À minha mãe, Maria Edineia.
Ao meu pai, Antonio.
Ao meu irmão, Eder.*

AGRADECIMENTO

A Deus.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade de realização deste curso.

Ao CNPq, pela concessão da bolsa de estudo.

À Embrapa Milho e Sorgo (CNPMS), em especial ao pesquisador Dr. Elto Eugênio Gomes e Gama, por ceder o material para realização deste trabalho.

Ao professor Glauco Vieira Miranda, pelo incentivo, pela confiança e amizade.

À Marina, pelo grande apoio durante todo o tempo.

Aos amigos do Programa Milho: Fernando, Ciro, Leandro, Marcelo, Eder, Michele, Priscila, Lauro, Aurélio, Marony, Fernanda, Cleiton, Felipe Embaçado, Marcasso, Fidelis, Lucimar, Marília, Robert, Raimundo, Joyce, Guta, Julien, Bárbara, Flávia, Heraldo e Manoel.

Aos funcionários Zé Roberto e Gino.

Aos amigos Juarez, Pedrão, Paulinho, Pagoto, Jones, Julio, Ronaldo, Felipe, Marcelinha, Paty, Tereza e Flavinha.

Aos amigos da pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas.

Enfim, a todos aqueles que, de alguma forma, auxiliaram na realização deste trabalho, o meu reconhecimento e a minha gratidão.

BIOGRAFIA

ANDERSON AFONSO DONÁ, filho de Antonio Donizete Doná e Maria Edineia Afonso Doná, nasceu em 6 de dezembro de 1980, em Birigui-SP.

Em janeiro de 2004, graduou-se em Agronomia pela Universidade Federal de Viçosa, ano em que iniciou o Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, em nível de Mestrado, na mesma instituição, sob orientação do professor Glauco Vieira Miranda.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1 Seleção recorrente	3
2.1.1. Considerações gerais	3
2.1.2. Seleção recorrente interpopulacional	5
2.2. Interação genótipos x ambiente	9
3. MATERIAL E METODOS	11
3.1 Material	11
3.2 Métodos	11
3.3 Características avaliadas	12
3.3.1 Características avaliadas por ambiente	13
3.4 Análise estatístico-genética	13
3.4.1 Análise de variância	13
3.4.2 Análise de variância e co-variância	14
3.4.3 Estimativas dos componentes genéticos de variância e co- variância	16
3.4.4 Resposta esperada à seleção	18

	Página
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	20
4.1 Análises de variância individuais	20
4.2 Análises de variância conjuntas.....	22
4.3 Avaliação dos híbridos intra e interpopulacionais	24
4.4 Estimativas dos componentes genéticos de variância e co- variância.....	26
4.5 Variância fenotípica e herdabilidade	33
4.6 Resposta esperada à seleção.....	35
5. CONCLUSÃO	38
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	39
ANEXO	45

RESUMO

DONÁ, Anderson Afonso, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, setembro de 2006. **Ganhos preditivos e realizados em duas populações de milho após seleção recorrente intra e interpopulacional.** Orientador: Glauco Vieira Miranda. Co-Orientadores: José Eustáquio de Souza Carneiro e Moacil Alves de Souza.

As seleções recorrentes intra (SRIA) e interpopulacionais (SRIE) são métodos de melhoramento utilizados para aumentar as médias das populações de plantas, sem reduzir drasticamente a variabilidade genética após repetidos ciclos de seleção. No entanto, a SRIE não tem sido eficiente em aumentar as médias das duas populações simultaneamente. Um método alternativo pode ser a combinação das SRIA e SRIE. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar os ganhos genéticos das populações Sinduro e Sindente, utilizando o método de melhoramento seleção recorrente intra e interpopulacional. Para isso, foram utilizadas duas populações sintéticas de milho, Sinduro e Sindentado, provenientes da Embrapa Milho e Sorgo (CNPMS). A população Sinduro foi utilizada como testadora da população Sindentado (método interpopulacional) e testadora da própria população Sinduro (método intrapopulacional). Foram realizados dois ciclos de recombinação, sendo 144 progênies S1 por ciclo. Essas progênies foram cruzadas com o testador Sinduro, gerando progênies de meios-irmãos interpopulacionais Sinduro x Sindentado e intrapopulacionais Sinduro x Sinduro. As progênies foram avaliadas em cinco ambientes no

primeiro ciclo e em três no segundo, em látice 12 x 12, com uma fileira por parcela e duas repetições. As características avaliadas foram altura de planta e espiga, prolificidade e peso de espiga. Foram realizadas análises de variância e co-variância e estimados, para as progênes intra e interpopulacionais, os componentes de variância genética, aditiva, ambiental e co-variância genética. Pelo método proposto, os novos componentes de variância foram definidos como sendo a variância genética dos desvios dos efeitos aditivos inter por intrapopulacionais e co-variância genética dos efeitos aditivos intrapopulacionais com os desvios dos efeitos aditivos inter por intrapopulacionais. Observou-se a existência de variabilidade genética para todas as características no primeiro ciclo e apenas para AE e AP, no segundo. A intensidade da seleção praticada no primeiro ciclo exauriu a variabilidade genética para peso de espiga e prolificidade, dificultando a continuidade do melhoramento das populações. Portanto, a continuidade do programa de melhoramento depende do aumento da variabilidade genética nas populações progenitoras.

ABSTRACT

DONÁ, Anderson Afonso, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, September of 2006. **Predictive and actual gains in two maize populations after intra- and inter-population recurrent selection.** Adviser: Glauco Vieira Miranda. Co-Advisers: José Eustáquio de Souza Carneiro and Moacil Alves de Souza.

The intra-(SRIA) and inter-population (SRIE) recurrent selections are breeding methods used to improve plant population means without drastically reducing the genetic variability after repeated selection cycles. However, SRIE has not been efficient in increasing the means of the two populations simultaneously. An alternative method can be the combination of SRIA and SRIE selections. Thus, the objective of this work was to evaluate the genetic gains of the populations Sinduro and Sindente, applying the breeding method intra-and inter-population recurrent selection. For this purpose, two corn synthetic populations, Sinduro and Sindente, originated from Embrapa Corn and Sorghum (CNPMS) were used. The Sinduro population was used as tester of the Sindente population (inter-population method) and of its own Sinduro population (intra-population method). Two recombination cycles were carried out, with 144 S1 progenies per cycle. These progenies were test crossed with Sinduro, generating Sinduro x Sindente inter-population and Sinduro x Sinduro intra-population. The progenies were evaluated in five environments in the first cycle and in three in the second, in a 12 x 12 lattice design with one row per plot

and two repetitions. The traits evaluated were plant and ear height, ear weight and prolificacy. Analyses of variance and co-variance were carried out and the genetic, additive, environmental variance and genetic covariance components were estimated for the intra-and inter-population progenies. Based on the proposed method, the new variance components were defined as being the genetic variance of the deviations of the inter- for the intra-population additive effects and genetic co-variance of the intra-population additive effects as being the deviations of the inter-for the intra-population additive effects. The existence of genetic variability was observed for all traits in the first cycle and only for plant and ear height in the second cycle. The selection intensity practiced in the first cycle exhausted the genetic variability for ear weight and prolificacy, making continued improvement difficult. Thus, the continuity of the breeding program depends on the increase of the genetic variability in the progeny populations.

1. INTRODUÇÃO

O mercado agrícola pode ser considerado um dos mais dinâmicos dentro da economia de uma nação. As adversidades climáticas e o aumento da intensidade dos problemas epidemiológicos na agricultura vêm colocando os profissionais da área em alerta constante. O melhorista deve estar atento a essas adversidades, mapeando os locais de incidência de uma determinada doença, por exemplo, para introdução e avaliação de novos genótipos na região. A adversidade climática é um dos principais problemas na agricultura, pois a falta de água e temperaturas adversas afetam o desempenho do genótipo, além de fornecer um ambiente propício para determinadas doenças e pragas.

O melhoramento genético é um processo que visa atender às necessidades de todos aqueles que se beneficiam da cultura. Para que a seleção imposta promova o melhoramento da cultura, é essencial que ocorra variabilidade genética na população, fornecendo ao melhorista opções de genótipos para seleção.

A avaliação dos parâmetros genéticos tem sido muito utilizada para determinar o progresso genético obtido pelos melhoristas após seleção. Ele permite selecionar as famílias e, ou, as linhagens mais promissoras do programa de melhoramento, melhorando as populações e o cruzamento dessas populações, além de indicar o potencial futuro das populações.

Assim, os objetivos gerais deste trabalho foram avaliar e comparar os ganhos genéticos das populações Sinduro e Sindente, utilizando o método de melhoramento seleção recorrente intra e interpopulacional. Os objetivos específicos foram:

- avaliar o potencial das populações Sinduro e Sindentado para obtenção de linhagens;
- estimar os componentes genéticos de variância e co-variância intra e interpopulacionais; e
- estimar o ganho predito e realizado por ciclo de seleção recorrente.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Seleção recorrente

2.1.1 Considerações gerais

O conceito de seleção recorrente de Rickey (1922) propôs o melhoramento convergente por meio da seleção em ciclos sucessivos para aumentar o vigor das populações, sem alterar a sua capacidade combinatória. Entretanto, foi Hull (1945) quem pela primeira vez utilizou a denominação seleção recorrente, que propôs a seleção geração após geração, com intercruzamentos dos genótipos selecionados, a fim de realizar recombinação genética com o melhoramento de populações de bases genéticas amplas e restritas. O método de seleção recorrente envolve três fases distintas: 1) obtenção de progênies; 2) avaliação das progênies; e 3) recombinação das progênies selecionadas (PATERNIANI e MIRANDA FILHO, 1980). Com essa definição *latu sensu*, inúmeros métodos de seleção se enquadram no conceito de seleção recorrente. Deste modo, a seleção massal e os demais métodos de melhoramento populacional com base nos testes de progênies podem ser classificados como seleção recorrente (MARQUES, 1988).

A seleção recorrente é um método de melhoramento cíclico em que três etapas são conduzidas repetidamente, até que a frequência de alelos favoráveis na população atinja níveis satisfatórios (BORÉM e MIRANDA, 2005).

Não obstante, ele difere de outros esquemas de seleção cíclica pelo ao fato de ter por objetivo, além do melhoramento das populações, a manutenção da variabilidade genética destas em níveis adequados para permitir o melhoramento em ciclos subseqüentes. Assim, este método seletivo é utilizado em programas de melhoramento estabelecidos para serem utilizados a médio e longo prazo. Portanto, as populações a serem utilizadas nesse tipo de programa devem ser cuidadosamente escolhidas, pois alterações nestas são difíceis de ser realizadas. Essas populações devem possuir variabilidade genética para a maioria das características importantes, com magnitudes compatíveis com os progressos que se deseja obter no decorrer do programa. Nas etapas do programa de melhoramento, a magnitude da variabilidade genética deve ser monitorada para impedir sua diminuição, de forma que não se possa mais realizar novas seleções (SOUZA JR., 2001).

Os métodos de seleção recorrente são divididos em dois grandes grupos, segundo Moll e Stuber (1971): 1) melhoramento intrapopulacional, em que a seleção visa o melhoramento do comportamento *per se* das populações; e 2) melhoramento interpopulacional, também denominado de seleção recorrente recíproca, cujo objetivo é melhorar o produto do cruzamento de duas populações. Principalmente depois que os estudos de genética quantitativa mostraram que grande parte da variância genética presente nas populações de milho era aditiva, diversos esquemas de seleção têm sido propostos pelos melhoristas de milho (PATERNIANI e MIRANDA FILHO, 1980).

A escolha de determinado método de seleção dependerá do objetivo do programa, ou seja, obtenção de populações melhoradas ou de híbridos (HALLAUER, 1987). Se o objetivo for a obtenção de um cultivar de polinização aberta ou a adaptação do germoplasma exótico, pode-se dar ênfase ao melhoramento intrapopulacional. Entretanto, se a finalidade for o melhoramento do potencial da população para extração de linhagens e, conseqüentemente, obtenção de híbridos, o melhoramento interpopulacional parece ser o mais apropriado. No entanto, as combinações dos métodos intra e interpopulacional também podem ser usadas.

2.1.2 Seleção recorrente interpopulacional

A seleção recorrente interpopulacional (recíproca) foi sugerida por COMSTOCK *et al.* (1949), e constitui um método para melhorar a geração F₁ do cruzamento de duas populações, isto é, o híbrido interpopulacional. Assim, genótipos de duas populações, denominadas A e B, são avaliadas em cruzamentos recíprocos, em que cada população é utilizada como testadora da outra, e os genótipos de cada população que apresentarem melhor capacidade de combinação com a população recíproca são recombinados entre si e isolados da outra população, para gerarem as populações melhoradas. Neste tipo de seleção são necessários dois tipos de progênies de cada genótipo: interpopulacionais, para as unidades de seleção, e intrapopulacionais, para as unidades de recombinação.

Seleção recorrente interpopulacional é dirigida para programas de obtenção de híbridos de linhagens ou de híbridos interpopulacionais, uma vez que nesse esquema o melhoramento do desempenho das populações *per se* não é considerado. Assim, procura-se melhorar a heterose do cruzamento de duas populações. Basicamente, dois esquemas têm sido utilizados: progênies de meios-irmãos ou de irmãos germanos como unidade de seleção e progênies S₁s como unidades de recombinação. Outros esquemas foram sugeridos, mas as respostas esperadas à seleção mostram que seus ganhos são muito baixos (SOUZA JR., 2001).

Na fase de avaliação de progênies em programas de seleção recorrente, determinar o número de progênies S₁ a serem recombinadas é importante, pois fornecerá as informações genéticas sobre a população que está sendo analisada. Amostras muito pequenas podem apresentar problemas de representatividade e até acarretar a perda de alelos favoráveis ou a fixação de alelos indesejáveis (FALCONER, 1989). Por outro lado, amostras muito grandes podem gerar problemas com a precisão e custos desnecessários. Inúmeros trabalhos com seleção recorrente, utilizando progênies S₁, foram relatados na literatura, devendo-se destacar que 250 seria o número ideal de progênies a serem avaliadas (SULLIVAN e KANNENBERG, 1987; GROMBACHER *et al.*, 1989).

Em programas de seleção recorrente, a amostra de progênies retirada da população sob seleção deve representar a sua variabilidade genética. Assim, para a escolha do número mínimo adequado de progênies, a estabilidade das estimativas dos parâmetros genéticos que caracterizam a população e a amplitude dos intervalos de confiança devem ser consideradas em diversos tamanhos amostrais. Deve-se levar em consideração também que as diferentes populações podem apresentar diferentes estruturas genéticas, conseqüentemente o número de progênies a serem avaliadas em cada população pode variar (PINTO *et al.*, 2000).

Algumas limitações da seleção recorrente foram relatadas por Paterniani e Miranda Filho (1980): grande trabalho envolvido, reduzido número de testadores, falta de representatividade do testador (amostragem), falta de adequada recombinação entre as progênies S_1 selecionadas e grande intervalo entre ciclos, sendo as progênies testadas em apenas um ano.

Diversos autores propuseram alterações nos procedimentos originais da seleção recorrente. Penny e Eberhart (1971) introduziram o procedimento alternativo que usa plantas S_1 em vez de S_0 . Várias plantas em cada linha S_1 são autofecundadas e cruzadas individualmente com o testador. Uma planta é selecionada em cada linha, assim linhas S_2 são usadas para a recombinação. Com essa mudança, os autores obtiveram maior estimativa da variância genética entre as progênies testadas.

Paterniani (1967) propôs a seleção recorrente recíproca com base em famílias de meios-irmãos. Progênies de meio-irmãos de cada uma das populações são cruzadas com populações contratantes, fazendo despendoamento das progênies. Para a recombinação das progênies selecionadas usam-se as sementes remanescentes. A vantagem do método consiste na facilidade e simplicidade da execução, permitindo testar grande número de progênies.

Uma modificação no método de seleção recorrente recíproca com base em famílias de meios-irmãos prolíficas foi apresentada por Paterniani e Vencovsky (1978). Nesse esquema, uma espiga é polinizada pela população recíproca e a outra espiga de cada planta é manualmente polinizada, usando plantas desejáveis da própria população. As progênies de meios-irmãos interpopulacionais são avaliadas, recombinando-se posteriormente as

progênies de meios-irmãos intrapopulacionais correspondentes às melhores interpopulacionais. O esquema permite seleção simultânea para capacidade de combinação (interpopulacional) e prolificidade (intrapopulacional), em um intervalo de duas gerações por ciclo, já que a recombinação é feita simultaneamente à obtenção das progênies.

Souza Jr. (1987) propôs outra variação no método de seleção recorrente recíproca. Esse método é conduzido em duas fases: na primeira utilizam-se progênies de meios-irmãos interpopulacionais originadas de plantas S_0 para avaliação e de progênies S_{1s} para recombinação; na segunda obtêm-se as progênies de meios-irmãos interpopulacionais originadas de plantas S_{1s} e, simultaneamente, faz-se a recombinação da primeira fase. Na segunda fase, são realizadas a avaliação de progênies de meios-irmãos interpopulacionais obtidas em plantas S_{1s} e a recombinação com progênies de meios-irmãos intrapopulacionais. Utilizam-se plantas das progênies de meios-irmãos intrapopulacionais referentes às progênies de meios-irmãos interpopulacionais selecionadas, iniciando-se a primeira fase novamente. Hallauer e Eberhart (1970) propuseram metodologia semelhante, à qual denominaram de seleção recorrente recíproca com famílias de irmãos germanos. O método consiste em utilizar famílias de irmãos, em vez de famílias de meios-irmãos, como no método original de seleção recíproca. Cruzamentos $S_0 \times S_0$ interpopulacionais (progênies de irmãos completos) são avaliados e as linhas S_1 de cada população, correspondentes aos melhores cruzamentos, são recombinadas para obtenção das populações melhoradas, que servem de base para um novo ciclo de seleção. O interesse principal do método está no “desempenho” das combinações específicas, pois a seleção é feita entre os pares de genótipos. Portanto, o efeito direto desse esquema está no melhoramento do valor heterótico entre as populações, devendo ser ressaltado que o melhoramento de cada população, individualmente, resulta de um efeito indireto da seleção. As combinações específicas são avaliadas, possibilitando assim a maximização da seleção para os efeitos genéticos não-aditivos.

A seleção recorrente proporcionou ganhos de seleção em diversas populações de milho. Eyherabide e Hallauer (1991), utilizando as populações básicas de milho BS10 e BS11, realizaram oito ciclos de seleção e avaliação em oito ambientes (dois anos e quatro locais). Avaliaram os ciclos 0, 2, 4, 6 e 8

de cada população e seus cruzamentos. Obtiveram aumentos efetivos na produção de grãos nas populações cruzadas (6,5% por ciclo), na população BS10 (3,9 % por ciclo) e na população BS11 (1,6% por ciclo).

Vilarinho (2001) realizou estudos de correlações entre os ciclos S_1 e S_2 , de seleção recorrente em milho-pipoca, e constatou modificações nos valores das associações entre características da planta, da espiga e do grão. Como exemplo, o autor obteve valores de correlação genotípica entre capacidade de expansão e rendimento de grãos de -0,39 a -0,31, respectivamente, em relação ao primeiro e segundo ciclos de seleção.

A seleção intrapopulacional proporciona altos ganhos pela seleção das populações A e B, mas a heterose pode diminuir (SOUZA JR., 2001). Por outro lado, a seleção interpopulacional promove o aumento da heterose, a melhoria da população de cruzamento e o aumento na resposta à seleção em uma das populações. Entretanto, a outra população utilizada apresentou taxas muito baixas e, ou, até negativas da resposta à seleção. Portanto, existe um impasse que pode ser compreendido da seguinte forma: para populações divergentes, normalmente, tem-se uma população superior (A) à outra (B) em desempenho e, neste caso, a população A tem frequência dos alelos favoráveis superiores à da população B. Assim, a população B é uma excelente testadora da população A, mas a população A é uma péssima testadora da população B, ocasionando os problemas apresentados anteriormente com a seleção interpopulacional. Conclui-se, então, que um método intermediário entre a seleção intra e interpopulacional seria uma alternativa mais adequada. Souza Jr. (1993) propôs um método alternativo, no qual a população com desempenho inferior (B) seria utilizada como testadora da população A e dela mesma (B), acarretando, desta forma, o melhoramento em níveis adequados dos desempenhos das duas populações *per se* e também da heterose, pelo fato de a população A ser melhorada para capacidade de combinação com a população B. Desta forma, o aumento da heterose ocorrerá em nível menor que aquela existente com a seleção interpopulacional, mas as duas populações serão melhoradas a taxas adequadas. Como o melhoramento do híbrido interpopulacional é função do melhoramento das populações *per se* e da heterose, espera-se que esse esquema (seleção recorrente recíproca modificada) seja tão eficiente quanto a seleção interpopulacional no

melhoramento do híbrido interpopulacional, isto é, o melhoramento da população B compensaria a queda do melhoramento na heterose (SOUZA JR., 2001).

2.2 Interação genótipo x ambiente

A manifestação fenotípica diferenciada dos genótipos diante da variação do ambiente é o resultado da ação gênica sob influência do ambiente. Essa manifestação pode beneficiar ou prejudicar os genótipos com adaptação específica aos ambientes favoráveis ou desfavoráveis. No entanto, quando se avaliam os genótipos em vários ambientes, observa-se um efeito adicional proporcionado pela interação dos genótipos com os ambientes.

Quando uma população com ampla variabilidade genética ocupa uma área com variação ambiental, esta está sujeita à pressão de seleção diferenciada, ao longo da sua distribuição espacial. Com variabilidade no valor adaptativo dos indivíduos, alguns mais adaptados serão beneficiados em determinada condição ambiental, mesmo que estes se desviem do valor adaptativo médio. Se houver alguma restrição no fluxo gênico entre subpopulações, diferenças entre estas poderão surgir como resultado da seleção diferencial, com adaptação específica à determinada condição ambiental. Esta adaptação específica a determinados ambientes é a causa evolutiva básica da interação de genótipos com ambientes que se manifestam sobre qualquer caráter quantitativo.

Allard e Bradshaw (1964) estipularam duas categorias de ocorrências ambientais que influenciam a interação genótipos x ambientes: a) previsíveis, quando permanentes no ambiente, como clima, tipo de solo, época de semeadura, métodos de colheitas e outras práticas agronômicas; e b) imprevisíveis, decorrentes das variações ocorridas pelo clima, como a quantidade e distribuição de chuvas e a temperatura. Foi denominada de “boa flexibilidade” a capacidade que os cultivares têm de se ajustar às condições adversas do ambiente, caracterizando dois tipos de flexibilidade: a) individual, em que cada indivíduo da população tem boa adaptação ambientes variados; e b) populacional, aquela decorrente da coexistência de genótipos diferentes, cada um adaptado a um ambiente diferente.

Allard e Bradshaw (1964) propuseram estratégias para minimizar a influência da interação: a subdivisão de áreas heterogêneas em subáreas homogêneas, cada uma com seus cultivares específicos, e o uso de cultivares de alta estabilidade de rendimento em ambientes diferentes. Entretanto, Eberhart e Russell (1966) julgaram a primeira estratégia pouco eficaz, principalmente por ser impossível reduzir a interação genótipo x ano pela simples limitação da área.

A existência de interação genótipo x ambiente dificulta o trabalho do melhorista, por influenciar o ganho de seleção, e pode impossibilitar a recomendação de cultivares de ampla adaptação. Quando se selecionam genótipos para cada local, há o aproveitamento da interação e o ganho de seleção não é diminuído. Entretanto, a seleção com base na média dos ambientes resulta em ganho por seleção menor, devido à menor magnitude da variância genética (CRUZ *et al.*, 2004).

A interação genótipo x ambiente pode ser dividida em parte simples e complexa. A forma simples é proporcionada pela falta de variabilidade entre os genótipos nos ambientes, sem, entretanto, alterar a posição relativa entre eles. Essa interação não dificulta o trabalho do melhorista, uma vez que o genótipo superior é o mesmo em todos os ambientes. No entanto, a interação complexa é dada pela falta de correlação entre genótipos. Esta interação indica a inconsistência da superioridade de genótipos com a variação ambiental, o que dificulta a seleção para mais de um ambiente (CRUZ *et al.*, 2004).

A base genética das populações é, muitas vezes, a causa da variação no comportamento de populações em diferentes ambientes. Comumente, populações com ampla base genética interagem menos com o ambiente e, portanto, são mais estáveis (ALLARD e BRADSHAW, 1964).

3. MATERIAL E METODOS

3.1 Material

Foram utilizadas as populações sintéticas de milho Sindentado e Sinduro provenientes da Embrapa Milho e Sorgo. Essas foram formadas a partir da recombinação das melhores linhagens dos grupos heteróticos duro e dentado. A população Sinduro CMS 50 foi obtida pelo intercruzamento de 15 linhagens provenientes do grupo heterótico de grão duro. A população Sindentado CMS 28 foi originada pelo intercruzamento de 13 linhagens provenientes do grupo heterótico de grãos dentados. Foram realizados três ciclos de seleção recorrente fenotípica para formação das populações sintéticas.

3.2 Métodos

Em 2000, 300 plantas de cada sintético foram autofecundadas e selecionadas, gerando 144 progênies S_1 . Uma parte das sementes de cada espiga foi utilizada para originar as plantas que foram cruzadas e o restante das sementes da base das espigas foram guardadas para recombinação.

Foi utilizado o método de seleção recorrente modificado, proposto por Souza Jr. (1993). Para obter as progênies de meios-irmãos intra e interpopulacionais, foi semeada uma linha de 4 m de cada uma das 144 progênies selecionadas, em lote isolado de despendoamento, no esquema de

duas fileiras de fêmea para uma de macho. Assim, a população Sinduro foi utilizada como (macho) testadora das progênies S_1 da população Sindentado e como testadora das progênies S_1 da própria população Sinduro. Portanto, foram geradas 144 progênies de meios-irmãos interpopulacionais Sinduro x Sindentado e 144 progênies de meios-irmãos intrapopulacionais Sinduro x Sinduro.

Nos anos agrícolas de 2002/2003, as progênies de meios-irmãos foram avaliadas em Goiânia, Sete Lagoas, Piracicaba (Caterpillar e fazenda Anhemi) e Janaúba. As progênies de meios-irmãos inter e intrapopulacionais foram avaliadas em látices 12 x12, com uma linha de 4 m por parcela e duas repetições, com espaçamento entre linhas de 0,8 m e entre plantas de 0,2 m. A adubação de plantio utilizada foi de 300 kg/ha; de 08-28-16 em adubação de cobertura foram utilizados 100 kg/ha de N, divididos em duas aplicações nos estádios de quarta e oitava folha da planta de milho.

Foi praticada a seleção de 15% das progênies superiores, com base na média dos locais do primeiro ano de seleção recorrente. A recombinação foi feita pelo método irlandês modificado, utilizando uma mistura das sementes das progênies S_1 selecionadas como macho. Utilizou-se a proporção de duas fileiras de fêmea para uma de macho, com 5 m de comprimento.

Em 2003/2004, foi iniciado o segundo ciclo de seleção recorrente modificada, com a obtenção de 144 progênies de meios-irmãos interpopulacionais Sinduro x Sindentado e 144 progênies intrapopulacionais Sinduro x Sinduro.

Para avaliar o progresso genético realizado, no ano agrícola 2004/2005 foram instalados ensaios em Goiânia, Piracicaba e Ipiáçu, utilizando os mesmos delineamentos experimentais e práticas culturais do primeiro ciclo de seleção recorrente.

3.3 Características avaliadas

As análises foram realizadas com médias de parcela para as seguintes características:

PE = peso de espiga despalhadas;

AP=altura de planta medida em cinco plantas da parcela (cm/planta);

AE = altura de espiga avaliada nas mesmas cinco plantas em que foi medida a altura de plantas (cm/planta); e

PROL= índice de prolificidade, que é a relação entre o número de espiga total da parcela pelo número de plantas da parcela (espiga/planta).

Não foram realizadas correções para estande, devido às baixas variações em torno do estande ideal de 20 plantas por parcela e para a umidade dos grãos.

3.3.1 Características avaliadas por ambiente

Algumas características não foram avaliadas em todos os ambientes. No primeiro ciclo de seleção, as características peso de espiga e prolificidade foram avaliadas em Goiânia, Sete Lagoas, Piracicaba (Caterpillar e fazenda Anhemi) e Janaúba. Entretanto, as características altura de espiga e altura de planta foram avaliadas em Goiânia e Piracicaba (fazenda Anhemi). No segundo ciclo de seleção, a prolificidade foi avaliada em Goiânia e Ipiáçu. As demais características foram avaliadas em Goiânia, Piracicaba e Ipiáçu.

3.4 Análise estatístico-genética

3.4.1 Análise de variância

As progênies intra e interpopulacionais foram utilizadas para estimar os componentes de variância e co-variância, conforme Souza Jr. (1993).

Inicialmente foram feitas análises individuais de variâncias por ambiente para cada tipo de progênie (intra e interpopulacionais). Posteriormente, foram realizadas as análises de variância conjuntas dos ambientes em cada ciclo de seleção para as características peso de espiga, altura de planta, altura de espiga e prolificidade. Todas as análises foram realizadas com médias de parcelas.

As análises de variância foram realizadas segundo blocos casualizados.

O modelo estatístico com efeitos aleatório foi.

$$Y_{mj} = \mu + p_m + r_j + e_{mj}$$

em que

Y_{mj} = observação da progênie m no ambiente j;

μ = média geral;

p_m = efeito da progênie m ($m = 1, 2, \dots, m$), aleatório, assim, $\varepsilon(p_m) = 0$ e $\varepsilon(p_m^2) = \sigma_p^2$;

r_j = efeito da repetição j ($j = 1, 2, \dots, j$), aleatório, assim, $\varepsilon(r_j) = 0$ e $\varepsilon(r_j^2) = \sigma_r^2$;

e_{mj} = erro experimental associado à progênie m na repetição j, $e_{mj} \cap N(0, \sigma^2)$, isto é: $\varepsilon(e_{mj}) = 0$ e $\varepsilon(e_{mj}^2) = \sigma^2$.

3.4.2 Análise de variância e co-variância

A análise de variância conjunta envolvendo os ambientes de cada ciclo de seleção para cada tipo de progênie de meios-irmãos foi realizada de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijm} = \mu + a_i + p_m + b/a_{ji} + pa_{im} + e_{jmi}$$

em que

Y_{ijm} = observação da progênie m na repetição j do ambiente i;

μ = média geral;

a_i = efeito do ambiente i ($i = 1, 2, \dots, i$);

p_m = efeito da progênie m ($m = 1, 2, \dots, m$);

b/a_{ji} = efeito do j-ésima repetição dentro do ambiente i ($j = 1, 2, \dots, j$);

pa_{im} = efeito da interação entre a progênie m e o ambiente i; e

e_{jmi} = erro experimental associado à progênie m na repetição j, no ambiente i; e $e_{jmi} \cap N(0, \sigma^2)$, isto é $\varepsilon(e_{jmi}) = 0$ e $\varepsilon(e_{jmi}^2) = \sigma^2$

O esquema da análise de variância conjunta e co-variância com os respectivos graus de liberdade e esperanças matemáticas encontra-se na Tabela 1

Tabela 1 – Análises conjuntas de variância e co-variância, com as respectivas esperanças dos quadrados médios para cada fonte de variação e para cada tipo de progênie

Análise de Variância			
FV	GL	QM	E(QM)
Rep/A	I(J-1)	QMR	
Ambiente (A)	I-1	QMA	
Progênie (P)	M-1	QMP	$\sigma_{exy}^2 + J\sigma_{pa_{xy}}^2 + IJ\sigma_{p_{xy}}^2$
P x A	(I-1)(M-1)	QMPA	$\sigma_{exy}^2 + J\sigma_{pa_{xy}}^2$
Resíduo	I(J-1)(M-1)	QMR	σ_{exy}^2

Análise de Co-Variância			
FV	GL	PM	E(QM)
Rep/A	I(J-1)	PMR	
Ambiente (A)	I-1	PMA	
Progênie (P)	M-1	PMP	$Cov_{exxy} + JCov_{pa_{xxy}} + IJCov_{pxpxy}$
P x A	(I-1)(M-1)	PMPA	$Cov_{exxy} + JCov_{pa_{xxy}}$
Resíduo	I(J-1)(M-1)	PMR	Cov_{exxy}

Os produtos médios entre as progênies Sinduro x Sinduro com Sinduro x Sindente foram obtidos por meio da expressão:

$$PM_{xy} = (QMT_{x+y} - QMT_x - QMT_y)/2$$

Os índices x e y da estimativa de pxy dependem do tipo de progênie (intra ou interpopulacional) e da população à qual se refere, em que σ_{p11}^2 é a variância genética intrapopulacional das progênies da população Sinduro x

Sinduro; e σ_{p12}^2 é a variância genética interpopulacional das progênes da população de cruzamento Sinduro x Sindentado. Portanto, os índices x e y têm a mesma função para a variância entre progênes e ambientes ($\sigma_{pa,xy}^2$) e para variância do erro em nível de médias de parcelas ($\sigma_{e,xy}^2$). Desta forma, Cov_{p1p12} é a co-variância genética entre a progênie intra e interpopulacional, obtida na análise de co-variância. O mesmo acontece com os parâmetros Cov_{e112} e Cov_{pa112} , que são as co-variâncias referentes ao resíduo e à interação entre progênes e ambientes, respectivamente (ARIAS, 1995).

3.4.3 Estimativas dos componentes genéticos de variância e co-variância

A partir das estimativas dos componentes de variância e co-variância de interesse, é possível estimar os novos componentes de interesse. Para obtenção desses novos componentes, Souza Jr, (1993) dividiu a variância aditiva interpopulacional (σ_{A12}^2) em variância aditiva intrapopulacional (σ_{A11}^2), variância genética dos desvios dos efeitos aditivos inter por intrapopulacionais (σ_{t12}^2) e co-variância genética dos efeitos aditivos intrapopulacionais com os desvios dos efeitos aditivos inter por intrapopulacionais ($Cov_{(A1t12)}$). Os novos componentes de variância e co-variância são as progênes de meios-irmãos intra e interpopulacionais (ARIAS, 1995).

Os novos componentes que possibilitam estimar as variâncias e co-variâncias necessários são:

Variância genética aditiva intrapopulacional da população Sinduro:

$$\sigma_{A11}^2 = [4/(1+F)]\sigma_{p11}^2$$

A expressão F é o coeficiente de endogamia do genótipo, assim têm-se que:

$$\hat{\sigma}_{A11}^2 = 4 \hat{\sigma}_{p11}^2;$$

Variância genética aditiva interpopulacional da população Sindentado;

$$\hat{\sigma}_{A12}^2 = [4/(1+F)] \hat{\sigma}_{p12}^2$$

Assim:

$$\hat{s}_{A12} = 4 \hat{s}_{p12};$$

A variância genética dos desvios dos efeitos aditivos inter por intrapopulacionais das populações Sindentado e Sinduro é:

$$\hat{\sigma}_{\tau_{12}}^2 = [4/(1+F)] \left[\hat{\sigma}_{p12}^2 - 2 \text{Cov}_{(p1p12)} + \hat{\sigma}_{p11}^2 \right].$$

Assim:

$$\hat{\sigma}_{\tau_{12}}^2 = 4 \left[\hat{\sigma}_{p12}^2 - 2 \hat{\text{Cov}}_{(p1p12)} + \hat{\sigma}_{p11}^2 \right].$$

A co-variância genética dos efeitos aditivos intrapopulacionais com os desvios dos efeitos aditivos inter por intrapopulacionais para Sindentado e Sinduro é:

$$\text{Cov}_{(A1\tau_{12})} = [2/(1+F)] \left[\text{Cov}_{(p1p12)} - \hat{\sigma}_{p11}^2 \right].$$

Assim:

$$\hat{\text{Cov}}_{(A1\tau_{12})} = 2 \left[\hat{\text{Cov}}_{(p1p12)} - \hat{\sigma}_{p11}^2 \right].$$

Outro parâmetro estimado foi $\text{Cov}_{(A1A2)}$, que corresponde à co-variância genética aditiva entre tipos de progênie intra por interpopulacional das populações Sinduro (1) e Sindentado (2), então:

$$\text{Cov}_{(A_1A_2)} = 4\text{Cov}_{(p_1p_2)}.$$

A co-variância genética da população de cruzamento relativa é:

$$\text{CovG}(x,y) = g_1 \left[\sigma_{A_{11}}^2 + \sigma_{\tau_{12}}^2 + 4\text{Cov}(A_{\tau_{12}}) \right] + g_2 \left[\sigma_{A_{22}}^2 + \sigma_{\tau_{21}}^2 + 4\text{Cov}(A_{\tau_{21}}) \right] + t \sigma_{D(12)}^2$$

em que $g_1 = \frac{1}{2}P(x_1 \equiv y_1)$, $g_2 = \frac{1}{2}P(x_2 \equiv y_2)$ e $t = P(x_1 \equiv y_1) P(x_2 \equiv y_2)$.

São as probabilidades de um alelo aleatoriamente, alelo x, ser idêntico por descendência a outro alelo y, das populações Sinduro (1) e Sindente (2), respectivamente (SOUZA JR., 1993).

Para o caso em estudo tem-se:

$$\text{CovG}(x,y) = g_1 \left[\sigma_{A_{11}}^2 + \sigma_{\tau_{12}}^2 + 4\text{Cov}(A_{\tau_{12}}) \right]$$

A co-variância genética entre a intra (y_1) e a interpopulação (x_{12}), referente à população Sinduro, é:

$$\text{CovG}(x_{12},y_1) = g_1 \left[\sigma_{A_{11}}^2 + 2\text{Cov}(A_{\tau_{12}}) \right].$$

3.4.4 Resposta esperada à seleção

As estimativas calculadas dos progressos esperados para a seleção são referente à modalidade de seleção com testadores intra e interpopulacionais, em que uma população serve como testadora das duas.

As estimativas da resposta à seleção foram realizadas no híbrido Sinduro x Sindente e no híbrido (população) Sinduro x Sinduro. Para unidade de recombinação foram consideradas as progênies S1. Nos cálculos para o diferencial de seleção padronizado, utilizou-se a seleção de 15% das progênies superiores. As variâncias fenotípicas, em nível de média de parcelas intra e

interpopulacionais, obtidas de I ambientes, com J repetições por ambiente, são representadas por:

$$\sigma_{\bar{F}}^2 = \sigma_p^2 + \frac{\sigma_{pa}^2}{I} + \frac{\sigma_e^2}{IJ}$$

O estimador que prediz de maneira geral, o ganho de seleção é:

$$Gs = i \text{CovG}(x,y) / \sigma_F$$

em que

i e σ_F = referem-se ao diferencial de seleção, ao desvio-padrão da unidade de seleção (progênie de meios-irmãos).

Tabela 2 – Progresso genético esperado por ciclo de seleção recorrente com as progênie de meios-irmãos e S1's como unidade de recombinação

Resposta sobre	
Híbrido Interpopulacional (HER)	$\frac{i_1}{4\sigma_{\bar{F}_2}} [\sigma_{A11}^2 + \sigma_{\tau12}^2 + 4\text{Cov}(A_1\tau_{12})]$
Híbrido Intrapopulacional (HAR)	$\frac{i_1}{2\sigma_{\bar{F}_1}} (\sigma_{A11}^2)$

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análises de variância individuais

Nos ambientes, não houve eficiência do delineamento experimental látice no primeiro ciclo. Entretanto, no segundo, o látice mostrou-se eficiente em alguns ambientes, para determinadas características avaliadas. Para padronizar os resultados, as análises foram realizadas com base no delineamento experimental blocos ao acaso. Foi utilizado o nível de significância de 5% de probabilidade para o teste F, em todos os ambientes.

Os resultados do teste F de todas as características nas análises de variâncias estão apresentados na Tabela 3.

As alturas de planta e espiga foram avaliadas em três locais, sendo dois comuns nos dois ciclos. Nos dois ciclos, a altura de planta foi significativa em Piracicaba, na fazenda Anhembi, para os dois tipos de híbridos, e somente para HI em Janaúba. Em Goiânia, não houve significância da AP em ambos os ciclos. Para AE, a significância ou não dos resultados é semelhante à AP, com exceção do experimento de HI, primeiro ciclo, realizado em Janaúba. O CV da AE tende a ser maior que o da AP, por isso em algumas situações não se detecta significância para AE, e o contrário ocorre para AP.

O peso de espiga foi avaliado em cinco locais no primeiro ciclo e em três no segundo. No primeiro ciclo, para os dois tipos de híbridos, o peso de

Tabela 3 – Resultado do teste F da análise de variância para as características altura de planta (AP), altura de espiga (AE), peso de espiga (PE) e prolificidade (PR) para os híbridos intra e inter populacionais no primeiro e no segundo ciclo em Piracicaba (Caterpillar), Sete Lagoas, Goiânia, Piracicaba (fazenda Anhembi), Janaúba e Ipiaçú

	Primeiro Ciclo								Segundo Ciclo							
	Híbrido Intrapopulacional				Híbrido Interpopulacional				Híbrido Intrapopulacional				Híbrido Interpopulacional			
	AP	AE	PE	PR	AP	AE	PE	PR	AP	AE	PE	PR	AP	AE	PE	PR
PC	-	-	NS	NS	-	-	NS	NS	-	-	-	-	-	-	-	-
SL	-	-	*	NS	-	-	*	*	-	-	-	-	-	-	-	-
GO	NS	NS	*	*	NS	NS	*	*	NS	NS	*	NS	NS	NS	*	NS
PF	*	*	*	NS	*	*	*	*	*	*	*	-	*	*	NS	-
JA	*	NS	*	NS	NS	NS	NS	*	-	-	-	-	-	-	-	-
IP	-	-	-	-	-	-	-	-	NS	NS	*	NS	NS	*	NS	*

NS = não-significativo; - não-avaliado; * significativo ($P < 0,05$), pelo teste de F.

PC = Piracicaba (Caterpillar); SL = Sete Lagoas; GO = Goiânia; PF = Piracicaba (fazenda Anhembi); JA = Janaúba; e IP = Ipiaçú.

espiga foi significativo em Sete Lagoas, Goiânia e Piracicaba (fazenda Anhembi) e para HI em Janaúba. No segundo ciclo, PE foi significativo em Goiânia para HI e HE e em Piracicaba (fazenda Anhembi) e Ipiaçú somente para HI. Esses resultados mostraram a interação híbridos x ambientes e a possibilidade de otimização da produtividade em cada ambiente com a seleção de híbridos específicos. Também caracterizam Goiânia como um ambiente adequado para todos os híbridos e apontam a possibilidade de priorizar a seleção de híbridos nos outros ambientes e, conseqüentemente, não afetar a produtividade média em Goiânia. Além disso, é possível verificar a maior variabilidade genética dos HI em relação ao HE, pelo maior número de significância entre os HI nos diferentes ambientes. Observa-se ainda a possibilidade de ganhos genéticos nos ciclos posteriores, pois ainda há diferença entre os híbridos.

A prolificidade foi avaliada em cinco locais no primeiro ciclo e em dois no segundo. No primeiro ciclo, para prolificidade, apenas um local foi não

significativo para os dois tipos de híbridos. No segundo ciclo, o PR para o HE foi significativo apenas em um local. Constata-se com esses resultados que essa característica pode ser importante na seleção indireta de híbridos e maximizar produtividade de grãos, na seleção por ambientes.

4.2 Análises de variância conjuntas

Os valores de coeficientes de variação para peso de espiga foram de 15,23 e 17,64% e para prolificidade de 12,3 e 19,45%. Essas características, assim como as demais, apresentaram coeficientes de variação aceitáveis, sem nenhuma discrepância de coeficientes dentro do mesmo ciclo. O segundo ciclo apresentou valores de CV maiores que os do primeiro, para todas as características avaliadas. Os coeficientes de variação das características ocorreram dentro do padrão estabelecido por Scapim *et al.* (1995), portanto elas foram consideradas adequadas para o tipo de experimento realizado.

Os testes F para ambientes foram significativos para os híbridos intrapopulacionais, nos dois ciclos, para AE, PE e PR, e no primeiro ciclo para AP. Esses resultados mostraram as diferentes condições ambientais em que os híbridos foram submetidos, como relatado por Arias (1995).

Os testes F para os HI foram significativos para todas as características no primeiro ciclo e para AP e AE no segundo ciclo. Esses resultados mostraram os diferentes desempenhos dos híbridos relacionados a seus vigores e, portanto, a possibilidade da seleção dos superiores. No entanto, para o segundo ciclo, os híbridos apresentaram desempenho similar, provavelmente caracterizando a eficiente seleção realizada com base na média geral do desempenho produtivo ocorrido no primeiro ciclo. Segundo Arias (1995), nesses casos as variâncias genéticas aditivas referem-se tanto ao tipo intra como ao interpopulacional reunidos, uma vez que os dois tipos de progênies representaram cada genótipo.

A interação híbrido interpopulacional x ambiente para HI foi significativa apenas para PE, no segundo ciclo. Este resultado indica a superioridade de alguns híbridos em todos os ambientes.

O teste F para ambientes foi significativo para os híbridos interpopulacionais, nos dois ciclos, para todas as características. Como para os

HI, esses resultados demonstraram as diferentes condições ambientais em que foram avaliados.

Os testes F para os HE foram significativos para todas as características no primeiro ciclo e para AP e AE no segundo, caracterizando o comportamento diferenciado entre os híbridos avaliados.

Tabela 4 – Resultado do teste de F da análise de variância conjunta para as características altura de planta (AP), altura de espiga (AE), peso de espiga (PE) e prolificidade (PR) para os híbridos intra e interpopulacionais nos primeiro e segundo ciclos, em Piracicaba (Caterpillar), Sete Lagoas, Goiânia, Piracicaba (fazenda Anhembi), Janaúba e Ipiacú

	Primeiro Ciclo								Segundo Ciclo							
	Híbridos Intrapopulacionais				Híbridos Interpopulacionais				Híbridos Intrapopulacionais				Híbridos Interpopulacionais			
	AP	AE	PE	PR	AP	AE	PE	PR	AP	AE	PE	PR	AP	AE	PE	PR
B/A	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
A	*	*	*	*	*	*	*	*	NS	*	*	*	*	*	*	*
H	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	NS	NS	*	*	NS	NS
A x H	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS	*	NS	NS	*	NS	NS	NS	*	*

B/A = bloco dentro ambientes; e H = híbridos.

NS = não-significativo e * significativo ($P < 0,05$), pelo teste de F.

A interação híbrido intrapopulacional x ambiente foi significativa para PR nos dois ciclos e para PE no segundo ciclo. Esses resultados caracterizam o desempenho diferenciado entre os híbridos nos vários ambientes. Para PE, em relação às outras características, observa-se maior número de ambientes significativos ($P < 0,05$) para o híbrido intrapopulacional, em ambos os ciclos. Dos cinco ambientes avaliados no primeiro ciclo, o híbrido intrapopulacional foi significativo ($P < 0,05$) em quatro e o híbrido interpopulacional em apenas três. Já no segundo ciclo, o híbrido intrapopulacional foi significativo ($P < 0,05$) nos três ambientes e o híbrido interpopulacional em apenas um. Detectou-se significância ($P < 0,05$) para PR nos seis dos sete ambientes avaliados nos dois ciclos, para o híbrido interpopulacional, e em apenas um ambiente para o híbrido intrapopulacional. O comportamento do caráter seria mais influenciado pela distribuição das plantas e pela prolificidade intrínseca da população, do

que pela própria mudança do ambiente. De acordo com Souza Jr. (1993), ambientes distantes diferem quanto ao regime de chuva e ao tipo de fertilidade de solo, e espera-se que obtenha interações híbridos x ambientes nessas condições, o que difere dos resultados aqui encontrados. No segundo ciclo, essa interação, em nível intra e interpopulacional, e para PR em nível interpopulacional, concordam com a justificativa de Souza Jr. (1993), uma vez que foram utilizados ambientes mais contrastantes nesse ciclo.

4.3 Avaliação dos híbridos intra e interpopulacionais

As médias de altura de planta e altura de espiga dos HI diferiram entre os locais, mostrando a maior altura nos ambientes favoráveis (Tabela 3). No entanto, os dois tipos de híbridos mostraram tendência de possuir alturas semelhantes em condições intermediárias de ambiente.

Os híbridos intrapopulacionais (HI) apresentaram as maiores produtividades em Janaúba, seguida de Goiânia e Sete Lagoas, mostrando o bom potencial genético e a otimização da interação genótipo x ambiente (Tabela 5). Nota-se também o desempenho superior dos HE em relação aos HI em pelo menos 10% em todos os ambientes, caracterizando o vigor híbrido dos HE.

No primeiro ciclo, as médias do híbrido interpopulacional foram superiores às do híbrido intrapopulacional para as características AP 0,46%; 1,8 e 6,1%; AE 2,3; 0,4 e 5,5%; nos ambientes de Goiânia, Piracicaba (fazenda Anhembí) e Janaúba, respectivamente. Para PE, a superioridade do HE sobre o HI foi de 10,7% em Goiânia, 13,3% em Piracicaba (fazenda Anhembí); 19,9% em Janaúba; 25% em Sete Lagoas; e 8% em Piracicaba (Caterpillar). A prolificidade (PR) foi superior apenas nos ambientes de Goiânia (4,4%) e Janaúba (5,6%).

As médias do híbrido interpopulacional no segundo ciclo foram superiores no ambiente de Piracicaba, 7,4% para AP, 7,9% para AE e 35,6% para PE e em Ipiacú, 2,7% para AP, 4,2% para AE e 8,85% para PE. Segundo Souza (2003), há redução na altura de AP e AE à medida que se aumenta o grau de intensidade do estresse.

Como a média do híbrido interpopulacional representa a média de todos os possíveis híbridos obtidos do cruzamento da população Sinduro com a

Tabela 5 – Médias de altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm), peso de espiga (PE, kg/ha) e prolificidade (PR, espigas/planta) para os híbridos intra e interpopulacionais nos primeiro e segundo ciclos, para os seis locais

Primeiro Ciclo								
	Híbridos Intrapopulacionais				Híbridos Interpopulacionais			
	AP	AE	PE	PR	AP	AE	PE	PR
PC	-	-	7041	0,95	-	-	7630	0,93
SL	-	-	8400	1,07	-	-	10557	1,05
GO	194	130	9007	1,13	195	133	9978	1,18
PF	173	85	6555	0,88	176	86	7430	0,88
JA	225	114	9885	1,06	240	120	11852	1,12
IP	-	-	-	-	-	-	-	-
Médias	197	110	8177	1,00	203	113	9489	103

Segundo Ciclo								
	Híbridos Intrapopulacionais				Híbridos Interpopulacionais			
	AP	AE	PE	PR	AP	AE	PE	PR
PC	-	-	-	-	-	-	-	-
SL	-	-	-	-	-	-	-	-
GO	193	100	10740	1,06	193	100	10201	1,01
PF	193	115	6469	-	208	124	8773	-
JA	-	-	-	-	-	-	-	-
IP	200	106	3516	0,78	205	111	3828	0,76
Médias	195	107	6908	0,92	202	112	7600	0,88

- Não-avaliado.

PC = Piracicaba (Caterpillar); SL = Sete Lagoas; GO = Goiânia; PF = Piracicaba (fazenda Anhembi); JA = Janaúba; e IP = Ipiaçu.

população Sindentado, espera-se que os híbridos obtidos das linhagens dessas populações sejam mais produtivos que o híbrido interpopulacional e que as duas populações possuam maiores alturas de espigas e de plantas e a mesma relação altura de planta sobre altura de espiga, quando comparados ao do híbrido intrapopulacional e ao do híbrido interpopulacional (ARIAS, 1995).

Como a população de plantas foi uniforme, a causa para a baixa prolificidade foi provavelmente a presença de plantas com ausência de espigas, devido às condições ambientais terem sido desfavoráveis para a população de plantas e à disponibilidade de água e adubação utilizada. Este fato também caracteriza a provável impossibilidade de uso desses híbridos em maiores adensamentos de plantas.

No segundo ciclo também houve diferença entre a AP e a AE para os ambientes, para os dois tipos de híbridos (Tabela 5). Os HE tenderam novamente a apresentar alturas maiores do que os HI. No entanto, a comparação entre ciclos fica inviável pela variação ambiental ocorrida entre os anos de cultivo. Para peso de espiga, observa-se a maior produtividade dos HE em relação ao HI, situação semelhante à do primeiro ciclo, inclusive para as diferentes condições ambientais, como para Ipiacu, em que ocorreu situação ambiental desfavorável caracterizada pela baixa produtividade. Este fato demonstra a importância do vigor híbrido tanto para condições ambientais otimizadas quanto para ambientes estressantes.

4.4 Estimativas dos componentes genéticos de variância e co-variância

As estimativas das variâncias genéticas entre híbridos intra e interpopulacional e das co-variâncias genéticas entre eles estão nas Tabelas 6 e 7. As estimativas das variâncias genéticas entre os híbridos intrapopulacionais, para o primeiro ciclo, foram para 25,05 para AP, 18,12 para AE, 0,00099 para PR e 367.837,89 para PE. Para os híbridos interpopulacionais, as estimativas da variância genética foram para 28,39 para AP, 18,67 para AE, 0,0021 para PR e 368.874,38 para PE. Para o segundo ciclo as estimativas das variâncias genéticas para HI foram para 13,33 para AP e 8,00 para AE e para o HE foram de 10,39 para AP e 12,42 para AE.

Tabela 6 – Estimativas das variâncias genéticas entre progênie intra ($\hat{\sigma}_{p11}^2$) e interpopulacional ($\hat{\sigma}_{p12}^2$) e das co-variâncias entre elas [$\hat{Cov}(p_1, p_{12})$], e seus equivalentes para a interação entre híbridos x ambientes ($\hat{\sigma}_{pa11}^2$, $\hat{\sigma}_{pa12}^2$ e [$\hat{Cov}(pa_1, p_{12})$]), para o primeiro ciclo

Características	Estimativas					
	$\hat{\sigma}_{p11}^2$	$\hat{\sigma}_{p12}^2$	$\hat{Cov}(p_1, p_{12})$	$\hat{\sigma}_{pa11}^2$	$\hat{\sigma}_{pa12}^2$	$\hat{Cov}(pa_1, p_{12})$
Altura de espiga	18,12	18,67	-2,88	0	0	-4,86
Altura de planta	25,05	28,39	-4,96	1,35	0	-2,47
Prolificidade	0,00099	0,00211	-0,00025	0,00081	0,0013	-0,00108
Peso de espiga	367837,89	368874,38	18031,28	25245,88	131696,27	36596,82

Tabela 7 – Estimativas das variâncias genéticas entre progênie intra ($\hat{\sigma}_{p11}^2$) e interpopulacional ($\hat{\sigma}_{p12}^2$) e das co-variâncias entre elas [$\hat{Cov}(p_1, p_{12})$], e seus equivalentes para a interação entre híbrido x ambientes ($\hat{\sigma}_{pa11}^2$, $\hat{\sigma}_{pa12}^2$ e [$\hat{Cov}(pa_1, p_{12})$]), para o segundo ciclo

Características	Estimativas					
	$\hat{\sigma}_{p11}^2$	$\hat{\sigma}_{p12}^2$	$\hat{Cov}(p_1, p_{12})$	$\hat{\sigma}_{pa11}^2$	$\hat{\sigma}_{pa12}^2$	$\hat{Cov}(pa_1, p_{12})$
Altura de espiga	8,00	12,42	7,66	0	11,58	5,09
Altura de planta	13,33	10,39	5,15	0	9,80	7,98
Prolificidade	0	0	0	0,00143	0,00541	-0,00248
Peso de espiga	0	0	0	389315,82	179984,62	-64486,90

As variâncias genéticas aditivas (VGA) intra e interpopulacional e das co-variâncias aditivas entre elas, variância genética dos desvios dos efeitos aditivos intra por interpopulacionais e a co-variância dos efeitos aditivos com seus desvios intra por interpopulacionais estão nas Tabelas 8 e 9. Para o primeiro ciclo, as estimativas das variâncias genéticas aditivas intrapopulacionais foram 100,20 para AP; 72,48 para AE; 0,0039 para PR; e 1471351,56 para PE. Para progênes interpopulacionais as estimativas foram para 113,56 para AP; 74,68 para AE; 0,0084 para PR; e 1475498 para PE. No segundo ciclo, as estimativas de VGA de HI foram para 53,35 para AP; 32,01 para AE; e de HE foram 41,56 para AP; e 49,50 para AE. Não houve VGA para prolificidade e peso de espigas no segundo ciclo. As estimativas das variâncias genéticas aditivas interpopulacionais foram superiores 13,3% para AP, 3,0% para AE, 0,2% para PE, 131,13% para PR comparadas às intrapopulacionais no primeiro ciclo, e 55,2% superiores para AE e 28,36% inferior para AP, no segundo ciclo. Os valores das variâncias dos desvios dos efeitos intra e interpopulacionais ($\hat{\sigma}_{\tau_{12}}^2$) foram de 170,22 para AE; 253,48 para AP; 0,014 para PR; e 2802599 para PE, referentes ao primeiro ciclo, e de 20,41 para AE e 53,71 para AP para o segundo. As co-variâncias entre os efeitos aditivos e os seus desvios intra e interpopulacionais $\hat{Cov}(A, \tau_{12})$ para o primeiro e segundo ciclos foram de -42,00 e -0,68 para AE e -60,03 e -6,37 para AP, respectivamente. Para PR e PE, os valores referentes ao primeiro ciclo foram de -0,0024 e -699613, respectivamente.

As estimativas das variâncias do erro experimental entre parcelas e as co-variâncias dos erros entre as progênes intra e interpopulacionais estão nas Tabelas 10 e 11.

Os resultados obtidos evidenciam a existência de variação genética entre as progênes para todas as características no primeiro ciclo e para AE e AP no segundo. Observa-se correlação genética aditiva entre PR e PE, e pode-se esperar progresso adicional no PE, pelo fato de a seleção não considerar esse aspecto (SOUZA JR. *et al.*, 1993).

As estimativas dos parâmetros genéticos mostraram que os valores das variâncias genéticas entre progênes e variâncias genéticas aditivas das características estudadas para o primeiro ciclo são muito próximas para os dois

Tabela 8 – Estimativas das variâncias genéticas aditivas em nível intra ($\hat{\sigma}_{A11}^2$) e interpopulacional ($\hat{\sigma}_{A12}^2$) e das co-variâncias entre elas [$\hat{Cov}(A_1A_2)$], variância genética dos desvios dos efeitos aditivos intra por interpopulacionais ($\hat{\sigma}_{\tau_{12}}^2$) e a co-variância dos efeitos aditivos com seus desvios intra por interpopulacionais ($\hat{Cov}(A_1\tau_{12})$), para o primeiro ciclo

Características	Estimativas				
	$\hat{\sigma}_{A11}^2$	$\hat{\sigma}_{A12}^2$	$\hat{Cov}(A_1A_2)$	$\hat{\sigma}_{\tau_{12}}^2$	$\hat{Cov}(A_1\tau_{12})$
Altura de espiga	72,48	74,68	-11,53	170,22	-42,00
Altura de planta	100,20	113,56	-19,86	253,48	-60,03
Prolificidade	0,0039	0,00844	-0,001	0,014	-0,00248
Peso de espiga	1471351,56	1475498,00	72125,12	2802599,00	-699613,00

Tabela 9 – Estimativas das variâncias genéticas aditivas em nível intra ($\hat{\sigma}_{A11}^2$) e interpopulacional ($\hat{\sigma}_{A12}^2$) e das co-variâncias entre elas [$\hat{Cov}(A_1A_2)$], variância genética dos desvios dos efeitos aditivos intra por interpopulacionais ($\hat{\sigma}_{\tau_{12}}^2$) e a co-variância dos efeitos aditivos com seus desvios intra por interpopulacionais ($\hat{Cov}(A_1\tau_{12})$), para o segundo ciclo

Características	Estimativas				
	$\hat{\sigma}_{A11}^2$	$\hat{\sigma}_{A12}^2$	$\hat{Cov}(A_1A_2)$	$\hat{\sigma}_{\tau_{12}}^2$	$\hat{Cov}(A_1\tau_{12})$
Altura de espiga	32,01	49,68	30,64	20,41	-0,68
Altura de planta	53,35	41,56	20,6	53,71	-16,37

Tabela 10 – Estimativas das variâncias do erro experimental entre parcelas $(\hat{\sigma}_{e11}^2 \text{ e } \hat{\sigma}_{e12}^2)$ e das co-variâncias entre elas $[\hat{Cov}(e_1e_{12})]$, de progênes de meios-irmãos intra e interpopulacionais, para o primeiro ciclo

Características	Estimativas		
	$\hat{\sigma}_{e11}^2$	$\hat{\sigma}_{e12}^2$	$\hat{Cov}(e_1e_{12})$
Altura de espiga	97,17	108,35	6,90
Altura de planta	115,01	140,64	3,98
Prolificidade	0,01596	0,0157	0,00115
Peso de espiga	1821893,11	2090289,13	-80043,02

Tabela 11 – Estimativas das variâncias do erro experimental entre parcelas $(\hat{\sigma}_{e11}^2 \text{ e } \hat{\sigma}_{e12}^2)$ e das co-variâncias entre elas $[\hat{Cov}(e_1e_{12})]$, de progênes de meios-irmãos intra e interpopulacionais, para o segundo ciclo

Características	Estimativas		
	$\hat{\sigma}_{e11}^2$	$\hat{\sigma}_{e12}^2$	$\hat{Cov}(e_1e_{12})$
Altura de espiga	147,48	154,25	-9,35
Altura de planta	211,38	201,84	-3,77
Prolificidade	0,0324	0,026	0,0028
Peso de espiga	1486389,54	1656745,98	-1421,18

híbridos populacionais, com uma ligeira superioridade do híbrido interpopulacional. Entretanto, Arias (1995) obteve estimativas das variâncias genéticas aditivas superiores para o híbrido intrapopulacional, para a população BR-106, e o inverso para a população BR-105.

As estimativas das variâncias genéticas para AE e AP, em ambos os ciclos, ficaram inferiores às estimativas e aos limites inferiores reportados por Pinto *et al.* (2000), que foi de 49,19 e 56,85 (cm/planta)², com limite inferior de 25,07 e 28,35 (cm/planta)² para AE; e de 91,13 e 97,66 (cm/planta)², com limite inferior de 43,59 e 49,75 (cm/planta)², para as populações BR-106 e BR105, respectivamente.

Os valores das estimativas das variâncias genéticas aditivas para AE e AP, respectivamente, em ambas as fases, foram superiores aos encontrados por Pelicano (1990), que foi de 69,43 e 84,39 (cm/planta)², e inferiores aos reportados por Arias (1995), que foi de 127,45 e 185,74 (cm/planta)². É interessante ressaltar que os valores das estimativas de variâncias genéticas aditivas para AE e AP estão bem abaixo dos reportados nas literaturas, o que se deve ao fato de as populações Sinduro e Sindentado serem originadas de linhagens de grupos heteróticos específicos.

Já as estimativas da variância genética aditiva para PE no primeiro ciclo foram valores menores do que as estimativas relatadas por Vencosvsky *et al.* (1988) de 309,0 (g/planta)², por Pelicano (1990) de 437,06 (g/planta)² e por Souza Jr. (1993) de 136,61 e 145,64 (g/planta)². A inexistência de variabilidade genética em níveis significativos para PE, no segundo ciclo, pode ser justificada pelo fato de a seleção ter sido efetuada, no ciclo anterior, com base nesse caráter. Outro fator que contribuiu para a inexistência da variabilidade genética seria o número de progênes utilizadas para a recombinação para dar origem aos híbridos populacionais no segundo ciclo (SANTOS *et al.*, 1993). Para a PR, os valores das estimativas também foram baixos, o que dificulta o progresso no programa de melhoramento. A ocorrência de endogamia durante a formação das populações e a utilização de plantas não-prolíficas na formação das populações podem ser a causa da baixa prolificidade.

Os valores das estimativas das variâncias dos desvios dos efeitos aditivos intra e interpopulacionais ($\hat{\sigma}_{\tau_{12}}^2$) para AE e AP e as magnitudes das

estimativas foram maiores no primeiro do que no segundo ciclo, e em ambos o sinal foi positivo. As estimativas ($\hat{\sigma}_{\tau_{12}}^2$) obtidas por Arias (1995) para AE de -1,48 e 110,37 (cm/planta)² e de AP 18,57 e 164,24 (cm/planta)² foram de magnitude inferior e em alguns casos com sinais contrários aos observados neste trabalho. Entretanto, para PE e PR os valores encontrados no trabalho citado foram de magnitude positiva superior aos valores aqui relatados.

As estimativas das variâncias dos desvios dos efeitos aditivos intra e interpopulacionais ($\hat{\sigma}_{\tau_{12}}^2$) é um parâmetro de importância para características com algum grau de dominância como PE e de pouco ou nenhuma importância para aqueles com baixo grau de dominância (SOUZA JR., 1993).

Os valores das estimativas da co-variância entre os efeitos aditivos com seus desvios intra por interpopulacionais $\hat{Cov}(A_1\tau_{12})$ foram negativos, para todas as características. Observa-se que para AE e AP os valores da co-variância para o primeiro ciclo tiveram mesmos sinais, mas de magnitudes diferentes. Esses valores negativos interferem diretamente nos ganhos genéticos para o híbrido interpopulacional.

Segundo Arias (1995), para que um loco possa dar sua contribuição para a co-variância entre efeitos aditivos com seus desvios intra por interpopulacionais $\hat{Cov}(A_1\tau_{12})$ é necessária a divergência genética entre as populações nesse dado loco, aliada a um efeito de dominância. Além do mais, as estimativas das co-variâncias intra por interpopulacionais são muito importantes por estarem diretamente envolvidas nas respostas indiretas esperadas para seleção recorrente recíproca nas populações *per se* e para seleção recorrente intrapopulacional.

Os valores teóricos esperados para PE para a relação $\sigma_{A11}^2 / \hat{\sigma}_{\tau_{12}}^2$, segundo Souza Jr. (1993), com nível de dominância $d/a \cong 1,0$ em populações divergentes, é de 2,14 e, ou, 5,00 para AE e AP com $d/a \cong 0,5$ é de 8,93 e, ou, 16,5, considerando o cruzamento recíproco. Entretanto, os valores encontrados foram inferiores aos esperados, para todas as características.

Para a relação $\hat{\sigma}_{\tau_{12}}^2 / \hat{Cov}(A_1\tau_{12})$ no primeiro ciclo, as magnitudes dos valores das características foram muito próximas, entretanto com sinal

negativo. Porém, os valores foram inferiores aos valores teóricos esperados (SOUZA JR. *et al.*, 1993), que seriam de 10,0 e, ou, -6,25 para PE e de 13,89 e, ou, -11,79, considerando o cruzamento recíproco.

4.5 Variância fenotípica e herdabilidade

Os valores das estimativas das variâncias fenotípicas em nível de médias de progênes e a herdabilidade intra e interpopulacionais estão nas Tabelas 12 e 13.

As estimativas das variâncias fenotípicas intra e interpopulacionais para o primeiro ciclo foram 33,5 e 35,61 para AE; 44,66 e 50,66 para AP; 0,0027 e 0,0039 para PR; e 555076,3 e 604242,5 para PE. Para o segundo ciclo, os valores foram 31,83 e 41,98 para AE; 46,8 e 47,29 para AP; 0,0088 e 0,0092 para PR; e 377503,53 e 376332,1 para PE.

Com exceção do PE no segundo ciclo, as variâncias fenotípicas interpopulacionais foram superiores aos valores intrapopulacionais, para as demais características. As diferenças entre os ciclos para AE e AP intrapopulacionais foram muito pequenas, com diminuição no valor da estimativa do primeiro para o segundo ciclo para AE e aumento para AP. Já as estimativas interpopulacionais entre os ciclos foram maiores e contrárias às intrapopulacionais, com aumento na estimativa para AE e diminuição para AP. Para prolificidade, as estimativas foram maiores no segundo ciclo para os híbridos intra e interpopulacional. Entretanto, para PE as estimativas foram maiores no primeiro ciclo, o que já era esperado, uma vez que não houve significância para esse caráter no segundo ciclo.

As herdabilidades e, nível de média de progênes intra e interpopulacionais foram: 54,0 e 52,4% para AE; 56,0 e 56,4% para AP; 36,0 e 53,3% para PR; e 66,2 e 61,0% para PE, referentes ao primeiro ciclo. Para o segundo ciclo, os valores da herdabilidade foram de 25,1 e 29,5% para AE; e 28,5 e 21,9% para AP.

As estimativas de herdabilidade para AE, AP e PE das progênes intra e interpopulacionais, no primeiro ciclo, apresentaram magnitudes elevadas comparadas às estimativas encontradas nas literaturas para essas características, com valores em torno de 50%, o que permitiu obter progressos

Tabela 12 – Estimativas das variâncias fenotípicas de progênies ($\hat{\sigma}_{F_{11}}^2$, $\hat{\sigma}_{F_{12}}^2$) e herdabilidade (\hat{h}_{11} , \hat{h}_{12}) de progênies de meios-irmãos intra e interpopulacionais, das características avaliadas nas populações, para o primeiro ciclo

Características	Estimativas			
	$\hat{\sigma}_{F_{11}}^2$	$\hat{\sigma}_{F_{12}}^2$	\hat{h}_{11}	\hat{h}_{12}
Altura de espiga	33,50	35,61	54,0	52,4
Altura de planta	44,66	50,66	56,0	56,4
Prolificidade	0,0027	0,0039	36,0	53,3
Peso de espiga	555076,30	604242,50	66,2	61,0

Tabela 13 – Estimativas das variâncias fenotípicas de progênies ($\hat{\sigma}_{F_{11}}^2$, $\hat{\sigma}_{F_{12}}^2$) e da herdabilidade (\hat{h}_{11} , \hat{h}_{12}) intra e interpopulacionais das características avaliadas nas populações, para o segundo ciclo

Características	Estimativas			
	$\hat{\sigma}_{F_{11}}^2$	$\hat{\sigma}_{F_{12}}^2$	\hat{h}_{11}	\hat{h}_{12}
Altura de espiga	31,83	41,98	25,1	29,5
Altura de planta	46,80	47,29	28,5	21,9
Prolificidade	0,0088	0,0092		
Peso de espiga	377503,53	376332,10		

substanciais com a seleção, principalmente para o híbrido interpopulacional (CHURATA e AYALA-OSUMA, 1996; SOUZA JR. *et al.*, 1993).

Quando as estimativas de herdabilidade para AE e AP são avaliadas, nota-se que houve diminuição expressiva da estimativa do primeiro para o segundo ciclo. Esse fato indica que as seleções para essas características foram muito severas e, que se deve aumentar a variabilidade das populações. Os valores da estimativa de herdabilidade para PR foram baixos para as progênies intrapopulacionais e elevados para as progênies interpopulacionais.

4.6 Resposta esperada à seleção

As respostas esperadas à seleção para os híbridos intra e interpopulacional por ciclo de seleção recorrente com recombinação de progênies S1, com seleção truncada, estão nas Tabelas 14 e 15.

Para os híbridos intrapopulacionais, as predições das respostas esperadas à seleção foram de 9,72 cm (8,5%) para AE; 11,65 cm (5,7%) para AP; 0,058 espigas/planta (5,6%) para PR; e 1537,2 kg/ha (16,1%) para PE. Para os híbridos interpopulacionais, as predições das respostas esperadas à seleção foram de 4,84 cm (4,4%) para AE; 6,19 cm (3,1%) para AP; 0,027 espigas/plantas (2,6%) para PR; e 734,4 kg/ha (2,6%) para PE. Entretanto, os progressos realizados ocorreram apenas para as características AE e AP, com valores de 2,98 (2,66%) e 2,35 cm (1,16%) para o híbrido interpopulacional; e de 4,40 (4,1%) e 6,06 cm (3,09%) para o híbrido intrapopulacional.

As expressões utilizadas para cálculo das respostas esperadas à seleção são baseadas no método proposto por Souza Jr. (1993). Para cálculo das respostas esperadas à seleção foi utilizado um diferencial de seleção estandardizado de 1,554, que equivale à seleção 15%. A seleção foi truncada, ou seja, cada caráter foi considerado individualmente na seleção.

Os incrementos obtidos para AE, AP e PR foram de 8,5, 5,7 e 5,6% para o híbrido intrapopulacional e de 4,4, 3,1 e 2,6% para o híbrido interpopulacional, respectivamente. Para AE e AP no segundo ciclo, as respostas foram muito pequenas tanto para o híbrido intra quanto para o interpopulacional. Incremento na média da AE e de AP não é vantajoso

Tabela 14 – Resposta esperada por ciclo de seleção para a altura de espiga (AE, cm) e planta (AP, cm), prolificidade (PR, espigas por planta) e peso de espiga (PE, kg/ha), segundo o esquema de seleção: seleção recorrente interpopulacional e seleção recorrente intrapopulacional, para o primeiro ciclo

Resposta à Seleção	Características			
	AE	AP	PR	PE
Gs Híbrido Interpopulacional	4,84	6,19	0,027	737,4
Gs Híbrido Intrapopulacional	9,72	11,65	0,058	1537,2

Tabela 15 – Resposta esperada por ciclo de seleção para a altura de espiga (AE, cm) e planta (AP, cm), prolificidade (PR, espigas por plantas) e peso de espiga (PE, kg/ha), segundo o esquema de seleção: seleção recorrente interpopulacional e seleção recorrente intrapopulacional, para o segundo ciclo

Resposta à seleção	Características			
	AE	AP	PR	PE
Gs Híbrido Interpopulacional	2,98	2,35	0	0
Gs Híbrido Intrapopulacional	4,40	6,06	0	0

agronomicamente, uma vez que plantas que possuem inserção de espiga e altura de planta alta tendem a ser mais vulneráveis a quebramento e acamamento, tornando-se um problema em nível de lavoura.

O principal caráter a ser analisado durante a seleção é o PE, visto que a seleção é feita com base nele. O incremento foi superior para o híbrido intrapopulacional, com 16,1%, comparado ao de 9% do híbrido interpopulacional. Com a seleção truncada e intensidade de seleção de 15% ocorreu ausência de variabilidade genética para PE intra e interpopulacionalmente, no segundo ciclo. Assim, para que ganhos nos ciclos seguintes sejam obtidos, é necessário aumentar a variabilidade genética das populações progenitoras.

De modo geral, as respostas esperadas com a seleção para as características AE e AP no primeiro ciclo e PE possuem magnitude elevada. Segundo Pellicano (1990), esse fato ocorre quando se usa uma intensidade de seleção baixa associada a coeficientes de herdabilidades razoáveis em nível de médias de progênies.

5. CONCLUSÃO

Para as condições em que foi realizado o presente trabalho, pode-se concluir que:

1 – As populações avaliadas neste estudo apresentaram bons desempenhos para as características, o que permite a sua utilização em programa de melhoramento, tendo em vista linhagens e híbridos superiores.

2 – O método de seleção recorrente modificado mostrou-se eficiente, com o melhoramento dos desempenhos das duas populações *per se* e também interpopulacional.

3 – As populações apresentam variabilidade genética para o primeiro ciclo intra e interpopulacionalmente. Os valores dos componentes de variância genética aditiva para peso de espiga comprovam o potencial dessas populações. As estimativas dos novos componentes σ_t^2 e $\text{Cov}(A_t)$ confirmam que, em alguns casos, estes interferiram de forma negativa nas respostas à seleção.

4 – A intensidade de seleção no primeiro ciclo de seleção recorrente exauriu a variabilidade genética para PE e PR no segundo ciclo, não permitindo calcular os ganhos realizados com o processo.

5 – A continuidade do programa de melhoramento depende do aumento da variabilidade genética nas duas populações progenitoras, o que pode ser conseguido com a introdução de genótipos provenientes da população-base.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGRIANUAL 2002. **Anuário da agricultura brasileira**. São Paulo-SP: FNP Consultoria e Comércio, 2002. 535 p.

AJUDARTE NETO, F. Avaliação de progênies de irmãos germanos interpopulacionais obtidas de composto de milho (*Zea mays* L). 1978. 93 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1978.

ALLARD, R. W. **Princípios de melhoramento genético de plantas**. Rio de Janeiro: USAID – Agência Norte-Americana para o Desenvolvimento Internacional, 1971. 381 p.

ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop. Sci.**, v. 4, n. 5, 1964, p. 503-508.

ATLIN, N. G.; FREY, K. J. Breeding crops varieties for low-input agriculture. **American Journal of Alternative agriculture**, v. 4, n. 2, 1989, p. 53-28.

AYALA-OSUNA, J.; MAIA, G. D. J.; TORRACA, P. C. **Seleção de famílias S1 em uma subpopulação derivada do Composto Flint (*Zea mays* L.)**. In: III MEETING LATIN AMERICAN, Andean Zone of maize researchers 16, T2, Cochabamba, Bolívia, 1995. p. 949-962.

ARIAS, C. A. A. **Componentes de variância e co-variância genética relacionadas à seleção recorrente intra e interpopulacional no milho (*Zea mays* L.)**. 1995. 139 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1995.

BONOMO, P.; SAMPAIO, N. F.; VIANA, J. M. S.; BORÉM, A. Comparação entre ganhos preditos e realizados na produção de grãos da população de milho palha roxa. **Revista Ceres**, v. 47, n. 272, p. 383-392, 2000.

BOREM, A; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa, 2005. 525 p.

CASTLEBERRY, R. M.; CRUM, C. W.; KRULL, C. F. Genetic yield improvement of U.S. maize cultivars under varying fertility and climatic environments. **Crop Science**, Madison, v. 24, n. 1, 1984.

CHURATA, B. G. M.; AYALA-OSUMA, J. T. Estimativas de parâmetros genéticos no composto de milho (*Zea mays* L.) arquitetura. **Revista Ceres**, v. 43, n. 249, p. 637-645, 1996.

COMSTOCK, R. E.; MOLL, R. H. Genotype x environment interactions. In: HANSON, W. D. e RODINSON, H. F. (Ed.). **Statistics and Plant Breeding**, Washington: National Academy of Sciences, 1963. p.165-196.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F.; HARVEY, P. H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. **J. Am. Soc. Agron.**, v. 41, p. 360-367, 1949.

COCHRAN, W. G.; COX, G. M. **Experimental designs**. 2. ed. New York: John Willey, 1957. 611 p.

CRUZ, C. D. **Programa GENES**: aplicativo computacional em genética e estatística versão Windows. Viçosa-MG: UFV, 2001. 442 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Vol. 1, 3. ed. Viçosa-MG: UFV, 2004. 480 p.

EBERHART, S. A.; RUSSEL, W.A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Sci.**, Madison, v. 6, p. 36-40, 1966.

EBERHART, S. A.; RUSSEL, W.A.; PENNY, L.H. Double cross hybrid prediction in maize when epistasis is present. **Crop. Sci.**, v. 4, n. 4, p. 363-366, 1964.

EBERHART, S. A.; RUSSEL, W. A. Yield and stability for a line diallel of single-cross and double-cross maize hybrids. **Crop. Sci.**, v. 9, n. 3, p. 357-361, 1969.

EYHERABIDE, G. H.; HALLAUER, A. R. Reciprocal full-sib recurrent selection in maize: direct and indirect responses. **Crop Sci.**, v. 31, p. 952-959, 1991.

- FANCELLI, A. L.; NETO, D. D. **Produção de milho**. Guaíba: Agropecuária, 2000. 360 p.
- FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 3. ed. Harlow: Longman Scientific e Technical, 1989. 438 p.
- FERNANDES, J. S. C. **Progresso esperado em linhagens de milho (zea mays L.) via seleção recorrente intra e interpopulacional**. 1990. 233 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1990.
- FREIRE, E. C.; PATERNIANI, E. Avaliação de populações de milho selecionadas para adaptação ao inverno. **Pesq. Agropec. Bras.**, v. 23, n. 5, p. 481-487, 1988.
- FISCHER, K. S.; JOHNSON, E. C.; EDMAN, G. O. **Breeding and selection for drought resistance in tropical maize**. CIMMYT, 1982. p. 1-16.
- GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. 14. ed. Piracicaba, 2000, 477 p.
- GOULAS, A. G.; LONNQUIST, J. H. Combined half-sib and S1 family selection in maize composite population. **Crop Science**, Madison, v. 16, p. 461-464, 1976.
- GRANATE, M. J. ; CRUZ, C. D. ; PACHECO, C. A. P. Utilização da estatística *Pi* predição de ganhos por seleção em famílias de meios-irmãos de milho-pipoca. **Revista Ceres**, v. 48, n. 277, p. 353-364, 2001.
- GROMBACHER, A. W.; RUSSEL, W. A.; GUTHRIE, W. D. Effects of recurrent selection in two maize synthetics on agronomic trait of S1 lines. **Maydica**, Bergamo, v. 34, p. 343-352, 1989.
- HALLAUER, A. R. Development of single-cross hybrids from two-eared maize populations. **Crop. Sci.**, v. 7, p. 192-195, 1967.
- HALLAUER, A. R.; EBERHART, S. A. Reciprocal full-sib selection. **Crop. Sci.**, v. 10, p. 315-316, 1970.
- HALLAUER, A. R. Breeding systems. In: CHRISTIE, B. R. (Ed.) **Handbook of plant science in agriculture**. Vol. 1, Boca Raton: CRC Press, 1987. p. 61-87.
- HULL, F. H. Recurrent selection for specific combining ability in corn. **J. Am. Soc. Agron.**, v. 37, p. 134-145, 1945.

MAIA, J. D. G. **Seleção recorrente com progênies S1 s de uma subpopulação do milho composto Flint (*Zea mays* L.)**. 1994. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 1994.

MARQUES, J. R. B. **Seleção recorrente com endogamia em duas populações de milho**. 1988. 145 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1988.

MOLL, R. H.; STUBER, C. W. Comparisons of response of two alternative selection produces initiated with two populations of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, v. 11, p. 7, p. 706-711, 1971.

PATERNIANI, E. Seleção recorrente para capacidade geral de combinação em milhos da América Central. **Ci. e Cult.**, v. 17, n. 4, p. 555-559, 1965.

PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (*Zea mays* L.). **Crop Science**, Madison, v. 7, p. 212-216, 1967.

PATERNIANI, E. Selection recurrent recíproca de maize en famílias de medio hermanos. **Agron. Trop.**, v. 19, p. 211-213, 1969.

PATERNIANI, E.; VENCOVSKY, R. Reciprocal recurrent selection in maize (*Zea mays* L.) based on test crosses of half-sib families. **Maydica**, v. 22, p. 141-152, 1977.

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

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E. (Ed.) **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. ESALQ-Piracicaba: Fundação Cargil, 1980. p. 202-256.

PELLICANO, I. J. **Potencial da interpopulação de milho Br 105 x Br 106 para melhoramento genético**. 1990. 124 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1990.

PENNY, L. H.; EBERHART, S. A. Twenty years of reciprocal recurrent selection with two synthetic varieties of maize (*Zea mays* L.) **Crop. Sci.**, v. 11, p. 900-903, 1971.

PINTO, R. M. C.; LIMA NETO, F. P.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Estimativa do número apropriado de progênies S1 para a seleção recorrente em milho. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v. 35, n. 1, p. 63-73, jan. 2000

QUEIROZ, S. R. O. D.; AYALA-OSUNA, J. T.; ARAÚJO S. M. C.; SILVA, P. C.; MARTINS, J. V. F. Seleção recorrente recíproca em populações de milho tropical (*Zea mays* L.) para aumento de produção. **Sitientibus série Ciências Biológicas**, v. 1, n. 2, p. 161-164, 2001.

RICKEY, F. D. The experimental basis for present status of corn breeding. **J. Am. Soc. Agron.**, v. 14, p. 1-17, 1922.

RIBEIRO JR., J. I.; CRUZ, C. D.; SCAPIM, C. A.; PACHECO, C. A. P. Metodologia para avaliar os ganhos por seleção recorrente recíproca em população de milho. **Revista Ceres**, v. 47, n. 274, p. 591-602, 2000.

RUSCHEL, R.; PENTEADO, F. Análises dos componentes de variância de duas classes de cultivares de milho e estimativa do progresso genético médio em ensaios de produção. **Pesq. Agropec. Bras.**, v. 5 n. 3, p. 381-388, 1970.

SANTOS, T. N.; SILVA, C. J.; CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; SILVA, C. H. O. Comparação de ganhos genéticos em populações de milho testadas em dois ambientes e avaliação de um programa de seleção recorrente recíproca. **Revista Ceres**, v. 41, n. 232, p. 543-552, 1993.

SCAPIN, C. A.; CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação par a cultura do milho. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v. 30, n. 5, p. 683-686, 1995.

SCHNELL, F. W. On some aspects of reciprocal recurrent selection. **Euphytica**, v. 15, p. 24-30, 1961.

SULLIVAN, J. A.; KANNENBERG, L. W. Comparison of S1 and modified ear-to-row recurrent selection in four maize population. I. Effects on population means and variances. **Crop Science**, Madison, v. 27, p. 1161-1166, 1987.

SOUZA, L. V. **Capacidade de combinação de cultivares de milho sob estresses abióticos**. 2003. 37 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2003.

SOUZA JR., C. L. Reciprocal recurrent selection with half-sib progenies obtained alternately from non-inbred (S0) and inbred (S1) plants in maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, v. 32, p. 19-31, 1987.

SOUZA JR., C. L. Comparisons of intra, interpopulation, and modified recurrent selection methods. **Rev. Brasil. Genet.**, v. 16, p. 91-105, 1993.

SOUZA JR., C. L. ; SANTOS, M. X. ; MAGNAVACA, R. ; GAMA, E. E. G. Estimativa de parâmetros genéticos na interpopulação de milho BR 105 X BR 106 e suas aplicações no melhoramento. **Pesq. Agropec. Bras.**, v. 28, n. 4, p. 473-479, 1993.

SOUZA JR., C. L. Melhoramento de espécies autógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.) **Recursos genéticos e melhoramento – plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p.159-199.

SPRAGUE, G. F. Corn breeding. In: ____ (Ed.) **Corn and corn improvement**. New York: Academy Press, 1955. p. 221-292.

TREAT, C. L.; TRACY, W. F. Contributions of dent corn germplasm to stalk and root quality in sweet corn. **J. Am. Soc. Hortic. Sci.**, v. 118, n. 6, p. 885-889, 1993.

VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J. B.; SOUZA JR., C. L. **Quantitative genetics and corn breeding in Brazil**. In: PROCEEDINGS OF THE SECOND INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS (WEIR, B. S.; EISEN, E. J.; GOODMAN, M. M.; NAMKOONG, G. (Ed.)). Sinauer Associates, Inc., Sunderland, MA, USA, 1988. p. 465-477.

VILARINHO, A. A. **Seleção de progênies endogâmicas S1e S2 em programas de melhoramento intrapopulacional e de produção de híbridos de milho pipoca (*Zea mays* L.)**. 2001. 79 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2001.

ZUBER, M. S.; LOESCH JR, P. J. Effects of years and locations on stalk strength in corn (*Zea mays* L.). **Agron. J.**, v. 58, p. 173-175, 1966.

ANEXO

ANEXO A

Tabela 1A – Resumo da análise de variância para as características peso de espiga (PE, kg/ha) e prolificidade (PR, espigas por planta), para o híbrido intrapopulacional (Sinduro x Sinduro), no primeiro ciclo

FV	GL	Piracicaba Caterpillar	
		QM	
		PE	PR
Bloco	1	12025,42	0,0105
Tratamento	143	1124471,77	0,0151
Resíduo	143	960136,72	0,0144
Média		7041,64	0,95
CV (%)		13,91	12,59
Sete Lagoas			
Bloco	1	1626456,42	0,0137
Tratamento	143	4073439,54*	0,0174
Resíduo	143	2872618,26	0,0145
Média		8399,94	1,07
CV (%)		20,17	11,25

* P < 0,05, significativo a 5% de probabilidade; os demais são não-significativos.

Tabela 2A – Resumo da análise de variância para as características altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm), peso de espiga (PE, kg/ha) e prolificidade (PR, espiga por planta), para o híbrido intrapopulacional (Sinduro x Sinduro), no primeiro ciclo

FV	GL	Goiânia			
		QM			
		AP	AE	PE	PR
Bloco	1	833,68	28,12	257642,34	0,000292
Tratamento	143	120,35	112,67	2134245,58*	0,03030*
Resíduo	143	97,66	98,23	1130440,00	0,01400
Média		194,30	130,00	90007,25	1,13
CV (%)		5,08	7,58	11,80	10,79
Piracicaba (fazenda Anhembi)					
Bloco	1	8202,67	6815,28	25660851,00	0,126
Tratamento	143	198,96*	112,48*	2262286,63*	0014
Resíduo	143	121,12	67,49	1614622,12	0,016
Média		173,05	85,18	6555,91	0,88
CV (%)		6,35	9,64	19,38	14,40
Janaúba					
Bloco	1	2658,42	583,68	10745475,34	0,0028
Tratamento	143	184,12*	161,12	3445859,75*	0,021
Resíduo	143	126,25	125,81	2531647,744	0,019
Média		225,98	114,20	9885,23	1,06
CV (%)		4,97	9,82	16,09	13,23

* P < 0,05, significativo a 5% de probabilidade; os demais são não-significativos.

Tabela 3A – Resumo da análise de variância para as características peso de espiga (PE, kg/ha) e prolificidade (PR, espigas por planta), para o híbrido interpopulacional (Sinduro x Sindentado), no primeiro ciclo

FV	GL	Piracicaba Caterpillar	
		QM	
		PE	PR
Bloco	1	4050332,34	0,012
Tratamento	143	1402872,09	0,019
Resíduo	143	1068184,17	0,015
Média		7630,14	0,93
C.V.(%)		13,54	13,21
Sete Lagoas			
Bloco	1	1188239,58	0,069
Tratamento	143	5603620,44*	0,017*
Resíduo	143	3617025,64	0,013
Média		10557,03	1,05
C.V.(%)		18,01	10,84

* P < 0,05, significativo a 5% de probabilidade; os demais são não-significativos.

Tabela 4A – Resumo da análise de variância para as características altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm), peso de espiga (PE, kg/ha) e prolificidade (PR, espiga por planta), para o híbrido interpopulacional (Sinduro x Sindentado), no primeiro ciclo

FV	GL	Goiânia			
		QM			
		AP	AE	PE	PR
Bloco	1	292,01	657,03	6191680,5	0,065
Tratamento	143	114,07	116,98	2307172,92*	0,029*
Resíduo	143	94,63	102,66	1358452,45	0,021
Média		195,20	133,03	9978,47	1,18
CV (%)		4,98	7,61	11,68	12,24
Piracicaba (fazenda Anhembí)					
Bloco	1	94,53	1317,55	486344,53	0,0042
Tratamento	143	275,20*	153,87*	2410275,42*	0,023*
Resíduo	143	174,34	100,59	1399914,34	0,012
Média		176,20	86,03	430,10	0,88
CV (%)		7,49	11,65	15,92	12,84
Janaúba					
Bloco	1	49,17	333,68	8406,72	0,028
Tratamento	143	182,02	146,15	3733211,40	0,022*
Resíduo	143	152,94	121,79	3007869,05	0,016
Média		239,94	120,59	11852,45	1,12
CV (%)		5,15	9,15	14,63	11,39

* P < 0,05, significativo a 5% de probabilidade; os demais são não-significativos.

Tabela 5A – Resumo da análise de variância para as características altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm), peso de espiga (PE, kg/ha) e prolificidade (PR, espiga por planta), para o híbrido intrapopulacional (Sinduro x Sinduro), no segundo ciclo

FV	GL	Goiânia			
		QM			
		AP	AE	PE	PR
Bloco	1	1250,0	83,42	23046392,01	0,074
Tratamento	143	237,56	172,11	2493979,33*	0,022
Resíduo	143	257,34	181,32	1781016,57	0,024
Média		193,85	100,05	10740,67	1,063
CV (%)		8,20	13,45	12,42	14,64
Piracicaba					
Bloco	1	403,75	22,78	3231729,38	-
Tratamento	143	144,76*	84,91*	3433092,71*	-
Resíduo	143	94,87	55,36	2100316,23	-
Média		193,73	115,21	6469,52	-
CV (%)		5,02	6,45	22,40	-
Ipiacu					
Bloco	1	462,58	3,12	2431196,25	0,072
Tratamento	143	302,35	220,67	1153354,55*	0,048
Resíduo	143	285,48	206,44	577835,82	0,037
Médio		200,017	106,73	3516,41	0,78
CV (%)		8,44	13,46	21,62	24,45

* P < 0,05, significativo a 5% de probabilidade; os demais são não-significativos.

Tabela 6A – Resumo da análise de variância para as características altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm), peso de espiga (PE, kg/ha) e prolificidade (PR, espiga por planta), para o híbrido interpopulacional (Sinduro x Sindentado), no segundo ciclo

FV	GL	Goiânia			
		QM			
		AP	AE	PE	PR
Bloco	1	94,53	94,53	1677806,68	0,0034
Tratamento	143	288,44	189,46	1917519,58*	0,0238
Resíduo	143	265,33	212,18	1400774,57	0,0244
Média		193,83	100,92	10201,13	1,01
CV (%)		8,40	14,43	11,6	15,37
Piracicaba					
Bloco	1	1283,55	750,78	6221922,09	-
Tratamento	143	173,13*	124,0*	3440943,21	-
Resíduo	143	121,066	67,66	2850111,52	-
Média		208,14	124,34	8773,51	-
CV (%)		5,30	6,61	19,24	-
Ipiacu					
Bloco	1	1512,5	132,03	6803130,88	0,024
Tratamento	143	265,53	293,35*	933037,21	0,030*
Resíduo	143	219,14	182,90	719411,00	0,023
Média		205,52	111,23	3807,12	0,76
CV (%)		7,20	12,16	22,20	19,80

* P < 0,05, significativo a 5% de probabilidade; os demais são não-significativos.

Tabela 7A – Quadrado médio dos híbridos intra (11) e interpopulacionais (12) e a soma dos dois híbridos (1+2) obtidos para altura de espiga (cm), no primeiro ciclo

Altura de Espiga				
FV	GL	QM11	QM12	QM1+2
B/A	3	2475,6	769,42	1043,80
Ambiente (A)	2	152477,96*	170801,4*	644210,69*
Progenie (P)	143	201,26*	213,70*	374,73*
P x A	286	92,50	101,64	188,51
Resíduo	429	97,17	108,35	219,33
Média		110,00	113,20	223,22
CV (%)		8,96	9,10	6,60

* P < 0,05, significativo a 5% de probabilidade; os demais são não-significativos.

Tabela 8A – Quadrado médio dos híbridos intra (11) e interpopulacionais (12) e a soma dos dois híbridos (1+2) obtidos para altura de planta (cm), no primeiro ciclo

Altura de Planta				
FV	GL	QM11	QM12	QM1+2
B/A	3	3898,25	145,23	5200,50
Ambiente (A)	2	204332,94*	308224,5*	1011103,00*
Progenie (P)	143	268,01*	304,03*	510,55*
P x A	286	117,71	133,63	249,43
Resíduo	429	115,01	140,64	266,32
Média		197,78	203,79	401,58
CV (%)		5,42	5,80	4,00

* P < 0,05, significativo a 5% de probabilidade; os demais são não-significativos.

Tabela 9A – Quadrado médio dos híbridos intra (11) e interpopulacionais (12) e a soma dos dois híbridos (1+2) obtidos para prolificidade (espigas/planta), no primeiro ciclo

Prolificidade				
FV	GL	QM11	QM12	QM1+2
B/A	5	0,03	0,03596	0,031
Ambiente (A)	4	2,92*	4,46*	14,43*
Progenie (P)	144	0,027*	0,04*	0,060*
P x A	572	0,017	0,02*	0,035
Resíduo	715	0,015	0,015	0,033
Média		1,02	1,03	2,00
CV (%)		12,30	12,10	8,83

* P < 0,05, significativo a 5% de probabilidade; os demais são não-significativos.

Tabela 10A – Quadrado médio dos híbridos intra (11) e interpopulacionais (12) e a soma dos dois híbridos (1+2) obtidos para peso de espiga (kg/ha), no primeiro ciclo

Peso de Espiga				
FV	GL	QM11	QM12	QM1+2
B/A	5	7660490,10	2385000,73	7603047,31
Ambiente (A)	4	545331909,76*	1055565635,01*	3059483683,25*
Progenie (P)	144	5550763,78*	6042425,54*	11940116,24*
P x A	572	1872384,87	2353681,68	4212367,79
Resíduo	715	1821893,11	2090289,13	3752096,20
Média		8177,99	9489,64	17667,59
CV (%)		16,50	15,23	10,90

* P < 0,05, significativo a 5% de probabilidade; os demais são não-significativos.

Tabela 11A – Quadrado médio dos híbridos intra (11) e interpopulacionais (12) e a soma dos dois híbridos (1+2) obtidos para altura de espiga (cm), no segundo ciclo

Altura de Espiga				
FV	GL	QM11	QM12	QM1+2
B/A	3	31,32	325,78	336,92
Ambiente (A)	2	16733,35*	39691,89*	107968,35
Progenie (P)	143	190,98*	251,96*	536,62
P x A	286	142,96	177,43	322,05
Resíduo	429	147,48	154,25	283,03
Média		107,31	112,16	219,40
CV (%)		11,31	11,07	7,60

* P < 0,05, significativo a 5% de probabilidade; os demais são não-significativos.

Tabela 12A – Quadrado médio dos híbridos intra (11) e interpopulacionais (12) e a soma dos dois híbridos (1+2) obtidos para altura de planta (cm), no segundo ano

Altura de Planta				
FV	GL	QM11	QM12	QM1+2
B/A	3	712,42	963,52	2482,43
Ambiente (A)	2	3709,83	16700,17*	25533,33
Progenie (P)	143	280,82*	283,95*	650,96
P x A	286	200,79	221,58	446,76
Resíduo	429	211,38	201,84	405,67
Média		195,87	202,49	398,37
CV (%)		7,42	7,01	5,05

* P < 0,05, significativo a 5% de probabilidade; os demais são não-significativos.

Tabela 13A – Quadrado médio dos híbridos intra (11) e interpopulacionais (12) e a soma dos dois híbridos (1+2) obtidos para prolificidade (espigas/planta), no segundo ciclo

FV	GL	Prolificidade		
		QM11	QM12	QM1+2
B/A	2	0,065	0,106	0,329
Ambiente (A)	1	10,93*	14,99*	51,54
Progênie (P)	143	0,0321	0,034	0,063
P x A	143	0,0353	0,037*	0,068
Resíduo	286	0,0324	0,026	0,064
Média		0,92	0,91	1,84
CV (%)		19,45	17,69	13,73

* P < 0,05, significativo a 5% de probabilidade; os demais são não-significativos.

Tabela 13A – Quadrado médio dos híbridos intra (11) e interpopulacionais (12) e a soma dos dois híbridos (1+2) obtidos para peso de espiga (kg/ha), no segundo ciclo

FV	GL	Peso de Espiga		
		QM11	QM12	QM1+2
B/A	3	9569772,55	4900814,51	24319547,91
Ambiente (A)	2	3799375314,82*	3244141897,09*	13471363473,87
Progênie (P)	143	2550384,24	2257992,51	5371050,31
P x A	286	2265021,18*	2016715,22*	4020946,52
Resíduo	429	1486389,54	1656745,98	3140293,14
Média		6908,86	7593,91	14502,79
CV (%)		17,64	16,94	12,21

* P < 0,05, significativo a 5% de probabilidade; os demais são não-significativos.

Tabela 14A – Produtos médios obtidos para altura de espiga (cm), altura de planta (cm), prolificidade (espigas por planta) e peso de espiga (kg/ha), no primeiro ciclo

FV	GL	PM	
		Altura de Espiga	Altura de Planta
B/A	3	-1100,61	578,51
Ambiente (A)	2	160465,70	249272,80
Progênie (P)	143	-20,115	-30,745
P x A	286	-2,815	-0,955
Resíduo	429	6,905	3,985

FV	GL	PM	
		Prolificidade	Peso de Espiga
B/A	5	-0,01748	-1221221,764
Ambiente (A)	4	3,525	729293069,20
Progênie (P)	144	-0,0035	173463,46
P x A	572	-0,001	-6849,38
Resíduo	715	0,00115	-80043,02305

Tabela 15A – Produtos médios obtidos para altura de espiga (cm), altura de planta (cm), peso de espiga (kg/ha) e prolificidade (espigas por planta), no segundo ciclo

FV	GL	PM		
		Altura de Espiga	Altura de Planta	Peso de Espiga
B/A	3	-10,09	403,245	4924480,429
Ambiente (A)	2	25771,56	2561,665	3213923131
Progenie (P)	143	46,84	43,095	281336,78
P x A	286	0,83	12,195	-130394,94
Resíduo	429	-9,35	-3,775	-1421,1865

FV	GL	Prolificidade
		PM
B/A	2	0,0787
Ambiente (A)	1	12,81
Progenie (P)	143	-0,00155
P x A	143	-0,00215
Resíduo	286	0,0028