

POTENCIAL GENÉTICO DE DUAS RAÇAS BRASILEIRAS DE MILHO PARA FINS DE MELHORAMENTO

II. CARACTERES DA PLANTA¹

MANOEL XAVIER DOS SANTOS², JOSÉ BRANCO DE MIRANDA FILHO
e CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JUNIOR³

RESUMO - Estudou-se o potencial genético das raças brasileiras de milho Cravo e Entrelaçado, com ênfase especial para altura da planta (AP), altura da espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NRP). Após o cruzamento inicial de cada uma das raças com a população melhorada e adaptada ESALQ-PB 1 (E), as populações semi-exóticas Cravo x ESALQ-PB 1 (EC) e Entrelaçado x ESALQ-PB 1 (EE) foram recombinadas duas vezes. Foram escolhidas 196 famílias de meios irmãos de cada população para constituírem o material experimental, objetivando verificar as mudanças ocorridas nas médias e determinar a potencialidade das populações EC e EE em relação à população adaptada E. Foram verificados benefícios com a introgressão de genes da raça Cravo, uma vez que as médias de AP, AE e NRP da população semi-exótica EC foram mais baixas que as da população adaptada, enquanto que para a população semi-exótica EE estes benefícios não foram verificados. Os valores encontrados para as estimativas dos parâmetros genéticos mostraram que para os três caracteres das populações semi-exóticas há possibilidades de serem conseguidos ganhos substanciais com esquemas simples de seleção.

Termos para indexação: *Zea mays*, introgressão, parâmetros genéticos.

GENETIC POTENTIAL OF TWO BRAZILIAN MAIZE RACES FOR BREEDING PURPOSES.

II. PLANT CHARACTERS

ABSTRACT - The genetic potential of the Brazilian maize races Cravo and Entrelaçado was evaluated with special attention on plant height (PH), ear height (EH) and number of tassel branches (NTB). After the initial cross of each race with the improved and adapted variety ESALQ-PB 1 (E), the adapted x exotic populations Cravo x ESALQ-PB 1 (EC) and Entrelaçado x ESALQ-PB 1 (EE) were recombined twice. A total of 196 half sib families of each recombined population were selected for experimental evaluations with the objective of measuring the effect of the introgression on the average yield and the yield potential of EC and EE populations in relation to the adapted E population. The benefits resulting from gene introgression of the Cravo race were verified since PH, EH and NTB means of the semi-exotic EC population were lower than those of the adapted population, while these benefits for the semi-exotic EE population were not verified. Values found for the estimates of genetic parameters showed that for the three characters studied, substantial gains are possible to obtain, using simple selection schemes.

Index terms: *Zea mays*, introgression, genetic parameters.

¹ Aceito para publicação em 5 de junho de 1990.

Extraído do trabalho apresentado pelo autor à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" para obtenção do título de Doutor em Agronomia, na área de Genética e Melhoramento de Plantas.

² Eng. - Agr., Dr., EMBRAPA/Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), Caixa Postal 151, CEP 35700 Sete Lagoas, MG.

³ Eng. - Agr., Dr., Prof., Dep. Genética ESALQ/USP, Caixa Postal 81, CEP 13400 Piracicaba, SP.

INTRODUÇÃO

A importância e o potencial de germoplasmas exóticos (não adaptados) de milho, para inclusão em programas de melhoramento, já foram amplamente enfatizados por inúmeros pesquisadores (Brown 1953 e 1975, Wellhausen 1956 e 1965, Brieger 1963, Bennet 1970, Zohary 1973, Brown & Goodman 1977, Du-

vick 1981, entre outros). No entanto, somente a partir da década de 70 é que houve o despertar para o problema da vulnerabilidade genética do milho, em decorrência do uso generalizado da macho-esterilidade citoplasmática tipo Texas. Isso causou estreitamento acentuado da base genética dos híbridos comerciais usados na época, apesar da extensa variabilidade, existente e disponível para os melhoristas nas coleções mundiais (Harlan 1961, Jensen 1962, Allard 1970, Hallauer & Miranda Filho 1981).

Sabendo-se que o sucesso de um programa de melhoramento está relacionado com a quantidade de variação genética presente na população, torna-se importante a ampliação da base genética das populações. Um dos mecanismos utilizados para este propósito tem sido a hibridação entre materiais adaptados e exóticos, podendo-se, posteriormente, selecionar os segregantes transgressivos (Hallauer 1978).

A potencialidade de incorporar germoplasmas exóticos em populações melhoradas e adaptadas tem sido relatada na literatura, tanto para redução da altura de planta e espiga (Vera & Crane 1970) quanto para redução no número de dias para florescimento (Hallauer & Sears 1972), entre outros caracteres. Convém ressaltar que, além dos efeitos positivos verificados nas médias destes caracteres, tem sido constatado que as populações semi-exóticas (resultantes do cruzamento entre materiais melhorados e exóticos) apresentaram variabilidade genética mais alta que as populações melhoradas (Goodman 1965, Shauman 1971, Moll & Smith 1981).

No Brasil, Brieger et al. (1958), Paterniani & Goodman (1977) mostraram o potencial de diversas raças exóticas e forneceram indicações daquelas mais promissoras para os programas de melhoramento. Entre estas raças destacaram-se a Cravo e a Entrelaçado, por apresentarem, respectivamente, grande número de fileiras na espiga e acentuado comprimento de espiga.

Considerando-se que atualmente um ideótipo de milho não se restringe somente a popu-

lações capazes de produzirem mais grãos (Anderson 1971, Mock & Pearce 1975), a incorporação de qualquer caráter poderá levar, futuramente, tanto para um aumento significativo da produção quanto para o melhoramento de caracteres relacionados à arquitetura e eficiência da planta. Entre estes caracteres, a altura de planta e de espiga têm merecido atenção especial, em virtude da importância dos mesmos no desempenho geral da cultura (Hallauer 1971, Souza Junior 1983, Aguillar Morán 1984, entre outros). Outro órgão que tem despertado interesse é a inflorescência masculina (pendão), uma vez que tem sido mostrado que pendões menores são benéficos para maiores produções, especialmente em ambientes menos favoráveis, tais como: deficiência de umidade, maior densidade populacional, e baixa fertilidade dos solos (Buren et al. 1974, Mock & Schuetz 1974).

A incorporação de genes de cada uma das duas raças brasileiras de milho na população melhorada e adaptada (ESALQ-PB1) constituiu os objetivos do presente trabalho, no qual se procura verificar, para os caracteres de altura de planta, altura de espiga e número de ramificações do pendão: a) as mudanças ocorridas nas médias das duas populações resultantes (semi-exóticas), em relação à população melhorada; b) a potencialidade genética das duas raças exóticas brasileiras para fins de melhoramento, através de comparações entre as estimativas de parâmetros genéticos das populações semi-exóticas *versus* as da população melhorada.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas duas raças brasileiras de milho e uma população melhorada e adaptada, sendo que dois híbridos comerciais (Ag 401 e C 511) serviram como testemunhas.

A população melhorada ESALQ-PB 1 foi obtida no departamento de genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", em Piracicaba, SP; apresenta porte e ciclo intermediários, boa produtividade, e sementes amarelas e variáveis quanto ao tipo (Paterniani et al. 1977). Do lote de recombinação,

do segundo ciclo de seleção, foram escolhidas as 196 melhores famílias de meios-irmãos, que constituíram uma parte do material experimental do presente estudo, sendo esta população doravante denominada E.

A amostra representativa da raça Cravo rio-grandense foi fornecida pelo Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), de Sete Lagoas, MG, destacando-se como caráter principal o grande número de fileiras de grãos, cujo valor médio é de 19,40. Além deste caráter, Paterniani & Goodman (1977) relataram as médias de altura de planta (249 cm), da altura de espiga (119 cm) e do número de ramificações do pendão (24). Em dezembro/81 foram efetuados os cruzamentos desta raça com a população E, realizando-se duas recombinações durante 1982/83.

As recombinações foram efetuadas em lotes isolados, utilizando-se uma amostra balanceada de sementes, tomando-se, aleatoriamente, 60 grãos de cada uma de aproximadamente 600 espigas. Após a segunda recombinação, foram escolhidas as 196 famílias de meios-irmãos que apresentavam quantidades suficientes de sementes para instalação dos ensaios e para guardá-las como remanescentes. Estas 196 famílias corresponderam à população semi-exótica Cravo x ESALQ-PB 1, contendo 50% de genes da raça Cravo e 50% de genes da população adaptada. Esta população semi-exótica doravante será denominada EC.

A amostra representativa da raça Entrelaçado foi fornecida pelo CNPMS, salientando-se como caráter principal o acentuado comprimento da espiga, cujo valor médio está ao redor de 29 cm (Paterniani & Goodman 1977). Para altura de planta e de espiga, os valores médios apresentados foram, respectivamente, 283 cm e 152 cm, sendo que para o número de ramificações do pendão a média apresentada foi 32. Os cruzamentos iniciais, recombinações e seleção de 196 famílias de meios-irmãos da população semi-exótica Entrelaçado x ESALQ-PB 1 (doravante denominada EE) foram feitos de modo semelhante ao da população semi-exótica EC.

As 196 famílias de meios-irmãos das populações E, EC e EE foram avaliadas em Piracicaba, SP, no ano agrícola de 1983/84. Para cada uma das populações foram instalados quatro experimentos, obedecendo ao delineamento em látice triplo 7 x 7. As testemunhas Ag 401 e C-511 foram colocadas sistematicamente no início, meio e final de cada experimento. O espaçamento utilizado foi de 1 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas dentro de fileiras; a unidade experimental consistiu de uma fileira de 5 m

de comprimento. Foram plantadas duas sementes por cova, sendo, posteriormente, realizado o desbaste para uma planta por cova.

As alturas das plantas (AP) e das espigas (AE) foram medidas em centímetros, tomando-se cinco plantas competitivas em cada parcela. A medição de altura da planta foi feita da superfície do solo até a inserção da última folha, ao passo que para altura da espiga a medição foi efetuada da superfície do solo até a inserção da primeira espiga.

Para o número de ramificações do pendão (NRP), foram também tomados, em cada parcela, cinco pendões de plantas competitivas. Os pendões foram cortados na parte basal, amarrados e etiquetados; no laboratório procedeu-se à contagem do número total de ramificações de cada pendão.

Considerando cada um dos caracteres e cada um dos experimentos, as análises de látice foram realizadas com as médias de parcelas, de acordo com o procedimento dado por Cochran & Cox (1957). O modelo matemático utilizado foi:

$$Y_{ijk} = \mu + p_i + q_j + b_{k(j)} + e_{ijk}, \quad \text{onde:}$$

- Y_{ijk} : média da progênie i no bloco k da repetição j;
- μ : média geral;
- p_i : efeito aleatório da progênie i; (i = 1, 2, ..., I);
- q_j : efeito aleatório da repetição j;
- $b_{k(j)}$: efeito aleatório do bloco k, na repetição j;
- e_{ijk} : erro intrabloco, ou seja, erro experimental associado ao tratamento i, dentro do bloco k na repetição j.

O esquema da análise de variância e as esperanças matemáticas dos quadrados médios são mostrados na Tabela 1. Após a análise de cada experimento, realizou-se, em seguida, a análise agrupada (pooled) dos experimentos, considerando cada caráter em estudo.

A obtenção e a interpretação dos componentes genéticos das esperanças dos quadrados médios foram feitas de acordo com a metodologia relatada por Vencovsky (1969). De acordo com as esperanças matemáticas dos quadrados médios, foram obtidas as seguintes estimativas:

$$\hat{\sigma}_p^2 = \left(\frac{Q_1 - Q_2}{r}\right); \hat{\sigma}_e^2 = \left(\frac{Q_2 - Q_3}{r}\right); \hat{\sigma}_d^2 = Q_3, \text{ onde:}$$

$\hat{\sigma}_p^2$ = variância genética entre famílias de meios-irmãos;

$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_P^2 =$ variância genética aditiva;

$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_P^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_d^2 =$ variância fenotípica ao nível de plantas;

$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2 = \hat{\sigma}_P^2 + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{r} + \frac{\hat{\sigma}_d^2}{nr} =$ variância fenotípica entre médias de famílias de meios-irmãos;

$\hat{\sigma}_d^2 =$ variância fenotípica dentro de parcelas;

$\hat{h}^2 = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_F^2} =$ herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas;

$\hat{h}_x^2 = \frac{\hat{\sigma}_P^2}{\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2} =$ herdabilidade ao nível de médias de famílias.

$r =$ número de repetições;

$n =$ número de plantas por parcela.

A partir destes dados, foram estimados os seguintes parâmetros:

a. coeficiente de variação genética:

$$CV_g\% = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_P^2} \cdot 100}{\mu};$$

b. coeficiente de variação experimental:

$$CV_e\% = \frac{\sqrt{Q_2} \cdot 100}{\mu};$$

c. índice de variação: $\theta = \frac{CV_g}{CV_e}$

$\theta =$ relação entre coeficiente de variação genética e coeficiente de variação experimental.

Os progressos genéticos esperados foram obtidos conforme as expressões dadas por Vencovsky (1978):

$$\Delta_s = k' \left(\frac{1}{4}\right) \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2} + k'' \left(\frac{3}{8}\right) \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_d^2}; \Delta_s' = k'' \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_F^2},$$

sendo:

$\Delta_s =$ progresso esperado com seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos;

$\Delta_s' =$ progresso esperado com seleção massal em ambos os sexos;

$k' =$ diferencial de seleção standardizado, correspondente a uma intensidade de seleção de 20% ($k' = 1,3998$);

$k'' =$ diferencial de seleção standardizado, correspondente a uma intensidade de seleção de 10% ($k'' = 1,755$);

$\sigma_{\bar{F}} =$ desvio-padrão fenotípico entre médias de famílias de meios-irmãos;

$\sigma_F =$ desvio-padrão fenotípico entre plantas;

$\sigma_d =$ desvio-padrão fenotípico dentro de famílias de meios-irmãos.

TABELA 1. Análise de variância segundo o delineamento em látice com as esperanças dos quadrados médios ao nível de médias de parcelas E(QM).

F.V.	G.L.	Q.M.	E(QM)	F
Famílias ajustadas	ξ_1	Q_1	$\frac{\hat{\sigma}_d^2}{n} + \sigma_e^2 + r\sigma_p^2$	$\frac{Q_1}{Q_2}$
Erro intrabloc	ξ_2	Q_2	$\frac{\hat{\sigma}_d^2}{n} + \sigma_e^2$	$\frac{Q_2}{Q_3}$
Dentro	ξ_3	Q_3	σ_d^2	

$\sigma_d^2 =$ Variância fenotípica dentro de parcelas;

$\sigma_e^2 =$ Variância do erro ambiental entre parcelas;

$\sigma_p^2 =$ Variância genética entre famílias de meios-irmãos;

$r =$ o número de repetições;

$n =$ o número de plantas por parcela ($n = 5$);

$Q_1, Q_2, Q_3 =$ Quadrados médios calculados a partir de médias de parcelas.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os valores médios obtidos para altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NRP), referentes às três populações e à média das testemunhas, encontram-se na Tabela 2, podendo-se constatar que a população semi-exótica Entrelaçado x ESALQ-PB 1 (EE) apresentou as médias mais altas para todos os caracteres. Pode-se também notar que as médias das testemunhas foram bem semelhantes às médias da população melhorada ESALQ-PB 1 (E), o que indica o bom desempenho da população E para os atributos agronômicos aqui estudados.

Em se tratando de populações semi-exóticas, a literatura tem mostrado que as médias de AP e AE apresentam valores mais altos (Goodman 1965, Shauman 1971) ou mais baixos (Troyer & Brown 1972, Genter 1976) que as médias da população melhorada, dependen-

TABELA 2. Valores médios obtidos para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NRP) referentes às três populações e à testemunha. Piracicaba, SP, 1983/84.

População	AP		AE		NRP	
	(cm/pl.)	%	(cm/pl.)	%	(ram./pl.)	%
ESALQ-PB 1	217,73	101,11	123,60	101,69	24,00	111,78
Cravo x ESALQ-PB 1	206,22	95,77	115,18	94,67	23,00	107,13
Entrelaçado x ESALQ-PB 1	231,01	107,28	130,87	107,57	28,28	131,72
Testemunha*	215,33	100,00	121,66	100,00	21,47	100,00

* Média das testemunhas Ag-401 e Cargill 511.

do dos germoplasmas exóticos que participaram nos cruzamentos e da população melhorada utilizada. Lembrando que as médias de AP das raças exóticas brasileiras Cravo e Entrelaçado eram, respectivamente, 12,45% e 22,97% mais altas que a média da população adaptada, pode-se verificar que com a introgressão de 50% de genes a população semi-exótica EC foi 5,5% mais baixa que a população melhorada (2,18 m), enquanto a população semi-exótica EE teve sua altura de planta 6% mais alta. Para altura da espiga foi observado o mesmo tipo de comportamento.

Observando-se, por outro lado, a distribuição das médias de AP e AE das três populações (Fig. 1 e 2), percebe-se que a população EC apresentou maior amplitude de variação do que a população adaptada, destacando-se os segregantes transgressivos que poderão ser selecionados e a maior concentração de famílias com AP e AE mais reduzidas. Para a população semi-exótica EE, apesar dos poucos segregantes transgressivos apresentados e de sua média ser um pouco mais alta (6%) que a da população melhorada, os resultados obtidos podem ser considerados animadores, desde que houve uma redução de AP de 18,4% em relação à média da raça Entrelaçado. Estes resultados são animadores, desde que mostram a potencialidade genética em selecionar família com AP e AE mais baixas, com a continuidade do programa de melhoramento.

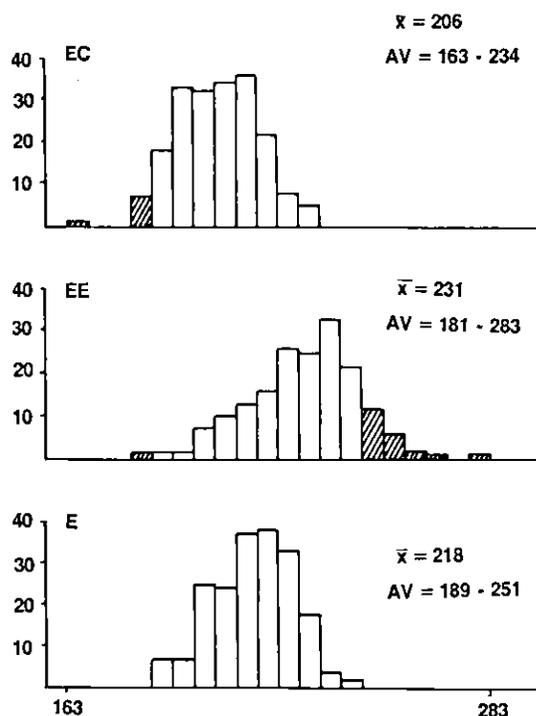


FIG. 1. Distribuição das médias para a altura de planta (cm), referente às três populações: EC-Cravo x ESALQ-PB1; EE-Entrelaçado x ESALQ-PB1 e E-ESALQ-PB1, destacando-se os segregantes transgressivos (área hachurada) em relação à população E; médias de progênies (\bar{x}) e amplitude de variação (AV). (Intervalo de classe = 6 e média das testemunhas = 215 cm).

Com relação ao caráter NRP (Tabela 2 e Fig. 3), a incorporação de genes exóticos na população melhorada afetou benéficamente a média da população semi-exótica EC, enquanto a população semi-exótica EE teve a sua média afetada negativamente (maior NRP que a população melhorada). Considerando os benefícios relatados para plantas com pendões menores (Hunter et al. 1969, Mock & Schuetz 1974, Geraldi 1977, Paterniani 1981), pode-se, assim, verificar a potencialidade da população EC para trabalhos a curto prazo.

Os valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância para

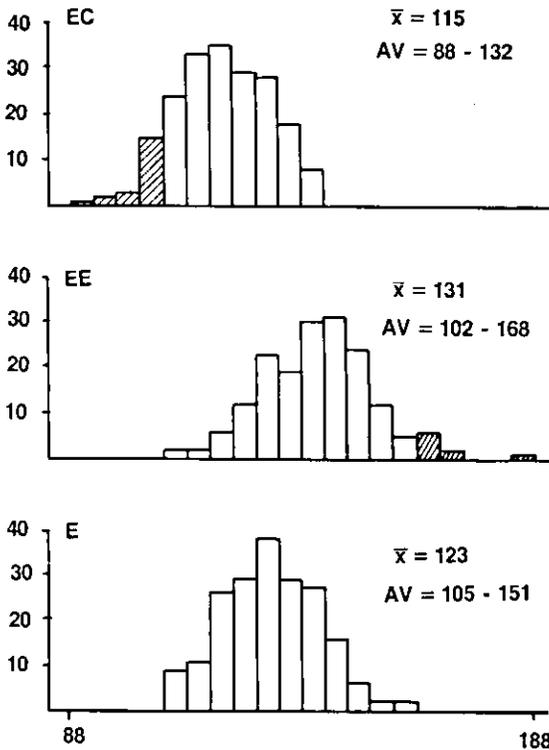


FIG. 2 Distribuição das médias para altura de espiga (cm), referente às três populações: EC-Cravo x ESALQ-PB1; EE-Entrelaçado x ESALQ-PB1, destacando-se os segregantes transgressivos (área hachurada) em relação à população E; médias de progênies (\bar{X}) e amplitude de variação (AV). (Intervalo de classe = 4 e média das testemunhas = 122 cm)

AP, AE e NRP podem ser vistos nas Tabelas 3, 4 e 5, verificando-se que para as três populações e caracteres os quadrados médios foram significativos para a variação entre famílias de meios-irmãos.

A precisão experimental dos ensaios pode ser considerada boa, tendo em vista que os

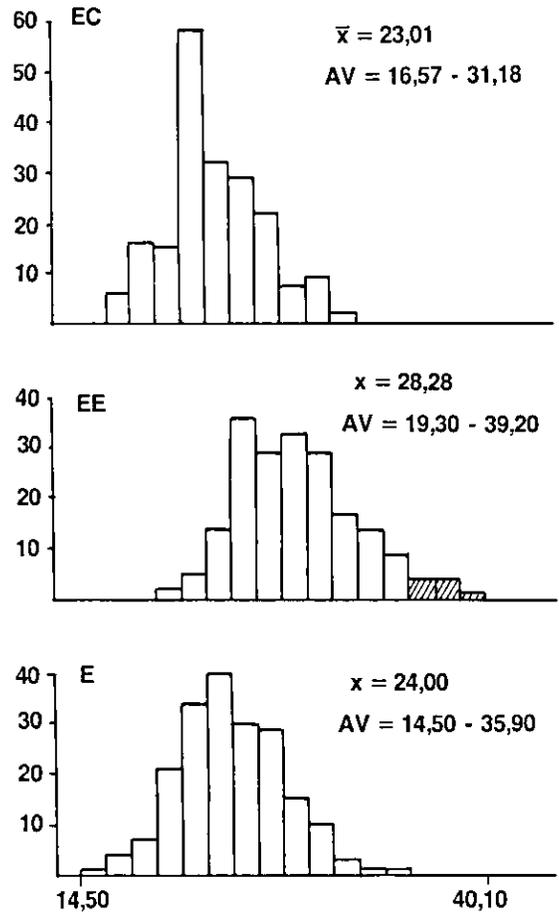


FIG. 3. Distribuição das médias para número de ramificações do pendão (n° de ram./planta), referente às três populações: EC-Cravo x ESALQ-PB1; EE-Entrelaçado x ESALQ-PB1 e E-ESALQ-PB1, destacando-se os segregantes transgressivos (área hachurada) em relação à população E; médias de progênies (\bar{X}) e amplitude de variação (AV). (Intervalo de classe = 1,60 e média das testemunhas = 21,47).

coeficientes de variação para AP, AE e NRP foram semelhantes ou mais baixos que os encontrados por Miranda Filho (1978), Lordelo (1982), Aguillar Morán (1984), entre outros.

A Tabela 6 evidencia as estimativas de parâmetros genéticos para cada um dos caracte-

res estudados nas três populações. Convém ressaltar, antes de qualquer comparação ou discussão de resultados, que a raça Cravo tem sido mantida na região sul do Brasil, sem muita introgressão com outras raças ou cultivares (Paterniani & Goodman 1977). Assim sendo,

TABELA 3. Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância agrupadas, eficiência do látice, coeficientes de variação experimental ($CV_e\%$), genético ($CV_g\%$) e dos índices de variação (θ), referentes ao caráter altura da planta ($cm/planta$)² e para as três populações. Piracicaba, SP, 1983/84.

F.V.	G.L.	Quadrados médios		
		ESALQ-PB1	Cravo x ESALQ-PB1	Entrelaçado x ESALQ-PB1
Repetições/Exp.	8	993,8237	2.570,6487	1.386,9037
Fam. ajustadas/Exp.	192	368,4635**	262,8958**	365,7396**
Erro intrablocos médio	312	205,1340	140,5028	172,7688
Dentro	2352	310,2296	277,0846	323,2470
Ef. látice		125,39	125,32	133,88
$CV_e\%$		6,57	5,74	5,68
$CV_g\%$		3,39	3,10	3,47
θ		0,52	0,54	0,61

** Significativo ao nível de 1% de probabilidade.

TABELA 4. Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância agrupadas, eficiência do látice, coeficientes de variação experimental ($CV_e\%$), genético ($CV_g\%$) e dos índices de variação (θ), referentes ao caráter altura de espiga ($cm/planta$)² e para as três populações. Piracicaba, SP, 1983/84.

F.V.	G.L.	Quadrados médios		
		ESALQ-PB1	Cravo x ESALQ-PB1	Entrelaçado x ESALQ-PB1
Repetições/Exp.	8	520,0725	1.475,6887	597,0775
Fam. ajustadas/Exp.	192	192,9584**	123,2865**	153,3437**
Erro intrablocos médio	312	103,4735	68,3325	87,0257
Dentro	2352	204,2644	174,2785	215,3516
Ef. látice		126,59	118,68	119,66
$CV_e\%$		8,22	7,17	7,13
$CV_g\%$		4,38	3,72	3,59
θ		0,53	0,52	0,50

** Significativo ao nível de 1% de probabilidade.

pressupõe-se que alguma seleção tenha sido praticada no sentido de escolher plantas com atributos agrônômicos desejáveis, não se tendo informações sobre o tamanho da amostra coletada, a cada ano, pelos agricultores, nem sobre o tamanho da área plantada. No que diz respeito à raça Entrelaçado, sabe-se que sua manutenção tem sido feita pelos índios da região amazônica, e que foram coletadas diversas amostras desta raça, em diferentes locais.

Verificando-se as estimativas das variâncias genéticas aditivas de AP e AE, pode-se observar que a população EC mostrou valores mais baixos que a população adaptada E, resultados estes que foram coerentes com os apresentados por Shauman (1971). Por outro lado, a estimativa da variância genética aditiva de AP foi mais alta para a população EE do que para a população adaptada, ocorrendo o inverso para AE. Efeitos similares foram observados por Goodman (1965) para uma população semi-exótica, em relação a uma população adaptada do "Corn Belt".

Lembrando-se, entretanto, a origem de cada uma das raças exóticas, era de se esperar que a

população EC não tenha exibido variabilidade genética maior que a população adaptada, tal como foi confirmado através das estimativas da variância genética aditiva e dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas e de médias (Tabela 6). Situação inversa ocorreu para o caráter AP da população EE, sendo que para AE as magnitudes relativas dos parâmetros genéticos estimadas foram mais ou menos semelhantes tanto para a população EE quanto para a população adaptada.

Convém lembrar que raros são os trabalhos encontrados na literatura que mencionem estimativas de parâmetros genéticos para populações semi-exóticas. Sobre este aspecto, Hallauer & Miranda Filho (1981) comentaram que os poucos resultados encontrados são, geralmente, positivos, e mesmo assim podem estar confundidos, como uma indicação do esforço que foi gasto em escolher e avaliar os germoplasmas exóticos. Desta forma, para averiguar a variabilidade e potencialidade genética de populações semi-exóticas, comparações têm sido feitas com os resultados de populações locais.

TABELA 5. Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises agrupadas, eficiência do látice, coeficientes de variação experimental ($CV_e\%$), genético ($CV_g\%$) e dos índices de variação (θ), referentes ao caráter número de ramificações do pendão (ram/planta)² e para as três populações. Piracicaba, SP, 1983/84.

F.V.	G.L.	Quadrados médios		
		ESALQ-PB1	Cravo x ESALQ-PB1	Entrelaçado x ESALQ-PB1
Repetições/Exp.	8	9,0237	32,2234	4,3538
Fam. ajustadas/Exp.	192	31,9573**	26,3935**	38,7631**
Erro intrabloco/Exp.	312	10,9650	9,6077	11,3136
Dentro	2532	38,9493	39,0751	47,5474
Ef. látice		101,99	102,30	106,58
$CV_e\%$		13,80	13,47	11,89
$CV_g\%$		11,02	10,28	10,69
θ		0,80	0,76	0,90

** Significativo ao nível de 1% de probabilidade.

Comparando-se, então, os resultados do presente estudo com os relatados através de um levantamento efetuado por Santos (1985), verificou-se que, tanto para AP quanto para AE, as estimativas das variâncias genéticas aditivas, dos índices de variação Θ , dos coeficientes de variação genética, e dos coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas e de médias encontravam-se dentro da amplitude de variação, mostrando a potencialidade genética das duas populações semi-exóticas para fins de melhoramento.

Com relação ao caráter NRP, as estimativas das variâncias genéticas aditivas (Tabela 6) mostraram que a população EE apresentou o valor mais elevado, ficando a população adaptada com um valor intermediário e a população EC com a estimativa mais baixa. Resultados similares foram também observados para as estimativas dos coeficientes de herdabilidade ao nível de plantas e de médias. Comparando-se as estimativas aqui obtidas

com a estimativa média de nove populações (Santos 1985), ficou evidenciada a superioridade das populações semi-exóticas, mostrando a considerável quantidade de variabilidade genética para melhorar a eficiência da planta.

Para as três populações e para os três caracteres estudados, a Tabela 7 mostra os progressos genéticos esperados através da seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos com sementes remanescentes (SEDFMI) e com seleção massal em ambos os sexos (SM). Nota-se que os maiores valores foram apresentados pela população semi-exótica EE, exceção feita para o caráter altura de espiga. Outro ponto que merece ser salientado é o fato de que os progressos genéticos esperados com SM (6,9% a 8,8%) foram maiores do que com a SEDFMI, indicando ser a seleção massal mais eficiente. Resultados desta natureza foram também relatados para altura de planta e de espiga (Vera & Crane 1970, Hallauer & Sears 1972), tendo em vista que ganhos entre

TABELA 6. Estimativas obtidas para a variância genética entre famílias ($\hat{\sigma}_p^2$), variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância ambiental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), variância fenotípica dentro de famílias ($\hat{\sigma}_d^2$), variâncias fenotípicas entre plantas ($\hat{\sigma}_F^2$) e entre médias de famílias ($\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$) e para os coeficientes de herdabilidade no sentido restrito ao nível de plantas ($\hat{h}_{\bar{x}}^2$) e ao nível de médias (\hat{h}_x^2) em percentagem, referentes às três populações e aos caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e número de ramificações de pendão (NRP). Piracicaba, SP, 1983/84.

	ESALQ-PB1			Cravo x ESALQ-PB1			Entrelaçado x ESALQ-PB1		
	AP	AE	NRP	AP	AE	NRP	AP	AE	NRP
$\hat{\sigma}_p^2$	54,44	29,83	6,98	40,80	18,32	5,59	64,32	22,10	9,15
$\hat{\sigma}_A^2$	217,77	119,31	27,99	163,19	73,27	22,38	257,29	88,42	36,60
$\hat{\sigma}_e^2$	143,09	62,62	3,17	85,08	33,48	1,79	108,12	43,95	1,80
$\hat{\sigma}_d^2$	310,23	204,26	38,95	277,08	174,28	39,07	323,25	215,35	47,55
$\hat{\sigma}_F^2$	507,76	296,71	49,12	402,97	226,07	46,46	495,69	281,41	58,50
$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	122,82	64,32	10,65	87,63	41,09	8,80	121,91	51,11	12,92
$\hat{h}^2_{\%}$	42,88	40,21	56,98	40,50	31,97	48,17	51,90	31,42	62,56
$\hat{h}^2_{\bar{x}\%}$	44,33	46,37	65,69	46,55	44,57	63,60	52,76	43,25	70,81

AP e AE: estimativas em (cm/planta)².

NRP: estimativas em (n² ram./planta)².

TABELA 7. Estimativas dos progressos genéticos esperados (Δ_s) para as três populações através do processo de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos (I) e de seleção massal em ambos os sexos (II), considerando os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e número de ramificações do pendão (NRP). Piracicaba, SP, 1983/84.

População	Processo de seleção	AP		AE		NRP	
		Δ_s (cm/planta)	$\Delta_s\%$	Δ_s (cm/planta)	$\Delta_s\%$	Δ_s (nº ram./pl.)	$\Delta_s\%$
ESALQ-PB 1	I*	12,13	5,57	10,70	8,65	5,95	24,79
	II+	17,00	7,80	12,18	9,85	7,02	29,26
Cravo x ESALQ-PB 1	I	12,57	6,09	7,66	6,65	5,00	21,74
	II	14,30	6,90	8,56	7,43	5,77	25,09
Entrelaçado x ESALQ-PB 1	I	17,59	7,61	8,31	6,34	7,06	24,96
	II	20,34	8,80	9,28	7,09	8,42	29,77

*I: considerou-se a intensidade de seleção de 20% entre famílias e de 10% dentro de famílias;

+II: considerou-se a intensidade de seleção de 10%;

£ : progresso genético esperado em percentagem.

4,5% a 15% foram conseguidos com a seleção massal.

Segundo Geraldi (1977), Hallauer & Miranda Filho (1981) e Souza Junior (1983), os caracteres que apresentam herdabilidades relativamente altas indicam que boa parte da variação fenotípica total existente é atribuída à variância genética aditiva. Isto foi comprovado no presente estudo para os caracteres de AP, AE e NRP, acreditando-se que progressos genéticos serão conseguidos, mesmo com a utilização de métodos simples de melhoramento, como a seleção massal.

CONCLUSÕES

1. Os benefícios resultantes da introgressão de 50% de genes da raça Cravo foram confirmados na população semi-exótica EC, uma vez que, tanto para altura de planta quanto para altura de espiga, suas médias foram mais baixas que a da população adaptada. Para a população semi-exótica EE, as médias foram um pouco mais altas que as da população

adaptada, mas, em relação à raça Entrelaçado houve, aproximadamente, uma redução de 15% para ambos os caracteres.

2. Verificou-se a presença de suficiente variabilidade genética para altura de planta e de espiga nas duas populações semi-exóticas, uma vez que valores relativamente altos foram encontrados para os parâmetros genéticos estimados, podendo-se conseguir ganhos substanciais com esquemas simples de seleção.

3. A presença de genes da raça Cravo na população adaptada teve um efeito benéfico em reduzir a média do número de ramificações do pendão da população EC. A incorporação de 50% de genes da raça Entrelaçado na população melhorada aumentou, para este caráter, a média da população semi-exótica EE, em relação a população adaptada E.

4. Os valores, relativamente altos, encontrados para as estimativas dos parâmetros genéticos, mostraram que poderão ser conseguidos ganhos para reduzir o número de ramificações do pendão das três populações utilizando-se de métodos simples de melhoramento, como a seleção massal.

5. Sugere-se, antes de efetuar a introgressão de genes exóticos numa população adaptada, que sejam realizados alguns ciclos de seleção massal acompanhados de suave seleção para os caracteres agronômicos desejáveis, principalmente, quando a procedência do germoplasma for de região bem diferente.

REFERÊNCIAS

AGUILLAR MORÁN, J.F. **Avaliação do potencial de linhagens e respectivos testadores obtidos de duas populações de milho (*Zea mays* L.)**. Piracicaba, SP, ESALQ-USP, 1984. 118p. Dissertação Mestrado.

ALLARD R.W. Population structure and sampling methods. In: FRANKEL, O.H. & BENNET, E., ed. **Genetic Resources in Plants**. Oxford, Blackwell Scientific, 1970. p.97-108.

ANDERSON, I.C. Crops of the future. **Crops Soils**, 23:9-11, 1971.

BENNET, E. Adaptation in wild and cultivated plants populations. In: FRANKEL, O.H. & BENNET, E. ed. **Genetic Resources in Plants**. Oxford, Blackwell Scientific, 1970. p.115-130.

BRIEGER, F.G. Collection and evaluation of indigenous races of corn. **Gen. Agrária**, 63:259-64, 1963.

BRIEGER, F.G.; GURGEL, J.T.A.; PATERNIANI, E.; BLUMENSCHEN, A.; ALLEONI, M.R. **Races of maize in Brazil and other eastern South American Countries**. Washington, National Academy of Sciences-NSR, 1958. 110p. (Publication, 593)

BROWN, W.L. A broader germplasm base in corn and sorghum. In: ANNUAL HYBRID CORN IND. RES. CONF., 30, Washington, **Proceedings...** Washington, ASTA, 1975. p.81-89.

BROWN, W.L. Sources of germplasm for hybrid corn. In: ANNUAL HYBRID CORN IND. RES. CONF., 8, Washington, **Proceedings...** Washington, ASTA, 1953. p.11-16.

BROWN, W.L. & GOODMAN, M.M. Races of maize. In: SPRAGUE, G.F., ed. **Corn and Corn Improvement**. Madison, American Soc. Agron., 1977. p.97-108.

BUREN, L.L.; MOCK, W.J.; ANDERSON, I.C. Morphological and physiological traits in maize associated with tolerance to high plant density. **Crop Sci.**, 14:426-29, 1974.

COCHRAN, W.G. & COX, G.M. **Experimental designs**. New York, John Wiley, 1957. 611p.

DUVICK, D.N. Genetic diversity in major crops on the form and in reserve. In: INTERNATIONAL BOTANICAL CONGRESS, 13, Sidney, Australia. **Annals...** Sidney, Austrália, 1981. p.1-28.

GENTER, C.F. Mass selection in a composite of intercrosses of Mexican races of maize. **Crop Sci.**, 16:556-58, 1976.

GERALDI, I.O. **Estimação de parâmetros genéticos para caracteres de pendão do milho (*Zea mays* L.) e perspectivas do melhoramento**. Piracicaba, ESALQ/USP, 1977. 103p. Dissertação Mestrado.

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

HALLAUER, A.R. Change in genetic variance for seven plant and ear traits after four cycles of reciprocal recurrent selection for yield in maize. **Iowa State J. Sci.**, 45:575-93, 1971.

HALLAUER, A.R. Potential of exotic germplasm for maize improvement. In: INTERNATIONAL MAIZE SYMPOSIUM, W.L. Walden, New York, 1978. p.229-49.

HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. Ames, Iowa State University Press, 1981. 468p.

HALLAUER, A.R. & SEARS, J.H. Integrating exotic germplasm into corn belt breeding programs. **Crop Sci.**, 2:203-206, 1972.

HARLAN, J.R. Agricultural origins: centers and noncenters. **Science**, 174:468-74, 1961.

HUNTER, R.B.; MORTIMORE, G.G.; KENNERBERG, L.W. Inbred maize performance following tassel and leaf removal. **Crop Sci.**, 4:405-6, 1969.

JENSEN, N.F. A world germplasm bank for cereal. **Crop Sci.**, 2:361-63, 1962.

- LORDELO, J.A. **Parâmetros genéticos das populações de milho Piranão VD-2 e Piranão VF-1.** Piracicaba, ESALQ/USP, 1982. 63p. Dissertação Mestrado.
- MIRANDA FILHO, J.B. Herdabilidade de altura de planta e da espiga na população ESALQ-PB 1. **Relat. Ci. Inst. Genét. Esc. Sup. Agric. Luiz de Queiroz**, Piracicaba, 12:116-21, 1978.
- MOCK, J.J. & PEARCE, R.B. An ideotype of maize. **Euphytica**, 24:613-23, 1975.
- MOCK, J.J. & SCHUETZ, S.H. Inheritance of tassel branch number in maize. **Crop Sci.**, 14:885-98, 1974.
- MOLL, R.H. & SMITH, O.S. Genetic variances and responses in an advanced generation of a hybrid of widely divergent populations of maize. **Crop Sci.**, 21:387-91, 1981.
- PATERNIANI, E. Influence of tassel size on ear placement in maize (*Zea mays* L.) **Maydica**, 26:85-91, 1981.
- PATERNIANI, E. & GOODMAN, M.M. **Races of maize in Brazil and adjacent areas.** Mexico, CIMMYT, 1977. 95p.
- PATERNIANI, E.; ZINSLY, J.R.; MIRANDA FILHO, J.B. Populações melhoradas de milho obtidas pelo Instituto de Genética. **Rel. Ci. Inst. Genét. Esc. Sup. Agric. Luiz de Queiroz**, Piracicaba, 11:108-114, 1977.
- SANTOS, M.X. **Estudo do potencial genético de duas raças brasileiras de milho (*Zea mays* L.) para fins de melhoramento.** Piracicaba, ESALQ/USP, 1985. 185p. Tese Doutorado.
- SHAUMAN, W.L. **Effect of incorporation of exotic germplasm on the genetic variance components of an adapted oopen-pollinated corn variety at two plant population densities.** Nebraska, s.ed., 1971. 93p. Tese Doutorado.
- SOUZA JUNIOR, C.L.S. **Variabilidade genética em milho e relações com a seleção recorrente intra e interpopulacional.** Piracicaba, ESALQ/USP, 1983. 151p. Tese Doutorado.
- TROYER, A.F. & BROWN, W.L. Selection for early flowering in corn. **Crop Sci.**, 12:301-304, 1972.
- VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR, W.E. **Melhoramento e genética.** São Paulo, Melhoramento, 1969. p.17-38.
- VENCOVSKY, R. Herança Quantitativa. In: FUNDAÇÃO CARGILL, Piracicaba, SP. **Produção e melhoramento de milho no Brasil.** Piracicaba, 1978. p.122-201.
- VERA, G.A. & CRANE, P.L. Effects of selection for lower ear height in synthetic populations of maize. **Crop Sci.**, 10:286-288, 1970.
- WALLHAUSEN, E.J. Improving american corn with exotic germplasm. In: ANNUAL HYBRID CORN IND. RES. CONF., 11, Washington, **Proceedings . . .** Washington, ASTA, 1956. p.85-96.
- WELLHAUSEN, E.J. Exotic germplasm for improvement of corn belt maize. In: ANNUAL HYBRID CORN IND. RES. CONF., 20, Washington, **Proceedings . . .** Washington, ASTA, 1965. p.11-45.
- ZOHARY, D. Gene pools for plant breeding. In: AGRICULTURAL Genetics-Selected Topics. Jerusalem, Rom. Noav., Department of Genetics, 1973. p.177-83.