

**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**POTENCIAL DAS POPULAÇÕES ISANÃO-VF1 E ISANÃO-VD1  
PARA SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA**

**FABIANA QUEIROZ GARCIA**

**Orientador:** Prof. Dr. João Antonio da Costa Andrade

Tese apresentada à Faculdade de Engenharia -  
UNESP – Campus de Ilha Solteira, para  
obtenção do título de Doutor em Agronomia.

Especialidade: Sistemas de Produção

Ilha Solteira – SP  
julho/2009

#### FICHA CATALOGRÁFICA

Elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação/Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação da UNESP-Ilha Solteira

G216p

Garcia, Fabiana Queiroz.

Potencial das populações Isanão-VF1 e Isanão-VD1 para seleção recorrente recíproca / Fabiana Queiroz Garcia. -- Ilha Solteira : [s.n.], 2009  
89 f.

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira. Especialidade: Sistemas de Produção, 2009

Orientador: João Antonio da Costa Andrade

Inclui bibliografia

1. Milho – Melhoramento genético. 2. Parâmetros genéticos. 3. Seleção recorrente recíproca. 4. Análise de trilha. 5. Milho braquitico.



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA  
CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA  
FACULDADE DE ENGENHARIA DE ILHA SOLTEIRA

### CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

**TÍTULO:** Potencial das populações Isanão-VF1 e Isanão-VD1 para seleção recorrente recíproca

**AUTORA:** FABIANA QUEIROZ GARCIA  
**ORIENTADOR:** Prof. Dr. JOAO ANTONIO DA COSTA ANDRADE

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de DOUTOR em AGRONOMIA  
Área: SISTEMAS DE PRODUÇÃO, pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. JOÃO ANTONIO DA COSTA ANDRADE  
Departamento de Biologia e Zootecnia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira

Prof. Dr. MARIO LUIZ TEIXEIRA DE MORAES  
Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira

Prof. Dr. ORIVALDO ARF  
Departamento de Fitotecnia, Tecnologia de Alimentos e Sócio Economia / Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira

Prof. Dr. JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO  
Departamento de Genética / Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - ESALQ / USP

Prof. Dr. PEDRO MÁRIO DE ARAÚJO  
Área de Melhoramento Genético / IAPAR - Instituto Agronômico do Paraná

Data da realização: 17 de julho de 2009.

*À minha filha Geovanna, ao meu noivo Carlos e à minha família  
por tudo que me ensinaram, pelo amor, apoio, incentivo e  
confiança que depositaram em mim ...*

**DEDICO**

## **Agradecimentos**

**A Deus, pelo “Dom da Vida” e por todas as graças recebidas a cada momento.**

**À CAPES pela concessão da Bolsa de Doutorado.**

**Ao Prof. Dr. João Antonio da Costa Andrade, pela orientação e ensinamentos.**

**A todos professores do Curso de Pós-Graduação em Agronomia (Sistemas de Produção), pelo acúmulo de conhecimentos.**

**Aos funcionários da Fazenda de Ensino e Pesquisa da FEIS pela colaboração condução do experimento, em especial ao “Buchada”, “Jaú”, Alvino e “Carrero”.**

**A Liliam Sílvia Candido e aos professores do Departamento de Estatística da UNESP, campus de Jaboticabal, pelo auxílio nas análises estatísticas.**

**A Carlos Flechtmann, pelo auxílio na redação da tese.**

**A todos colegas que me auxiliaram nos trabalhos de campo e laboratório, especialmente Fernanda G., João, Karen, Fernanda K., Paula, Odair, Rafael, Ricardo e Hernandez.**

**Aos amigos Larissa, Luís, Liliam, Fabiana, Silvia, Walter, Gustavo, Elza, Maria, Reinaldo, Márcia, Renata, Flávia, Elaine e Erly pelo suporte, amizade, paciência e pelo companheirismo ao longo desses anos, amizades que sempre estarão guardadas.**

**A todos que direta ou indiretamente colaboraram para realização deste sonho, cujos nomes e rostos se confundem na hora de agradecer...**

## SUMÁRIO

	<b>Página</b>
1. Introdução Geral .....	11
2. Referências Bibliográficas .....	15
Capítulo 1. Parâmetros Genéticos Interpopulacionais nas Populações de Milho Isanão-VF1 e Isanão-VD1 .....	18
Resumo .....	18
Abstract .....	20
1.1. Introdução .....	21
1.2. Material e Métodos .....	25
1.2.1. Local .....	25
1.2.2. Material .....	25
1.2.3. Instalação e Condução dos Experimentos .....	26
1.2.4. Caracteres Mensurados .....	27
1.2.5. Delineamento Experimental e Análises Estatísticas .....	28
1.3. Resultados e Discussão .....	33
1.3.1. Avaliação de Médias e Análises de Variância .....	33
1.3.2. Estimativas de Parâmetros Genéticos .....	36
1.4. Conclusões .....	40
1.5. Referências Bibliográficas .....	41
Capítulo 2. Correlações Genéticas e Análise de Trilha nas Populações de Milho Isanão-VF1 e Isanão-VD1 .....	52
Resumo .....	52
Abstract .....	53
2.1. Introdução .....	54

2.2. Material e Métodos .....	56
2.2.1. Local .....	56
2.2.2. Material .....	56
2.2.3. Instalação e Condução dos Experimentos .....	57
2.2.4. Caracteres Mensurados .....	58
2.2.5. Delineamento Experimental e Análises Estatísticas .....	59
2.3. Resultados e Discussão .....	64
2.4. Conclusões .....	70
2.5. Referências Bibliográficas .....	71

## FIGURAS

Figura 1: Diagrama causal ilustrativo dos efeitos das variáveis explicativas (X1, X2,..., X7) e residual (u) sobre a variável dependente Y .....	63
--	----

## ANEXOS

Anexo 1- Médias dos caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), tombamento (TB), enfezamento (EN), prolificidade (PR), grãos ardidados (GA) e rendimento (RG), para as progênes interpopulacionais Isanão-VF1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008 .....	83
---	----

Anexo 2- Médias dos caracteres, florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), tombamento (TB), enfezamento (EN), prolificidade (PR), grãos ardidados (GA) e rendimento (RG), para as progênes interpopulacionais com Isanão-VD1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008 .....	85
--	----

Anexo 3 - Valores dos quocientes entre o maior e o menor quadrado médio residual das análises individuais para florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de	
---	--

espigas (AE), tombamento (TB), enfezamento (EN), prolificidade (PR), grãos ardidos (GA) e rendimento (RG), para experimentos individualizados e agrupados, de progênies provenientes do cruzamento das populações interpopulacionais de milho Isanão-VF1 e Isanão-VD1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008 ..... 87

Anexo 4- Quadrados médios, médias e coeficientes de variação das análises de variância individuais para os caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), tombamento (TB), enfezamento (EN), prolificidade (PR), grãos ardidos (GA) e rendimento (RG), para as progênies interpopulacionais de milho Isanão-VF1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008 ..... 88

Anexo 5- Quadrados médios, médias e coeficientes de variação das análises de variância individuais para os caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), tombamento (TB), enfezamento (EN), prolificidade (PR), grãos ardidos (GA) e rendimento (RG), para as progênies interpopulacionais de milho Isanão-VD1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008 ..... 89



## LISTA DE TABELAS

	<b>Página</b>
Tabela 1- Esquema da análise de variância individual para cada experimento, com as respectivas esperanças dos quadrados médios .....	30
Tabela 2- Esquema da análise de variância agrupada para os experimentos de cada população, com as respectivas esperanças dos quadrados médios .....	30
Tabela 3- Quadrados médios, médias e coeficientes de variação das análises de variância agrupadas para os caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), tombamento (TB), enfezamento (EN), prolificidade (PR), grãos ardidos (GA) e rendimento (RG), para as progênes interpopulacionais de milho Isanão-VF1 e Isanão-VD1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008 .....	49
Tabela 4- Estimativas dos parâmetros genéticos interpopulacionais variância ambiental ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), variância de progênes ( $\hat{\sigma}_p^2$ ), variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), variância fenotípica média ( $\hat{\sigma}_F^2$ ), herdabilidade com base em médias de progênes ( $\hat{h}_m$ ), coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ), índice de variação ( $\hat{b}=CV_g/CVE$ ) e ganho esperado com seleção de intensidade 20% ( $\hat{G}$ ) para os caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), tombamento (TB), enfezamento (EN), prolificidade (PR), grãos ardidos (GA) e rendimento (RG). Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008 .....	51
Tabela 5- Esquema da análise de covariância individual para cada experimento, com as respectivas esperanças dos produtos médios .....	60

Tabela 6- Esquema da análise de covariância agrupada para os experimentos de cada população, com as respectivas esperanças dos produtos médios ..... 60

Tabela 7- Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva interpopulacional (acima da diagonal) e fenotípica interpopulacional (abaixo da diagonal) entre os caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PR), rendimento de grãos (RG), enfezamento (EN), tombamento (TB) e grãos ardidos (GA), na interpopulação de milho Isanão-VF1 e Isanão-VD1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008 ..... 78

Tabela 8- Estimativas das respostas correlacionadas no híbrido interpopulacional (em %/ciclo) para os caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PR), rendimento (RG), enfezamento (EN), tombamento (TB) e grãos ardidos (GA), com seleção recorrente recíproca entre as populações Isanão-VF1 e Isanão-VD1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008 ..... 79

Tabela 9- Estimativas dos efeitos diretos e indiretos dos caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PR), enfezamento (EN), tombamento (TB) e grãos ardidos (GA), sobre RG, obtidos pela análise de trilha, na interpopulação de milho Isanão-VF1 x Isanão-VD1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008 ..... 80

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

O milho é uma planta economicamente cultivada que atingiu um alto grau de domesticação. Fruto do constante melhoramento por parte das instituições de pesquisa particulares e públicas, o milho teve o potencial de rendimento de grãos melhorado para condições ambientais as mais variadas (ANDRADE et al., 2005).

Tal cultura ocupa lugar de destaque não só devido ao progresso que tem havido no acúmulo de conhecimentos científicos relacionados com esta espécie, mas também em razão do grande valor econômico e de intensas pesquisas científicas, cujos resultados têm contribuído não só para o aperfeiçoamento do seu cultivo, mas também têm influenciado as técnicas empregadas em outras culturas (PATERNIANI; CAMPOS, 2005). Em especial nas pequenas propriedades rurais do país, a cultura é de grande importância, pois viabiliza o sistema produtivo pela agregação de valores ao produto e pela função do milho na alimentação humana e animal (MIRANDA, 2003).

O Brasil ocupa a terceira posição no ranking mundial de área colhida de grãos de milho, colhendo em média, 13 milhões de hectares a cada safra (1ª safra: 9.289 e 2ª safra 4.809), sendo superado apenas pelos Estados Unidos e pela China (CIB, 2008). A produção na safra de 2007/08 foi de 58,65 milhões de toneladas (CONAB, 2008) e a estimativa para 2008/09 é de 51,38 milhões de toneladas com produtividade média de 3,64 t ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2009).

É importante ressaltar que, nos últimos anos, a cultura do milho no Brasil vem passando por importantes mudanças tecnológicas, resultando em aumentos significativos na produtividade e produção. Dentre essas tecnologias destaca-se a adoção de sementes de cultivares melhoradas (variedades e híbridos), alterações no espaçamento e densidade de semeadura, de acordo com a característica da cultivar e melhoria da qualidade dos solos (COELHO et al., 2004).

Para atender às necessidades econômicas, verifica-se o grande interesse em pesquisas por parte dos melhoristas, visando a produção de um milho que tenha vigor e sanidade. A expressão do vigor híbrido ou heterose tem sido explorada extensivamente em milho, constituindo-se em um dos principais objetivos do melhoramento. Os melhoristas devem estar empenhados no desenvolvimento de materiais que preencham as necessidades atuais e futuras do mercado, na busca por genótipos superiores em rendimento, resistentes às pragas e doenças, tolerantes aos estresses ambientais e ainda de melhor qualidade nutricional, o que é tarefa bastante árdua. Para tanto, vários métodos de melhoramento são utilizados na conquista do material desejado.

As decisões sobre o melhor método de melhoramento, a intensidade de seleção adequada e os caracteres a serem considerados na seleção, são baseadas no conhecimento da variação genética da população. Portanto, o processo de estimativa dos parâmetros genéticos como variância genética aditiva, herdabilidade, progresso esperado com a seleção, além de outros, apresenta-se como um dos primeiros passos de um programa de melhoramento (GERALDI, 1977). Também ao longo dos diferentes ciclos de seleção esse tipo de estudo se faz necessário para verificar a evolução da variabilidade genética e a necessidade da aplicação de novos métodos de seleção.

O sucesso de um programa de melhoramento depende fundamentalmente da variabilidade genética das populações envolvidas, que podem ser aferidas pela estimativa dos parâmetros genéticos. Poucas informações estão disponíveis sobre a variabilidade genética presente em cruzamentos interpopulacionais. Estimativas desses parâmetros genéticos são necessárias para avaliação da eficácia e do progresso esperado nos processos de melhoramento que envolvem duas populações e seus cruzamentos. A maioria dos parâmetros interpopulacionais tem sido interpretada com base em teorias e hipóteses intrapopulacionais. Este procedimento é adequado quando as duas populações possuem

alelos similares com mesma frequência gênica (OBILANA et al., 1979), mas fornece importantes informações sobre a potencialidade das populações envolvidas para um programa de seleção recorrente recíproca.

Dentre os vários métodos de melhoramento genético a Seleção Recorrente Recíproca se destaca, uma vez que é um método desenvolvido para aumentar gradativamente a frequência de alelos favoráveis por meio de repetidos ciclos de seleção em duas populações simultaneamente, sem perder a variabilidade genética de ambas as populações (PINTO, 2009). A seleção recorrente recíproca objetiva a melhoria da capacidade de combinação entre duas populações, ou seja, procura melhorar o cruzamento entre duas populações, possibilitando a obtenção de linhagens endogâmicas melhoradas para formar híbridos superiores (PATERNIANI; CAMPOS, 2005).

No entanto há necessidade de se conhecer o potencial heterótico do cruzamento entre duas populações através do estudo de parâmetros genéticos interpopulacionais, antes de se iniciar qualquer programa de seleção recorrente recíproca. Portanto, trabalhos básicos, visando identificar populações que se cruzam bem, são de grande importância nesse aspecto.

A obtenção de plantas de milho de porte baixo tem sido preocupação de melhoristas há muito tempo. Dentre as vantagens de se obter esse porte reduzido estão: resistência ao acamamento e quebra pela ação dos ventos, facilidade durante a colheita mecânica e obtenção de rendimentos maiores. Aliado a isso se deve levar em conta que, atualmente, há uma tendência de utilizar espaçamentos reduzidos nas lavouras de milho, buscando um melhor arranjo das plantas no campo, o que pode maximizar o aproveitamento de insumos e luz e equacionar o problema de competição entre plantas. Com melhores arranjos e arquitetura adequada, como plantas de porte baixo, permite-se maior densidade de plantas no campo (GALINAT, 1998; ARGENTA et al., 2001a;

ARGENTA et al., 2001b; PAULO; ANDRADE, 2003; FLESCHE; VIEIRA, 2004; SAWAZAKI; PATERNIANI, 2004; STRIEDER et al., 2007).

Entre os genes que afetam o porte da planta de milho, o gene braquíptico  $br_2$  é o que tem mostrado bastante promissor uma vez que este gene promove um encurtamento dos internódios das plantas e sua altura é, conseqüentemente reduzida, sendo que o número e o tamanho das folhas não se altera, e o tamanho da espiga permanece o mesmo. Este encurtamento dos internódios é devido a distúrbios no metabolismo de uma auxina responsável pelo alongamento da parede celular (BANDEL, 1978).

Com a formação de duas populações de milho braquíptico (ISANÃO-VF1 e ISANÃO-VD1) em Ilha Solteira-SP, com arquiteturas que permitem a redução do espaçamento entre linhas e, possivelmente, o uso de maior densidade de plantas, abriu-se a possibilidade do melhoramento recíproco das mesmas, visando à futura produção de híbridos anões adaptados a essas condições. Portanto o objetivo deste trabalho foi verificar a potencialidade destas duas populações para se iniciar um programa de seleção recorrente recíproca para rendimento e outros caracteres agronômicos nas condições de espaçamento reduzido e alta densidade de plantas, através da estimativa de parâmetros genéticos interpopulacionais.

## 2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANDRADE, J. A. C.; DOURADO, M. C.; CANDIDO, L. S. Estabilidade e caracterização fenotípica de híbridos experimentais e comerciais de milho em quatro épocas de plantio. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 4, n. 3, p. 390-403, 2005.

ARGENTA, G. et al. Resposta de híbridos simples de milho à redução do espaçamento entre linhas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 1, p. 71-78, 2001a.

ARGENTA, G.; SILVA, P. R. F.; SANGOI, L. Arranjo de plantas em milho: análise do estado-da-arte. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 31, n. 6, p. 1075-1084, 2001b.

BANDEL, G. Genética: Genes que afetam a planta. In: PATERNIANI, E., VIÉGAS, G. P. (Ed.) **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 97-121.

CONSELHO DE INFORMAÇÕES SOBRE BIOTECNOLOGIA. **CIB: A aplicação da Biotecnologia na cultura**. Boletim informativo, jan. 2008. Disponível em: <<<http://www.cib.org.br>>>. Acesso em: 25 mai. 2009.

COELHO, A. M.; CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, I. A. **Desafios para obtenção de altas produtividades de milho**. Comunicado Técnico 112. ISSN 0102-0099. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Sete Lagoas, MG. Dezembro, 2004.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **CONAB: Acompanhamento da safra brasileira: grãos: décimo segundo levantamento, setembro 2008**. Disponível em:

<http://www.conab.gov.br>. Acesso em: 30 set. 2008.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **CONAB: Acompanhamento de safra brasileira: grãos, oitavo levantamento, maio/2009**. Disponível em: <<  
<http://www.conab.gov.br>>>. Acesso em: 25 mai. 2009.

FLESCHE, R. D.; VIEIRA, L. C. Espaçamentos e densidades de milho com diferentes ciclos no oeste de Santa Catarina, Brasil. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 1, p. 25-31, 2004.

GALINAT, W.C. Supermaize research. **Maize Genetic Cooperation Newsletter**, n. 72, p. 82-83, 1998.

GERALDI, I. O. **Estimação de parâmetros genéticos de caracteres do pendão em milho (*Zea mays* L.) e perspectivas de melhoramento**. 1977, 103 f. Dissertação (Mestrado em Genética) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1977.

MIRANDA, G. V. Melhoramento de milho nas Universidades. In: VII SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 7., 2003, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2003, CD ROM.

OBILANA, A. T.; HALLAUER, A. R.; SMITH, O. S. Estimated genetic variability in a maize interpopulation. **The Journal of Heredity**, Washington, v. 70, n. 2, p. 127-132, 1979.



PAULO, E. M.; ANDRADE, J. A. C. Comportamento de um milho híbrido hiperprecoce em dois espaçamentos e diferentes populações de plantas. **Cultura Agronômica**, Ilha Solteira, v. 12, n. 1, p. 77-88, 2003.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do Milho. In: BORÉM, A. (Ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 2005. p. 491-552.

PINTO, R. J. B. **Introdução ao Melhoramento Genético de Plantas**. 2. ed., v. 1. Maringá: EDUEM, 2009. 351 p.

SAWAZAKI, E.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Evolução dos cultivares de milho no Brasil. In: GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V. **Tecnologias de produção do milho**. 20. ed. v. 1. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2004. p. 13-53.

STRIEDER, M. L. et al. A resposta do milho irrigado ao espaçamento entrelinhas depende do híbrido e da densidade de plantas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 37, n. 3, p. 634-342, 2007.

## CAPÍTULO 1

### PARÂMETROS GENÉTICOS INTERPOPULACIONAIS NAS POPULAÇÕES DE MILHO ISANÃO-VF1 E ISANÃO-VD1

#### RESUMO

O milho é uma planta cultivada no mundo todo e de importância econômica mundial. Em função de sua importância, amplos programas de melhoramento são realizados nesta cultura. Das várias técnicas utilizadas, a seleção recorrente recíproca tem sido importante na melhoria do cruzamento entre duas populações e, conseqüentemente, na obtenção de melhores híbridos entre linhagens extraídas das mesmas. No entanto o sucesso da seleção recorrente recíproca depende da existência de variabilidade genética interpopulacional e heteroze. O objetivo deste trabalho foi verificar a existência de variabilidade genética nas populações de milho de porte baixo Isanão-VF1 e Isanão-VD1, em condições de espaçamento reduzido e alta densidade de plantas, visando o início de um programa de seleção recorrente recíproca. Foram estimados parâmetros genéticos para oito caracteres, avaliando-se 80 progênies de meios irmãos interpopulacionais Isanão-VF1 e 72 Isanão-VD1, semeadas na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Faculdade de Engenharia, Campus de Ilha Solteira (UNESP), em Selvíria/MS. Foi encontrada variabilidade genética interpopulacional, expressa através dos caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE) e rendimento de grãos (RG), com herdabilidades (em nível de médias de progênies) de 68,8%, 76,9%, 75,0% e 54,78%, respectivamente. Os índices de variação (coeficiente de variação genético/coeficiente de variação experimental) foram de 0,9; 1,1; 1,0 e 0,6, respectivamente para FF, AP, AE e RG. Espera-se um ganho de 10,76%/ciclo de seleção no RG do híbrido interpopulacional,

qualificando as populações Isanão-VF1 e Isanão-VD1 para serem submetidas a um programa de seleção recorrente recíproca. Com uma heterose de 38,2% do híbrido interpopulacional sobre as populações parentais, estas também são qualificadas para retirada de linhagens, visando a obtenção de híbridos mais adaptados à condição de alta densidade de plantas e espaçamento reduzido.

Termos de Indexação: *Zea mays* L., parâmetros genéticos, milho braquítico, seleção recorrente recíproca.

## INTERPOPULATION GENETIC PARAMETERS FOR ISANÃO-VF1 AND ISANÃO-VD1 MAIZE POPULATIONS

### ABSTRACT

Maize is a cultivated crop around the globe, and of worldwide economic importance. Due to its importance, wide genetic breeding programs are constantly applied upon it. Among the techniques employed, reciprocal recurrent selection has been important in improving the cross between two populations and in obtaining superior hybrids of inbred lines originated from them. However, the success of reciprocal recurrent selection is dependent of interpopulation genetic variability. The objective of this research was to verify the presence of genetic variability in brachytic populations Isanão-VF1 and Isanão-VD1 maize, cultivated in reduced row spacing and high plant density, aiming at beginning a reciprocal recurrent selection breeding program. Were Genetic parameters estimated for eight traits, evaluated in 80 interpopulation half-sib progenies of Isanão-VF1 and 72 of Isanão-VD1, at the UNESP Research Farm, located in Selvíria, state of Mato Grosso do Sul, Brazil. Interpopulational genetic variability was expressed in the traits silk emergence (FF), plant height (AP), ear height (AE) and grain yield (RG). The coefficients of heritability progeny mean basic were 68.8%, 76.9%, 75.0% and 54.8%, respectively. Estimates of the index of variation (genetic variation coefficient/experimental variation coefficient) were 0.9, 1.1, 1.0 and 0.6, for SE, PH, EH and GY, respectively. A gain of 10.76%/cycle on GY is expected on the interpopulation hybrid, indicating Isanão-VF1 and Isanão-VD1 populations as base for a reciprocal recurrent selection program. The heterosis of 38.2% of the interpopulation hybrid over the parental populations qualify the latter as a sources of inbred lines, to be used us hybrid crosses more adapted the condition of high plant density and reduced row spacing.

Index terms: *Zea mays* L., genetic parameters, brachytic, reciprocal recurrent selection.

## 1.1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é o cereal mais consumido no mundo, pois embora ele seja de origem tropical, pode ser cultivado em praticamente todas as latitudes e altitudes (FANCELLI; DOURADO NETO, 2000; MIRANDA, 2003).

Em função da amplitude de locais em que o milho é cultivado, e sua importância econômica, contínuos processos de melhoramento são realizados nesta espécie, buscando novos procedimentos para a obtenção de cultivares mais produtivas (GUIMARÃES, 2007).

As principais técnicas de melhoramento de plantas alógamas, onde se inclui o milho, são a seleção massal, a seleção com teste de progênes e a seleção recorrente. O conceito de seleção recorrente é bastante amplo e pode ser definido como um processo de re-seleção, geração após geração, com intercruzamento de materiais entre os tipos selecionados, para obter recombinação gênica, de modo que se possa elevar a frequência de alelos favoráveis e manter a endogamia em baixo nível, a ponto de assegurar um alto grau de variabilidade genética (PINTO, 2009).

O ciclo de seleção recorrente é constituído de quatro etapas: (1) obtenção de progênes, (2) avaliação destas em experimentos com repetições, (3) seleção das progênes superiores e (4) recombinação destas ou de outros tipos de progênes ou genótipos relacionados àqueles selecionados. Cada ciclo, portanto, só termina com a recombinação das progênes ou genótipos que originam uma nova população (SOUZA JR., 2001).

Os esquemas de seleção recorrente são classificados em duas categorias: Seleção Recorrente Intrapopulacional (SRI) e Seleção Recorrente Interpopulacional ou Seleção Recorrente Recíproca (SRR), esta realizada utilizando em famílias de meios irmãos ou famílias de irmãos germanos. Na SRI o objetivo é melhorar as performances das populações *per se*, enquanto na SRR o objetivo é o melhoramento do cruzamento de duas populações, i.e., do híbrido interpopulacional (HALLAUER, 1985; SOUZA JR. et al.,

1993).

Santos et al. (2003) afirmam que, dentre os vários métodos de melhoramento, merece destaque a SRR, pois teoricamente pode-se tirar vantagem tanto dos efeitos aditivos por meio da concentração dos alelos favoráveis em ambas as populações, bem como dos efeitos de dominância, uma vez que se mantém a divergência entre as populações, permitindo explorar o fenômeno da heterose por meio do cruzamento entre as populações e/ou de linhagens oriundas das mesmas.

A SRR pode ser baseada em famílias de meios irmãos (SRRMI) ou famílias de irmãos germanos (SRRIG), aproveitando-se a possibilidade que plantas prolíficas oferecem para retirada também de progênies  $S_1$ , que são usadas na recombinação das progênies selecionadas. Além disso, o emprego da prolificidade deve conduzir a um maior progresso para rendimento, em vista da forte correlação existente entre esses dois caracteres. (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987).

O avanço genético, obtido com o melhoramento, pode ser alcançado quando há variabilidade genética e o efeito ambiental não mascare por completo esta variabilidade (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1995). Esta variabilidade somente pode ser inferida por estudos prévios que visem a estimativa de parâmetros genéticos que são ferramentas importantes nos programas de melhoramento.

A estimativa de parâmetros genéticos possibilita a obtenção de informações sobre a natureza da ação gênica envolvida na herança dos caracteres e fornece bases para a avaliação dos programas de melhoramento genético de uma população (ROBINSON; COCKERHAM, 1965). Assim, as variâncias aditiva e de dominância, a herdabilidade e as correlações genéticas estão, dentre os parâmetros genéticos, como os mais importantes para a escolha das populações-base e do método de seleção mais adequado (LORDÊLO, 1982), e um dos primeiros passos num programa de melhoramento (GERALDI, 1977).

Como esses parâmetros também podem ser obtidos em caráter interpopulacional, são de grande valia para a caracterização da possibilidade do melhoramento do cruzamento entre populações.

A maior parte das populações de milho usadas em programa de melhoramento genético no Brasil possui ampla base genética. As estimativas de variância genética aditiva nestas populações são feitas com progênies de meios irmãos e indicam que há variabilidade genética suficiente nas mesmas (RAMALHO, 1977; VENCOSKY et al., 1988; ALVES, 2002). Há poucos relatos na literatura sobre a variância genética aditiva interpopulacional, mas estes indicam que ela é também expressiva (TAKEDA, 1997).

Na cultura do milho foi feito levantamento destas estimativas por Hallauer; Miranda Filho (1988), os quais comentam que, para o rendimento de grãos, a variância aditiva ( $\sigma_A^2$ ) é responsável por 61,2% da variância genética presente nas populações de milho e a variância de dominância ( $\sigma_D^2$ ) por 38,8%. Para outros caracteres, apesar do número de experimentos ser menor, observou-se que a participação da ( $\sigma_D^2$ ) é ainda menos expressiva (RAPOSO; RAMALHO, 2004).

Outro parâmetro muito importante para o melhorista é a herdabilidade, que está relacionada ao efeito médio dos genes, expressando a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético e eficiência da seleção em milho (RISSI, 1980; KASSOUF; MIRANDA FILHO, 1986; BIGOTO, 1988). Um programa de melhoramento é mais efetivo quando age sobre caracteres de alta herdabilidade e que tenham alguma associação com a produção ou outro caráter de importância econômica. Daí a relevância de se realizarem trabalhos no sentido de estimar parâmetros genéticos como herdabilidade, correlação e ganhos genéticos (PEREIRA, 1985).

Um dos alvos de programas de melhoramento de milho enfoca a redução do porte

das plantas, reduzindo assim problemas de acamamento e permitindo maior densidade de plantas por unidade de área (SAWAZAKI; PATERNIANI, 2004). O objetivo do presente experimento foi o de verificar a potencialidade das populações de porte baixo de milho ISANÃO-VF1 e ISANÃO-VD1, para dar início a um programa de seleção recorrente recíproca em condições de espaçamento reduzido e alta população de plantas.



## **1.2. MATERIAL E MÉTODOS**

### **1.2.1. Local**

O experimento foi instalado na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Faculdade de Engenharia, Campus de Ilha Solteira (FEIS/UNESP), localizada no município de Selvíria – MS. A localização geográfica aproximada da área do experimento foi na latitude de 20°22' S, longitude 51°23' W, e altitude de 363 metros acima do nível do mar. O relevo da área experimental é caracterizado como moderadamente plano e ondulado. O clima do local é do tipo Aw, pela classificação de Köppen, com temperatura média anual de 23,5°C, umidade relativa do ar estão entre 70 e 80% e precipitação média anual de 1370mm. O solo local foi classificado por Demattê (1980) e reclassificado segundo o Sistema Brasileiro de Classificação de Solos (EMBRAPA, 2006), como Latossolo Vermelho Distrófico típico argiloso.

### **1.2.2. Material**

As populações Isanão-VF1 e Isanão-VD1 foram obtidas pela reincorporação de mutações anãs isoladas na geração S<sub>4</sub> de autofecundação dos Compostos Flintisa e Dentado (altura normal). Devido à arquitetura interessante destes mutantes, vislumbrou-se a possibilidade da formação de duas populações anãs com maior variabilidade genética, que pudessem servir de base para processos de seleção recorrente intra e interpopulacional.

A reincorporação foi feita através do cruzamento dos mutantes com suas respectivas populações de origem, autofecundação e recombinação das plantas anãs da geração F<sub>2</sub>, formando então as populações Isanão-VF1 (IVF1) e Isanão-VD1 (IVD1). Como houve segregação para genes modificadores, essas populações foram submetidas a dois ciclos de seleção massal branda para uniformização da altura, constituindo-se no material base para este projeto.

Em 20 de novembro de 2006, cada uma das populações foi semeada em lotes isolados com densidade baixa (35.000 a 40.000 plantas  $\text{ha}^{-1}$ ) para estimular o aparecimento de plantas prolíficas. Para cada população foram utilizadas 200 plantas prolíficas, onde cada uma teve uma espiga polinizada manualmente com uma mistura de pólen da população contrastante, enquanto que a outra espiga foi polinizada naturalmente. Desta forma obteve-se, para cada planta, uma progênie considerada como meios irmãos intrapopulacional e outra progênie considerada como meios irmãos interpopulacional. Foram escolhidas 80 progênies interpopulacionais IVF1 e 72 progênies interpopulacionais IVD1 para avaliação nos experimentos, sendo que as respectivas progênies intrapopulacionais foram armazenadas como sementes remanescentes.

### **1.2.3. Instalação e condução dos experimentos**

Em 17 de outubro de 2007 foram montados os experimentos, onde a avaliação das PMI interpopulacionais de cada população foi conduzida em quatro experimentos, em blocos ao acaso, com três repetições, com 80 progênies IVF1 (dois experimentos), 72 progênies IVD1 (dois experimentos), uma testemunha comercial (Dow 2B710) que é um híbrido simples não muito alto cultivado normalmente nesta região e as duas populações parentais para cada experimento. As parcelas foram constituídas de 2 linhas de 5 metros, com espaçamento de 0,45 m entre linhas e 0,27 m entre plantas, totalizando 36 plantas/parcela, configurando uma população de 80.000 plantas  $\text{ha}^{-1}$ . Os experimentos foram conduzidos em época normal (safra 2007/08). Buscando alcançar as populações de plantas desejadas na colheita, a semeadura foi efetuada com 50% a mais de sementes, realizando-se o desbaste no estágio de quatro a cinco folhas plenamente desenvolvidas.

A adubação de semeadura foi de 300 kg  $\text{ha}^{-1}$  da fórmula 8-28-16 e em cobertura foram aplicados 110 kg de N  $\text{ha}^{-1}$ , sendo 55 kg no estágio de quatro a cinco folhas e 55 kg

no estágio de sete a oito folhas desenvolvidas. Para controle de ervas daninhas foram utilizados atrazina ( $1.500\text{g ha}^{-1}$ ) + metolachlor ( $1.500\text{g ha}^{-1}$ ) em pré-emergência das plantas daninhas e da cultura. Para controle de lagarta do cartucho, *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith) foram realizadas duas aplicações de  $50\text{ ml ha}^{-1}$  de spinosad ( $480\text{ g/L}$ ).

#### 1.2.4. Caracteres mensurados

No campo e após colheita das parcelas foram mensurados os seguintes caracteres:

- a) Dias para florescimento feminino (FF): contados a partir da emergência até que 50% das plantas da parcela tivessem estigmas emitidos;
- b) Altura de plantas (AP): em centímetros, do nível do solo até a inserção da folha bandeira, com média de cinco plantas da parcela;
- c) Altura de espigas (AE): em centímetros, do nível do solo até a inserção da espiga superior, com média de cinco plantas da parcela;
- d) Rendimento de grãos (RG): em g/parcela, corrigido para 13% de umidade e estande ideal de 36 plantas;
- e) *Corn stunt* (EN): % de plantas com sintomas de enfezamento, 30 dias após florescimento;
- f) Número de plantas em pé (PP): número de plantas não acamadas (ângulo menor que  $20^\circ$  com a vertical) e/ou não quebradas (colmo quebrado abaixo da espiga) da parcela;
- g) Estande final (E) – número total de plantas no momento da colheita;
- h) Tombamento (TB) – % de plantas acamadas (colmo formando um ângulo maior que  $20^\circ$  com a vertical), mais % de plantas quebradas (colmo quebrado abaixo da inserção da(s) espiga (s)), em relação ao estande final  $[100(E - PP)/E]$ ;
- i) Número de espigas (NE) – número total de espigas produzidas na parcela;
- j) Grãos ardidos (GA) – nota de 1 (totalmente doente) a 5 (sem doença);

k) Prolificidade (PR) - número de espigas por planta (NE/E);

l) Umidade dos grãos (U) – medida em porcentagem, com utilização de aparelho eletrônico.

Para análise estatística o rendimento de grãos foi corrigido para umidade uniforme de 13,0%, utilizando-se da fórmula  $RGC = R(1-U)/(1-0,13)$ , onde RGC = rendimento de grãos corrigido para a umidade ideal de 13%; R = rendimento de grãos observado e U = umidade observada. Em seguida o RGC também foi corrigido para estande ideal de 36 plantas por parcela pela fórmula  $RG = RGC - b(E-36)$ , onde RG = rendimento de grãos corrigido para umidade constante e estande de 36 plantas por parcela; b = coeficiente de regressão do RGC em relação ao estande, obtido para cada experimento, através da análise de covariância entre as duas variáveis (GOMES, 1978) e E = estande observado em cada parcela. Os caracteres GA e TB foram transformados para  $\sqrt{x+0,5}$  e FF, AP, AE, EN e PR, foram analisados diretamente como mensurados.

As análises individuais e agrupadas foram realizadas com a utilização do programa genético-estatístico GENES (CRUZ, 2005), bem como para a obtenção das análises de covariâncias entre todos os pares de caracteres.

### 1.2.5. Delineamento experimental e análises estatísticas

Os modelos matemáticos e as esperanças dos quadrados médios foram adotados com base em Cruz (2005) e Vencovsky e Barriga (1992). Nos experimentos, as análises de variância foram realizadas separada e agrupadamente.

O modelo representativo do delineamento em blocos ao acaso, para as análises individuais dos experimentos foi  $Y_{ij} = \mu + p_i + b_j + \varepsilon_{ij}$ , sendo:

$Y_{ij}$  = valor observado para o tratamento  $i$  na repetição  $j$ ;

$\mu$  = média geral do experimento;

$p_i$  = efeito aleatório da progênie  $i$  ( $i=1, 2, \dots, s$ ), ou fixo da testemunha  $i$  ( $i=1, 2, \dots, s$ );

$b_j$  = efeito aleatório do bloco  $j$  ( $j=1, 2, \dots, r$ );

$\varepsilon_{ij}$  = erro devido a fatores não controlados em nível das parcelas.

Para análise de variância agrupada o modelo matemático utilizado foi:

$Y_{ijk} = \mu + p_{i(k)} + e_k + b_{j(k)} + \varepsilon_{ik}$ , para progênies, onde:

$Y_{ijk}$  = valor observado para o tratamento  $i$  na repetição  $j$  e experimento  $k$ ;

$\mu$  = média geral dos experimentos;

$p_{i(k)}$  = efeito da  $i$ -ésima progênie dentro do  $k$ -ésimo experimento;

$e_k$  = efeito fixo do  $k$ -ésimo experimento ( $k=1, 2, \dots, e$ );

$b_{j(k)}$  = efeito do  $j$ -ésimo bloco dentro do  $k$ -ésimo experimento;

$\varepsilon_{ijk}$  = erro médio aleatório.

Para as testemunhas, comuns em todos os experimentos, o modelo foi:

$Z_{ijk} = \mu + Ti_{(i)} + b_{j(k)} + e_k + (t_e e)_{ik} + \varepsilon_{ijk}$ , onde:

$Z_{ijk}$  = valor da  $i$ -ésima testemunha, na  $j$ -ésima repetição do  $k$ -ésimo experimento;

$\mu$  = média geral das testemunhas nos experimentos;

$Ti_{(i)}$  = efeito da  $i$ -ésima testemunha (tratamento comum);

$b_{j(k)}$  = efeito do  $j$ -ésimo bloco dentro do  $k$ -ésimo experimento;

$e_k$  = efeito do  $k$ -ésimo experimento;

$(Te)_{ik}$  = efeito da interação entre  $i$ -ésima testemunha (tratamento comum) e o

experimento;

$\varepsilon_{ijk}$  = erro médio aleatório.

As estruturas das análises de variância individuais e agrupadas, com as respectivas esperanças dos quadrados médios, estão apresentadas nas Tabelas 1 e 2.

Tabela 1- Esquema da análise de variância individual para cada experimento, com as respectivas esperanças dos quadrados médios.

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos	r-1	QMB	-----
Tratamentos	(t-1)	QMT	-----
Progênes	p-1	QMP	$\sigma_e^2 + r\sigma_p^2$
Testemunhas	T-1	QMT	-----
Prog. vs Test.	1	QMPvsT	-----
Erro	(r-1)(t-1)	QMR	$\sigma_e^2$
Total	rt-1	-----	-----

Tabela 2- Esquema da análise de variância agrupada para os experimentos de cada população, com as respectivas esperanças dos quadrados médios.

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos/Exp	e(r-1)	QMB	-----
Experimentos	e-1	QME	-----
Progênes/Exp	e(p-1)	QMP	$\sigma_e^2 + r\sigma_p^2$
Testemunhas	T-1	QMT	$\sigma_e^2 + r\phi T$
(Prog vs Test)/Exp	E	QMPvsT	$\sigma_e^2 + r\phi PvsT$
Test x Exp	(te-1)(e-1)	QMTE	$\sigma_e^2 + r\phi Te$
Erro médio	e(t-1)(r-1)	QMR	$\sigma_e^2$
Total	e(rt-1)	-----	-----

Com base nas análises de variância agrupadas, foram estimados, pelo programa GENES (Cruz, 2005), os seguintes parâmetros, para a população Isanão-VF1:

- Variância ambiental :  $\hat{\sigma}_{ef}^2 = \text{QMR}$ ;
- Variância genética entre progênies:  $\hat{\sigma}_{pf}^2 = (\text{QMP}-\text{QMR})/r$ ;
- Coeficiente de variação genético:  $\text{CV}_{gf} = 100 \sqrt{\hat{\sigma}_{pf}^2 / \hat{m}}$  ;
- Variância genética aditiva :  $\hat{\sigma}_{Af}^2 = 4\hat{\sigma}_{pf}^2$  ;
- Índice de variação:  $\hat{b}_f = \text{CV}_{gf}/\text{CV}_{ef}$ ;
- Variância fenotípica média:  $\hat{\sigma}_{\bar{F}f}^2 = \hat{\sigma}_{pf}^2 + \hat{\sigma}_{ef}^2 / r$  ;
- Coeficiente de herdabilidade em nível de média de progênies:  $\hat{h}_{mf}^2 = \hat{\sigma}_{pf}^2 / \hat{\sigma}_{\bar{F}f}^2$  .

Para a população Isanão-VD1 foram calculados os mesmos parâmetros ( $\hat{\sigma}_{ed}^2, \hat{\sigma}_{pd}^2, \text{CV}_{gd}, \hat{\sigma}_{Ad}^2, b_d, \hat{\sigma}_{\bar{F}d}^2$  e  $\hat{h}_{md}^2$ ) e os parâmetros interpopulacionais foram calculados da seguinte maneira:

- Variância ambiental :  $\hat{\sigma}_{efd}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{ef}^2 + \hat{\sigma}_{ed}^2}{2}$  ;
- Variância interpopulacional entre progênies:  $\hat{\sigma}_{pfd}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{pf}^2 + \hat{\sigma}_{pd}^2}{2}$  ;
- Coeficiente de variação genética:  $\text{CV}_{gfd} = \frac{\text{CV}_{gf} + \text{CV}_{gd}}{2}$  ;
- Variância interpopulacional fenotípica entre médias de progênies:

$$\hat{\sigma}_{\bar{F}fd}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{\bar{F}f}^2 + \hat{\sigma}_{\bar{F}d}^2}{2} ;$$

- Variância genética aditiva interpopulacional:  $\hat{\sigma}_{Afd}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{Af}^2 + \hat{\sigma}_{Ad}^2}{2}$ ;

- Índice de variação:  $\hat{b}_{fd} = \frac{\hat{b}_f + \hat{b}_d}{2}$ ;

- Coeficiente de herdabilidade interpopulacional em nível de média de progênes:

$$\hat{h}_{mfd}^2 = \frac{\hat{h}_{mf}^2 + \hat{h}_{md}^2}{2};$$

- Resposta do híbrido interpopulacional à seleção:

$$\hat{G} = (1/8)k_f \hat{\sigma}_{Af}^2 / \sqrt{\hat{\sigma}_{Ff}^2} + (1/8)k_d \hat{\sigma}_{Ad}^2 / \sqrt{\hat{\sigma}_{Fd}^2}, \text{ sendo } k_f = k_d = 1,3998 \text{ os}$$

diferenciais de seleção estandarizados correspondentes à intensidade de seleção

de 20% no ISANÃO-VF1 e ISANÃO-VD1, respectivamente (HALLAUER;

MIRANDA FILHO, 1988).



### **1.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

#### **1.3.1. Médias e Análises de Variância**

As variâncias residuais, nos experimentos que avaliaram progênes de uma mesma população, foram consideradas homogêneas para os caracteres analisados, uma vez que a maioria dos valores do quociente entre o maior e o menor quadrado médio não excedeu quatro (Anexo 3). Desta forma, foram agrupados os resultados das análises individuais dos experimentos 1-2 (IVF1; Anexo 4) e dos experimentos 3-4 (IVD1; Anexo 5), que estão apresentados na Tabela 3.

Para florescimento feminino (FF), houve diferenças significativas para experimentos, testemunhas e progênes/experimento, tanto para IVF1 como IVD1. O coeficiente de variação foi baixo para ambas as populações, resultados estes semelhantes aos encontrados por DAROS et al. (2002) e GABRIEL (2006), este último trabalhando com seleção recorrente recíproca entre progênes de irmãos completos. As progênes interpopulacionais foram, em média, 2,2% mais precoces que a média das populações parentais.

Houve diferenças significativas nas variáveis altura de plantas (AP) e altura de espigas (AE) para experimentos, testemunhas e progênes/experimento, à semelhança ao observado para FF, em IVF1 e IVD1. Os coeficientes de variação foram de valor intermediário, segundo a classificação de SCAPIM et al. (1995), e similares aos obtidos por RAPOSO (2002) e SANTOS et al. (2007) para AP e ARIAS; SOUZA Jr. (1998) e SANTOS et al. (2007) para AE.

A média de AP das progênes foi ligeiramente inferior à das testemunhas, enquanto que para AE a mesma tendência se manifestou mais claramente. Vale lembrar que uma das testemunhas foi um híbrido de altura intermediária (Dow 2B710), e as outras duas as populações anãs base para retirada das progênes avaliadas. A heterose média manifestada

nas progênies interpopulacionais, devido aos locos modificadores de altura, foi de 6,7% para AP e 6,5% para AE. Esse aumento de altura devido à heterose não é preocupante, pelo menos inicialmente, pois mesmo assim os cruzamentos continuam baixos em relação aos milhos de altura normal.

Para o caráter tombamento (TB) observaram-se diferenças estatísticas para testemunhas e progênies/experimento em ambas as populações. Os coeficientes de variação foram altos, porém inferiores aos encontrados por GABRIEL (2006) que obteve valor superior a 100%. A heterose em relação à média dos parentais foi de -15,3%, indicando possibilidade de obter híbridos ainda mais adaptados a altas densidades populacionais.

Para enfezamento (EN), na população IVF1, houve diferença significativa para experimentos, testemunhas e progênies/experimento, enquanto que na população IVD1 esta somente foi observada para experimentos e progênies/experimento. A média de EN das testemunhas foi maior que a das progênies, para ambas as populações. Este fato se deu devido à testemunha Dow 2B710 ter apresentado maior suscetibilidade que os demais tratamentos. A heterose negativa (-12%) apresentada no cruzamento interpopulacional indica que a possibilidade da obtenção de híbrido com bom nível de resistência a partir de linhagens extraídas dessas populações. O coeficiente de variação (CV) foi alto em ambas as populações, muito embora COIMBRA (2000) considere estes valores (válido também para TB) de acordo com os encontrados para milho de altura normal.

Quanto ao caráter prolificidade (PR), as diferenças estatísticas foram somente observadas para experimento e testemunhas na população IVF1 e para testemunhas na população IVD1. A ausência de significância para progênies pode ser explicada pela semeadura em alta densidade de plantas, situação esta onde a tendência de produção de uma espiga por planta é maior, não manifestando a possível variabilidade genética

existente. Mesmo assim uma heterose de 12,1% foi observada no híbrido interpopulacional. Os coeficientes de variação para ambas populações foram de valor intermediário de acordo com a classificação de SCAPIM et al. (1995), similares aos observados por SANTOS et al. (2007), porém superiores àqueles obtidos por RAPOSO (2002).

Em relação a grãos ardidos (GA), enquanto que para a população IVF1 não houve diferença estatística para nenhum dos fatores de variação, para a população IVD1 esta se manifestou apenas para progênies/experimento. A atribuição de notas é muito subjetiva, e provavelmente a escala de notas aqui utilizada não foi adequada para quantificar a variação existente para grãos ardidos. Os valores de CV foram de valor médio, em torno de 9%.

Considerando-se o caráter rendimento (RG) houve diferenças significativas para experimentos, testemunhas e progênies/experimento para ambas as populações. Os CV foram de amplitude média, segundo SCAPIM et al. (1995), próximos aos obtidos por ARIAS; SOUZA Jr. (1998), superiores aos obtidos por RAPOSO (2002) e inferiores aos registrados por AMORIM; SOUZA (2005) e VILARINHO et al. (2008).

O híbrido interpopulacional, representado pela média das progênies interpopulacionais (2.666,51 g/parcela) manifestou heterose em relação à média dos pais (1.931,99 g/parcela), para o caráter RG, com valor calculado de 38,2%, superior aos valores encontrados por SOUZA Jr. et al. (1993), ARIAS; SOUZA Jr. (1998), MENKIR; KLING (1999) e RAPOSO et al. (2004). No entanto estes autores avaliaram híbridos interpopulacionais provenientes de pais que eram híbridos comerciais. Altos valores de ganhos para RG podem ser atribuídos aos altos valores de heterose, o que indica uma alta diversidade genética dos híbridos interpopulacionais em relação à média dos pais (SOUZA Jr. et al., 1993; RAPOSO et al., 2004; GUIMARÃES, 2007). A heterose alta e positiva do híbrido interpopulacional também indica a possibilidade da produção de híbridos

promissores a partir de linhagens retiradas destas populações, antes mesmo delas serem submetidas a um programa de seleção recorrente recíproca. No entanto, em relação à testemunha comercial Dow 2B710 (3.967,04 g/parcela) o rendimento do híbrido interpopulacional foi 33% inferior, embora tenham aparecido uma progênie com rendimento superior (4.311,73 g/parcela) outras quatro similares (entre 3.463,74 e 3.605,00 g/parcela).

Os coeficientes de variação para a grande maioria dos caracteres mensurados puderam ser considerados como satisfatórios, tendo as únicas exceções ocorridas para TB e EN, estes para ambas as populações. Contudo, estes altos CV ocorreram devido aos altos erros experimentais associados com os caracteres, não sendo associados com o valor das médias de cada um destes, como observado por OBILANA et al. (1979).

### 1.3.2 - Estimativas de Parâmetros Genéticos Interpopulacionais

Na Tabela 4 estão apresentadas as estimativas de variância ambiental ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), variância genética entre progênies ( $\hat{\sigma}_p^2$ ), variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), variância fenotípica média ( $\hat{\sigma}_F^2$ ), herdabilidade em nível de médias de progênies ( $\hat{h}_m$ ), coeficientes de variação genético ( $CV_g$ ), índices de variação ( $\hat{b}$ ) e ganho com a seleção ( $\hat{G}$  - intensidade de 20% entre progênies), das progênies provenientes do cruzamento das populações interpopulacionais de milho.

Para FF a estimativa da variância aditiva foi de 6,58 (dias)<sup>2</sup>, similar ao valor de 5,98 (dias)<sup>2</sup> obtido por CANDIDO (2005), trabalhando com esta mesma população, porém com progênies intrapopulacionais. Quanto à herdabilidade (68,76%), obteve-se valor próximo aos de GABRIEL (2006) (52,03%), HOLTHAUS; LAMKEY (1995), FRANK; HALLAUER (1999) e MENKIR; KLING (1999). O índice de variação de 0,85 foi superior

ao encontrado por GABRIEL (2006) e juntamente com os demais parâmetros indica presença de variabilidade genética suficiente para se obter ganhos de 2,41%/ciclo para este caráter (Tabela 4).

Para AP o valor da variância genética aditiva ( $308,29 \text{ (cm/planta)}^2$ ) foi superior ao encontrado por SOUZA Jr. et al. (1980), HALLAUER; MIRANDA FILHO (1988) e TOZETTI et al. (1995) em cruzamentos intrapopulacionais, e por RAPOSO (2002) e ARIAS; SOUZA Jr. (1998) para cruzamentos interpopulacionais. A herdabilidade (76,93%) foi alta, semelhante aos encontrados por HOLTHAUS; LAMKEY (1995), FRANK; HALLAUER (1999), MENKIR; KLING (1999), SANTOS et al. (2003) e SANTOS et al. (2005). Associado ao alto índice de variação (1,06), a herdabilidade indica ser este um caráter facilmente alterado por seleção, esperando-se um ganho de 8,49% por ciclo (Tabela 4). Embora sejam populações braquíticas, há muita variação para gens modificadores que permitirá a modificação da altura.

A variância genética aditiva para AE foi de  $124,66 \text{ (cm/planta)}^2$ , superior aos valores encontrados por ARIAS; SOUZA Jr. (1998). A herdabilidade foi alta (75,03%), com resultados semelhantes também obtidos por HOLTHAUS; LAMKEY (1995), FRANK; HALLAUER (1999), MENKIR; KLING (1999), SANTOS et al. (2003) e SANTOS et al. (2005). O índice de variação foi igualmente alto (1,01), resultando em um ganho esperado de 13,25%/ciclo, o que indica ser esta também um caráter facilmente alterado por seleção. Embora haja variabilidade genética suficiente para se fazer seleção para AP e AE, esses caracteres poderão ser desconsiderados no programa de seleção recorrente recíproca, pelo fato das populações base serem baixas. Mesmo havendo uma correlação positiva desses caracteres com RG, pelo menos nos ciclos iniciais a alteração não será prejudicial, pois o híbrido interpopulacional ainda será baixo o suficiente para manter as características desejadas de arquitetura para alta densidade de semeadura.

Para os caracteres TB, EN, PR e GA, os índices de variação e herdabilidade foram baixos, conforme também observado por RAPOSO (2002) e SANTOS et al. (2005) para PR e GABRIEL (2006) para TB, em cruzamentos interpopulacionais, e GARCIA (2005) para TB, PR e GA, em cruzamentos intrapopulacionais. Portanto estes caracteres não serão alterados facilmente com seleção. A natureza braquítica das progênes confere normalmente uma menor porcentagem de acamamento em milho, quando comparado aos milhos de altura normal.

Mesmo não sendo oriundas de populações melhoradas, as progênes interpopulacionais se equipararam ao híbrido Dow 2B710 para tombamento (Anexo 1). A prolificidade normalmente não expressa grande variabilidade em densidades altas como a empregada neste estudo. Havendo interesse em selecionar para maior prolificidade, será necessário utilizar densidades menores. Essa também é uma alternativa para se trabalhar com esse caráter, ou seja, selecionar para prolificidade em densidades menores até que ela atinja um nível satisfatório e então aumentar a densidade de plantas. Desta maneira, o maior número de plantas, embora reduza a prolificidade, certamente produzirá espigas melhores e terá melhor rendimento. Em um programa desses, sempre que a prolificidade atinja um nível satisfatório, a densidade de plantas poderá ser aumentada para início de um novo “período” seletivo.

Para EN, caso se tenha interesse em um programa específico para resistência, a avaliação poderá ser feita em semeaduras realizadas em fevereiro ou março, época de maior incidência da doença, onde a detecção de variabilidade genética, caso ela exista, pode ser conseguida com maior facilidade.

Em relação ao RG a variância aditiva [ $308231,56 \text{ (g/parcela)}^2 = 237,83 \text{ (g/planta)}^2$ ] foi similar em magnitude aos valores encontrados por HALLAUER; MIRANDA FILHO (1988), SOUZA Jr. et al. (1993), ARIAS; SOUZA Jr. (1998), RAPOSO; RAMALHO

(2004) e VILARINHO et al. (2008). Adicionalmente, baseando-se em compilação de valores realizada por SILVA (2006), o valor aqui obtido encontra-se dentro da média nacional. A herdabilidade foi de valor intermediário (54,68%), próximo aos valores encontrados por HOLTHAUS; LAMKEY (1995), SANTOS et al. (2003), SANTOS et al. (2005) e SILVA et al. (2005). SOUZA Jr. et al. (1993), RAPOSO; RAMALHO (2004) e VILARINHO et al. (2008) encontraram valores menores e FRANK; HALLAUER (1999), AMORIM; SOUZA (2005) e GABRIEL (2006) encontraram valores maiores. Do ponto de vista teórico as estimativas de herdabilidade interpopulacional ainda não possuem uma interpretação exata, pois não são utilizados na seleção.

O cálculo de ganho esperado é feito com base nas herdabilidades de cada população pois a herdabilidade interpopulacional não possui uma população como referência, logo o ganho esperado com a seleção foi de 10,76%/ciclo (Tabela 4), semelhante aos resultados obtidos por SOUZA Jr. et al. (1993) e RAPOSO; RAMALHO (2004), porém inferior àquele reportado por GABRIEL (2006) e superior ao de SANTOS et al. (2003) e SANTOS et al. (2005). Pelo menos nos primeiros ciclos de seleção recorrente recíproca será possível conseguir ganhos consistentes no rendimento do híbrido interpopulacional.

#### 1.4. CONCLUSÕES

Em função dos resultados obtidos pode-se concluir que:

- As populações Isanão-VF1 e Isanão-VD1 apresentam potencialidade para serem submetidas a um programa de seleção recorrente recíproca pois, a maioria dos caracteres avaliados florescimento feminino, altura de plantas, altura de espigas e rendimento têm variabilidade genética suficiente para serem alterados por seleção;
- As populações Isanão-VF1 e Isanão-VD1 podem ser utilizadas como fontes de linhagens para produção de híbridos de porte baixo, uma vez que o híbrido interpopulacional apresentou alto valor de heterose para rendimento de grãos em relação à média dos parentais.



## 1.5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

AMORIM, E. P.; SOUZA, J. C. Híbridos de milho inter e intrapopulacionais obtidos a partir de populações S0 de híbridos simples comerciais. **Bragantia**, Campinas, v. 64, n. 3, p. 561-567, 2005.

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

BIGOTO, C. A. **Estudo na população ESALQ PB-1 de milho (*Zea mays* L.) em cinco ciclos de seleção recorrente.** 1988. 112 f. Dissertação (Mestrado em Genética) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1988.

CANDIDO, L. S. **Potencial do composto Flintisa Anão de milho para melhoramento em condições de espaçamento reduzido e na safrinha.** 2005. 93 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2005.

COIMBRA, R. R. **Seleção entre famílias de meios-irmãos da população DFT1-Ribeirão de milho pipoca.** 2000. 54 f. Dissertação (Mestrado em Genética e

Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2000.

CRUZ, C. D. **Programa Genes versão windows: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: Editora UFV, 2005. 648 p.

DAROS, M.; AMARAL JÚNIOR, A. T; PEREIRA, M. G. Genetic gain form grain yield and popping expansion in full-sib recurrent selection in popcorn. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 2, n. 3, p. 339-344, 2002.

DEMATTE, J. L. I. **Levantamento detalhado dos solos do Campus experimental de Ilha Solteira**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1980.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **EMBRAPA: Sistema brasileiro de classificação de solos**. Rio de Janeiro: EMBRAPA/CNPSO, 2006. 306p.

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

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores RAPD e RFLP em análise genética**. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN, 1995. 220 p.

FRANK, T. E.; HALLAUER, A. R. Inter- and intrapopulation genetic variances after ten cycles of reciprocal full-sib recurrent selection in the BS10 and BS11 synthetic maize populations. **Maydica**, Bergamo, v. 44, n. 1, p. 9-24, 1999.

GABRIEL, A. P. C. **Seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos completos em milho (*Zea mays* L.) assistida por marcadores moleculares.** 2006, 112 f. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2006.

GARCIA, F. Q. **Potencial do composto Flintisa Anão de milho para melhoramento em condições de alta densidade populacional.** 2005, 84f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2005.

GERALDI, I. O. **Estimação de parâmetros genéticos de caracteres do pendão em milho (*Zea mays* L.) e perspectivas de melhoramento.** 1977, 103 f. Dissertação (Mestrado em Genética) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1977.

GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental.** 8. ed. Piracicaba: Nobel, 1978. 430 p.

GUIMARÃES, P. S. **Desempenho de híbridos simples de milho (*Zea mays* L.) e correlação entre heterose e divergência genética entre as linhagens parentais.** 2007, 132 f. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) - Instituto Agronômico, Campinas, 2007.

HALLAUER, A. R. Compendium of recurrent selection methods and their application. **Critical Reviews in Plant Sciences**, Boca Raton, v. 3, n. 1, p. 1-33, 1985.

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

HOLTHAUS, J. F.; LAMKEY, K. R. Response to selection and changes in genetic parameters for 13 plant and ear traits in two maize recurrent selection programs. **Maydica**, Bergamo, v. 40, n. 4, p. 357-370, 1995.

KASSOUF, A. L.; MIRANDA FILHO, J. B. Variabilidade e endogamia na população de milho ESALQ PB1. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 15., 1986, Maceió. **Anais...** Brasília: Embrapa/CNPMS, 1986. p. 119-131.

LORDÊLO, J. A. C. **Parâmetros genéticos nas populações de milho Piranão-VD2 e Piranão-VF1**. 1982. 63 f. Dissertação (Mestrado em Genética) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1982.

MENKIR, A.; KLING, J. G. Effect of reciprocal recurrent selection on grain yield and other traits in two early-maturing maize populations. **Maydica**, Bergamo, v. 44, n. 2, p. 159-165, 1999.

MIRANDA, G. V. Melhoramento de milho nas Universidades. In: VII SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 7., 2003, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2003, CD ROM.

OBILANA, A. T.; HALLAUER, A. R.; SMITH, O. S. Estimated genetic variability in a

maize interpopulation. **The Journal of Heredity**, Washington, v. 70, n. 2, p. 127-132, 1979.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de Populações. In: PATERNIANI, E., VIÉGAS, G. P. (Ed.) **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 215-274.

PEREIRA, J. R. **Seleção de irmãos completos, visando a qualidade da semente e outros caracteres agronômicos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. 1985. 85 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1985.

PINTO, R. J. B. **Introdução ao Melhoramento Genético de Plantas**. 2. ed., v. 1. Maringá: EDUEM, 2009. 351 p.

RAMALHO, M. A. P. **Eficiência de alguns processos de seleção intra populacional no milho baseados em famílias não endógamas**. 1977. 122 f. Tese (Doutorado em Genética) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1977.

RAPOSO, F. V. **Seleção recorrente recíproca em populações derivadas de híbridos simples de milho**. 2002. 106 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2002.

RAPOSO, F. V.; RAMALHO, M. A. P. Componentes de variância genética de populações derivadas de híbridos simples de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete

Lagoas, v. 3, n. 3, p. 402-413, 2004.

RAPOSO, F. V.; RAMALHO, M. A. P.; RIBEIRO, P. H. E. Alterations in heterosis of maize populations derived from single-cross hybrids after reciprocal recurrent selection. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 4, n. 1, p. 74-80, 2004.

RISSI, R. **Estimação de parâmetros genéticos em duas subpopulações da variedade de milho (*Zea mays* L.) Piranão**. 1980. 87 f. Dissertação (Mestrado em Genética) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1980.

ROBINSON, H. F.; COCKERHAM, C. C. Estimación y significado de los parámetros genéticos. **Fitotecnia Latinoamericana**, San José, v. 2, n. 1, p. 23-38, 1965.

SANTOS, M. F. et al. Efeitos da seleção recorrente recíproca em um programa de melhoramento de milho. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 2, 2003, Porto Seguro. **Anais...** Porto Seguro: EMBRAPA, 2003, v. 1, CD-ROM.

SANTOS, M. F. et al. Responses to reciprocal recurrent selection and changes in genetic variability in IG-1 and IG-2 maize populations. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 28, n. 4, p. 781-788, 2005.

SANTOS, M. F. et al. Responses to selection and changes in combining ability after three cycles of a modified reciprocal recurrent selection in maize. **Euphytica**, Wageningen, v. 157, p. 185-194, 2007.

SAWAZAKI, E.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Evolução dos cultivares de milho no Brasil. In: GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V. **Tecnologias de produção do milho**. 1. ed., v. 1. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2004. p. 13-53.

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

SILVA, N. O. **Controle genético de características associadas à qualidade de sementes de milho**. 2006. 92 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2006.

SILVA, N. O. et al. Estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos interpopulacionais em populações derivadas de híbridos simples. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 3, 2005, Gramado. **Anais...** Gramado: Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas, 2005, CD-ROM.

SOUZA JÚNIOR, C. L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L. et al. (Eds.). **Recursos genéticos e melhoramento – plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 159-199.

SOUZA JÚNIOR, C. L. et al. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho BR-105 x BR-106 e suas implicações no melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 28, n. 4, p. 473-479, 1993.

SOUZA JÚNIOR, C. L.; GERALDI, I. O.; ZINSLY, J. R. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de alguns caracteres na população de milho (*Zea mays* L.) Suwan**. Piracicaba: Departamento de Genética, ESALQ/USP, 1980. p. 139-145. (Relatório Científico do Departamento de Genética).

TAKEDA, C. **Estimativas dos efeitos da seleção recorrente intra e interpopulacional em linhagens de milho (*Zea mays* L.)**. 1997. 133 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

TOZETTI, A. D. ; OSUNA, J. A.; BANZATO, D. A. Avaliação genotípica de progênies de meios-irmãos do composta dentado (*Zea mays* L.) para condições de safrinha. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 30, n. 12, p. 1411-1416, 1995.

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

VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J. B.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2nd, 1987, Raleigh. **Proceedings...** Sunderland: Sinauer Associates, 1988. p. 465-477.

VILARINHO, A. A.; VIANA, J. M. S.; VILARINHO, L. B. O. Potencial para melhoramento de populações de milho normal e braquíptico obtidas por seleção recorrente recíproca. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 55, n. 3, p. 147-125, 2008.



Tabela 3- Quadrados médios, médias e coeficientes de variação de variação das análises de variância agrupadas para os caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), tombamento (TB), enfezamento (EN), prolificidade (PR), grãos ardidos (GA) e rendimento (RG), para as progênes interpopulacionais de milho Isanão-VF1 e Isanão-VD1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008.

FV	GL	FF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	TB <sup>1</sup> (%)	EN (%)	PR (esp./planta)	GA <sup>1</sup> (nota)	RG (g/parcela)
Isanão-VF1									
Blocos/Exp	4	14,57	282,49	244,91	1,39	401,21	0,07	0,07	808061,93
Experimento	1	68,32**	3224,49**	2485,85**	1,25	2344,37**	0,27**	0,01	174912,33**
Testemunhas	2	40,5**	3721,12**	1730,44**	3,63**	483,77*	0,21**	0,08	5965153,76**
Test x Exp.	2	2,72	14,61	16,75	0,36	858,57**	0,007	0,08	485475,09
Progênes/Exp.	78	6,70**	292,22**	142,73**	1,52**	205,81**	0,01	0,04	408766,99**
(Test vs G) /Exp.	2	3,94	236,18*	348,61**	0,74	1179,97**	0,01	0,32**	338998,98
Resíduo	168	2,10	74,96	32,20	0,90	129,59	0,01	0,03	214266,44
Média geral	-	61,13	129,57	53,15	2,41	33,39	1,03	2,03	2731,13
Média de Progênes	-	61,17	129,22	52,71	2,39	32,59	1,03	2,04	2748,83
Média de testem.	-	60,66	134,26	58,99	2,69	44,07	1,00	1,85	2557,42
CV(%)	-	2,37	6,68	10,67	39,27	34,08	11,19	9,69	16,94

Continua.....

Tabela 3- Quadrados médios, médias e coeficientes de variação de variação das análises de variância agrupadas para os caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), tombamento (TB), enfezamento (EN), prolificidade (PR), grãos ardidos (GA) e rendimento (RG), para as progênes interpopulacionais de milho Isanão-VF1 e Isanão-VDI. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008. (Continuação).

FV	GL	FF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	TB <sup>1</sup> (%)	EN (%)	PR (esp./planta)	GA <sup>1</sup> (nota)	RG (g/parcela)
Blocos/Exp	4	10,46	165,13	60,86	0,64	449,49	0,02	0,006	385613,77
Experimento	1	10,74*	447,53*	353,18**	1,26	1971,37**	0,0001	0,01	1842865,32**
Testemunhas	2	94,88**	3205,78**	1554,30**	3,69**	64,89	0,29**	0,004	10990357,41**
Test x Exp	2	1,55	26,06	1,63	0,16	460,72	0,02	0,0031	65055,63
Progênes/Exp.	69	7,76**	308,88**	106,48**	1,98**	242,73*	0,02	0,06**	436816,27**
(Test vs G)/Exp.	2	2,56	380,88**	371,66**	0,49	146,93	0,05	0,03	184561,18
Resíduo	150	2,48	63,70	30,02	0,84	174,23	0,02	0,03	168969,48
Média geral	-	62,06	125,16	49,39	2,41	34,64	1,04	2,06	2590,71
Média Prog.	-	62,10	124,63	48,87	2,43	34,36	1,03	2,07	2584,18
Média Test.	-	61,55	131,42	55,57	2,19	38,00	1,07	2,00	2663,26
CV(%)	-	2,54	6,37	11,09	37,97	38,09	14,28	9,10	15,86

\*, \*\* - Significativos, respectivamente, em nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste  $F_{.1}$  - Dados transformados em  $\sqrt{x+0,5}$

Tabela 4- Estimativas dos parâmetros genéticos interpopulacionais variância ambiental ( $\hat{\sigma}_e^2$ ), variância de progênes ( $\hat{\sigma}_p^2$ ), variância genética aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), variância fenotípica média ( $\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$ ), herdabilidade com base em médias de progênes ( $\hat{h}_m$ ), coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ), índice de variação ( $\hat{b}=CV_g/CVE$ ) e ganho esperado com seleção de intensidade 20% ( $\hat{G}$ ) para os caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), tombamento (TB), enfezamento (EN), prolificidade (PR), grãos ardidos (GA) e rendimento (RG). Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008.

Parâmetros	FF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	TB <sup>1</sup> (%)	EN (%)	PR (esp./planta)	GA <sup>1</sup> (nota)	RG (g/parcela)
$\hat{\sigma}_e^2$	2,30	69,33	31,12	0,87	151,91	0,02	0,04	19.1618,0
$\hat{\sigma}_p^2$	1,65	77,07	31,16	0,29	24,12	0,00	0,01	77.057,9
$\hat{\sigma}_A^2$	6,58	308,29	124,66	1,18	96,48	0,01	0,02	308.231,6
$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	2,41	100,18	41,54	0,59	74,76	0,01	0,02	140.930,5
$\hat{h}_m$	68,76	76,93	75,03	50,35	32,26	18,88	32,76	54,78
$CV_g$	2,08	6,92	10,99	22,4	14,67	3,58	3,77	10,42
$\hat{b}$	0,85	1,06	1,01	0,58	0,40	0,28	0,40	0,63
$\hat{G}$ (unid.)	1,48	10,77	6,73	0,53	3,92	0,02	0,06	286,69
$\hat{G}$ (%)	2,41	8,49	13,25	22,03	11,72	2,19	2,95	10,76

<sup>1</sup>- Dados transformados em  $\sqrt{x+0,5}$

## CAPÍTULO 2

### CORRELAÇÕES GENÉTICAS E ANÁLISE DE TRILHA NA INTERPOPULAÇÃO DE MILHO ISANÃO-VF1 x ISANÃO-VD1

#### RESUMO

Buscando verificar a potencialidade das populações de milho Isanão-VF1 e Isanão-VD1 para um programa de seleção recorrente recíproca, este trabalho teve como objetivo a quantificação das correlações genéticas entre oito caracteres e sua influência nos ganhos esperados no híbrido interpopulacional. Foram avaliadas 152 progênies de meios-irmãos interpopulacionais, sendo 80 com Isanão-VF1 como fêmea e 72 com Isanão-VD1 como fêmea. Foram obtidos valores de correlação genética aditiva interpopulacional superiores aos respectivos coeficientes de correlação fenotípica para a maioria dos pares de caracteres, indicando que a correlação entre eles foi composta em grande parte pela porção genética. Somente para o par altura de planta e altura de espiga obteve-se alto valor de correlação genética. O experimento evidenciou a importância de se complementar a análise de correlação com a análise de trilha para alguns caracteres estimativos de rendimento. Os caracteres florescimento feminino, tombamento, enfezamento, prolificidade e grãos ardidos não se mostraram bons estimadores de rendimento. Os caracteres que melhor foram associados com rendimento foram altura de planta e altura de espiga.

Termos de Indexação: *Zea mays* L., braquíptico, resposta correlacionada, seleção recorrente recíproca.

**GENETIC CORRELATIONS AND PATH ANALYSIS IN ISANÃO-VF1 x  
ISANÃO-VD1 MAIZE INTERPOPULATION**

**ABSTRACT**

Aiming at the study of the potential of the maize populations Isanão-VF1 and Isanão-VD1 in a reciprocal selection program, estimates were obtained for the genotypic correlations among eight traits and their influence on expected gains upon the interpopulational hybrid. Estimates were based on 152 interpopulation half-sib progenies, 80 from Isanão-VF1 and 72 from Isanão-VD1 as the females. Additive genetic correlations at the interpopulation level were higher than phenotypic correlations for the majority of the analysed traits, suggesting that the observed correlations are largely due to genetic determination. There was a high genotypic correlation only between plant height and ear height. Results showed the importance of the complementation of the correlation analysis with the path analysis for some estimators of yield. The traits silk emergence, root lodging, corn stunt, prolificacy and grain integrity, proved not to be good yield estimators. The traits that were better correlated with yield were plant height and ear height.

Index terms: *Zea mays* L., brachytic, correlated response, reciprocal recurrent selection.

## 2.1. INTRODUÇÃO

O milho constitui-se em um dos principais insumos para o segmento produtivo, sendo utilizado com destaque no arraçamento de animais (PINAZZA, 1993), onde 80% do milho produzido no país é consumido (SOUZA; BRAGA, 2004).

Por ser um dos cereais de maior importância econômica no mundo, o milho é uma das espécies vegetais mais estudadas. Constantemente programas de melhoramento estão buscando novos procedimentos para a obtenção de variedades mais produtivas e economicamente rentáveis, com muitos esforços sendo realizados para entender sobre a sua origem e evolução (GUIMARÃES, 2007).

O avanço genético pode ser alcançado quando há variabilidade genética (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1998), proporcionando maior segurança nos programas de melhoramento genético (PADILHA, 2002). Além da variabilidade genética, também é importante o conhecimento de outras propriedades da população, como a correlação entre os caracteres mais relevantes (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987), uma vez que mostram os efeitos genéticos indiretos da seleção (SILVA et al., 2001), além de aumentar a eficiência de seleção de um determinado caráter (GONZÁLEZ et al., 1994).

Uma vez que no melhoramento preocupa-se muitas vezes em aprimorar material não para caracteres isolados e sim para um conjunto deles, a correlação genética é um parâmetro relevante, uma vez que representa a associação entre caracteres, principalmente quando a seleção em um deles apresenta dificuldade em razão da baixa herdabilidade e/ou problemas de identificação (MILANI, 2000). Portanto, sempre deve ser lembrado que o melhoramento de um caráter pode causar alterações desejáveis ou não em outros caracteres (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Apesar de serem de grande utilidade na quantificação da magnitude e direção das influências de fatores, e na determinação de caracteres complexos, os coeficientes de

correlação não dão a exata importância relativa dos efeitos diretos e indiretos destes fatores (CRUZ et al., 2004). A análise de trilha permite o estudo dos efeitos de várias variáveis independentes sobre uma variável básica, cujas estimativas são obtidas por meio de equações de regressão, em que as variáveis são primeiramente padronizadas, conforme apresentado por Vencovsky e BARRIGA (1992) e Cruz (2005).

Esse tipo de análise é útil na verificação de relações diretas e indiretas entre variáveis, podendo seu uso ser extrapolado para outras áreas de investigação, além do melhoramento genético, indicando o tipo e o grau de relação entre variáveis e fornecendo condições de melhor planejamento e condução do experimento, podendo também ser aplicada como método de identificação das variáveis menos explicativas do comportamento da variável dependente principal e, assim, eliminá-la do estudo, como descrito por Lúcio (1999).

Portanto, é relevante aplicar a chamada “path analysis” (análise de trilha), para realizar o desdobramento do coeficiente de correlação em efeito direto e indireto, desenvolvida por Wright (1921, 1923) e aperfeiçoada por Li (1975).

O presente trabalho teve como objetivo quantificar as correlações genéticas, a resposta correlacionada e efeito direto de sete caracteres agronômicos no Rendimento de grãos, com SRR nas populações de milho Isanão-VF1 e Isanão-VD1.

## **2.2. MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.2.1. Local**

O experimento foi instalado na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Faculdade de Engenharia, Campus de Ilha Solteira (FEIS/UNESP), localizada no município de Selvíria – MS. A localização geográfica aproximada da área do experimento foi na latitude de 20°22' S, longitude 51°23' W, e altitude de 363 metros acima do nível do mar. O relevo da área experimental é caracterizado como moderadamente plano e ondulado. O clima do local é do tipo Aw, pela classificação de Köppen, com temperatura média anual de 23,5°C, umidade relativa do ar estão entre 70 e 80% e precipitação média anual de 1370mm. O solo local foi classificado por Demattê (1980) e reclassificado segundo o Sistema Brasileiro de Classificação de Solos (EMBRAPA, 2006), como Latossolo Vermelho Distrófico típico argiloso.

### **2.2.2. Material**

As populações Isanão-VF1 e Isanão-VD1 foram obtidas pela reincorporação de mutações anãs isoladas na geração S<sub>4</sub> de autofecundação dos Compostos Flintisa e Dentado (altura normal). Devido à arquitetura interessante destes mutantes, vislumbrou-se a possibilidade da formação de duas populações anãs com maior variabilidade genética, que pudessem servir de base para processos de seleção recorrente intra e interpopulacional.

A reincorporação foi feita através do cruzamento dos mutantes com suas respectivas populações de origem, autofecundação e recombinação das plantas anãs da geração F<sub>2</sub>, formando então as populações Isanão-VF1 (IVF1) e Isanão-VD1 (IVD1). Como houve segregação para genes modificadores, essas populações foram submetidas a dois ciclos de seleção massal branda para uniformização da altura, constituindo-se no material base para este projeto.



Em 20 de novembro de 2006, cada uma das populações foi semeada em lotes isolados com densidade baixa (35.000 a 40.000 plantas ha<sup>-1</sup>) para estimular o aparecimento de plantas prolíficas. Para cada população foram utilizadas 200 plantas prolíficas, onde cada uma teve uma espiga polinizada manualmente com uma mistura de pólen da população contrastante, enquanto que a outra espiga foi polinizada naturalmente. Desta forma obteve-se, para cada planta, uma progênie considerada como meios irmãos intrapopulacional e outra progênie considerada como meios irmãos interpopulacional. Foram escolhidas 80 progênies interpopulacionais IVF1 e 72 progênies interpopulacionais IVD1 para avaliação nos experimentos, sendo que as respectivas progênies intrapopulacionais foram armazenadas como sementes remanescentes.

### **2.2.3. Instalação e condução do experimento**

Em 17 de outubro de 2007 foram montados os experimentos, onde a avaliação das PMI interpopulacionais de cada população foi conduzida em quatro experimentos, em blocos ao acaso, com três repetições, com 80 progênies IVF1 (dois experimentos), 72 progênies IVD1 (dois experimentos), uma testemunha comercial (Dow 2B710) que é um híbrido simples não muito alto cultivado normalmente nesta região e as duas populações parentais para cada experimento. As parcelas foram constituídas de 2 linhas de 5 metros, com espaçamento de 0,45 m entre linhas e 0,27 m entre plantas, totalizando 36 plantas/parcela, configurando uma população de 80.000 plantas ha<sup>-1</sup>. Os experimentos foram conduzidos em época normal (safra 2007/08). Buscando alcançar as populações de plantas desejadas na colheita, a semeadura foi efetuada com 50% a mais de sementes, realizando-se o desbaste no estágio de quatro a cinco folhas plenamente desenvolvidas.

A adubação de semeadura foi de 300 kg ha<sup>-1</sup> da fórmula 8-28-16 e em cobertura

foram aplicados 110 kg de N ha<sup>-1</sup>, sendo 55 kg no estágio de quatro a cinco folhas e 55 kg no estágio de sete a oito folhas desenvolvidas. Para controle de ervas daninhas foram utilizados atrazina (1.500g ha<sup>-1</sup>) + metolachlor (1.500g ha<sup>-1</sup>) em pré-emergência das plantas daninhas e da cultura. Para controle de lagarta do cartucho, *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith) foram realizadas duas aplicações de 50 ml ha<sup>-1</sup> de spinosad (480 g/L).

#### 2.2.4. Caracteres mensurados

No campo e após colheita das parcelas foram mensurados os seguintes caracteres:

- a) Dias para florescimento feminino (FF): contados a partir da emergência até que 50% das plantas da parcela tivessem estigmas emitidos;
- b) Altura de plantas (AP): em centímetros, do nível do solo até a inserção da folha bandeira, com média de cinco plantas da parcela;
- c) Altura de espigas (AE): em centímetros, do nível do solo até a inserção da espiga superior, com média de cinco plantas da parcela;
- d) Rendimento de grãos (RG): em g/parcela, corrigido para 13% de umidade e estande ideal;
- e) *Corn stunt* (EN): % de plantas com sintomas de enfezamento, 30 dias após florescimento;
- f) Número de plantas em pé (PP): número de plantas não acamadas (ângulo menor que 20° com a vertical) e/ou não quebradas (colmo quebrado abaixo da espiga) da parcela;
- g) Estande final (E) – número total de plantas no momento da colheita;
- h) Tombamento (TB) – % de plantas acamadas (colmo formando um ângulo maior que 20° com a vertical), mais % de plantas quebradas (colmo quebrado abaixo da inserção da(s) espiga (s)), em relação ao estande final  $[100(E - PP)/E]$ ;
- i) Número de espigas (NE) – número total de espigas produzidas na parcela;

- j) Grãos ardidos (GA) – nota de 1 (totalmente doente) a 5 (sem doença);
- k) Prolificidade (PR) - número de espigas por planta (NE/E);
- l) Umidade dos grãos (U) – medida em porcentagem, com utilização de aparelho eletrônico.

Para análise estatística o rendimento de grãos foi corrigido para umidade uniforme de 13,0%, utilizando-se da fórmula  $RGC = R(1-U)/(1-0,13)$ , onde RGC = rendimento de grãos corrigido para a umidade ideal de 13%; R = rendimento de grãos observado e U = umidade observada. Em seguida o RGC também foi corrigido para estande ideal de 36 plantas por parcela pela fórmula  $RG = RGC - b(E-36)$ , onde RG = rendimento de grãos corrigido para umidade constante e estande de 36 plantas por parcela; b = coeficiente de regressão do RGC em relação ao estande, obtido para cada experimento, através da análise de covariância entre as duas variáveis (GOMES, 1978) e E = estande observado em cada parcela. Os caracteres GA e TB foram transformados para  $\sqrt{x+0,5}$  e FF, AP, AE, EN e PR, foram analisados diretamente como mensurados.

As análises individuais e agrupadas foram realizadas com a utilização do programa genético-estatístico GENES (CRUZ, 2005), bem como para a obtenção das análises de covariâncias entre todos os pares de caracteres.

### **2.2.5. Delineamento experimental e análises**

O delineamento do experimento foi em blocos ao acaso. As estruturas das análises de covariância individuais e agrupadas, com as respectivas esperanças dos produtos médios, estão apresentadas nas Tabelas 5 e 6.

Tabela 5- Esquema da análise de covariância individual para cada experimento, com as respectivas esperanças dos produtos médios.

FV	GL	PM	E(PM)
Blocos	r-1	PMB	-----
Tratamentos	(t-1)	PMT	-----
Progenies	p-1	PMP	$COV_e + rCOV_n$
Testemunhas	Te -1	PMTe	-----
Prog. vs Test.	1	PMPvsTe	-----
Erro	(r-1)(t-1)	PMR	$COV_e$
Total	rt-1	-----	-----

Tabela 6- Esquema da análise de covariância agrupada para os experimentos de cada população, com as respectivas esperanças dos produtos médios.

FV	GL	PM	E(PM)
Blocos/Exp	e(r-1)	PMB	-----
Experimentos	e-1	PME	-----
Progênes/Exp	e(p-1)	PMP	$COV_e + rCOV_p$
Testemunhas	Te-1	PMTe	$COV_e + r\phi_t$
(Prog vs Test)/Exp	E	PMPvsTe	$COV_e + r\phi_{PvsT}$
Test x Exp	(te-1)(e-1)	PMTeE	$COV_e + r\phi_{Te}$
Erro médio	e(t-1)(r-1)	PMR	$COV_e$
Total	e(rt-1)	-----	-----

Para as análises, foi utilizado o programa genético-estatístico GENES (CRUZ, 2005), através do qual foram estimados os seguintes parâmetros para a população IVF1:

- Covariância ambiental -  $C\hat{O}V_{ef} = PMR$ ;
- Covariância genética de progênes -  $C\hat{O}V_{pf} = (PMP-PMR)/r$ ;
- Covariância genética aditiva -  $C\hat{O}V_{Af} = 4C\hat{O}V_{pf}$  ;
- Covariância fenotípica média -  $C\hat{O}V_{\bar{F}f} = C\hat{O}V_{pf} + C\hat{O}V_{ef} / r$  ;

- Coeficiente de correlação genética aditiva -

$$r_{Af(xy)} = \hat{COV}_{Af(x,y)} / \sqrt{\hat{\sigma}_{Af(x)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{Af(y)}^2};$$

- Coeficiente de correlação fenotípica -  $r_{\bar{F}f} = \hat{COV}_{\bar{F}f(x,y)} / \sqrt{\hat{\sigma}_{\bar{F}f(x)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{\bar{F}f(y)}^2}$ .

Para a população Isanão-VD1 foram calculados os mesmos parâmetros  $\hat{COV}_{ed}$ ,  $\hat{COV}_{pd}$ ,  $\hat{COV}_{Ad}$ ,  $\hat{COV}_{\bar{F}d}$ ,  $r_{Ad(xy)}$  e  $r_{\bar{F}d}$ , e os parâmetros interpopulacionais foram calculados da seguinte maneira:

- Covariância interpopulacional entre progênies:  $\hat{COV}_{pfd} = \frac{\hat{COV}_{pf} + \hat{COV}_{pd}}{2}$ ;
- Covariância interpopulacional fenotípica entre médias de progênies:

$$\hat{COV}_{\bar{F}fd} = \frac{\hat{COV}_{\bar{F}f} + \hat{COV}_{\bar{F}d}}{2};$$

- Covariância genética aditiva interpopulacional:  $\hat{COV}_{Afd} = \frac{\hat{COV}_{Af} + \hat{COV}_{Ad}}{2}$ ;
- Coeficiente de correlação genética aditiva interpopulacional:

$$\hat{r}_{Afd(xy)} = \frac{\hat{COV}_{Afd(xy)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{Afd(x)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{Afd(y)}^2}}$$

- Resposta correlacionada de um caráter (x) mediante seleção no caráter (y),

no híbrido interpopulacional -  $RC_{(x/y)} = \frac{(1/8)k_f \hat{COV}_{Af(xy)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{\bar{F}f(y)}^2}} + \frac{(1/8)k_d \hat{COV}_{Ad(xy)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{\bar{F}d(y)}^2}}$ , sendo

$k_f = k_d = 1,3998$  os diferenciais de seleção estandarizados correspondentes à intensidade de seleção de 20% no Isanão-VF1 e Isanão-VD1, respectivamente (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988)

Com o intuito de se estimar os efeitos diretos e indiretos dos caracteres FF, AP, AE, TB, EN, PR e GA sobre RG, foi realizada a análise de trilha, proposta por Wright (1921) e

descrita por Li (1975). A análise de trilha consiste nos estudos dos efeitos diretos e indiretos de caracteres sobre a variável básica, cujas estimativas são obtidas por meio de equações de regressão, em que as variáveis são previamente padronizadas. A padronização de uma variável é obtida dividindo-se o desvio de cada observação em relação a média pelo desvio padrão da amostra, ou seja:  $u_i = \frac{X_i - \bar{X}}{\hat{\sigma}_x}$  (CRUZ et al., 2004).

Em relação as variáveis padronizadas são verificadas as seguintes propriedades:

- Uma variável padronizada tem média igual a zero e variância igual a 1;
- A covariância entre duas variáveis padronizadas é igual à correlação entre estas variáveis;
- O coeficiente de regressão linear entre duas variáveis padronizadas é dado por:

$$\hat{b} = \text{Cov}(u, v) = r_{uv} = r_{xy}.$$

As estimativas dos coeficientes de trilha foram consideradas pela variável básica RG e as sete variáveis explicativas [ $X_1$  (FF),  $X_2$  (AP),  $X_3$  (AE),  $X_4$  (TB),  $X_5$  (EN),  $X_6$  (PR) e  $X_7$  (GA)], que se relacionam por meio do seguinte modelo:

$$Y - \bar{Y} = b_{01}(X_1 - \bar{X}_1) + b_{02}(X_2 - \bar{X}_2) + b_{03}(X_3 - \bar{X}_3) + \dots + b_{07}(X_7 - \bar{X}_7) + \varepsilon \quad (\text{I})$$

De maneira análoga, tem-se:

$$\frac{Y - \bar{Y}}{\sigma_y} = b_{01} \frac{\sigma_{X1}}{\sigma_y} \frac{X_1 - \bar{X}_1}{\sigma_{X1}} + b_{02} \frac{\sigma_{X2}}{\sigma_y} \frac{X_2 - \bar{X}_2}{\sigma_{X2}} + \dots + \frac{\sigma_\varepsilon}{\sigma_y} \frac{\varepsilon}{\sigma_\varepsilon}, \text{ da qual se obtém:}$$

$$y = p_{01}x_1 + p_{02}x_2 + p_{03}x_3 + \dots + p_\varepsilon u \quad (\text{II}),$$

em que:

$$y = (Y - \bar{Y}) / \sigma_y; x_i = (X_i - \bar{X}_i) / \sigma_{xi}; u = \varepsilon / \sigma_\varepsilon; p_\varepsilon = \sigma_\varepsilon / \sigma_y \text{ e } p_{oi} = (b_{oi} \sigma_{xi}) / \sigma_y.$$

Neste modelo é verificado que  $V(y) = V(x_i) = V(u) = 1$ ;  $\text{Cov}(y, x_i) = r_{0i}$ ;  $\text{Cov}(x_i, x_j) = r_{ij}$ ;  $\text{Cov}(u, x_i) = 0$ .

Tendo em vista o modelo II, verificam-se as seguintes relações:

$$V(y) = \hat{p}_{01} + \hat{p}_{02} + \hat{p}_{03} + \dots + \hat{p}_{07} + 2\hat{p}_{01}\hat{p}_{02}r_{12} + 2\hat{p}_{01}\hat{p}_{03}r_{13} + \dots + 2\hat{p}_{06}\hat{p}_{07}r_{67} + \hat{p}_{\varepsilon}^2 \quad (\text{III})$$

$$C\hat{ov}(y, x_1) = r_{01} = \hat{p}_{01} + \hat{p}_{02}r_{12} + \hat{p}_{03}r_{13} + \dots + \hat{p}_{07}r_{17}$$

$$C\hat{ov}(y, x_2) = r_{02} = \hat{p}_{01}r_{12} + \hat{p}_{02} + \hat{p}_{03}r_{23} + \dots + \hat{p}_{07}r_{27} \quad (\text{IV})$$

$$C\hat{ov}(y, x_3) = r_{03} = \hat{p}_{01}r_{13} + \hat{p}_{02}r_{23} + \hat{p}_{03} + \dots + \hat{p}_{07}r_{37} \text{ e sucessivamente.}$$

Em (III) pode ser estimado o coeficiente de determinação do modelo causal ( $R_{0.1\dots7}^2$ ), que mede os efeitos das sete variáveis explicativas ( $X_1, X_2, X_3 \dots X_7$ ) sobre Y, ou seja:

$$R_{0.1\dots7}^2 = \hat{p}_{01}^2 + \hat{p}_{02}^2 + \dots + 2\hat{p}_{06}^2 + \hat{p}_{07}^2 + r_{67}$$

Também em (III) estima-se o efeito da variável residual sobre a variável principal, dada por  $\hat{p}_{\varepsilon} = \sqrt{1 - R_{0.1\dots7}^2}$ .

Em (IV) é apresentada a decomposição das correlações  $r_{oi}$  em efeitos diretos de  $x_i$  sobre a variável básica, expresso por  $\hat{p}_{oi}$ , e os efeitos indiretos de  $x_i$  via  $x_j$ , expresso por  $\hat{p}_{oi}r_{ij}$ , cujos resultados são de melhor interpretação por meio do diagrama apresentado na Figura 1.

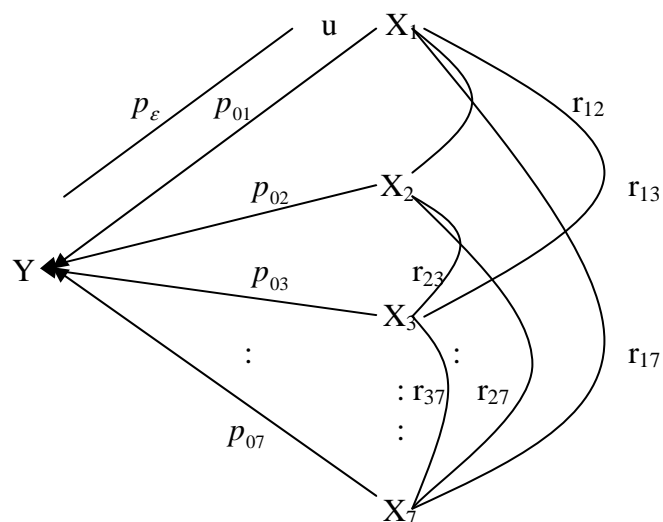


Figura 1: Diagrama causal ilustrativo dos efeitos das variáveis explicativas ( $X_1, X_2, \dots, X_7$ ) e residual ( $u$ ) sobre a variável dependente Y.

### 2.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Como os produtos médios residuais dos experimentos foram homogêneos, foi possível a análise de covariância agrupada e a estimativa dos parâmetros interpopulacionais. As estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva e fenotípica, as respostas correlacionadas e os resultados da análise de trilha entre os caracteres estudados estão apresentadas nas Tabelas 7, 8 e 9.

Considerou-se aqui como altamente correlacionados, somente pares de caracteres cujos coeficientes de correlação genética tivessem sido iguais ou superiores a 0,75. Desta forma, somente os pares AP x AE, FF x PR e PR x RG foram altamente correlacionados (Tabela 7).

A correlação genética entre AP e AE foi positiva (0,86), indicando que, quanto menor a altura da planta, menor a altura da espiga, e vice-versa. Esse é um resultado normalmente encontrado na literatura (REGAZZI et al., 1980; PINTO et al., 2000; SILVA et al., 2001; GRANATE et al., 2002; CANDIDO, 2005; GARCIA, 2005; SANTOS et al., 2005; ANDRADE ; MIRANDA FILHO, 2008), pois normalmente muitos locos que alteram um caráter também alteram o outro no mesmo sentido (efeito pleiotrópico).

O coeficiente de correlação genética entre FF e PR foi alto e negativo, resultado também obtido por Garcia (2005) e Candido (2005) em nível intrapopulacional. Esta correlação sugere que haja uma ligação gênica entre locos com genótipo para precocidade e para maior prolificidade, uma vez que, a princípio, é mais difícil aceitar que haja efeito pleiotrópico.

Houve uma alta correlação entre PR e RG (0,94), o que era esperado e confirmado pela literatura (LONNQUIST, 1964; HALLAUER, 1972; REGAZZI et al., 1980; REIS et al., 1982; GONZÁLEZ et al., 1994; SILVA et al., 2001), pois normalmente um maior número de espigas por planta leva a um maior rendimento, desde que essas espigas



mantenham um tamanho adequado. Em alta densidade de plantas, como neste caso, a maior prolificidade é uma forte aliada para se conseguir altos rendimentos. No entanto essa correlação deve ser considerada com cautela pelo fato da variabilidade para PR ser baixa (Capítulo 1).

Em relação aos demais caracteres, estimativas similares de correlação genética são encontrados na literatura, como para FF x AE e FF x TB (GABRIEL, 2006), AP x PR (PINTO et al, 2000; SILVA et al., 2001; GRANATE et al., 2002; SANTOS et al., 2005; ANDRADE; MIRANDA FILHO, 2008), AE x PR (PINTO et al., 2000; SILVA et al., 2001; SANTOS et al., 2005; ANDRADE; MIRANDA FILHO, 2008), AE x TB (GRANATE et al., 2002; GABRIEL, 2006) e TB x PR (GRANATE et al., 2002).

Considerando-se que o objetivo foi avaliar quais caracteres melhor estimam e influenciam o RG, serão discutidas a seguir todas as interações entre pares de caracteres onde um deles é RG, independente do valor do coeficiente de correlação genética ter sido inferior ou não a 0,75.

Para FF e RG o coeficiente de correlação genética foi negativo e baixo (-0,58) e a correspondente resposta correlacionada em RG, quando seleciona-se FF, foi de -6,5% (Tabelas 7 e 8). Entretanto, ao se observar o efeito direto de FF sobre RG pela análise de trilha, verificou-se que este foi praticamente nulo (0,0326), tendo portanto havido uma interação entre FF e os demais caracteres, avaliados indiretamente (Tabela 9). Gabriel (2006) também obteve correlação genética negativa e baixa entre estes caracteres, enquanto que Holthaus e Lamkey (1995) encontraram correlações tanto negativas quanto positivas, porém baixas. Efeitos diretos positivos e baixos (em torno 0,4) foram encontrados por Sadek et al. (2006) e Saleem et al. (2007) na análise de trilha.

O coeficiente de correlação genética aditiva entre AP e RG foi 0,41 (Tabela 7). Valores de coeficiente de correlação genética usualmente encontrados na literatura para

esses caracteres são também positivos e baixos (HOLTHAUS; LAMKEY, 1995; SILVA et al., 2001; SANTOS et al., 2005; ANDRADE; MIRANDA FILHO, 2008), ou baixos mas com sinais variando tanto de negativos a positivos (GONZÁLEZ et al., 1994; PINTO et al., 2000; KIST, 2006). A resposta correlacionada em RG, com seleção em AP, foi de 4,89% (Tabela 8). Seu efeito direto, expresso pela análise de trilha, foi de 5,2 (Tabela 9). Comparando-se o efeito direto obtido pela análise de trilha nestes experimentos com a literatura, a maioria reporta valores positivos e baixos (ALVI et al., 2003; CARGNELUTTI FILHO et al., 2004; LÚCIO et al., 2004; SADEK et al., 2006; CANDIDO; ANDRADE, 2008). Entretanto, foram encontrados trabalhos onde os efeitos diretos foram baixos porém negativos (LÚCIO et al., 2001; AHMAD; SALEEM, 2003; CARGNELUTTI FILHO et al., 2006) e um único (SALEEM et al., 2007) onde este foi positivo e alto. Como estas populações são baixas, aumento na AP do híbrido interpopulacional não será muito prejudicial.

Para AE e RG, o coeficiente de correlação genética (0,53) e a resposta correlacionada (6,12%) (Tabelas 7 e 8) foram positivos e baixos. Estimativas de coeficiente de correlação genética encontrados na literatura variam muito, podendo ser positivo e baixo (HOLTHAUS; LAMKEY, 1995; PINTO et al., 2000; SILVA et al., 2001; SANTOS et al., 2005; GABRIEL, 2006; ANDRADE; MIRANDA FILHO, 2008), negativo e baixo (PINTO et al., 2000), e até mesmo positivo e alto (GRANATE et al., 2002). Quanto à resposta correlacionada, resultados semelhantes foram encontrados por Andrade e Miranda Filho (2008) em nível intrapopulacional para a população Esalq-PB1. Pela análise de trilha, o efeito direto de AE sobre RG foi negativo e baixo (-2,3193) (Tabela 9). Este resultado foi semelhante à maioria dos encontrados na literatura (LÚCIO et al. 2001; ALVI et al., 2003; CARGNELUTTI FILHO et al., 2004; LÚCIO et al. 2004), muito embora sejam ainda encontrados resultados baixos e positivos (AHMAD; SALEEM, 2003; SADEK et al.,

2006; SALEEM et al., 2007; CANDIDO; ANDRADE, 2008). Vale ressaltar, entretanto, que AE e AP são fortemente correlacionados (Tabela 7), indicando haver colinearidade, o que foi também indicado por um alto efeito indireto de AE sobre AP (Tabela 9), justificando seu efeito direto negativo sobre RG. O efeito direto negativo de AE e o efeito direto positivo de AP sobre RG, leva à sugestão de que seria interessante aumentar AP sem aumentar AE. Isso indica obtenção de plantas com a parte superior à espiga possuindo internódios mais longos que a parte inferior. Esse tipo de arquitetura seria ideal para suportar altas densidades de plantas na lavoura. No entanto, como AP e AE são altamente correlacionadas, essa tarefa é difícil de ser cumprida.

O coeficiente de correlação genética entre TB e RG foi negativo (Tabela 7), o que também foi reportado por Granate et al. (2002). A resposta correlacionada em RG quando se seleciona TB foi de -0,55% (Tabela 8), refletindo a baixa correlação genética entre os mesmos (-0,12). No entanto, observou-se que o efeito direto de TB sobre RG foi positivo (Tabela 9), à semelhança do que foi observado por Lúcio et al. (2001), o que indica que não há causa e efeito para TB sobre RG.

Para EN e RG tanto a correlação genética, a resposta correlacionada como o efeito direto sobre RG foram negativos e baixos (Tabelas 7, 8 e 9). Seria-se de esperar que quanto maior a porcentagem de plantas doentes, menor o rendimento, o que foi expresso pelo sinal negativo do coeficiente de correlação. A avaliação de sintomas de doença com infecção natural nem sempre permite a expressão plena da variabilidade genética, pois muitas plantas possivelmente susceptíveis a doenças escapam à infecção. Dependendo da época de semeadura, a pressão por doença é mais fraca e o escape ainda é maior, não permitindo a estimação correta dos parâmetros genéticos.

Como mencionado inicialmente, para PR e RG obteve-se valor de coeficiente de correlação genética positivo e alto (Tabela 7), como encontrado na literatura, o que indica

que, fazendo-se seleção para plantas prolíficas, se obteria maior produtividade de grãos, com uma resposta correlacionada baixa, de 4,29% (Tabela 8). Resultados encontrados na literatura geralmente são positivos, porém com valores variando de baixos (GONZÁLEZ et al., 1994; SILVA et al. 2001; SANTOS et al., 2005) a altos (GONZÁLEZ et al., 1994; PINTO et al., 2000; GRANATE et al., 2002; SANTOS et al., 2005). Na análise de trilha, o efeito direto de PR sobre RG foi entretanto negativo e baixo (-0,36685; Tabela 9), oposto àquele observado na correlação e na literatura (BALBINOT JR. et al., 2005; CANDIDO; ANDRADE, 2008). A baixa variabilidade entre progênies para PR explicaria o baixo efeito direto sobre RG, porém não o alto valor da correlação. Desta forma a seleção para este caráter poderá não confirmar a resposta correlacionada de 4,29% esperada no RG.

Os valores do coeficiente de correlação genética entre GA e RG e a resposta correlacionada em RG foram positivos e baixos (0,63 e 4,63%) (Tabelas 7 e 8). Em adição, o efeito direto da análise de trilha foi baixo e negativo (Tabela 9). Isto indica que GA não é um bom caráter para prever RG.

Numa análise geral, os coeficientes de correlação genética para todos os pares de caracteres foram superiores aos respectivos coeficientes de correlação fenotípica (Tabela 7). Estes resultados indicaram que a correlação fenotípica entre os pares foi composta em grande parte pela porção genética (GONZÁLEZ et al., 1994).

Os resultados obtidos indicaram a importância, para alguns caracteres, de se realizar análise complementar à análise de correlação, neste caso, a análise de trilha. Isto se deve ao fato de que o efeito de um caráter sobre outro qualquer pode ser o resultado do efeito interativo de vários caracteres simultaneamente. Um exemplo onde isto foi evidente ocorreu com o par AE x RG, onde a correlação genética simples foi positiva (Tabela 7), porém o efeito direto de AE sobre RG foi negativo (Tabela 9). Isto se deve provavelmente ao fato da análise de trilha analisar simultaneamente a interação entre todos os caracteres, e

assim poder filtrar adequadamente a real influência de um carácter sobre o outro.

Para AP e AE tanto as correlações como a resposta correlacionada foram coerentes com os resultados filtrados pela análise de trilha, aliados a correspondentes coeficientes de variação baixos (Tabela 3). Além disto, no campo não há dificuldade de se medi-los corretamente. Estes fatores levam a se considerar AP e AE como os que tiveram maior associação com RG. Dos vários caracteres analisados por Holthaus e Lamkey (1995), estes encontraram que os caracteres AP e AE foram os que tiveram melhor associação com RG, enquanto que Saleem et al. (2007) obtiveram os maiores efeitos diretos sobre RG para estes mesmos caracteres, portanto concordando com resultados aqui obtidos.

Destes dois caracteres, muito embora o efeito direto sobre RG tivesse sido maior de AP que de AE (5,218 e -2,3193) (Tabela 9), para AE tanto o coeficiente de correlação genética como a resposta correlacionada foram contudo maiores em AE que em AP (Tabelas 7 e 8, respectivamente). Uma vez que existe colinearidade entre AP e AE, i.e., ambos explicam RG da mesma forma, poderia-se selecionar apenas um carácter para avaliar RG, no caso AE.

## 2.4. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos neste experimento permitiram apontar as seguintes conclusões:

- alto valor de correlação genética foi observado somente para os pares de caracteres AP x AE, FF x PR e PR x RG;
- Florescimento feminino, tombamento, enfezamento, prolificidade e grãos ardidos não foram caracteres bons estimadores de rendimento;
- Altura de plantas e altura de espiga foram os caracteres que tiveram melhor associação com rendimento e podem ser usados como auxiliares na seleção.

## 2.5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AHMAD, A.; SALEEM, M. Path coefficient analysis in *Zea mays* L. **International Journal of Agriculture & Biology**, Faisalabad, v. 5, n. 3, p. 245-248, 2003.

ALVI, M. B. et al. Character association and path coefficient analysis of grain yield and yield components maize (*Zea mays* L.). **Pakistan Journal of Biological Sciences**, Faisalabad, v. 6, n. 2, p. 136-138, 2003.

ANDRADE, J. A. C.; MIRANDA FILHO, J. B. Quantitative variation in the tropical maize population, ESALQ-PB1. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v. 65, n. 2, p. 174-182, 2008.

BALBINOT JR., A. A. et al. Contribuição de componentes de rendimento na produtividade de grãos em variedades de polinização aberta de milho. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 11, n. 2, p. 161-166, 2005.

CANDIDO, L. S. **Potencial do composto Flintisa Anão de milho para melhoramento em condições de espaçamento reduzido e na safrinha**. 2005. 93 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2005.

CANDIDO, L. S.; ANDRADE, J. A. C. Breeding potential of maize composite Isanão VF1 in small spacing in the second growing season. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 8, n. 1, p. 56-64, 2008.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; LÚCIO, A. D. Identificação de variáveis causadoras de erro experimental na variável rendimento de grãos de milho. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 3, p. 707-713, 2004.

CARGNELUTTI FILHO, A. et al. Interferência da variabilidade da população de plantas de milho sobre a precisão experimental. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 1, p. 42-50, 2006.

CRUZ, C. D. **Programa Genes versão windows: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: Editora UFV, 2005. 648 p.

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

DEMATTE, J. L. I. **Levantamento detalhado dos solos do Campus experimental de Ilha Solteira**. Piracicaba: ESALQ/USP, 1980.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **EMBRAPA: Sistema brasileiro de classificação de solos**. Rio de Janeiro: EMBRAPA/CNPSO, 1999. 412p.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores RAPD e RFLP em análise genética**. 3 ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN, 1998. 222p.

GABRIEL, A. P. C. **Seleção recorrente recíproca em famílias de irmãos completos em milho (*Zea mays* L.) assistida por marcadores moleculares**. 2006, 112 f. Tese



(Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2006.

GARCIA, F. Q. **Potencial do composto Flintisa Anão de milho para melhoramento em condições de alta densidade populacional.** 2005, 84 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, 2005.

GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental.** 8. ed. Piracicaba: Nobel, 1978. 430 p.

GONZÁLEZ, P. A. et al. Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais em dois ciclos de seleção no milho dentado composto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 3, p. 419-425, 1994.

GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; PACHECO, C. A. P. Predição de ganhos em famílias de meios irmãos do milho-pipoca CMS 43. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.26, n.6, p.1228-1235, 2002.

GUIMARÃES, P. S. **Desempenho de híbridos simples de milho (*Zea mays* L.) e correlação entre heterose e divergência genética entre as linhagens parentais.** 2007, 132 f. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) - Instituto Agronômico, Campinas, 2007.

HALLAUER, A. R. Third phase in yield evaluation of synthetic varieties of maize. **Crop Science**, Madison, v. 12, n. 1, p. 16-18, 1972.

HALLAUER, S. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding.**

2. ed. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468 p.

HOLTHAUS, J. F.; LAMKEY, K. R. Response to selection and changes in genetic parameters for 13 plant and ear traits in two maize recurrent selection programs. **Maydica**, Bergamo, v. 40, n. 4, p. 357-370, 1995.

KIST, V. **Seleção recorrente de famílias de meio-irmãos em população composta de milho (*Zea mays* L.) procedente de Anchieta – SC.** 2006, 163 f. Dissertação (Mestrado em Ciências) - Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2006.

LI, C. C. **Path analysis – a primer.** Boxwood: Pacific Grove, 1975. 346p.

LONNQUIST, J. H. A modification of the ear-to-row procedure for the improvement of maize populations . **Crop Science**, Madison, v. 4, p. 227-228, 1964.

LÚCIO, A. D. **Erro experimental relacionado às características dos ensaios nacionais de competição de cultivares.** 1999, 73 f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias Campus de Jaboticabal, Jaboticabal, 1999.

LÚCIO, A. D. et al. Correlação entre o erro experimental e características dos ensaios nacionais de competição de cultivares de milho. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 31, n. 5, p. 769-773, 2001.

LÚCIO, A. D. et al. Qualidade experimental nos ensaios de competição de cultivares em função da variabilidade de variáveis morfológicas. **Revista de la Facultad de Agronomía**, La Plata, v. 105, n. 2, p. 11-17, 2004.

MILANI, M. **Seleção de famílias de meios-irmãos de Milho (*Zea mays L.*) com Arquitetura modificada para produtividade e resistência à *Spodoptera frugiperda***. 2000, 88 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2000.

PADILHA, L. **Marcadores moleculares semi-automatizados e determinação da diversidade genética entre linhagens de milho tropical**. 2002, 85 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2002.

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de Populações. In: PATERNIANI, E., VIÉGAS, G. P. (Ed.) **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 215-274.

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. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 1, p. 63-73, 2000.

PINAZZA, L. A. Perspectivas da cultura do milho e do sorgo no Brasil. In: BULL, L. T., CANTARELLA, H. (Ed.) **Cultura do milho: fatores que afetam a produtividade**. Piracicaba: POTAFOS, cap. 1, 1993. p. 1-10.

REGAZZI, A. J. et al. Variâncias, covariâncias e correlações fenotípicas, genotípicas e genéticas aditivas num composto de milho (*Zea mays* L.). **Revista Ceres**, Viçosa, v. 27, n. 149, p. 32-46, 1980.

REIS, F. P. et al. Herdabilidades, correlações e índices de seleção em milho (*Zea mays* L.). **Revista Ceres**, v. 29, n. 162, p. 268-283, 1982.

SADEK, S. E.; AHMED, M. A.; EL-GHANEY, H. M. Correlation and path coefficient analysis in five parents inbred lines and their six white maize (*Zea mays* L.) single crosses developed and grown in Egypt. **Journal of Applied Sciences Research**, Faisalabad, v. 2, n. 3, p. 159-167, 2006.

SALEEM, A. R.; SALEEM, U.; SUBHANI, G. M. Correlation and path coefficient analysis in maize (*Zea mays* L.). **Journal of Agricultural Research**, Faisalabad, v. 45, n. 3, p. 177-183, 2007.

SANTOS, M. F. et al. Responses to reciprocal recurrent selection and changes in genetic variability in IG-1 and IG-2 maize populations. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 28, n. 4, p. 781-788, 2005.

SILVA, E. S. et al. Estimação de parâmetros genéticos no composto de milho ESAM – 1. **Caatinga**, Mossoró, v. 14, n. 1/2, p. 43-52, 2001.

SOUZA, M. P.; BRAGA, J. M. Aspectos econômicos da produção e comercialização do

milho no Brasil. In: GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V. (Eds.). **Tecnologias de produção do milho**. Viçosa: UFV, 2004. p. 13-55.

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

WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal of Agricultural Research**, Faisalabad, v. 20, n. 7, p. 557-585, 1921.

WRIGHT, S. The theory of path coefficients: a reply to Niles's criticism. **Genetics**, Bethesda, v. 8, n. 3, p. 239-255, 1923.

Tabela 7- Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva interpopulacional (acima da diagonal) e fenotípica interpopulacional (abaixo da diagonal) entre os caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PR), rendimento de grãos (RG), enfezamento (EN), tombamento (TB) e grãos ardidos (GA), na interpopulação de milho Isanão-VF1 e Isanão-VD1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008.

Caracteres	FF	AP	AE	TB	EN	PR	GA	RG
FF	-----	0,27	0,20	-0,46	-0,10	-0,86	-0,33	-0,58
AP	0,19	-----	0,86	-0,53	0,04	0,47	0,33	0,41
AE	0,11	0,83	-----	-0,40	0,10	0,49	0,39	0,53
TB	-0,25	-0,30	-0,24	-----	0,25	-0,36	0,05	-0,12
EN	-0,05	0,00	-0,01	0,13	-----	-0,41	-0,17	-0,20
PR	-0,29	0,19	0,22	-0,08	-0,04	-----	0,68	0,94
GA	-0,19	0,14	0,19	-0,02	-0,11	0,18	-----	0,63
RG	-0,45	0,32	0,41	-0,10	-0,19	0,49	0,38	-----

Tabela 8- Estimativas das respostas correlacionadas no híbrido interpopulacional (em %/ciclo) para os caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PR), rendimento (RG), enfezamento (EN), tombamento (TB) e grãos ardidos (GA), com seleção recorrente recíproca entre as populações Isanão-VF1 e Isanão-VD1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008.

Resposta Correlacionada	Seleção							
	FF	AP	AE	TB	EN	PR	GA	RG
FF	-----	0,65	0,48	-0,84	-0,11	-0,83	-0,47	-1,16
AP	2,04	-----	6,85	-3,04	0,11	1,45	1,57	2,73
AE	2,46	11,01	-----	-3,82	0,44	2,35	2,88	5,56
TB	-10,54	-12,03	-9,19	-----	3,43	-3,54	-0,48	-1,16
EN	-1,04	0,29	1,09	2,93	-----	-2,38	-1,93	-2,54
PR	-2,62	1,54	1,56	-0,94	-0,75	-----	1,43	2,57
GA	-1,24	1,32	1,56	-0,10	-0,52	1,10	-----	2,17
RG	-6,50	4,89	6,12	-0,55	-1,35	4,29	4,63	-----

Tabela 9- Estimativas dos efeitos diretos e indiretos dos caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PR), enfezamento (EN), tombamento (TB) e grãos ardidos (GA), sobre RG, obtidos pela análise de trilha, na interpopulação de milho Isanão-VF1 x Isanão-VD1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008.

	Efeito Direto	Efeito Indireto
Efeitos	FF (correlação total = -0,5795)	
direto sobre RG	0,0326	-
indireto via AP	-	1,99485
indireto via AE	-	-0,5345
indireto via TB	-	-1,78175
indireto via EN	-	-0,3102
indireto via PR	-	0,1863
indireto via GA	-	-0,1669
	AP (correlação total = 0,411)	
direto sobre RG	5,218	-
indireto via FF	-	0,0237
indireto via AE	-	-2,029
indireto via TB	-	-2,89
indireto via EN	-	0,33145
indireto via PR	-	-0,334
indireto via GA	-	0,0911
	AE (correlação total = 0,5345)	
direto sobre RG	-2,3193	-
indireto via FF	-	0,01375
indireto via AP	-	4,6325
indireto via TB	-	-2,049
indireto via EN	-	0,29095
indireto via PR	-	-0,29075
indireto via GA	-	0,257
	TB (correlação total = -0,124)	
direto sobre RG	3,44715	-
indireto via FF	-	-0,0212
indireto via AP	-	-4,02155
indireto via AE	-	1,11945
indireto via EN	-	-0,4045
indireto via PR	-	0,290875
indireto via GA	-	-0,53425

Continua.....



Tabela 9- Estimativas dos efeitos diretos e indiretos dos caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PR), enfezamento (EN), tombamento (TB) e grãos ardidos (GA), sobre RG, obtidos pela análise de trilha, na interpopulação de milho Isanão-VF1 x Isanão-VD1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008. (Continuação)

	Efeito Direto	Efeito Indireto
	EN (correlação total = -0,1975)	
direto sobre RG	-0,39785	-
indireto via FF	-	0,02885
indireto via AP	-	-1,01565
indireto via AE	-	0,04945
indireto via TB	-	1,7677
indireto via PR	-	0,22285
indireto via GA	-	-0,85315
	PR (correlação total = 0,9355)	
direto sobre RG	-0,36685	-
indireto via FF	-	-0,0463
indireto via AP	-	1,61125
indireto via AE	-	-0,99685
indireto via TB	-	-0,52035
indireto via EN	-	0,0482
indireto via GA	-	1,20685
	GA (correlação total = 0,6325)	
direto sobre RG	-0,04895	-
indireto via FF	-	-0,00315
indireto via AP	-	1,54685
indireto via AE	-	-0,79625
indireto via TB	-	0,85775
indireto via EN	-	-0,31475
indireto via GA	-	-0,60875
Coef. de determinação		-0,8698

**ANEXOS**

Anexo 1- Médias dos caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), tombamento (TB), enfezamento (EN), prolificidade (PR), grãos ardidos (GA) e rendimento (RG), para as progênes interpopulacionais Isanão-VF1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008.

Genótipos	FF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	TB <sup>1</sup> (%)	EN (%)	PR (esp./planta)	GA <sup>1</sup> (nota)	RG (g/parcela)
72	58,89	157,70	86,42	1,18	32,47	1,19	2,22	4311,73
16	58,78	138,44	57,20	2,29	25,36	1,08	2,24	3476,35
3	62,11	133,56	55,10	2,45	23,96	1,16	2,24	3463,74
33	59,11	133,75	65,48	3,21	22,84	1,03	1,83	3321,10
21	60,11	141,42	63,44	1,60	32,14	1,08	2,08	3308,58
5	58,78	119,04	46,96	2,92	41,76	1,00	2,01	3242,80
52	59,89	128,67	48,23	1,63	21,94	1,00	2,14	3218,63
27	61,78	126,71	53,25	3,21	29,29	1,05	2,31	3204,02
23	59,11	107,75	43,34	3,13	43,94	1,19	2,01	3169,12
14	60,44	134,90	53,58	2,52	22,82	0,99	2,09	3166,44
34	59,78	120,47	48,44	2,84	34,85	1,13	1,92	3116,46
20	60,44	139,52	56,29	2,46	29,35	1,15	1,84	3103,93
69	61,22	133,10	58,85	1,29	23,70	1,19	2,15	3099,38
36	58,78	122,90	48,25	2,03	38,38	0,98	2,08	3051,19
31	61,78	130,94	54,06	2,05	41,50	1,06	1,83	3042,62
22	60,78	130,47	53,44	2,65	26,04	1,09	2,15	3040,28
80	62,56	122,63	48,61	1,90	29,19	0,98	1,89	3019,99
51	61,22	135,82	54,71	2,14	27,32	0,92	2,23	2993,87
28	61,44	132,04	54,39	1,78	26,32	1,00	1,84	2990,18
25	58,78	123,04	52,48	3,99	39,32	1,11	2,08	2988,26
19	59,11	129,52	49,29	3,35	40,05	1,04	2,15	2982,64
7	61,44	131,56	53,72	2,38	66,25	1,05	2,08	2959,76
54	61,56	138,91	54,33	1,65	25,24	1,01	2,15	2938,54
59	59,56	131,96	55,13	2,50	27,44	1,18	2,07	2897,99
13	59,78	124,52	49,53	2,34	40,30	0,99	2,01	2859,13
76	62,22	142,82	62,61	1,20	21,09	1,04	2,06	2850,69
61	62,56	121,29	51,85	3,05	33,58	1,06	2,15	2838,72
29	64,11	147,85	62,48	0,63	18,24	0,96	2,00	2832,89
35	62,44	143,28	59,48	2,48	30,84	1,02	1,92	2827,91
10	59,78	129,18	55,82	1,78	42,02	1,04	2,16	2823,44
38	62,11	146,33	62,48	2,23	30,18	0,98	2,01	2821,01
6	59,11	133,66	52,44	1,92	27,90	1,23	1,83	2813,62
39	59,78	129,94	52,48	2,40	39,50	1,04	2,01	2798,20
15	61,44	139,52	53,91	1,26	34,77	1,17	1,92	2792,11
67	60,22	118,15	46,85	1,42	24,77	1,16	2,22	2779,33
71	63,56	137,06	56,09	1,92	35,08	1,02	2,22	2778,47
17	60,44	128,52	50,91	2,03	29,68	1,08	2,01	2759,41
9	61,78	129,47	52,01	1,81	29,04	1,13	2,01	2758,01
66	61,56	137,48	51,42	2,38	28,66	1,06	2,14	2744,04
30	61,44	126,13	54,96	1,87	33,37	1,17	2,00	2741,91
46	59,22	125,63	49,52	4,17	23,90	1,13	2,06	2734,92
49	60,89	120,20	43,99	3,59	38,48	1,07	2,06	2720,79

Continua.....

Anexo 1- Médias dos caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), tombamento (TB), enfezamento (EN), prolificidade (PR), grãos ardidos (GA) e rendimento (RG), para as progênies interpopulacionais Isanão-VF1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008. (Continuação).

Genótipos	FF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	TB <sup>1</sup> (%)	EN (%)	PR (esp./planta)	GA <sup>1</sup> (nota)	RG (g/parcela)
8	59,78	114,23	44,82	2,15	24,86	1,06	1,92	2713,94
68	61,56	130,53	53,85	1,89	23,73	1,03	1,81	2710,09
62	60,22	128,96	51,18	2,54	31,89	1,10	2,06	2691,96
4	61,11	131,99	57,96	2,06	37,27	0,97	2,16	2690,31
48	63,89	124,39	51,71	2,76	35,83	0,94	1,71	2676,00
78	59,22	107,29	41,23	2,69	19,28	1,01	2,30	2674,54
63	63,22	128,10	50,90	2,66	29,65	1,00	2,06	2640,43
79	60,89	143,15	62,85	2,96	46,13	0,94	2,14	2640,19
53	59,22	113,29	41,37	1,94	36,64	0,96	2,23	2615,85
58	63,89	121,53	52,71	2,71	27,23	1,02	2,23	2612,73
65	61,89	127,29	53,75	1,94	33,54	1,09	2,07	2605,16
77	59,56	129,96	48,61	2,97	33,37	1,15	2,15	2593,77
24	61,78	136,09	57,29	2,75	38,12	1,07	1,83	2590,30
56	59,56	107,77	38,13	3,05	29,99	0,93	1,89	2576,94
11	61,11	137,37	58,10	2,34	37,46	1,00	2,00	2572,19
42	60,44	138,66	61,48	2,87	50,61	1,11	2,08	2568,48
40	61,78	138,09	57,44	3,07	22,02	1,09	2,01	2554,36
43	63,56	131,91	53,85	2,26	21,63	1,03	2,15	2548,75
74	61,89	114,72	42,28	3,14	24,97	1,00	1,99	2545,50
60	63,89	138,39	58,37	2,54	40,14	1,03	2,15	2538,97
75	61,56	118,20	48,42	2,76	29,89	0,95	2,07	2503,20
37	60,44	128,37	49,29	1,79	31,35	1,00	1,83	2474,99
57	62,89	123,91	50,23	2,88	27,72	0,86	2,07	2456,71
41	62,11	127,61	49,25	1,67	37,30	1,02	2,08	2446,83
2	61,11	136,56	50,01	2,00	38,54	1,07	2,09	2440,90
55	64,22	133,34	52,04	2,25	48,33	0,98	2,14	2416,10
45	60,56	134,48	50,33	2,36	25,71	0,90	2,07	2383,86
47	64,56	137,96	55,66	1,41	26,34	0,92	2,22	2362,59
50	61,89	126,77	50,42	2,04	38,79	0,97	1,90	2360,69
1	60,11	99,75	37,63	3,25	40,18	1,00	1,92	2290,85
73	60,22	115,34	41,37	2,26	27,15	0,99	1,99	2268,79
70	60,89	121,29	53,37	4,22	31,65	0,98	2,14	2225,55
32	60,11	123,18	46,29	4,27	44,01	1,13	2,08	2207,55
18	62,44	130,13	51,15	1,81	54,29	1,06	1,92	2201,55
12	61,78	118,23	45,82	2,19	43,21	0,97	1,83	2164,18
64	63,56	127,34	52,85	2,04	25,30	0,99	2,07	2105,63
26	63,11	126,99	49,15	2,30	23,43	1,00	1,83	1936,18
44	64,22	128,25	52,09	3,07	33,92	0,92	1,99	1917,28
Média	61,18	129,09	52,59	2,39	32,55	1,04	2,04	2748,83
Isanão VF1	62,17	122,60	50,48	3,31	35,21	0,98	1,99	2015,26
Isanão VD1	62,17	117,33	47,95	2,95	43,84	0,83	1,77	1948,88
DOW 2B710	57,67	162,86	78,55	1,82	53,17	1,20	1,80	3708,13

<sup>1</sup>-Dados transformados em  $\sqrt{x+0,5}$ .

Anexo 2- Médias dos caracteres, florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), tombamento (TB), enfezamento (EN), prolificidade (PR), grãos ardidos (GA) e rendimento (RG), para as progênes interpopulacionais com Isanão-VD1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008.

Genótipos	FF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	TB <sup>1</sup> (%)	EN (%)	PR (esp./planta)	GA <sup>1</sup> (nota)	RG (g/parcela)
30	61,11	139,75	57,40	1,53	33,22	1,35	1,98	3605,00
68	63,22	123,87	47,12	1,27	28,45	1,17	2,17	3550,11
9	60,44	134,84	46,60	2,70	29,45	1,07	2,15	3262,27
5	61,11	130,13	52,40	0,85	32,74	1,22	2,06	3246,94
14	60,78	124,13	47,79	1,49	27,70	1,10	2,37	3097,81
58	60,89	132,97	44,26	1,83	31,15	1,02	2,17	3093,04
7	60,11	125,13	46,26	3,18	45,50	1,09	2,21	3045,54
26	61,11	122,27	50,83	3,25	26,85	1,05	2,06	3029,76
13	63,44	138,08	56,69	1,98	17,47	1,11	2,22	3020,49
29	60,44	106,32	40,93	3,21	32,97	1,18	1,88	2954,36
8	61,11	130,03	49,98	3,03	38,05	1,23	2,37	2936,63
37	64,22	146,35	64,36	2,48	33,61	1,13	2,24	2921,84
20	60,11	120,17	51,02	3,12	31,24	1,23	2,22	2921,27
23	62,78	121,46	56,83	0,85	35,32	1,10	2,37	2849,50
70	62,56	137,92	61,98	2,58	37,89	1,02	1,93	2842,55
11	61,11	123,37	42,36	2,42	37,68	1,15	2,14	2829,27
64	60,89	130,11	54,83	2,61	35,54	1,06	2,24	2827,42
24	64,11	130,60	51,79	0,85	19,67	1,33	2,06	2808,71
1	60,78	117,79	51,45	3,20	31,82	1,06	2,06	2784,03
21	60,78	121,94	48,98	3,45	34,11	1,19	2,14	2768,84
25	60,44	123,98	46,26	2,63	29,98	1,19	2,06	2765,92
31	61,44	128,13	57,64	4,06	49,71	1,05	2,22	2764,57
32	61,78	140,60	57,79	1,87	30,89	1,05	2,21	2754,02
55	63,22	154,73	63,93	1,96	59,59	0,97	2,24	2753,18
3	63,78	126,46	51,88	2,51	18,77	1,04	2,22	2731,45
57	59,22	128,40	52,64	2,50	37,84	1,01	1,93	2702,12
46	60,22	136,49	53,26	3,67	31,99	1,00	2,09	2698,88
59	59,56	123,11	51,88	1,95	31,07	1,02	2,01	2697,90
50	61,89	125,25	44,21	3,64	38,46	1,03	2,01	2692,90
52	60,22	130,68	49,45	1,37	39,02	1,04	2,09	2680,78
66	59,56	106,44	43,31	3,09	32,47	0,99	2,32	2673,28
35	65,44	131,13	51,17	3,60	21,81	1,14	1,98	2673,07
17	62,11	113,65	39,45	3,12	33,64	1,03	2,06	2668,87
6	61,44	119,03	43,98	2,39	18,59	1,16	2,30	2653,71
28	61,78	122,46	47,31	1,48	25,42	1,13	1,96	2640,36
53	62,89	126,25	50,93	1,87	19,88	0,96	2,09	2617,80
27	61,44	122,60	51,60	3,47	40,32	1,08	1,80	2598,15

Continua.....

Anexo 2- Médias dos caracteres, florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), tombamento (TB), enfezamento (EN), prolificidade (PR), grãos ardidos (GA) e rendimento (RG), para as progênies interpopulacionais com Isanão-VD1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008. (Continuação).

Genótipos	FF	AP	AE	TB <sup>1</sup>	EN	PR	GA <sup>1</sup>	RG
	(dias)	(cm)	(cm)	(%)	(%)	(esp./planta)	(nota)	(g/parcela)
15	63,78	123,70	50,21	0,85	27,06	1,16	2,22	2597,67
45	59,56	115,83	40,40	1,99	58,57	1,02	1,93	2587,44
71	60,89	129,87	55,07	2,02	43,79	0,92	2,17	2568,49
12	61,44	122,22	42,98	3,29	34,48	1,16	2,06	2567,10
41	62,22	111,40	42,21	2,95	38,34	1,10	2,09	2547,39
51	62,89	117,97	47,17	2,30	24,58	0,75	2,09	2539,80
4	61,78	116,79	43,45	2,27	36,05	1,15	2,06	2534,46
63	62,89	135,68	49,69	3,01	31,80	1,00	2,00	2513,12
16	63,11	131,75	51,83	2,70	40,61	1,17	1,98	2510,11
44	61,89	121,73	51,98	3,47	36,75	0,89	1,83	2506,91
36	59,89	111,49	46,83	2,88	30,62	0,91	2,17	2502,74
10	62,11	120,84	42,02	2,16	38,03	1,03	2,06	2475,03
34	62,11	125,32	41,93	3,78	26,63	0,97	1,96	2460,33
69	61,56	115,02	47,69	3,05	37,99	1,08	2,09	2455,86
67	62,22	143,73	60,98	1,83	39,84	1,00	2,10	2453,47
38	63,56	111,73	41,36	2,35	26,83	0,77	2,10	2448,82
19	61,11	109,65	39,50	2,91	28,71	1,06	1,90	2416,88
48	62,22	126,59	47,69	1,83	25,69	0,92	2,16	2416,07
18	62,44	127,94	51,60	3,07	34,15	1,10	2,06	2345,85
40	60,89	119,73	45,50	2,62	40,37	0,95	2,32	2310,52
47	62,22	135,44	55,31	1,94	41,65	0,89	1,91	2245,18
54	63,89	139,35	52,45	2,45	46,58	0,84	1,84	2234,87
61	60,22	118,49	47,21	3,10	40,96	0,92	1,93	2162,11
62	62,56	123,06	44,17	2,59	31,76	0,99	2,09	2156,90
65	65,22	106,63	41,55	2,60	26,89	0,81	2,01	2072,13
2	64,44	132,79	51,69	2,86	39,12	1,04	1,97	2059,96
56	64,56	109,78	45,45	1,03	38,53	0,92	1,93	2008,62
33	63,78	112,56	42,88	2,36	46,13	0,97	1,88	1918,36
42	62,56	103,30	41,40	2,94	28,68	0,80	2,09	1880,03
39	64,89	117,68	43,79	2,60	25,83	0,94	1,93	1858,77
43	65,89	125,35	45,79	2,58	33,03	0,94	2,01	1810,12
49	63,56	125,35	48,26	0,57	32,92	0,99	1,84	1788,81
60	64,89	114,68	40,83	1,47	69,65	0,91	1,75	1686,76
22	64,44	130,32	49,79	1,23	36,22	0,92	1,90	1674,06
Médias	62,10	124,65	48,89	2,43	34,35	1,04	2,07	2584,18
Isanão VF1	64,33	118,19	45,52	2,07	34,63	1,01	2,04	1866,97
Isanão VD1	63,33	117,98	47,07	3,04	38,20	0,89	2,00	1896,86
DOW 2B710	57,00	158,12	74,14	1,48	41,20	1,32	1,99	4225,95

<sup>1</sup>Dados transformados em  $\sqrt{x+0,5}$

Anexo 3 - Valores dos quocientes entre o maior e o menor quadrado médio residual das análises individuais para florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), tombamento (TB), enfezamento (EN), prolificidade (PR), grãos ardidos (GA) e rendimento (RG), para experimentos individualizados e agrupados, de progênies provenientes do cruzamento das populações interpopulacionais de milho Isanão-VF1 e Isanão-VD1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008.

Caráter	Experimentos 1 e 2			Experimentos 3 e 4		
	> QM	< QM	>/< QM	> QM	< QM	>/< QM
FF (dias)	2,38	1,86	1,3	2,87	2,10	1,37
AP (cm)	107,97	38,65	2,8	65,15	62,20	1,05
AE (cm)	46,69	16,26	2,9	32,41	27,57	1,18
TB <sup>1</sup> (%)	1,05	0,76	1,4	0,99	0,68	1,46
EN (%)	136,35	122,16	1,1	195,69	152,18	1,29
PR (esp/planta)	0,01	0,01	1,0	0,02	0,01	2,00
GA <sup>1</sup> (nota)	0,04	0,03	1,3	0,03	0,03	1,00
RG (g/planta)	248174,2	183441,2	1,3	205916,3	131024,2	1,57

<sup>1</sup>Dados transformados em  $\sqrt{x+0,5}$

Anexo 4- Quadrados médios, médias e coeficientes de variação das análises de variância individuais para os caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), tombamento (TB), enfezamento (EN), prolificidade (PR), grãos ardidos (GA) e rendimento (RG), para as progênes interpopulacionais de milho Isanão-VF1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008.

Quadrados Médios									
FV	GL	FF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	TB <sup>1</sup> (%)	EN (%)	PR (esp./planta)	GA <sup>1</sup> (nota)	RG (g/parcela)
Experimento 1									
Blocos	2	10,06	83,94	137,07	1,77	661,63	0,12	0,11	1094224,12
Progênes	41	5,08**	272,55**	99,26**	1,43**	272,38**	0,01	0,04	385580,33**
Testemunhas	2	11,11**	2099,13**	1039,41**	1,78	138,68	0,09**	0,10	4850657,48**
Prog vs Test	1	0,07	149,70	289,95**	0,80	718,41*	0,27	0,18*	565334,77
Erro	88	1,86	107,97	46,69	0,76	136,35	0,12	0,03	183441,16
Média Geral	-	60,64	132,94	56,11	2,48	36,27	1,00	2,02	2706,28
Média Prog.	-	60,65	132,66	55,72	2,46	35,65	1,00	2,03	2723,57
Média Test.	-	60,55	136,88	61,60	2,77	44,90	0,95	1,88	2464,15
CV(%)	-	2,25	7,81	12,17	35,17	32,19	11,20	9,55	15,82
Experimento 2									
Blocos	2	19,08	481,04	352,75	1,00	140,80	0,02	0,03	521899,74
Progênes	37	8,49**	314,01**	190,90**	1,62*	132,04	0,02*	0,04	434460,33**
Testemunhas	2	32,11**	1636,60**	707,78**	2,21	1203,66**	0,11**	0,06	1599971,38**
Prog vs Test	1	7,81	322,66**	407,26**	0,69	1641,52**	0,00	0,45**	112663,19
Erro	80	2,38	38,65	16,26	1,05	122,16	0,01	0,04	248174,24
Média Geral	-	61,67	125,87	49,90	2,34	30,23	1,07	2,03	2758,41
Média Prog.	-	61,74	125,41	49,39	2,32	29,21	1,07	2,05	2766,91
Média Test.	-	60,77	131,63	56,38	2,61	43,24	1,05	1,82	2650,69
CV(%)	-	2,50	4,93	8,08	43,77	36,55	11,17	9,83	18,06

\*, \*\* - Significativos, respectivamente, em nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F. <sup>1</sup>-Dados transformados em  $\sqrt{x+0,5}$



Anexo 5- Quadrados médios, médias e coeficientes de variação das análises de variância individuais para os caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), tombamento (TB), enfezamento (EN), prolificidade (PR), grãos ardidos (GA) e rendimento (RG), para as progênes interpopulacionais de milho Isanão-VD1. Selvíria/MS, outubro/2007 a março/2008.

Quadrados Médios									
FV	GL	FF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	TB <sup>1</sup> (%)	EN (%)	PR (esp./planta)	GA <sup>1</sup> (nota)	RG (g/parcela)
Experimento 3									
Blocos	2	9,57	63,07	55,38	0,40	178,65	0,041	0,00	424378,61
Progênes	34	5,90**	187,26**	84,94**	2,46**	180,40	0,02*	0,06*	411001,30**
Testemunhas	2	44,44**	1781,64**	798,13**	1,16	431,98*	0,18**	0,01	5005890,77**
Prog vs Test	1	1,54**	364,47*	386,58**	0,78	271,08	0,01	0,06	20868,99
Erro	74	2,87	62,20	27,57	0,68	152,18	0,15	0,03	131024,18
Média Geral	-	61,84	126,57	50,64	2,34	31,68	1,04	2,05	2681,19
Média Prog.	-	61,87	126,05	50,10	2,36	31,23	1,04	2,06	2685,15
Média Test.	-	61,44	132,68	56,93	2,05	36,95	1,00	1,98	2634,98
CV(%)	-	2,74	6,23	10,36	35,41	38,93	11,80	9,54	13,50
Experimento 4									
Blocos	2	11,34	267,20	66,34	0,87	720,33	0,00	0,01	346848,93
Progênes	35	9,57**	427,03**	127,41**	1,52*	303,27*	0,02	0,05**	461893,68**
Testemunhas	2	52,00**	1450,20**	757,80**	2,69	93,63	0,13*	0,00	6049522,27**
Prog vs Test	1	3,59	397,29*	356,73**	0,21	22,79	0,10	0,01	348253,37
Erro	76	2,10	65,15	32,41	0,99	195,69	0,02	0,03	205916,23
Média Geral	-	62,27	123,79	48,17	2,48	37,53	1,04	2,07	2502,54
Média Prog.	-	62,32	123,25	47,66	2,50	37,40	1,03	2,07	2486,79
Média Test.	-	61,66	130,17	54,22	2,33	39,06	1,14	2,03	2691,53
CV(%)	-	2,32	6,52	11,81	40,01	37,27	16,33	8,66	18,13

\*, \*\* - Significativos, respectivamente, em nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste F. <sup>1</sup>-Dados transformados em  $\sqrt{x+0,5}$