

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE ENGENHARIA DE ILHA SOLTEIRA
PÓS GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

**POTENCIAL DO COMPOSTO FLINTISA ANÃO DE MILHO PARA
MELHORAMENTO EM CONDIÇÕES DE ALTA DENSIDADE
POPULACIONAL**

Fabiana Queiroz Garcia
(Bióloga)

Orientador: Prof. Dr. João Antonio da Costa Andrade

Dissertação apresentada à Faculdade
de Engenharia de Ilha Solteira da
Universidade Estadual Paulista –
UNESP, como parte das exigências

ILHA SOLTEIRA
SÃO PAULO – BRASIL
JULHO – 2005

À meus pais Antônio e Inácia Garcia

por tudo que me ensinaram , pelo amor, carinho e confiança que depositaram em mim ...

DEDICO

*À Geovanna Garcia, minha filha querida.
Que me fez ter força para lutar.*

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

À Deus, pelo “Dom da Vida” e por todas as graças recebidas a cada momento de minha vida.

Aos meus pais, irmãos, Karina, Ana Júlia e Ismael pelo carinho, apoio e incentivo aos estudos. Por mesmo longe, sempre estarem presentes em minha vida. Amo muito vocês!!

A minha filha amada, por ter acompanhado a mamãe no campo e no laboratório, pela paciência em esperar a mamãe nos intervalos de aula, no portão de casa nas poucas horas que tinha para lhe dar atenção. Você me deu força para continuar... Obrigada Filha!

Ao Prof. Dr. João Antonio da Costa Andrade, não somente pela orientação, paciência e confiança, mas também pela amizade que se criou.

A todos professores do Curso de pós graduação em Agronomia (Sistemas de Produção), especialmente ao professor Dr. Marco Eustáquio de Sá pelos ensinamentos, respeito e atenção dedicada nos momentos de dúvidas.

Aos funcionários da Fazenda de Ensino e Pesquisa da FEIS pela colaboração durante a montagem e condução dos experimentos.

Às amigas Liliam Sílvia Candido, pelos ensinamentos, apoio, paciência e pelo companheirismo nas longas madrugadas no laboratório de Genética Quantitativa, à Larissa Cardoso de Lima pela atenção, amizade e pelo incentivo nos momentos difíceis e à Maria Monteverde pela presença nas horas que precisei. Amizades que sempre estarão guardadas do lado esquerdo do peito...

Às amigas de república Maria Monteverde, Liliam Sílvia Candido, Márcia Scabora, Flávia Delbem, Renata Moura, Fabiana Azevedo, Francislene Mendonça e aos agregados

Reinaldão, Guilherme e Kazuo pelo convívio, amizade e apoio principalmente na hora de cuidar da Geovanna (que paciência!).

Aos colegas Jôse Aline, Flávio Hiroshi, Carlos Hernesto, Roberta, Gabriela pela colaboração nos trabalhos de campo e laboratório. Principalmente às amigas Flávia Delbem, Jôse Aline, Maria Monteverde e ao meu irmão Carlos Henrique pela grande ajuda prestada na condução dos ensaios e tomadas de dados no campo.

Aos amigos do curso de pós graduação Larissa Cardoso, Jôse Aline, Maria Monteverde, Márcia Mota, Luana, Alex, Talles, Mércia, Chiquinho, Edir, Aguinaldo, Adriano, Márcio, Flávia, Elaine, Hemerson, Cid e Janete pelo convívio e amizade.

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

*“QUEM ADQUIRIR SABEDORIA, AMA
SUA PRÓPIA ALMA, QUEM
CONSERVA O ENTENDIMENTO,
PROSPERA...”*

Provérbios; cap.19; vers.18.

**POTENCIAL DO COMPOSTO FLINTISA ANÃO DE MILHO PARA
MELHORAMENTO EM CONDIÇÕES DE ALTA DENSIDADE POPULACIONAL**

Autora: Fabiana Queiroz Garcia

Orientador: João Antonio da Costa Andrade

RESUMO

Técnicas como a redução do espaçamento entre linhas, permitindo um melhor arranjo das plantas no campo, juntamente com o aumento da densidade de semeadura, podem ser empregadas para aumentar a interceptação da radiação solar, visando o aumento do rendimento para cultivares de milho. O objetivo deste trabalho foi quantificar a variação genética do Composto Flintisa Anão de milho, verificando se o mesmo apresenta potencial para melhoramento em condições de espaçamento reduzido e alta densidade populacional, em duas épocas de semeadura (normal e safrinha). Foram avaliadas, 150 progênies na safrinha/2004 e 118 na época normal (safra 2004/05), no espaçamento de 0,45 m entre linhas

e densidade de 80.000 plantas ha⁻¹, para os caracteres florescimento feminino, altura de plantas, altura de espigas, tombamento, prolificidade, grãos ardidos, rendimento. Variância genética aditiva, herdabilidade, correlação entre os caracteres, resposta correlacionada de um caráter mediante a seleção em outro e ganho esperado com seleção foram estimados para cada época e conjuntamente, considerando as progênies comuns nos dois ambientes. As herdabilidades estimadas foram 84,91 e 61,27% para altura de plantas, 80,90 e 66,86% para altura de espigas, 39,59 e 48,60% para tombamento, 60,12 e 45,01% para prolificidade e 78,07 e 63,32% para rendimento, respectivamente para época normal e safrinha. Os ganhos esperados com seleção de intensidade 20% foram 23,78 e 19,2% para rendimento, 12,36 e 10,5% para prolificidade e 19,10 e 12,9% para altura de espigas, respectivamente para época normal e safrinha. Considerando a análise conjunta, as herdabilidades e ganhos foram intermediários entre as duas épocas. As magnitudes dos parâmetros genéticos permitiram verificar que existe suficiente variabilidade genética no Composto Flintisa Anão, indicando a possibilidade de ganhos substanciais com a seleção nas condições de alta população e espaçamento reduzido para as duas épocas de semeadura e também para obtenção de uma única população para ambas as épocas. No entanto, como houve interação progênies x época, principalmente para rendimento de grãos, recomenda-se o estabelecimento de programas distintos, procurando adaptação específica para cada ambiente.

Termos de indexação: espaçamento reduzido, arranjo de plantas, interação genótipo x ambiente, época de semeadura, variabilidade genética, parâmetros genéticos.

**Potential of a Dwarf Flintisa Composite of maize for improvement in reduced spacing
and high plant density**

Abstract - Techniques as spacing row reduction, allowing a better plant arrangement in the field, together with the increase of the sowing density, can be used to increase the interception of the solar radiation, seeking the increase of the grain yield for some maize cultivars. The objective of this work was to quantify the genetic variation of the Dwarf Flintisa Composite of maize, to verify its potential for improvement in reduced spacing between rows and high density of plants in two seasons (summer planting and no crop season). There were evaluated 150 progenies in no crop season (March to July/2004) and 118 progenies in summer planting (November/2004 to March/2005), in 0.45 m spacing rows and density of 80000 plants ha⁻¹, for the traits feminine flowering, plant height, ear height, fall index, prolificacy, burning grains and grain yield. Addictive genetic variance, heritability correlation between traits, correlated answer of a trait by selection in other and expected gain selection, were estimated for each season and jointly. The heritability estimates were 84,91 e 61,27% for plant height, 80,90 e 66,86% for year height, 60.12 e 45.01% for prolificacy e 78.07 e 63.32% for grain yield, respectively to summer planting and no crop season. The expected gain with selection of 20% intensity were 23.78 and 19.2% for grain yield, 12.36 and 10.5% for prolificacy and 19.10 and 12.9% for ear height, respectively for summer crop and no crop season. In the joint analyses the heritabilities and expected gains were intermediate between two crop season. The genetics parameters magnitude showed that enough genetic variability in Dwarf Flintisa Composite indicating the possibility of substantial gain with selection in conditions of high density and reducing spacing between rows in summer crop and no crop season, and too to obtain a unique adapted population for both season. However, with there was progenies x season interaction, mainly grain yield, it is recommended two distinct program, for specific

adaptation environment.

Index terms: half sib progenies, plant arrangement, genotype x environment interactions, sowing season, genetic variation, genetic parameters.

LISTA DE TABELAS

	Página
Tabela 1- Esquema da análise de variância individual para cada experimento, com as respectivas esperanças dos quadrados médios.	38
Tabela 2 - Esquema da análise de variância agrupada para cada época estudada, com as respectivas esperanças dos quadrados médios.	38
Tabela 3 - Esquema da análise de variância conjunta com as respectivas esperanças dos quadrados médios.	41
Tabela 4 - Esquema da análise de variância conjunta agrupada envolvendo os três experimentos, com as respectivas esperanças dos quadrados médios.	42
Tabela 5 - Esquemas das análises de covariâncias agrupadas para cada época, e conjunta agrupada, com as respectivas esperanças dos produtos médios.	43
Tabela 6 - Médias, coeficientes de variação e quadrados médios das análises de variância individuais para os caracteres florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em cm), altura de espigas (AE em cm), tombamento (TOMB em %), prolificidade (PRO em espigas/planta), grãos ardidos (GA em notas) e rendimento (REND em kg/parcela), na época normal. Composto Flintisa Anão, Selvíria – MS, março de 2005.	75
Tabela 7 - Médias, coeficientes de variação e quadrados médios das análises de variância individuais para os caracteres florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em cm), altura de espigas (AE em cm), tombamento (TOMB em %), prolificidade (PRO em espigas/planta), grãos ardidos (GA em notas) e rendimento (REND em kg/parcela), na safrinha. Composto Flintisa Anão, Selvíria – MS, julho de 2004.	76

- Tabela 8 – Valores dos cocientes entre o maior e o menor quadrados médios residual das análises individuais para florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), tombamento (TOMB), prolificidade (PRO), grãos ardidos (GA), Rendimento (REND), para época normal, safrinha e conjunta. Composto Flintisa Anão, Selvíria-MS, Julho de 2004 e março de 2005. 77
- Tabela 9 – Médias, coeficientes de variação e quadrados médios das análises de variância agrupadas para época normal e safrinha, para os caracteres florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em cm), altura de espigas (AE em cm), tombamento (TOMB em %), prolificidade (PRO em espigas/planta), grãos ardidos (GA em notas) e rendimento (REND em kg/parcela). Composto Flintisa Anão, Selvíria – MS, julho de 2004 e março de 2005. 78
- Tabela 10 – Médias, coeficientes de variação e quadrados médios das análises de variância conjuntas para época normal e safrinha, para os caracteres florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em cm), altura de espigas (AE em cm), tombamento (TOMB em %), prolificidade (PRO em espigas/planta), grãos ardidos (GA em notas) e rendimento (REND em kg/parcela). Composto Flintisa Anão, Selvíria – MS, julho de 2004 e março de 2005. 79
- Tabela 11 – Análises de variância conjuntas agrupadas para as épocas normal e safrinha, para os caracteres florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em cm), altura de espigas (AE em cm), tombamento (TOMB em %), prolificidade (PRO em espigas/planta), grãos ardidos (GA em notas) e rendimento (REND em kg/parcela), avaliado na densidade de 80.000 plantas ha⁻¹. Composto Flintisa Anão, Selvíria – MS, julho de 2004 e março de 2005. 80
- Tabela 12 - Estimativas de variância ambiental, variância de progênies, variância genética aditiva, variância fenotípica média, coeficiente de variação genético, herdabilidade, índice de variação e ganho com seleção

(intensidade 20%) nas épocas de safrinha e normal para os caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), tombamento (TOMB), prolificidade (PRO), grãos ardidos (GA) e rendimento (REND) em época normal e safrinha. Composto Flintisa Anão. Selvíria – MS, julho de 2004 e março de 2005.

81

Tabela 13 - Estimativas de variância ambiental, variância genética de progênes, variância genética aditiva, variância fenotípica média, coeficiente de variação genético, herdabilidade, índice de variação e ganho com seleção (intensidade 20%) para a análise conjunta agrupada envolvendo as épocas normal e safrinha, para os caracteres florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em cm), altura de espigas (AE em cm), tombamento (TOMB em %), prolificidade (PRO em espiga/planta), grãos ardidos (GA porcentagem de nota) e rendimento (REND em kg/parcela). Composto Flintisa Anão. Selvíria – MS, julho de 2004 e março de 2005.

82

Tabela 14 – Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva (acima da diagonal) e fenotípica (abaixo da diagonal) entre os caracteres, florescimento feminino (FF) altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PRO), rendimento (REND), enfezamento (ENF), tombamento (TOMB) e grãos ardidos (GA) em época normal. Composto Flintisa Anão. Selvíria – MS, março de 2005.

83

Tabela 15 – Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva (acima da diagonal) e fenotípica (abaixo da diagonal) entre os caracteres, florescimento feminino (FF) altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PRO), rendimento (REND), tombamento (TOMB) e grãos ardidos (GA) na safrinha. Composto Flintisa Anão. Selvíria – MS, julho de 2004.

83

Tabela 16 – Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva (acima da diagonal) e fenotípica (abaixo da diagonal) entre os caracteres, florescimento feminino (FF) altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PRO), rendimento (REND), tombamento

(TOMB) e grãos ardidos (GA) para as épocas normal e safrinha, analisadas conjuntamente. Composto Flintisa Anão. Selvíria – MS, julho de 2004 e março de 2005.

83

Tabela 17 – Estimativas das respostas correlacionadas (%) nos caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PRO), rendimento (REND), enfezamento (ENF), tombamento (TOMB) e grãos ardidos (GA) em época normal. Composto Flintisa Anão, Selvíria – MS, março de 2005.

84

Tabela 18 – Estimativas das respostas correlacionadas (%) nos caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PRO), rendimento (REND), tombamento (TOMB) e grãos ardidos (GA) na safrinha. Composto Flintisa Anão, Selvíria – MS, julho de 2004.

84

Tabela 19 – Estimativas das respostas correlacionadas (%) nos caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PRO), rendimento (REND), tombamento (TOMB) e grãos ardidos (GA) nas épocas normal e safrinha analisados conjuntamente. Composto Flintisa Anão, Selvíria – MS, julho de 2004 e março de 2005.

84

SUMÁRIO

	Página
1. INTRODUÇÃO.....	16
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	20
2.1. UTILIZAÇÃO DO MILHO.....	20
2.2. EFEITO DO ARRANJO DE PLANTAS NA CULTURA DO MILHO.....	21
2.3.UTILIZAÇÃO DE PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS NO MELHORAMENTO DE MILHO.....	23
2.4. ESTIMATIVAS DOS COMPONENTES DE VARIÂNCIA GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE MILHO.....	26
3. MATERIAIS E MÉTODOS.....	33
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	45
4.1. MÉDIAS E AMPLITUDES DAS VARIAÇÕES DAS PROGÊNIES DE MEIOS IRMÃOS.....	45
4.2. ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS.....	50
4.3. CORRELAÇÕES.....	56
5. CONCLUSÕES.....	60
6. REFERÊNCIAS.....	61
7. TABELAS.....	74

1. INTRODUÇÃO

Na cultura do milho a competição intraespecífica pelos recursos do meio é muito forte e as alterações morfofisiológicas promovidas na planta nos últimos anos, como redução do porte, do ângulo de inserção das folhas, do ciclo de vida e da velocidade de perda de água pelas espigas na senescência da planta, obrigam a revisão de procedimentos para o estabelecimento e condução da cultura. O espaçamento, a densidade de plantas e, até mesmo, aspectos ligados à nutrição ou à fertilização do solo, devem ser revistos, visando dar condições ótimas para o máximo rendimento.

O milho não apresenta saturação lumínica e o aproveitamento da energia radiante incidente é fundamental para se atingir altos níveis de rendimento (SANTOS et al., 1980, p.60). O aproveitamento efetivo de luz pelo milho depende muito da estrutura da planta, principalmente da distribuição espacial das folhas. O aumento da população procura saturar o campo com plantas dispostas em uma ordem que intercepte toda radiação solar, fixando sua energia quimicamente pela fotossíntese e promovendo maior translocação de fotoassimilados para os grãos. A mudança na arquitetura do milho, utilizando diversos

mutantes, é uma extensão da tendência já existente no “Corn Belt” (USA), para adaptação de modo crescente a densidades mais altas de plantas. A confecção de um “super milho”, adaptado a um certo ambiente, depende da combinação de genes que, cooperativamente, servem à proposta adaptativa (GALINAT, 1998, p.82-83).

Diferenças morfofisiológicas entre cultivares implicam em diferentes respostas quando se alteram a população de plantas e os espaçamentos entre as linhas e entre as plantas na linha. Cultivares com arquiteturas não adaptadas, muito altas e com folhas horizontais, apresentam maior competição entre plantas sob altas populações, diminuindo significativamente o rendimento (OLIVEIRA, 1993, p.931-945). A teoria também indica que uma perfeita distribuição de plantas é a condição ideal para o aproveitamento máximo do potencial genético de cada cultivar. O sistema de cultivo em linhas, normalmente adotado pelos agricultores, implica em uma forte competição dentro das linhas enquanto que entre as mesmas há desperdício de espaço, água, luz e nutrientes. No entanto, as diferenças na arquitetura das cultivares implicam em diferentes respostas quando se diminui o espaçamento entre as linhas e se aumenta ou não o espaçamento entre plantas na linha.

Portanto a obtenção e melhoramento de populações adaptadas à condição de alta densidade e melhor arranjo das plantas na área é uma tarefa para os melhoristas. Como no Brasil a tendência de se usar espaçamentos reduzidos é recente, não se tem notícias de trabalhos de melhoramento voltados para esse sistema. O que existe são avaliações do comportamento de cultivares já existentes como realizados por Mundstock (1978, p.13-18), Endres & Teixeira (1997, p.108-110), Argenta et al. (2001a, p.71-78), Argenta et al. (2001b, p.1075-1084), Penariol et al. (2003, p.52-60) e Silva et al. (2002, p.332).

Em um programa de melhoramento genético, visando a obtenção de genótipos adaptados a determinadas condições, a investigação da variabilidade genética nas populações

é de especial interesse para o melhorista. O sucesso destes programas depende fundamentalmente da variabilidade genética das populações escolhidas. Esta variabilidade somente pode ser inferida através de estudos prévios que visem a estimação de parâmetros genéticos que são ferramentas importantes nos programas de melhoramento. Falconer (1987, 279p.) considera a variância genética aditiva como o componente de variância mais importante, uma vez que é a principal causa da semelhança entre parentes e, por conseguinte, o principal determinante das propriedades genéticas da população e da resposta à seleção. Além disso, é o único componente que pode ser prontamente estimado através das observações feitas na população. Ressalta também que o mais interessante na decomposição da variância fenotípica é a relação entre a variância genética aditiva e o resto (variâncias não aditivas e ambientais), denominada de herdabilidade.

Segundo Vencovsky (1987, p.135-214), a existência de variação é condição fundamental para a viabilidade ou sucesso de um trabalho de seleção. Como toda a observação que fazemos em um caráter quantitativo é composta de uma parte genética e outra não genética, a variação resultante também é composta. Na variação total de um caráter existe a parte aproveitável na seleção (parte genética) e outra não aproveitável que atua contra os interesses do selecionador.

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 estimação dos parâmetros genéticos como variância genética aditiva, herdabilidade, progresso esperado com seleção, além de outros, apresenta-se como um dos primeiros passos de um programa de melhoramento (GERALDI, 1977, 103p.). Também ao longo dos diferentes ciclos de seleção esse tipo de estudo se faz necessário para se verificar a evolução da variabilidade genética e a necessidade da aplicação de novos métodos de seleção.

Como o progresso na seleção para rendimento e caracteres agronômicos importantes, em populações de milho, depende principalmente da variância genética aditiva, a sua estimativa é a meta principal em estudos dessa natureza. Para estimar a variância genética aditiva, herdabilidade e possíveis progressos na seleção, o método mais simples é a avaliação de progênies de meios irmãos (VENCOVSKY, 1987, p.135-214; VENCOVSKY & BARRIGA, 1992, p.83-232).

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 quebramento pela ação dos ventos; facilidade durante a colheita mecânica; a possibilidade de se utilizar maiores densidades de plantas no campo; e obter 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 (OLIVEIRA, 1993, p.931-945; ENDRES & TEIXEIRA, 1997, p.108-110; GALINAT, 1998, p.82-83; ARGENTA et al., 2001a p.71-78; ARGENTA et al., 2001b p.1075-1084; PAULO & ANDRADE, 2003, p.77-88).

Com o surgimento de dois mutantes anões, em duas populações de milho em Ilha Solteira-SP, com arquiteturas que permitem a redução do espaçamento entre linhas e, possivelmente, o uso de alta densidade de plantas, abriu-se a possibilidade da formação de populações anãs que servirão como base para seleção, seja em época normal ou de safrinha. O presente trabalho teve como objetivo quantificar a variação genética da população Flintisa Anão em condições de alta densidade de plantas e em duas épocas de semeadura (normal e safrinha), verificando se a mesma apresenta potencial para melhoramento.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Utilização do milho

O milho é uma cultura semeada em todo território brasileiro, destacando-se das demais por ocupar a maior área cultivada no país. É extremamente importante pela capacidade de empregar mão de obra, visto que, em virtude de suas características de produção, essa cultura tem grande participação na geração de emprego no setor rural. Destaca-se ainda como o produto de maior volume produzido, respondendo pelo segundo maior valor de produção, sendo superado apenas pela soja (SOUZA & BRAGA, 2004, p. 13-55).

Pinazza (1993, p.1-10), observa que dentro da produção nacional de cereais e oleaginosas, o desempenho da lavoura de milho tem efeito direto e significativo sobre o volume da colheita: de cada três quilos colhidos, mais de um vem do milho. O milho constitui-se em um dos principais insumos para o segmento produtivo, sendo utilizado com destaque no arração de animais, em especial na suinocultura, na avicultura e na bovinocultura de leite, tanto na forma “in natura”, como na forma de farelo, de ração ou de

silagem. Segundo Almeida (1993, p.9-21), nas propriedades rurais 60,7% da produção é direcionada para comercialização e os restantes 39,3% permanecem para consumo. Pinazza (1993, p.1-10) acrescenta que na alimentação humana, o milho é comumente empregado na forma “in natura”, como milho verde, e na forma de subprodutos, como pão, farinha e massas. Na indústria, o milho é empregado como matéria-prima para a produção de amido, óleo, farinha, glicose, produtos químicos, rações animais e na elaboração de formulações alimentícias.

Com tantos benefícios sociais e econômicos do milho verifica-se o interesse em pesquisas para atender os valores qualitativos e quantitativos do mercado. Araújo (1986, p.1-10) chamou a atenção para a necessidade de utilização de semente melhorada e utilização de novas técnicas de produção.

De modo geral, a baixa produtividade das lavouras de milho, no Brasil, é devido a uma densidade não adequada de plantas por unidade de área, fatores ligados à fertilidade dos solos e ao arranjo de plantas na área (FANCELLI & DOURADO, 2000, p.97-146).

O contínuo progresso no melhoramento genético da cultura tem permitido o desenvolvimento e a comercialização de cultivares com maior potencial de produção, de ciclo variado, arquitetura mais ereta e porte baixo. Essas cultivares com maior resistência ao acamamento e quebraimento de plantas facilitam a sucessão com outras culturas e a mecanização, permanecem menor tempo sujeitos às condições adversas no campo e permitem a obtenção de melhores preços, pela colheita antecipada (ARGENTA et al., 2001, p.1-8).

Segundo Almeida et al. (2000, p.23-29), entre as práticas e técnicas empregadas para a obtenção de maior produção de milho, a escolha da densidade ideal é uma das mais importantes.

2.2. Efeito do arranjo de plantas na cultura do milho

O rendimento de grãos da cultura de milho depende de uma série de fatores. Dentre estes a população de plantas se destaca como de grande importância, podendo ser modificada alterando-se o espaçamento entre linhas e/ou o número de plantas na linha (ARRIEL, 1991, 121 p.). O efeito da população está relacionado tanto com fatores ambientais como genéticos. É relevante destacar que, a partir da década de setenta, cresceu o interesse pela utilização de cultivares de porte mais baixo, aventado-se a hipótese da utilização de uma maior população de plantas. Em função desse fato foram conduzidos vários trabalhos, avaliando materiais variáveis em altura da planta, em diferentes espaçamentos e densidades de semeadura (LEITE, 1973, 38p.; PEREIRA FILHO, 1977, 84p.; POZAR, 1981, 75p.).

Leite (1973, 38p.), comparou duas cultivares de porte alto, Centralmex e AG-257, com a cultivar Piranão, que possui alelo br_2 (braquítico), em dois espaçamentos entre linhas e três densidades de semeadura. Observando que Piranão é um material promissor para semeadura mais densa, porém mostrou a necessidade de melhorar a sua arquitetura visando uma melhor utilização da energia luminosa. As cultivares Piranão e Centralmex, foram avaliadas nos espaçamentos 50, 75 e 100 cm, e responderam linearmente à redução de espaçamento.

Argenta et al. (2001a, p.71-78) avaliaram quatro espaçamentos (40, 60, 80 e 100 cm) para os híbridos Cargill 901, XL 212 e XL 214), nas densidades de 50.000 e 65.000 plantas.ha⁻¹. Concluíram que a resposta do rendimento de grãos à redução do espaçamento foi influenciada pelo híbrido e pela densidade. Os híbridos de ciclo super-precoce e de baixa estatura foram os mais beneficiados com a distribuição mais uniforme das plantas com redução do espaçamento entre linhas.

Penariol (2003, p.52-60) avaliou o desempenho agrônomo das cultivares AG-9010 (híbrido simples modificado de arquitetura ereta) e BR 473 (variedade com alto valor proteico), nos espaçamentos de 40, 60 e 80 cm e nas densidades de 40.000, 60.000 e 80.000 plantas.ha⁻¹. A redução no espaçamento proporcionou menores altura de plantas e de inserção

de espiga e maiores rendimentos, enquanto o aumento da densidade provocou redução no diâmetro de colmo e aumento de altura de inserção de espiga. Quanto à densidade de plantas, os maiores rendimentos foram atingidos com 80.000 plantas.ha⁻¹ para AG 9010 e 70.000 plantas.ha⁻¹ para BR 473.

Resende et al (2003, p.34-42) avaliaram 10 cultivares nos espaçamentos de 45, 70 e 90 cm e nas densidades de 55.000, 70.000 e 90.000 plantas ha⁻¹. Mostraram que tanto espaçamentos como densidades apresentaram interação com anos agrícolas, podendo em alguns anos, não serem detectados diferenças na produtividade de grãos em função da variação das densidades citadas e em outros anos, constatar incremento na produção com o aumento na densidade de plantas. Condições climáticas adversas tende a prejudicar mais as lavouras com alta densidade de plantas, devido à alta competição intraespecífica.

2.3. Utilização de progênies de meios irmãos no melhoramento de milho

Segundo Allard (1971, 381p.), o meio mais eficiente para se distinguir plantas superiores devido ao ambiente daquelas superiores devido ao genótipo é o teste de progênie. Este é definido como sendo a avaliação do genótipo dos progenitores com base no fenótipo de seus descendentes. Como o milho é uma planta anual, as plantas não sobrevivem em relação a progênie, é necessário portanto usar os seus descendentes para a continuidade do seu conteúdo genético.

Louis de Vilmorin descobriu, por volta de 1840, que a avaliação da descendência era vital para o melhoramento. Verificou que raízes de beterraba de alto teor de açúcar podem dar descendentes de alto ou de baixo teor. Com base nesta descoberta, criou o método de seleção denominado “princípio do isolamento” que consistiu em avaliar as progênies de raízes de beterraba e escolher aquelas que davam descendência de alto teor de açúcar. Devido a este

sucesso, outros pesquisadores resolveram utilizar um procedimento similar em milho para seleção para baixo e alto teor de óleo e proteína, denominado “seleção espiga por fileira”, pois semeava-se a descendência de cada espiga numa fileira para avaliação. Os resultados do programa de seleção para óleo e proteína foram muito satisfatórios, porém para aumentar o rendimento foram desanimadores (PATERNIANI, 1969, p.3-10). O método era utilizado com razoável sucesso para características com baixa herdabilidade, por exemplo, produção de grãos, segundo Ronzelli Júnior (1996, 216p.). Em geral, as limitações do método espiga por fileira eram devidas à inexistência de técnicas experimentais adequadas bem como a outros fatores como endogamia (devido ao tamanho restrito das populações) e falta de isolamento (PATERNIANI, 1969, p.3-10).

Lonnquist (1964, p.227-228) sugeriu o emprego da seleção espiga por fileira utilizando técnicas experimentais adequadas como emprego de delineamentos experimentais apropriados, um certo controle da polinização e uma adequada amostragem de sementes, obtendo resultados promissores. A base consistiu na avaliação das progênies em ensaios de rendimento de grãos, com repetições em localidades diferentes e seleção das melhores progênies para os caracteres desejados, denominando-se o esquema de “seleção espiga por fileira modificado”. Esse esquema teve boa aceitação e mostrou-se de eficiência satisfatória. Tratando-se em essência da avaliação e seleção de progênies de meios irmãos e depois da seleção das melhores plantas dentro das progênies selecionadas, Paterniani (1967, p.212-215) propôs a denominação de “seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos”. Tal método foi avaliado por Webel & Lonnquist (1967, 651-654) e Parteniani (1967, p.212-215), que obtiveram progressos médios no rendimento de 9,44% e 13,6% por ciclo, respectivamente, em populações diferentes.

Segundo Paterniani (1969, p.3-10), o método inicia-se com a obtenção de espigas de polinização livre da população a ser melhorada. Quando possível, é conveniente escolher as

melhores plantas da população, obtendo-se destas, as espigas. As espigas de cada planta constituem uma só progênie de meios irmãos, que são debulhadas e as sementes de cada progênie são colocadas em sacos separados. Um total de 200 a 500 progênies são avaliadas em ensaios de rendimento onde são anotados todos os caracteres de interesse. Em função dos resultados dos ensaios, são escolhidas as melhores progênies, geralmente praticando-se uma intensidade de seleção de 10 a 20%, encerrando-se a etapa da seleção entre progênies. As progênies selecionadas são recombinadas na geração seguinte, usando-se as sementes remanescentes. Um procedimento adequado consiste em semear um lote isolado de despendoamento, onde as progênies selecionadas constituirão as fileiras femininas e as masculinas serão constituídas por uma mistura de sementes de todas as progênies selecionadas, em uma proporção de 1♂: 2♀ ou 1♂: 3♀. Por ocasião da colheita, escolhe-se dentro de cada fileira feminina as melhores plantas, realizando-se a seleção dentro de progênies. As espigas dessas plantas constituem as novas progênies de meios irmãos a serem avaliadas na geração seguinte, iniciando-se assim um novo ciclo.

Zinsly (1969, 52p.) comparou os métodos de melhoramento seleção massal estratificada e seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos (espiga por fileira modificado), para rendimento, nas populações Cateto, Dente Paulista e Caingang. Obteve ganho médio de 6,4% para seleção massal estratificada, 5,9% para seleção entre famílias de meios irmãos e 7,9% para seleção dentro de famílias de meios irmãos. O ganho médio promissor, utilizando a seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos, foi explicado pela alta variabilidade genética das populações estudadas. Concluiu que, estando presente a variância genética aditiva, é de se esperar que a seleção deva apresentar progresso por muito tempo, pois é desconhecido o número de ciclos de seleção necessários para que esse tipo de variabilidade seja esgotado.

A utilização de meios irmãos disseminou-se rapidamente entre os melhoristas de

milho. A aplicação da seleção entre progênies de meios irmãos por ciclos seguidos mostrou sua eficiência em melhorar muitas populações de milho, muitas vezes para ambientes mais específicos. Sawazaki (1980, 49p.) aplicou o método na variedade sintética IAC Maya durante treze ciclos de seleção, obtendo um progresso total de 36,92%. O progresso médio por ciclo de seleção (2,84%) foi 50% menor do que o progresso genético esperado de (5,62% por ciclo). Santos e Naspolini Filho (1986, p.307-319) visando obter populações mais produtivas e adaptadas às diversas regiões ecológicas do Nordeste, optaram pelo esquema de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos pela facilidade de condução e resultados promissores observados na literatura. Carvalho et al. (1994, p.1727-1733), também buscando obter variedade de milho mais produtiva e adaptada às condições edafoclimáticas da região Nordeste Brasileira, utilizaram o método pela facilidade de condução e eficiência em incrementar a frequência de alelos favoráveis nas populações, permitindo a obtenção de progressos de forma mais rápida e permitir estimar a variância genética aditiva.

O fato da avaliação de progênies de meios irmãos permitir a estimação de parâmetros genéticos importantes para o melhorista orientar-se em suas ações é outro atrativo para sua utilização. Isso tudo pode ser comprovado com a grande quantidade de trabalhos relacionados ao assunto (AMARAL, 1999, 54p.).

2.4. Estimativas dos componentes da variância genética em populações de milho

A compreensão da estrutura genética de uma população base, no que diz respeito à variabilidade de caracteres quantitativos, auxilia o melhorista no processo de seleção, envolvendo o planejamento inicial, a escolha da população básica e também do método que resulte em maior eficiência. É possível, com a estimação dos componentes de variação genética, compreender os dados relacionados aos caracteres estudados e quantificar a

eficiência da seleção (PACKER, 1998, 102p.).

Como o objetivo primordial em um programa de melhoramento populacional, em especial de alógamas, é aumentar a frequência de genes favoráveis em ciclos sucessivos de recorrência, pode ocorrer um estreitamento na base genética, expondo a população à vulnerabilidade. Entretanto, sempre persiste uma certa variabilidade, em maior ou menor grau, tanto pela não fixação de genes, como pela quebra de blocos gênicos (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1987, p.215-274). Neste ponto evidencia-se novamente a importância da estimação dos parâmetros genéticos, que pode ser realizada ao longo dos ciclos de seleção, para acompanhar a evolução dessa variabilidade.

O conceito de covariância entre parentes, introduzido por Fisher (1918, P.399-433), foi ampliado por Cockerham (1954, p.859-882) e Kempthorne (1954, p.103-113), seguindo-se a partição da variância genética nos componentes aditivo (que é a variância dos valores genéticos, devido aos efeitos médios de substituição dos alelos), dominante (relacionada à interação alélica) e epistático (relacionada à interação não alélica). Falconer (1989, 340p.) demonstrou, através de estudos teóricos, que os genes contribuem mais para a variância quando em frequências intermediárias, do que em frequências altas ou baixas. Os alelos recessivos em baixa frequência, contribuem muito pouco para a variância.

Segundo Packer (1998, 102p.) a variância genética é um parâmetro limitado, relacionado à porção da variância fenotípica que pode ser atribuída às diferenças genotípicas entre os fenótipos. Vencovsky (1969, p.17-38) ressalta que sua utilidade é restrita, já que os genótipos dos indivíduos são desfeitos a cada geração.

Um 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, 87p.; KASSOUF & MIRANDA FILHO, 1986, 119-131; BIGOTO,1988, 112p.). Hallauer & Miranda Filho (1988,

p.115-158) relataram uma estimativa média de 18,7% para herdabilidade do rendimento de grãos, obtida de 99 estimativas, ao passo que Vencovsky et al. (1988, 465-477) relataram média de 11,0% para populações brasileiras.

A variância aditiva como dito antes, é um componente de grande importância já que é a principal causa de semelhança entre parentes e, conseqüentemente, a responsável pela resposta da população à seleção (FALCONER, 1987, 279p.). Ela quantifica o relacionamento entre o comportamento da unidade de seleção e da unidade melhorada, além de constituir-se num indicativo da facilidade de identificação dos genótipos superiores.

Os delineamentos I, II e III, propostos por Comstock & Robinson (1948, p.254-266; 1952, p.494-516) são também de grande interesse. Esta metodologia utiliza diversos tipos de progênies e baseia-se na covariância entre os indivíduos aparentados, permitindo estimar os componentes de variância genética. Por este tipo de metodologia Robinson et al. (1955, p.45-60) observaram a existência de suficiente variabilidade genética aditiva em variedades de milho, possibilitando assim progressos através da seleção.

Outro parâmetro de grande importância é a correlação genética que representa a associação entre caracteres, principalmente quando a seleção em um deles apresenta dificuldade em razão da baixa herdabilidade e/ou tenha problemas de identificação (MILANI, 2000, p.88). Além disso, o melhoramento preocupa-se em aprimorar o material não para caracteres isolados, mas para um conjunto deles. Portanto sempre deve ser lembrado que o melhoramento de um caráter pode causar alterações desejáveis ou não em outros (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992, p.335-434).

A correlação que pode ser diretamente mensurada a partir de medidas de dois caracteres é a fenotípica, composta por uma parte genética e outra ambiental. Porém só a parte genética envolve uma associação de natureza herdável, podendo ser utilizada na orientação de programas de melhoramento. Sendo assim, nos estudos genéticos, é indispensável distinguir e

quantificar o grau de associação genética e ambiental entre os caracteres (CRUZ & REGAZZI, 1994, p.71-101).

As causas da correlação genética são a pleiotropia e a ligação gênica. Se dois caracteres apresentam correlação genética favorável, é possível obter ganhos para um deles por meio da seleção indireta no outro associado (FALCONER, 1987, 279 p.; CRUZ & REGAZZI, 1994, p.71-101). No entanto, quando a correlação é desfavorável ela precisa ser quebrada através da recombinação, o que somente é possível nos casos em que a ligação gênica é o principal fator atuante.

O ambiente torna-se causa de correlações quando dois caracteres são influenciados pelas mesmas diferenças ambientais. Valores negativos desta correlação indicam que o ambiente favorece um caráter em detrimento do outro, e valores positivos indicam que os dois caracteres são beneficiados ou prejudicados pelas mesmas causas de variação ambiental. De maneira geral, as correlações genéticas e ambientais apresentam o mesmo sinal, entretanto, nos casos em que isto não ocorre, há indicativo de que as causas da variação genética e ambiental influenciam os caracteres por meio de diferentes mecanismos fisiológicos. Os sinais dos coeficientes de correlação fenotípica e genotípica podem, eventualmente, ser diferentes, sendo o fato, em geral, atribuído a erros de amostragem (FALCONER, 1987, 279p.; CRUZ & REGAZZI, 1994, p.71-101).

A literatura é rica em trabalhos que relatam estimativas de parâmetros genéticos para as mais variadas populações de milho. Miranda Filho et al. (1972, p.67-73) obtiveram estimativas da variância aditiva, coeficiente de herdabilidade, ganho esperado com seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos e coeficiente de variação genética para rendimento de grãos, analisando amostras de progênies de meios irmãos dos compostos Dentado e Flint. Os valores encontrados foram, respectivamente, $440,2 \text{ (g/planta)}^2$, 14,07% (nível de plantas), 0,01 (kg/planta) e 7,37% para o composto Dentado e $197,60 \text{ (g/planta)}^2$, 8,51% (nível de

plantas), 0,0081 (kg/pl) e 5,5% para o composto Flint. Miranda Filho et al. (1974, p.104-108), utilizando os mesmos materiais, estimaram variância aditiva, herdabilidade em nível de médias e ganho esperado para altura de plantas e espigas. Os valores encontrados no composto Dentado, foram, respectivamente, 208 (cm/planta)², 49,5% e 14,1 (cm/planta); para altura de plantas e 275 (cm/planta)², 71,7% e 18,6 (cm/planta) para altura de espigas. No composto Flint, foram obtidos 308 (cm/planta)², 76,8% e 17,9 (cm/planta) para altura de plantas e 224 (cm/planta)², 66,6% e 16,5 (cm/planta), para altura de espigas.

Ramalho (1977, 112p.), compilando diversos trabalhos, observou uma variância aditiva média de 320,0 (g/planta)² para rendimento de grãos. O intervalo de variação observado foi de 41,0 a 758,0 (g/planta)². Hallauer & Miranda Filho (1988, p.115-158) também analisaram um grande número de trabalhos e encontraram variâncias aditivas médias de 469,1 (g/pl)² para rendimento de grãos, 212,9 (cm/planta)² para altura de plantas e 152,7 (cm/pl)² para altura de espigas.

Aguiar et al. (1989, p.727-732) estudaram a população CMS-39 com o objetivo de quantificar a variabilidade genética existente e verificar a existência da interação genótipos por ambientes. Foram avaliadas 400 progênies de meios irmãos em três localidades. Os valores de variância aditiva encontrados para peso de espigas, variaram de 118,4 a 750,0 (g/planta)², nos diversos locais. Na análise conjunta, onde a variância da interação genótipo x locais foi separada, obteve o valor de 296,0 (g/planta)². A estimativa da variância da interação progênies x locais foi 55,7 (g/planta)².

Lemos et al. (1992, p.1563-1569) trabalhando com a população Dentado Composto, avaliaram 400 progênies de meios irmãos do segundo ciclo de seleção. Dentre outros, foram considerados os caracteres altura de plantas, altura de espigas e peso de espigas. As estimativas obtidas para variância aditiva foram 289,41 (cm/planta)², 237,56 (cm/planta)² e 677,38 (g/planta)², respectivamente.

Arriel et al. (1993, p.849-854) avaliaram duzentas famílias de meios-irmãos da população de milho CMS-39 e constataram que o peso de espigas apresentou herdabilidade, ao nível de medias de famílias, superior a 40%, e que a estimativa da interação famílias x locais foi seis vezes superior à interação famílias x densidade de semeadura.

Considerando os caracteres estudados por Nascimento et al. (1998, p.95) citado por Milani (2000, 88p.), alturas de planta e espiga, peso de espiga despalhada, comprimento e diâmetro de espiga, peso de grãos por espiga e peso médio de 100 sementes, para as populações EPACEM-21 e CMS-451, verificaram que todas estas características possuíam correlações significativas e positivas, indicando que a seleção favorável à uma delas, acarretaria mudanças em igual proporção para as características correlacionadas.

Carvalho et al. (1998a, p.441-448) realizou quatro ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na variedade de milho BR 5028-São Francisco visando à obtenção de uma variedade mais produtiva e melhor adaptada às condições edafoclimáticas da região. Encontrou uma alta capacidade produtiva da variedade e as estimativas dos parâmetros genéticos evidenciam a resposta do material à seleção para aumento da produtividade. Em dois locais os resultados foram superestimados chegando a ganhos com a seleção entre e dentro de progênies de 26,4% e 26,6% respectivamente totalizando em 53% em um ciclo e 18,3% e 13,3% em outro o que totaliza em 31,6%.

Pacheco et al. (1998, p.433-439) avaliando 196 progênies das populações de milho pipoca CMS-42 e CMS-43 reportaram valores para variância aditiva de 180,97 e 486,85 (g/planta)² para estas duas populações, com ganhos esperados com a seleção em torno de 3% por ciclo.

Milani et al. (1999, p.199-207) avaliaram 300 progênies de meios-irmãos do Composto de milho (*Zea mays* L.) Arquitetura (braquítico) em três densidades de semeadura: (55.000, 62.500 e 71.000 plantas/ha). Os valores encontrados para herdabilidade em altura de

plantas apresentam-se superiores a 60% para herdabilidade média (83%, 68% e 88%, respectivamente para as três densidades de semeadura), maiores que o encontrado por Churata (1994, p.109), de 41,85%. O rendimento de grãos aumentou 15,4% da menor para a maior densidade, concordando com Paterniani (1971, p.133-135) e Cruz et al. (1994, 251p.). Isto pode ser explicado, porque, segundo Zucolo (1979, 89p.) e Fornasieri Filho (1992, p.81-132), há melhor arranjo de plantas na área, ocasionando melhor aproveitamento da luz solar por milhos braquíticos e com folhas espetadas. E a estimativa da herdabilidade para este caráter cresceu com o aumento da densidade de plantas por área.

Carvalho et al. (2003, p.73-78) estudando a população CPATC-3, observaram variações na estimativa da variância genética aditiva de 303,04 a 481,02 (g/planta)² nos três ciclos de seleção, com coeficientes de herdabilidade variando de 40,0 a 48,6% e ganho médio com a seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos de 13,62% por ciclo para rendimento de grãos.

Em trabalho recente, Cárdenas (2005, 169p.) concluiu que existe variabilidade suficiente nas populações de ampla base genética: Dentado (GO-D), Flint (GO-F), GN-03, GN-04, Grossa (GO-G), Longa (GO-L) e Suwan (GO-S), evidenciada pelos altos valores de herdabilidade e ganho genético com seleção, indicando a possibilidade de ganhos substanciais com a seleção entre progênies de meios irmãos.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Na geração S₄ de autofecundação para obtenção de linhagens a partir do Composto Flintisa (ANDRADE, 1989, 17p.), foi identificado um mutante anão, que foi chamado de Anão F. Esta população citada é de altura normal e faz parte da base de um programa de melhoramento populacional que está sendo conduzido em Ilha Solteira-SP. Devido à arquitetura interessante do mutante, vislumbrou-se a possibilidade da reincorporação da mutação na população original para formação de uma população anã com maior variabilidade genética, que possa servir de base para um processo de seleção visando adaptação ao sistema de espaçamento reduzido e alta densidade de plantas.

O processo de reincorporação consistiu no cruzamento Anão F x Flintisa, seguido da autofecundação de 200 plantas para o aparecimento das plantas anãs que foram intercruzadas no primeiro semestre de 2003, sendo formada a população Flintisa Anão. No segundo semestre de 2003 foram obtidas 150 progênies de meios irmãos dessa população, que foram avaliadas em três experimentos em blocos ao acaso com 50 progênies cada um, com três repetições, com densidade de 80.000 plantas ha⁻¹, na safrinha/2004. Na época normal (safra

2004/05), devido à quantidade insuficiente de sementes das progênes, os três experimentos conduzidos contiveram apenas 16, 24 e 31 progênes comuns com a safrinha. Foram incluídas 47 progênes, não avaliadas na safrinha, sendo 24 no primeiro experimento, 16 no segundo e 8 no terceiro experimento.

A parcela experimental foi constituída de duas linhas de cinco metros, contendo 18 plantas em cada linha, num total de 36 plantas espaçadas entre si de 27,8 cm. O espaçamento adotado entre as linhas foi de 0,45m, para todos os experimentos, configurando uma população de 80.000 plantas/ha. Os híbridos comerciais AGN 34A11 e AGN 3050 foram incluídos como testemunhas.

Os experimentos foram instalados na Fazenda de Ensino e Pesquisa da FEIS/UNESP, localizada no município de Selvíria-MS, com coordenadas geográficas 20° 22' oeste, com altitude de 335 m. Segundo a classificação de Köppen, o clima do local é do tipo AW, com temperatura média anual de 25°C, precipitação anual de 1330 mm e umidade relativa média de 66% (HERNANDEZ et al. 1995, 45p.). O solo do local é do tipo Latossolo Vermelho distrófico, típico argiloso, A moderado, hipodistrófico, álico, caulínico, férrico, compactado, muito profundo, moderadamente ácido (LVd) (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA, 1999).

Utilizou-se uma adubação de 300 kg/ha da fórmula 8-28-16 na semeadura e duas adubações em cobertura, sendo aplicados 200 kg/ha da fórmula 20-00-20 no estágio de quatro folhas estabelecidas e 100 kg/ha de uréia no estágio de sete folhas desenvolvidas. Na semeadura também foram aplicados 20 kg/ha de Furadan G, visando o controle de cupins e lagartas do solo. A semeadura foi realizada em plantio direto, com duas sementes por cova, realizando-se o desbaste quando as plantas atingiram o estágio de cinco folhas desenvolvidas. O controle do mato foi realizado com aplicação de herbicidas em pré-emergência.

No campo e após colheita das parcelas foram tomados dados para os seguintes caracteres:

- *Florescimento feminino (FF)* – número de dias para que 50% da parcela apresentasse estigmas com pelo menos 3 cm de comprimento;
- *Altura de plantas (AP)* – medida em cm, do nível do solo até o final da bainha da folha bandeira (média de dez plantas competitivas da parcela);
- *Altura de espigas (AE)* – medida em cm, do nível do solo até a inserção da espiga superior (média de dez plantas competitivas da parcela);
- *Enfezamento (EN)* – número de plantas com sintomas da doença na parcela;
- *Estande Final (E)* – número total de plantas no momento da colheita;
- *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.
- *Número de espigas (NE)* – número total de espigas produzidas na parcela;
- *Rendimento (R)* – massa total dos grãos produzidos na parcela em kg;
- *Grãos ardidos (GA)* – notas de 1 a 5, sendo 1 para parcelas com 100% de grãos doentes e 5 para parcelas com todos os grãos sadios;
- *Umidade dos grãos (U)* – medida em porcentagem, com utilização de aparelho eletrônico.

Após essas coletas ainda foram obtidos os seguintes caracteres:

- *Tombamento (TOMB)* – % 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 $[100(E - PP)/E]$;
- *Enfezamento % (ENF)* - % de plantas com sintomas de enfezamento em relação ao estande final $[100(EN)/E]$;
- *Prolificidade (PRO)* – número de espigas por planta (NE/E) .

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 $REND = RGC - b(E - 36)$, onde REND = 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, 430p.) e E = estande observado em cada parcela. Os caracteres GA e TOMB foram transformados para $\sqrt{x + 0,5}$ e FF, AP, AE, ENF e PRO, foram analisados diretamente como mensurados.

Inicialmente os experimentos foram analisados separadamente, segundo a metodologia de blocos ao acaso. Em seguida os quadrados médios de progênies e do erro experimental foram agrupados dentro de cada época (três experimentos), para a realização da análise de variância agrupada.

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 ;

μ = média geral do experimento;

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

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

ε_{ij} = erro devido a fatores não controlados em nível das parcelas.

Para análise de variância agrupada o modelo matemático foi

$Y_{ijk} = \mu + p_{i(k)} + e_k + b_{j(k)} + \bar{\varepsilon}_{jk}$, para progênies, onde:

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

μ = 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;

$\bar{\varepsilon}_{ijk}$ = erro médio aleatório.

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

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

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

μ = média geral dos 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;

$\bar{\varepsilon}_{ijk}$ = erro médio aleatório;

As estruturas das análises de variância individuais e agrupadas, por época, 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	-----
Progênieis	p-1	QMP	$\sigma_e^2 + r\sigma_p^2$
Testemunhas	te -1	QMTe	-----
Prog. Vs Test.	1	QMPvsTe	-----
Erro	(r-1)(t-1)	QMR	σ_e^2
Total	rt-1	-----	-----

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

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos/Exp	e(r-1)	QMB	-----
Experimentos	e-1	QME	-----
Progênieis/Exp	e(p-1)	QMP	$\sigma_e^2 + r\sigma_p^2$
Testemunhas	te-1	QMTe	$\sigma_e^2 + r\phi T$
(Prog vs Test)/Exp	E	QMPvsTe	$\sigma_e^2 + r\phi_{PvsT}$
Test x Exp	(te-1)(e-1)	QMTeE	$\sigma_e^2 + r\phi_{Te}$
Erro médio	e(t-1)(r-1)	QMR	σ_e^2
Total	e(rt-1)	-----	-----

Uma análise de variância conjunta e conjunta agrupada das duas épocas foi realizada obedecendo ao critério de homogeneidade dos quadrados médios dos resíduos. O fator progênie foi considerado como aleatório e época como fixo, em todas as análises.

A análise de variância conjunta para os tratamentos comuns foi realizada de acordo com o

modelo matemático $Y_{ijl} = \mu + p_i + b_{j(l)} + S_l + (pS)_{il} + \bar{\varepsilon}_{ijl}$, para progênies, sendo:

Y_{ijl} = observação da i - ésima progênie no j - ésimo bloco, da l - ésima época;

μ = média geral dos experimentos;

p_i = efeito aleatório da progênie i ;

$b_{j(l)}$ = efeito do bloco j dentro da época l ;

S_l = efeito da época l ($l = 1, 2, \dots, s$);

$(pS)_{il}$ = efeito da interação entre a progênie i e a época l ;

$\bar{\varepsilon}_{ijl}$ = erro médio aleatório associado à observação ijl ;

Para testemunhas o modelo foi $Z_{ijl} = \mu + T_i + b_{(j)l} + S_l + (TS)_{il} + \bar{\varepsilon}_{ijl}$, onde:

Z_{ijl} = observação no j -ésimo bloco, avaliado na i -ésima testemunha e l -ésima época;

μ = média geral dos experimentos;

T_i = efeito da i -ésima testemunha (tratamento comum);

$b_{(j)l}$ = efeito do bloco j dentro da época l ;

S_l = efeito da época l ($l = 1, 2, \dots, s$);

$(TS)_{il}$ = efeito da interação entre a testemunha i e a época l ;

$\bar{\varepsilon}_{ijl}$ = erro aleatório associado à observação ijl ;

Para a análise conjunta agrupada envolvendo todos os experimentos o modelo matemático para progênies foi

$Y_{ijkl} = \mu + p_{i(k)} + b_{j(kl)} + S_l + e_k + (pS)_{il(k)} + (Se)_{kl} + \bar{\varepsilon}_{ijkl}$, em que:

Y_{ijkl} = observação no j -ésimo bloco, avaliado no i -ésimo tratamento, k -ésimo experimento e l -ésima época;

μ = média geral do experimento;

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

$b_{j(kl)}$ = efeito do j -ésimo bloco dentro do k -ésimo experimento e da l -ésima época;

S_l = efeito da época l ($l = 1, 2, \dots, s$);

e_k = efeito do experimento k ;

$(pS)_{il(k)}$ = efeito da interação progênie i x época l , dentro do k - ésimo experimento;

$Se_{(lk)}$ = efeito da interação época l x experimento k ;

$\bar{\varepsilon}_{ijkl}$ = erro médio aleatório;

Para testemunhas o modelo matemático foi

$$Z_{ijkl} = \mu + T_i + b_{j(kl)} + S_l + e_k + (TS)_{il} + (Te)_{ik} + (Se)_{kl} + (TSe)_{ikl} + \bar{\varepsilon}_{ijkl}$$

Z_{ijkl} = valor avaliado da i -ésima testemunha, na j -ésima repetição do experimento k e da época l ;

μ = média geral dos experimentos;

$T_{(i)}$ = efeito da testemunha i (tratamento comum);

$b_{j(kl)}$ = efeito do j -ésimo bloco dentro do experimento k e da época l ;

S_l = efeito da época l ;

e_k = efeito do k - ésimo experimento;

$(TS)_{il}$ = efeito da interação testemunha i x época l ;

$(Te)_{ik}$ = efeito da interação testemunha i x experimento k ;

$(Se)_{lk}$ = efeito da interação época l x experimento k ;

$(TSe)_{ikl}$ = efeito da interação tripla testemunha i x experimento k x época l ;

$\bar{\varepsilon}_{ijkl}$ = erro médio aleatório.

Nas Tabelas 3 e 4 encontram-se as análises de variância conjunta e conjunta agrupada com as respectivas esperanças dos quadrados médios.

Tabela 3 - Esquema da análise de variância conjunta com as respectivas esperanças dos quadrados médios.

FV	GL	QM	E(QM)
Blocos /Época	s(r-1)	QMB	-----
Época (S)	s-1	QMS	$\sigma_e^2 + r(rs/s - 1)\sigma_{pd}^2 + p\sigma_b^2 + pr\phi_s$
Tratamento (T)	(t-1)	QMT	-----
Progênies (P)	p-1	QMP	$\sigma_e^2 + sr\sigma_p^2$
Testemunhas	te-1	QMTe	-----
P vsTest	1	QMPvsTe	-----
P x S	(g-1)(s-1)	QMPS	$\sigma_e^2 + r(rs/s - 1)\sigma_{pd}^2$
Test. X S	(te-1)(s-1)	QMTeS	-----
(PvsTest) x S	s-1	QMPvsTeS	-----
Erro médio	(r-1)(t-1)s	QMR	σ_e^2
Total	trs-1		-----

Tabela 4 - Esquema da análise de variância conjunta agrupada envolvendo os três experimentos, com as respectivas esperanças dos quadrados médios.

FV	GL	QM	E(QM)
Bloco/S/E	se (r-1)	QMB	-----
Experimentos (E)	(e-1)	QME	-----
Épocas (S)	(s-1)	QMS	$\sigma^2 + r\left(\frac{rs}{s-1}\right)\sigma_{pd}^2 + p\sigma_b^2 + sr\phi_s$
S x E	(s-1)(e-1)	QMSE	-----
Progênies/E	e (p-1)	QMP	$\sigma^2 + sr\sigma_p^2$
Testemunhas (Test)	(te-1)	QMTe	-----
(P vs Test)/E	e	QMG/E	-----
(P x S)/E	e(p-1)(s-1)	QMPS/E	$\sigma^2 + r\left(\frac{rs}{s-1}\right)\sigma_{ps}^2$
Test x S	(te-1)(s-1)	QMTS	-----
Test x E	(te-1)(e-1)	QMTE	-----

Test x S x E	$(te-1)(s-1)(e-1)$	QMTSE	-----
[(P vs Test)xS]/E	$e(s-1)$	QMPvsTS/E	-----
Erro médio	$se(p+te-1)(r-1)$	QMR	σ_e^2
Total	$ser(p+te)-1$	-----	-----

Os modelos matemáticos e as esperanças dos quadrados médios foram adotados com base em Cruz (2001, p.249-358) e Vencovsky & Barriga (1992, p.233-333). As análises individuais, agrupadas para cada época e conjuntas, foram realizadas com a utilização do programa genético-estatístico GENES (CRUZ, 2005). O agrupamento das análises conjuntas foi feito manualmente a partir dos quadrados médios das análises conjuntas e outras análises paralelas (para as testemunhas e efeitos fixos) realizadas no programa SAS (1994)

O mesmo programa GENES permitiu a obtenção das análises de covariâncias entre todos os pares de caracteres. Os modelos são os mesmos e os esquemas de análises de covariância são os mesmos das Tabelas 1 a 4, apenas substituindo os quadrados médios, esperanças dos quadrados médios e as variâncias respectivamente por produtos médios esperanças dos produtos médios e covariâncias. Na Tabela 5 encontram-se os esquemas das análises de covariâncias agrupadas e conjuntas agrupadas, apenas para as fontes de variação progênes, progênes x épocas e erro médio, utilizadas para estimação das correlações entre caracteres.

Tabela 5 - Esquemas das análises de covariâncias agrupadas para cada época, e conjunta agrupada, com as respectivas esperanças dos produtos médios.

FV	GL	PM	E(PM)
Agrupada			
Progênes (P)/Exp	$e(p-1)$	PMP	$COVe + r COVp$

Erro médio	$e(r-1)(t-1)$	PMR	COVe
Conjunta agrupada			
Progênes (P)/Exp	$e(p-1)$	PMP	COVe + rs COVp
P x Épocas/Exp	$e(p-1)(s-1)$	PMPS	COVe + (rs/s-1) COVps
Erro médio	$se(r-1)(t-1)$	PMR	COVe

Utilizando-se das análises de variâncias e covariâncias realizadas com auxílio do programa estatístico GENES (CRUZ, 2005), foram estimados:

- Variância ambiental : $\hat{\sigma}_e^2 = \text{QMR}$;
- Variância genética entre progênes: $\hat{\sigma}_p^2 = (\text{QMP}-\text{QMR})/r$, para análise agrupada e $\hat{\sigma}_p^2 = (\text{QMP}-\text{QMR})/sr$, para a análise conjunta agrupada;
- Coeficiente de variação genético: $\text{CVg} = 100 \sqrt{\hat{\sigma}_p^2 / m}$;
- Variância genética aditiva : $\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_p^2$;
- Índice de variação: $\hat{b} = \text{CVg}/\text{CVe}$ (Coeficiente de variação experimental);
- Variância fenotípica média: $\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \hat{\sigma}_e^2 / r$;
- Coeficiente de herdabilidade em nível de média de progênes: $h_m^2 = \hat{\sigma}_p^2 / \hat{\sigma}_F^2$;
- Ganho esperado com seleção de intensidade 20% entre progênes:
 $\hat{G} = k\hat{\sigma}_p^2 / \sqrt{\hat{\sigma}_F^2}$, sendo $k = 1,3998$ o diferencial de seleção estandarizado correspondente à intensidade de seleção de 20% (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988, p.159-204);
- Covariância ambiental: $\hat{COV}_e = \text{PMR}$;
- Covariância genética de progênes: $\hat{COV}_p = (\text{PMP}-\text{PMR})/r$, para análise agrupada

e $\hat{COV}_p = (\text{PMP-PMR}/sr)$, para análise conjunta agrupada;

- Covariância genética aditiva: $\hat{COV}_A = 4\hat{COV}_p$;
- Covariância fenotípica média: $\hat{COV}_{\bar{F}} = \hat{COV}_p + \hat{COV}_e / r$;
- Coeficiente de correlação genética aditiva: $r_{A_{xy}} = \hat{COV}_{A(x,y)} / \sqrt{\hat{\sigma}_{Ax}^2 \cdot \hat{\sigma}_{Ay}^2}$;
- Coeficiente de correlação fenotípica: $r_{\bar{F}} = \hat{COV}_{\bar{F}(x,y)} / \sqrt{\hat{\sigma}_{\bar{F}x}^2 \cdot \hat{\sigma}_{\bar{F}y}^2}$;
- Resposta correlacionada do caráter (x) mediante seleção no caráter (y):

$$RC_{(x/y)} = k \cdot \frac{COV_{p_{xy}}}{\sqrt{\sigma_{\bar{F}y}^2}}$$

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Médias e amplitudes de variação das progênes de meios irmãos

Nas Tabelas 6 e 7 são apresentados os quadrados médios, as médias de progênes de meios irmãos, médias de testemunhas e o coeficiente de variação (CVe) das análises individuais, para os seguintes caracteres FF, AP, AE, TOMB, PRO, GA, REND e ENF, para época normal e na safrinha.

Para FF houve diferenças significativas entre progênes nos experimentos 1 e 2, na época normal (Tabela 6). Na safrinha houve diferença significativa em todos os experimentos (Tabela 7). Na época normal as médias de progênes variaram de 53,20 a 54,02 dias (Tabela 6). Na safrinha foi verificado que as progênes floresceram tardiamente variando de 59,22 a 59,69 dias (Tabela 7). O CVe variou entre 2,05% e 3,03% na época normal (Tabela 6), semelhante aos resultados verificado por Araújo (1992, 158 p.) que obteve valores entre 2% e 5%. Na safrinha o CVe variou entre 2,02 e 2,95% (Tabela 7).

Houve diferença significativa entre as progênes para todos os experimentos para os

caracteres AP e AE com nível de significância de 1% tanto na época normal como na safrinha. As médias das progênies para AP e AE, na época normal, variaram entre 142,08 e 156,83 cm e 61,73 e 73,44 cm, na época normal (Tabela 6). Na safrinha as médias de AP foram entre 111,81 e 117,80 cm e de AE entre 50,14 e 54,57 cm (Tabela 7). Os coeficientes de variação experimental para AP e AE indicaram boa precisão com valores de 6,72 % e 11,96 % (Tabela 6), na época normal e de 9,16 e 13,34% na safrinha (Tabela 7).

Não houve diferenças significativas entre as progênies para TOMB na época normal com exceção do experimento 3. As médias de progênies e o CVe foram, respectivamente, de 2,10 e 48,43% (Tabela 9). Para safrinha não houve diferença significativa entre as progênies no experimento 1, devido a fortes ventos ocorridos na fase de enchimento de grãos, todos os experimentos foram afetados negativamente principalmente aquele localizado à margem da estrada (Tabela 7).

As médias de progênies para PRO foram de 1,04 espiga/planta na época normal (Tabela 6) e 0,61 espiga/planta na safrinha (Tabela 7). O coeficiente de variação teve uma média de 14,15 em época normal (Tabela 6) e 20,53 na safrinha (Tabela 7), mostrando-se preciso de acordo com os intervalos dos coeficientes de variação classificados por Scapim (1995 p. 683-686). Os quadrados médios de progênies na época normal foram não significativos para o experimento 1 e significativos a 1% de probabilidade para os experimentos 2 e 3 (Tabela 6). Na safrinha foi verificada significância nos três experimentos, a 1% de probabilidade (Tabela 7).

Para REND foram detectadas significâncias entre progênies a 1% de probabilidade nos três experimentos realizados na época normal. Na safrinha houve diferenças significativas em todos os experimentos. A média de progênies variou entre 2,73 e 2,80 kg/parcela na época normal (Tabela 6) e de 0,96 e 1,10 kg/parcela na safrinha (Tabela 7). Os coeficientes de variação estimados entre 12,95 e 18,21% (Tabela 6), na época normal, na

safrinha, um pouco maior, entre 18,66 e 25,84% (Tabela 7).

Para ENF, analisado apenas na época normal, foram detectadas diferenças significativas a 5% nos experimentos 1 e 3 e a 1% no experimento 2 (Tabela 6). As progênies apresentaram uma porcentagem média de enfezamento variando entre 2,55 e 2,99%, com o CVe oscilando entre 23,94 e 31,89%.

As variâncias residuais foram consideradas homogêneas para todos os caracteres, dentro de cada época. Os valores do quociente entre o maior e menor quadrado médio residual não excederam 2,5 em ambas as épocas (Tabela 8). Portanto foi possível o agrupamento das análises individuais e os parâmetros assim estimados poderão ser considerados mais precisos.

Na Tabela 9 são apresentados os quadrados médios, as médias de progênies, médias de testemunhas e o coeficiente de variação das análises agrupadas nas duas épocas de semeadura, para os caracteres FF, AP, AE, TOMB, PRO, GA e REND.

Para FF a média de progênies foi de 53,47 dias na época normal sendo esta mais precoce que na safrinha com 59,42 dias (Tabela 9). Rodrigues (1993, 154p.) encontrou uma média de FF entre 58 e 61 dias e Brasil (1998, 213p.) obteve resultados variando entre 57,2 e 59,4 dias. Os CVe encontrados para esse caráter foram 2,46% na época normal e 2,37% na safrinha (Tabela 9), semelhantes aos encontrados por Araújo (1992, 158p.) que foi 2 a 5%.

As médias de progênies para AP e AE na época normal foram 149,35 e 67,38 cm, enquanto na safrinha os valores observados foram 113,92 e 52,62 cm (Tabela 9), bem abaixo das médias das testemunhas (202,86 e 120,86 cm). Este resultado era perfeitamente esperado devido às testemunhas não possuírem genótipo anão. Foi observada diferença significativa entre progênies a 1% de probabilidade nas duas épocas. Os CVe foram considerados médios para a época normal (6,77% para AP e 12,30% para AE) e altos para safrinha (9,19% para AP e 13,39% para AE) de acordo com a classificação de Scapim (1995, p.683-686).

A média de progênies para REND, na época normal, foi 2,77 kg/parcela e, na safrinha, foi 1,01 kg/parcela (Tabela 9). A superioridade da época normal em relação à safrinha foi 174,25%. Os baixos valores encontrados na safrinha podem ser explicados pelas condições mais estressantes, normais nessa época, e, principalmente pelos fortes ventos ocorridos durante a condução dos experimentos. Esse evento drástico, ocorrido no momento em que a fisiologia das plantas estava voltada para o enchimento de grãos, provocou um desvio das funções básicas no sentido de tentar recuperar a posição ereta depois que caíram a maioria das plantas. Além disso, muitas plantas tiveram seu sistema radicular danificado com o tombamento. A média das testemunhas na época normal também foram superiores em relação a safrinha em 142,06%. O coeficiente de variação foi 15,84% na época normal e 21,95% na safrinha. Para Scapim (1995, p.683-686), valores entre 10,0% e 22% são considerados médios.

Para o caráter TOMB a média de progênies afirma o citado acima, observa-se na safrinha que o CVe tem valor alto 63,87%, enquanto que na época normal apenas 4,93% (Tabela 9).

A média de progênies para PRO foi 1,04 espiga/planta na época normal e 0,65 espiga/planta na safrinha (Tabela 9). A época normal foi superior à safrinha em 60%, mostrando que a época influenciou este caráter de forma significativa. O coeficiente de variação foram de 14,16% e 20,92% na época normal e safrinha respectivamente, mostrando uma boa precisão apenas na época normal, de acordo com os intervalos dos coeficientes de variação classificados por Scapim (1995 p.683-686).

Para GA a nota média de progênies foi de 4,8 em época normal e 4,4 na safrinha. Houve significância para as diferenças entre progênies a 5% de probabilidade apenas no experimento 1 da época normal (Tabelas 9).

A média de ENF encontrada para progênies foi 7,6% (Tabela 9). Estes resultados

indicam certo nível de resistência das progênies à doença uma vez que foram bem inferiores aos resultados encontrados por Dudienas et al. (1997, p.107-115), que, trabalhando com híbridos suscetíveis, embora em local diferente, constataram porcentagens de incidência de até 47%.

Na Tabela 10 encontra-se a análise de variância conjunta por tratamentos comuns para todos os caracteres estudados. Verificaram-se diferenças significativas nas progênies para todos os caracteres do experimento 1, exceto GA. No experimento 2 apenas para AP, AE e REND as diferenças foram significativas a 1% de probabilidade e no experimento 3, todos os caracteres tiveram diferenças significativas, com exceção de TOMB.

Para a fonte de variação época, foi observada diferença significativa a 1% de probabilidade para todos os caracteres, exceto para PRO em dois experimentos. Esses resultados indicam forte influência dessa fonte para os caracteres (Tabela 10).

Para FF as médias de progênies variaram em uma pequena amplitude de 56,13 a 56,76 dias e os CVe foram baixos, variando de 1,93% a 2,78% (Tabela 10). Na AP o intervalo de variação foi de 130,77 a 136,30 cm, os valores de CVe foram considerados médios de acordo com a classificação de Scapim (1995, p.683-686). Para AE os CVe foram classificados como médios altos de acordo com a mesma classificação (Tabela 10).

Para rendimento, verificaram-se diferenças significativas a 1% de probabilidade nos três experimentos para épocas, progênies e para a interação progênies x épocas. Os CVe ficaram entre 13,83% a 19,84%, considerados médios segundo a classificação de Scapim (1995, p.683-686).

Na Tabela 11 encontram-se os resultados da análise de variância conjunta agrupada, envolvendo todos os experimentos. O teste F detectou diferenças significativas ($P \leq 0,01$) para épocas e progênies em todos os caracteres. Como se esperava, as condições ambientais diferentes afetaram todos os caracteres. A interação progênies x épocas também foi

com milho de porte alto nas épocas normal e safrinha, e Araújo (1992, 158p.) obteve valores entre 5,0 e 6,0. Portanto as estimativas observadas neste trabalho estão dentro da faixa normalmente encontrada na literatura. A herdabilidade foi 14,09% na época normal e 69,46% na safrinha (Tabela 12); resultados semelhantes aos obtidos por Brasil (1998, 213p.) onde a herdabilidade variou de 17,68% a 53,21%. Foi observado maior ganho esperado com a seleção na safrinha (2,4%) do que na época normal (0,30%). No entanto estes resultados não são muito confiáveis, uma vez que a quantificação do caráter dias para florescimento não foi perfeita devido à dificuldade em se medir o dia exato de florescimento do milho anão.

A variância aditiva para AP foi $794,51 \text{ (cm/planta)}^2$ na época normal e $236,03 \text{ (cm/planta)}^2$ na safrinha (Tabela 12). Os resultados da época normal são considerados altos quando comparado com valores obtidos por outros autores como Rissi (1980, 87p.) que encontrou $301,7 \text{ (cm/planta)}^2$ para uma população de porte médio e $468,9 \text{ (cm/planta)}^2$ para outra população de porte mais baixo. Santos (1985, 186p.) estudando diversas populações brasileiras, constatou variâncias aditivas entre $176,56$ e $668,00 \text{ (cm/planta)}^2$. Porém Cárdenas (2005, 169p.) encontrou valores altíssimos entre $577,77$ e $1390,60 \text{ (cm/planta)}^2$ para várias.

A variância genética entre progênies para AP na época normal ($198,628 \text{ cm/planta}^2$), superou a da safrinha ($59,008 \text{ cm/planta}^2$) (Tabela 12), sendo considerada baixa se comparada com Cárdenas (2005, 169p.), que encontrou valores de $347,7 \text{ (cm/planta)}^2$. A herdabilidade na época normal foi 84,90% enquanto que para safrinha foi 61,27%, semelhantes aos coeficientes de herdabilidade obtidos por Cárdenas (2005, 169p.) em nível de médias de famílias, onde a população GN-03, apresentou a maior estimativa 89%.

O ganho com seleção para AP na época normal (12,17 %) foi superior ao encontrado na safrinha (7,388 %) (Tabela 12), o que era esperado visto que nesta época a variação genética aditiva foi maior. Cárdenas (2005, 169p.), trabalhando com populações de base ampla, encontrou na população GN-03 o melhor estimativa 13,1% de ganho para AP, já

esperada, visto que a mesma apresentou maior estimativa de variância.

A estimativa do índice de variação genética foi de 1,393% para época normal e 0,73% para safrinha (Tabela 12), indicando a existência de variabilidade suficiente para obter progressos genéticos com a seleção para AP, principalmente na época normal. Esse índice, que expressa a proporção do coeficiente de variação genética entre as famílias de meios-irmãos, em relação ao coeficiente de variação experimental, fornece uma idéia da facilidade de se realizar a seleção. Um valor próximo ou superior a 1,0 indica uma situação favorável à seleção (FERREIRA & BORÉM – 1999, p.29-44).

Para AE as estimativas de variância genética aditiva foram de 417,94 (cm/planta)² para a época normal e 140,25 (cm/planta)² na safrinha (Tabela 12). Rissi (1980, 87p.) encontrou valores de 204,9 (cm/planta)² e 258,4 (cm/planta)² em subpopulações da variedade Piranão. Cárdenas (2005, 169p.), estudando várias populações de milho normal, encontrou valores bem maiores, entre 348,82 e 1216,44 (cm/planta)², ambos para época normal de semeadura.

A variância genética de progênies para AE na época normal foi 104,48 resultado que se encontra na faixa obtida por Cárdenas (2005, 169p.) onde a variância genotípica variou entre 87,20 e 304,11 (cm/planta)². Porém os valores encontrados neste estudo, na safrinha (35,06), foram inferiores não só comparados ao trabalho de Cárdenas (2005, 169p.) como também em estudos de Tozetti et al (1995, p.1411-1416) que estimaram parâmetros genéticos na safrinha, verificando valor de variância genética de progênies de 50,75 (cm/planta)². No entanto a herdabilidade para o caráter AE nas duas épocas foram de magnitudes relevantes, 80,90% na época normal e 66,86% na safrinha (Tabela 12). Os coeficientes de variação genética também indicaram uma grande participação da variância genética na variância fenotípica. Os valores encontrados foram 15,17% na época normal e 11,25% na safrinha, superiores àqueles encontrados por Rissi (1980, 87 p.) em subpopulações da variedade

Piranão (7,46% a 9,8%) porém inferiores ao valores encontrado por Amaral (1999, 54p.) em população de milho normal (27,94%).

Como reflexo da alta herdabilidade, o ganho com seleção para AE foi de boa magnitude na época normal (19,10%) e na safrinha (12,88%) (Tabela 12). Outra indicação da boa possibilidade de sucesso com seleção em AE foram os índices de variação genética de 1,23 para época normal e 0,84 para safrinha (Tabela 12).

O índice de variação para TOMB foi considerado baixo tanto para época normal (0,46) como para safrinha (0,57) (Tabela 12). Estes resultados foram semelhantes ao obtido por Milani et al. (1999, p.199-207) que encontrou índice de 0,39% para o composto Arquitetura. A herdabilidade deste caráter foi 39,58% para a época normal e 44,15% para safrinha (Tabela 12). Esses valores demonstram que o TOMB será um daqueles caracteres com menor possibilidade de sucesso com seleção. Na safrinha a variabilidade genética se expressou um pouco mais que na época normal, mesmo com a forte pressão ambiental para queda das plantas (ventos) e verificou-se a maior resistência ao tombamento da população anã, em relação ao híbrido normal. Da mesma maneira que a atuação muito forte do fator ambiental vento pode ter mascarado a expressão total da variabilidade genética para tombamento, derrubando a maioria das plantas, a ausência desse fator também contribui para que a maioria das plantas permaneçam em pé. Haja visto o tombamento médio de apenas 3,9% para as progênies e 2,0% para as testemunhas na época normal. Em resumo, o que se constata é que o tombamento é fortemente influenciado pelo ambiente e difícil de ter sua variabilidade genética quantificada de maneira precisa.

O valor de herdabilidade para PRO na época normal foi 60,12% e na safrinha foi 45,01%. O ganho com seleção e índice de variação foram semelhantes nas duas épocas de semeadura, respectivamente 12,16% e 10,49% e 0,7 e 0,5, para época normal e safrinha (Tabela 12). A julgar pelo índice de variação ganhos com seleção seriam difíceis de serem

conseguidos, mas a herdabilidade é de magnitude considerável.

Os valores de herdabilidade para GA foram semelhantes nas duas épocas de semeadura; 26,87% para época normal e 25,32% para safrinha (Tabela 12). Estes valores, associados aos índices de variação (0,35 e 0,36) e os ganhos esperados com a seleção (0,76% e 1,68%), indicam que este caráter também é um dos menos favoráveis para ser modificado com a seleção. Normalmente este é um caráter muito dependente das condições ambientais que favoreçam ou não a proliferação de patógenos da espiga. Outro aspecto a ser considerado é a escala de notas utilizada, que parece não ser bem adequada para quantificar a quantidade relativa de grãos ardidos.

Para REND os valores de variância aditiva foram bem discrepantes nas duas épocas; estudadas, $0,97 \text{ (kg/parcela)}^2$ para época normal e $0,121 \text{ (kg/parcela)}^2$ para safrinha (Tabela 12). O baixo valor encontrado na safrinha foi reflexo do estresse sofrido pelas plantas durante a condução dos experimentos. Para época normal o valor foi superior ao valor médio de $469,1 \text{ (g/planta)}^2$ relatado por Hallauer & Miranda Filho (1988, p.115-158), baseados em 99 estimativas compiladas da literatura. Na safrinha o valor encontrado foi bem inferior, inclusive àqueles encontrado por Brasil (1998, 213p.) para época normal ($275,59 \text{ (g/planta)}^2$) e para safrinha ($220,66 \text{ (g/planta)}^2$). Mesmo assim a participação dessa variância aditiva na variância fenotípica média foi relevante, levando em conta à estimativa de herdabilidade 63,32%. Para a época normal a herdabilidade para médias de progênies também foi alta (78,07%) (Tabela 12). As estimativas de herdabilidade encontradas neste trabalho foram superiores aos valores de 48,91% a 45,04% encontrados por Milani (2000, p.88), que avaliou progênies de meios-irmãos do composto Arquitetura em várias densidades populacionais, porém em espaçamento de 90 cm entre linhas. Também foram superiores às estimativas de 40,91% obtidas por Arriel et al. (1993, p.849-854), e de magnitude semelhante àquelas obtidas por Carvalho et al. (1998b, p.713-720) e Bueno Filho et al. (1998, p.43).

Confirmando a variabilidade genética para REND, os coeficientes de variação genética, foram semelhantes para as duas épocas de semeadura (17,7 e 17,2%) (Tabela 12). São valores altos em comparação com Carvalho et al. (2002, p.1399-1405) que encontraram valores entre 4,6% e 10,4%. O índice de variação mostrou a mesma tendência, sendo 1,12 para época normal e 0,78% para safrinha. Associado ao ganho esperado com seleção de 23,78% para época normal e 19,19% para safrinha (Tabela 12), os parâmetros indicam que o REND da população Flintisa Anão pode ser aumentado com sucesso, através da seleção entre progênies de meios irmãos.

Na Tabela 13 estão apresentadas as estimativas de todos os parâmetros genéticos com base na análise conjunta e agrupada para as duas épocas. Neste caso todos os parâmetros já discutidos foram recalculados isolando-se a variância da interação progênies x épocas. São interessantes, pois permitem considerações sobre a possibilidade do melhoramento da população, através um único programa, para os dois ambientes. A presença de interação significativa de progênies com épocas, para seis dos caracteres estudados, é a primeira indicação de que esse tipo de seleção tenha um ganho menor do que as seleções específicas para cada ambiente.

As estimativas de herdabilidade para PRO (47,54%) e REND (69,88%), analisadas conjuntamente, tiveram valores menores que na época normal analisadas separadamente, embora a variância aditiva tenha sido um pouco maior para PRO. O ganho esperado com seleção baseada nas médias conjuntas foi de 6,03% para PRO e 17,59% para REND. Representam respectivamente 48,5 e 83,86% dos ganhos esperados na safrinha. Em relação à época normal, a proporção ainda é menor; 41,18% para PRO e 67,69% para REND. Isto indica que a interação deve ter alterado a classificação das progênies nas duas épocas, ou seja, ocorreu uma interação do tipo complexa.

Para FF, AP e AE, as estimativas da variância aditiva, herdabilidade e ganho esperado

com seleção foram intermediárias entre as estimativas das duas épocas separadamente. (Tabela 12 e 13). Para TOMB a variância aditiva foi bem próxima daquela da época normal (menos variável).

A exceção foi GA com herdabilidade e ganho esperado bem superiores a ambas as épocas estudadas separadamente. Para herdabilidade os valores foram 26,9% na época normal, 25,3% na safrinha (Tabela 12) e 83,73% na análise conjunta. O ganho esperado foi de 0,76% na época normal, 1,69% na safrinha e 3,38% na análise conjunta. Este é um claro reflexo da ausência de interação progênies x épocas (Tabela 11).

Os índices de variação indicaram facilidade para seleção em AP (0,97), AE (1,04), GA (0,88) e REND (0,88). Os coeficientes de variação genéticos foram altos para AE (12,84%) e REND (15,03%), médios para AP (7,45%), TOMB (6,16%) e PRO (6,24%).

De uma maneira geral observa-se que existe possibilidade da seleção única para os dois ambientes, com chances de ganhos consistentes na maioria dos caracteres. No entanto, como foi verificado uma tendência de interação complexa para os caracteres mais importantes (PRO e REND), será mais prudente recomendar dois programas distintos.

4.3. Correlações

As correlações são úteis na tentativa de prever o grau de associação entre os caracteres visando o melhoramento. Estão apresentadas, nas Tabelas 14, 15 e 16, as estimativas do coeficiente de correlação genética e fenotípico entre os caracteres estudados para a época normal, safrinha e para a análise das duas épocas conjuntamente. As estimativas de respostas correlacionadas para todas as combinações de caracteres, nas análises por época e conjunta agrupada, estão nas Tabelas 17, 18 e 19.

A correlação entre AP e AE teve valores altos nas duas épocas e na correlação conjunta.

As estimativas de correlações genotípicas ficaram em torno de 0,9 (Tabelas 14, 15 e 16), considerados altos quando comparados com dados obtidos por Lemos et. al. (1992, p.1563-1569) que obtiveram valor de 0,61, e semelhantes aos valores encontrados por Milani (2000, 88p.), que também estudou populações de porte baixo em diversas densidades. A resposta correlacionada conjunta em AP mediante a seleção em AE, foi estimada em 9,12%, sendo inferior às encontradas para época normal (10,88%) e safrinha (6,95%) (Tabelas 17, 18 e 19). Com seleção em AP espera-se uma resposta de 15,49% em AE na seleção combinada, 17,92% na época normal e 11,11% na safrinha.

As correlações genéticas de AP e AE com REND foram menores na safrinha (0,47), mas altas na época normal (0,78 e 0,83) e na análise conjunta (0,79 e 0,81) (Tabelas 14, 15 e 16). Esta diferença é evidente visto que as condições ambientais favorecem o crescimento das plantas na época normal. Lordêlo & Miranda Filho (1981 p.104-108), Lemos et al. (1992, p.1563-1569) e Cunha (1996, 127p.), também observaram altas correlações entre AP e REND. As respostas correlacionadas em AP, selecionando-se para REND, foram 8,81% na época normal, 3,39% na safrinha e 6,87% na seleção combinada (Tabelas 17, 18 e 19). Em AE as alterações seriam de 15,06%, 5,75% e 12,02%, respectivamente. Embora a relação de AP e AE com REND sejam, a princípio, desfavoráveis, é necessário lembrar que se trata de população anã, onde deverá ser feita uma uniformização da altura com seleção contra os extremos. Neste caso espera-se que o REND não seja alterado mais fortemente. Pensando-se em seleção para REND, espera-se um aumento em altura, que neste caso também não tão problemático, pois as médias de AP e AE são bem baixas. Em caso de populações de porte alto o processo deveria ser bem mais cuidadoso, procurando quebrar as correlações positivas entre AP e AE.

A PRO, como normalmente observada na literatura, correlacionou-se positivamente com REND em todos os níveis de análise dos dados (0,81 na época normal, 0,85 na safrinha e

As correlações de TOMB com PRO e REND também foram negativas para época normal e positivas na safrinha, porém com valores baixos na safrinha. O mesmo acontece na correlação com grãos ardidos, apenas com o sinal invertido. De qualquer maneira a interpretação fica complicada em todos os casos, destacando-se apenas que a qualidade de colmo e o porte da população anã permitem uma menor tendência de queda de plantas, principalmente quando ocorrem condições propícias para isso.

As estimativas de correlações envolvendo FF na época normal, foram todas menores que -1, exceto com TOMB. Como salientado anteriormente, esses resultados não são confiáveis, pois o FF foi um caráter em que as medições no campo foram difíceis de serem realizadas devido aos estigmas se apresentarem curtos, havendo dificuldades na detecção do tempo exato do florescimento das parcelas.

5. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos nas condições do presente trabalho permitem apontar as seguintes conclusões:

- Existe suficiente variabilidade genética no Composto Flintisa Anão indicando a possibilidade de ganhos substanciais com a seleção entre progênies de meios-irmãos nas condições de alta população e espaçamento reduzido.
- Recomenda-se o desenvolvimento de programas de melhoramento diferentes para as duas épocas de semeadura.
- Recomenda-se, como ação imediata, a seleção para uniformização da altura do Composto Flintisa Anão. A seleção pode ser baseada na altura de espigas.

6. REFERÊNCIAS

AGUIAR, P.A.; RAMALHO, M.A.P.; MAGNAVACA, R.; ANDRADE, M.A. Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-39, em diferentes condições de ambiente. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 24, n. 6, p.727-732, 1989.

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

ALMEIDA, T. C. Utilização do milho em sorgo no Brasil. In: BULL, L. T. CANTARELLA, H. (Ed.). **Cultura do milho**: fatores que afetam a produtividade. Piracicaba: POTAFOS, 1993. cap. 2, p.9-21.

ALMEIDA, M. L.; MEROTO JUNIOR, A.; SANGOI, L.; ENDER, M.; GUIDOLIN, A. F. Incremento na densidade de plantas: uma alternativa para aumentar o rendimento de grãos de milho em regiões de curta estação estival de crescimento. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 30, n.1, p.23-29, 2000.

AMARAL, J. G. C. **Estimativas de parâmetros genéticos na cultivar de milho (*Zea mays* L.) AL-34 em condição de safrinha**. 1999. 54f. - Dissertação (Mestrado) - Faculdade de Ciências Agrônomicas, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 1999.

ANDRADE, J. A. C. **Formação de um composto de milho (*Zea mays* L.)**. Ilha Solteira: Unesp/FEIS/Departamento de Biologia Aplicada à Agropecuária, 17p. (Relatório de Pesquisa FEIS/UNESP).

ARAÚJO, N. B. Semente melhorada e modernização da agricultura. In: CÍCERO, S. M. , MARCOS FILHO, J. , SILVA, W. R. (Org.). **Atualização em produção de sementes**. Campinas: Fundação Cargill, 1986. cap. 1, p.1-10.

ARAÚJO, P. M. **Variabilidade genética em populações de milho (*Zea mays* L.) obtidas por seleção divergente**. 1992, 158f. – Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.

ARGENTA, G.; SILVA, P.R.F., BORTOLINI, C.G. et al. Resposta de híbridos simples de milho à redução do espaçamento entre linhas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, 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.

ARRIEL, E.F. **Avaliação de famílias de meios-irmãos da população de milho CMS-39 em duas densidades de semeadura**. 1991. 121f. – Dissertação (Mestrado).- Escola Superior de Agricultura de Lavras, Lavras-MG.

ARRIEL, E.F.; PACHECO, C.A.P.; RAMALHO, M.A.P. Avaliação de famílias de meios-irmãos da população de milho CMS-39 em duas densidades de semeadura. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 28, n.7, p.849-854, 1993.

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

BRASIL, E.M. **Varibilidade genética, heterose e efeitos de endogamia em populações de milho em cultivo normal e “safrinha”**. 1998. 213f. Tese (Doutorado) - Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 1998.

BUENO FILHO, J. S. S.; RAPOSO, F. V.; RIBEIRO, P. H. E. Tamanho de parcelas e número de repetições para a seleção entre progênies de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 22, 1998, Recife. **Resumos...** Recife: IPA, 1998. p.43.

CÁRDENAS, F. E. N. **Valor genético de populações de milho adaptadas para a região sudoeste de Goiás**. 2005. 169f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.

CARVALHO, H.W.L.; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X.; GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R. Três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios irmãos na população de milho BR 5028 – São Francisco, no nordeste Brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v.29, p.1727-1733, 1994.

CARVALHO, H.W.L.; SANTOS, M.X., Leal, M.L.S.; PACHECO, C.A.P. Melhoramento genético da variedade de milho BR 5028-São Francisco no Nordeste Brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v.33, n.4, p.441-448, 1998a.

CARVALHO, H.W.L.; PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X.; GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R. Três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos na população de milho BR 5011 no nordeste Brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v.33, n.4, p.713-720, 1998b.

CARVALHO, H.W.L.; LEAL, M.L.S.; SANTOS, M.X., Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CMS 35 no Estado de Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v.37, n.10, p.1399-1405, 2002.

CARVALHO, H.W.L.; LEAL, M.L.S.; SANTOS, M.X.; SOUZA, E.M.S. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 em dois locais de Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v.38, n.1, p.73-78, 2003.

CHURATA, B. G. M. **Estimativas de parâmetros genéticos no compsto de miho (*Zea mays* L.) Arquitetura**. 1994. 109f. Dissertação (Mestrado) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 1994.

COCKERHAM, C.C. Na extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariance among relatives when epistasis is present. **Genetics**, Princeton, v. 39, p.859-82, 1954.

COMSTOCK, R.E. ; ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating average degree of dominance. **Biometrics**, Washington, 1948, v.4, n.1, p. 254-266.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F. Estimation of average dominance of genes. In: GOWEN, J.W. **Heterosis**: a record of researches directed toward explaining and utilizing the vigor of hybrids. Iowa: Iowa State College Press, 1952. p.494-516.

CRUZ, C.D. **Programa genes**: versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: Editora UFV, 2001. cap.3, p.249-358.

CRUZ, C.D. **Programa genes**: versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2005.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1994. cap. 3, p.71-101.

CRUZ, J. C.; PACHECO, C.A.; PEREIRA FILHO, I. A.; OLIVEIRA, A. C. Efeito da cultivar, espaçamento e densidade de plantio sobre a qualidade do milho pipoca. In: EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - Embrapa. **Relatório técnico anual do Centro de Pesquisa de Milho e Sorgo**. Sete Lagoas, MG: Embrapa, 1994. p.251.

CUNHA, R.N.V. **Potencial Genético de Populações de Milho (*Zea mays* L.) obtidas de Germoplasma Exótico**. 1996. 127f. Dissertação (Mestrado).- Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz," Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1996.

DUDIENAS, C.; DUARTE, A.A P.; PATERNIANI, M. E.; RIBEIRO, J. L.; BIANCHINI, M. T.; KANTHACH, R. A.; CASTRO, J. L.; SILVEIRA. L. C.; DENUCCI, S.; SABINO JÚNIOR, .; BOLONHESI, D.; DE SORDI, G. Severidade de doenças no milho "Safrinha" no estado de São Paulo em 1996. In: EMINÁRIO SOBRE A CULTURA DO MILHO SAFRINHA, 4, 1997, Assis. **Anais...** Campinas: IAC, 1997. p.107-115.

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

ENDRES, V.C.; TEIXEIRA, M.R.O. População de plantas e arranjo entre fileiras. In: EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – Embrapa. **Milho: informações técnicas**. Dourados: EMBRAPA-CPAO, 1997. p.108-110. (Circular técnica, 5).

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.

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

FANCELI, A. L.; DOURADO NETO, D. **Produção de milho**. Guaíba: Agropecuária, 2000. cap. 3 p.97-146.

FERREIRA, G. A. D.; BORÉM, A.; Predição de ganho genético em uma população de milho (*Zea mays L.*) palha roxa. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v.46 n.263. p. 29-44, 1999.

FISHER, R.A. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Transaction of The Royal Society of Edinburg**, Edinburg, v.52, p.399-433, 1918.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2 ed. Ames: Iowa State University Press, 1988b. cap.6 p.159-204.

HERNADEZ, F.B.T.; LEMOS FILHO, M.A.F.; BUZETTI, S. **Software Hidrisa e o balanço hídrico de Ilha Solteira**. Ilha Solteira: UNESP/FEIS/Área de Hidraulica, 1995. 45p. (Série Irrigação, 1).

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, DF: Embrapa / CNPMS, 1986. p.119-131.

KEMPTHORNE, O. The correlation between relatives in a random mating population. **Proc. R. Soc. Lond. B.** v. 143, p.103-113, 1954.

LEITE, D. R. **Comportamento de milho *Zea mays* L. braquítico – 2 em diferentes densidades de plantio**. 1973. 38f. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1973.

LEMOS, M. A.; GAMA, E. E. G.; OLIVEIRA, A.C. ; ARAÚJO, M. R. A. Correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais em progênies de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 27, n.12, p.1563-1569, 1992.

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

LORDÊLO, J.A.C.; MIRANDA FILHO, J.B. **Correlações genéticas e fenotípicas entre caracteres em duas populações de milho braquítico.** Piracicaba: USP/ESALQ, 1981. p.104-108. (Relatório Científico do Departamento de Genética, 15).

MILANI, M.; OSUNA, J. T. A. ; CHURATA, B. G. M.; Estimativas de parâmetros genéticos em famílias de meios-irmãos do composto Arquitetura de milho (*Zea mays L.*) em três densidades de semeadura. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v.46, n.264, p.199-207,1999.

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

MIRANDA FILHO, J.B.; VENCOVSKY, R.; PATERNIANI, E. **Variância genética aditiva da produção de grãos em dois compostos de milho e sua implicação no melhoramento.** Piracicaba: USP/ESALQ, 1972. p.67-73. (Relatório Científico do Departamento de genética, 6).

MIRANDA FILHO, J.B.; VENCOVSKY, R.; PATERNIANI, E. **Variância genética aditiva da altura de planta e da espiga em dois compostos de milho e sua aplicação no melhoramento.** Piracicaba: USP/ESALQ, 1974. p.104-108, 1974. (Relatório Científico do Departamento de Genética, 8).

MUNDSTOCK, C.M. Efeitos de espaçamentos entre linhas e de populações de plantas em milho (*Zea mays L.*) de tipo precoce. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v.13, n.1, p.13-18, 1978.

NASCIMENTO, M. M. A.; MAMEDE, F. B. F.; NUNES, R. P. Ganho genético, herdabilidade e correlações genéticas nas populações de milho EPACE M-21 e CMS-451.. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 22, 1998, Recife. **Resumos...** Recife: S.n., 1998. p.95

OLIVEIRA, F. J. Combinações de espaçamentos e populações de plantas de Caupi e Milho em monocultura e consorciados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 28, n. 8, p.931-945, 1993.

PACHECO, C.A.P.; RAMALHO, M.A.P.; MAGNAVACA, R. Interação genótipo x ambientes na avaliação de progênies de meios-irmãos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v.33, n.4, p.433-439, 1998.

PACKER, D. **Variabilidade genética em quatro populações de milho (*Zea mays L.*)**. 1998. 102f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.

PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a brazilian population of maize (*Zea mays L.*). **Crop Science**, Madison, v.7, p.212-215, 1967.

PATERNIANI, E. Melhoramento de populações de milho. **Ciência e Cultura**, São Paulo, v. 21, p.3-10, 1969.

PATERNIANI, E. **Comportamento de milhos de porte baixo em duas densidades de plantio**. Piracicaba: USP/ESALQ, 1971. p.133-135. (Relatório Científico do Departamento de Genética, 5).

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. cap. 6, p.215-274.

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

PENARIOL, F.G.; FORNASIERI FILHO, D.; COICEV, L.; BORDIN, L.; FARINELLI, R. Comportamento de cultivares de milho semeadas em diferentes espaçamentos entre linhas e densidades populacionais, na safrinha. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, MG, v.2, n.2, p.52-60, 2003.

PEREIRA FILHO, I.A. **Comportamento dos cultivares de milho (*Zea mays L.*) “Piranão” e “Centralmex” em diferentes condições de ambientes, espaçamentos e níveis de nitrogênio**. 1977. 84f. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura de Lavras, Lavras, 1977.

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: POTATOS, 1993. cap. 1, p.1-10.

POZAR, G. **Interação da arquitetura da planta e espaçamento na produtividade do milho (*Zea mays L.*)**. 1981. 75f. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1981.

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

RESENDE, S. G.; PINHO, R. G. V. ; VASCONCELOS, R. C. Influência do espaçamento entre linhas e da densidade de plantio no desempenho de cultivares de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, MG, v.2, n.3, p.34-42, 2003.

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

ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Genetic variances in open-pollinated

varieties of corn. **Genetics**, Princeton, v. 40, p.45-60, 1955.

RODRIGUES, M.C. **Comparação entre sistemas de endogamia em milho (*Zea mays L.*)**. 1993, 154f. Dissertação (Mestrado) - Escola de Agronomia, Universidade federal de Goiás, Goiânia, 1993.

RONZELLI JÚNIOR, P. **Melhoramento genético de plantas**. Curitiba: P. Ronzelli Junior, 1996. 216p.

SANTOS, J. M.; DOMENACK, C.M.R.; BRUNINI, O; CASTRO, P.R.C. Balanço da radiação solar de ondas curtas em três densidades de plantio do milho (*Zea mays*, L. cv. Cargill 501). In: REUNIÃO BRASILEIRA DE MILHO E SORGO, 3., 1980, Londrina. **Resumos...** Londrina: IAPAR, 1980. p.60.

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

SANTOS, M.X.; NASPOLINI FILHO, Estimativas de parametros genéticos em três ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos (*Zea mays L.*). Dentado Composto Nordeste. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.9, n.2, p.307-319. 1986.

SAS INSTITUTE **SAS/STAT user's guide, version 6**. 4th.ed.Cary: SAS, 1994. v.2, p.891-996. (R. 1661-1663).

SAWAZAKI, E. **Melhoramento da cultivar de milho**. Campinas: Fundação Cargil, 1980. 49p.

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, DF, v. 30, n.5, p.683-686, 1995.

SILVA, P.R.F., ARGENTA, G., STRIEDER, M.L., CARDOSO, E.T., FORSTHOFER, E.L., SUHRE, E. Resposta de dois híbridos de milho ao arranjo de plantas. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 24, 2002, Florianópolis-SC. **Meio ambiente e a nova agenda para o agronegócio de milho e sorgo**. Sete Lagoas: ABMS/Embrapa Milho e Sorgo/Epagri, 2002. p.332.

SOUZA, M.P.; BRAGA, J.M. Aspectos Econômicos da Produção e Comercialização do milho no Brasil. In: GALVÃO, J.C.C.; MIRANDA, G.V. (Ed.) **Tecnologias de produção do milho**. Viçosa: UFV, 2004. cap. 1, p.13-55.

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. Genética quantitativa. In: KERR, W. E. **Genética e melhoramento**. São Paulo: Imprensa Universitária, 1969. p.17-38.

VENCOVSKY, R. Herança Quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1 1, cap. 5, p.135-214.

VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO, J. B.; SOUZA JR. C. L. Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: WEIR, B. S.; EISEN, E. J.; GOODMAN, M. M.; NAMKOONG, G. **Proceedings of the second international conference on quantitative genetics**. 2nd ed. Raleigh: N. C.; Sinauer Associates Inc., 1988. p.465-477. (Sinauer Associates Inc, 42).

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992a. cap.3, p.83-232.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992b. cap.4, p.233-333.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992c. cap.5, p.335-434.

WEBEL, O. D.; LONNQUIST, J. H. An evaluation of modified ear- to –row selection in a population o corn (*Zea mays* L.). *Crop Scienci*, . , 1967, cap.7, p.651-654.

ZINSLY, J.R. **Estudo comparativo entre a seleção massal e a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em milho (*Zea mays* L.)**. 1969. 52f. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1969.

ZUCOLO, A. L. **Avaliações genóticas de alguns caracteres agronômicos de famílias de meios irmãos do composto Arquitetura de milho (*Zea mays* L.)**. 1979, 89f. (Trabalho de Graduação) - Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, 1979.

TABELAS

Tabela 7- Médias, coeficientes de variação e quadrados médios das análises de variância individuais para os caracteres florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em cm), altura de espiga (AE em cm), tombamento (TOMB em %), prolificidade (PRO em espiga/planta), grãos ardidos (GA em nota), Rendimento (REND em kg/parcela), avaliado na safrinha. Composto Flintisa Anão, Selvíria - MS, julho de 2004).

Quadrados Médios								
FV	GL	FF	AP	AE	TOMB	PRO	GA	REND
<i>Experimento 1</i>								
Blocos	2	11,6218	866,5208	118,5208	4620,7664	0,0431	1,8141	0,0493
Progênes	49	9,5729**	264,6359**	112,7789**	270,3519	0,0528**	0,1559	0,1589**
Testemunhas	1	0,0000	40,0417	6,0000	120,6017	0,0002	0,0000	0,0261
Prog x Test	1	455,6125**	6311,9185**	9551,9775**	7614,6282**	0,6343**	0,0010	5,2995**
Erro Médio	102	3,0270	86,6091	41,3313	204,7822	0,0295	0,1099	0,0663
Média Geral	-	58,88	113,45	51,71	44,15	0,69	4,32	1,00
Média Progênes	-	59,22	112,17	50,14	42,75	0,68	4,32	0,96
Média Testemunhas	-	50,33	145,25	90,83	79,08	1,01	4,33	1,92
CV (%)	-	2,95	8,20	12,43	32,41	24,89	7,67	25,84
<i>Experimento 2</i>								
Blocos	2	5,4679	4042,7885	380,3333	1061,5762	0,0373	0,0208	0,3651
Progênes	49	3,5544**	255,4309**	151,3979**	281,0849**	0,0290**	0,1601**	0,1726**
Testemunhas	1	0,0000	1218,3750	1027,0417	15,6817	0,0171	0,3750	0,0266
Prog x Test	1	436,6730**	533,1702*	1942,6298**	3464,4886**	0,2886**	0,1356	3,5520**
Erro Médio	102	1,4418	124,0254	58,3072	95,7216	0,0164	0,0829	0,0447
Média Geral	-	59,03	118,17	55,27	71,79	0,70	4,40	1,13
Média Progênes	-	59,37	117,80	54,57	70,84	0,69	4,40	1,10
Média Testemunhas	-	50,67	127,42	72,92	95,35	0,92	4,25	1,89
CV (%)	-	2,03	9,42	13,82	13,63	18,28	6,55	18,66
<i>Experimento 3</i>								
Blocos	2	7,7179	304,1458	57,9631	268,7770	0,0036	0,4824	0,0127
Progênes	49	6,2368**	346,6701**	207,8009**	204,9439**	0,0253**	0,0782	0,0999**
Testemunhas	1	0,0000	80,6667	117,0417	6,6150	0,0005	0,0417	0,0066
Prog x Test	1	435,3356**	10107,5800**	9270,8125**	1720,1584**	0,6511**	0,5785*	4,9648**
Erro Médio	102	1,4434	125,0282	56,7736	88,2457	0,0130	0,1017	0,0473
Média Geral	-	59,35	113,42	54,71	75,68	0,62	4,39	1,01
Média Progênes	-	59,69	111,81	53,16	75,02	0,61	4,40	0,97
Média Testemunhas	-	51,00	153,67	93,25	92,28	0,94	4,08	1,90
CV (%)	-	2,02	9,86	13,77	12,41	18,44	7,27	21,53

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

Tabela 8- Valores dos quocientes entre o maior e o menor quadrados médio residual das análises individuais para florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espiga (AE), tombamento (TOMB), prolificidade (PRO), grãos ardidos (GA), Rendimento (REND), para época normal, safrinha e conjunta. Composto Flintisa Anão, Selvíria-MS, julho de 2004 e março de 2005.

Caráter	Normal			Safrinha			Conjunta		
	> QM	< QM	QM>/QM<	> QM	< QM	QM>/QM<	> QM	< QM	QM>/QM<
FF	2,65	1,17	2,26	3,03	1,44	2,10	2,78	1,14	2,44
AP	131,88	79,65	1,66	125,03	86,61	1,44	8,11	6,71	1,21
AE	118,27	48,01	2,46	58,31	41,33	1,41	13,25	10,32	1,28
TOMB	1,13	0,90	1,25	204,78	88,25	2,32	23,25	12,73	1,83
PRO	0,02	0,02	1,21	0,03	0,01	2,27	15,32	11,65	1,32
GA	0,01	0,00	1,14	0,11	0,08	1,32	3,50	2,95	1,19
REND	0,28	0,14	2,02	0,07	0,04	1,49	19,87	13,83	1,44
ENF	0,64	0,43	1,50	-	-	-	-	-	-

Tabela 9- Médias, coeficientes de variação e quadrados médios das análises de variância agrupadas para época normal e safrinha, para os caracteres florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em cm), altura de espiga (AE em cm), tombamento (TOMB em %), prolificidade (PRO em espiga/planta), grãos ardidos (GA em nota) e Rendimento (REND em kg/parcela). Composto Flintisa Anão, Selvíria-MS, julho de 2004 e março de 2005.

Quadrados Médios																		
FV	GL		FF		AP		AE		TOMB'		PRO		GA''		REND		ENF''	
	Normal	Safrinha	Normal	Safrinha	Normal	Safrinha	Normal	Safrinha	Normal	Safrinha	Normal	Safrinha	Normal	Safrinha	Normal	Safrinha	Normal	Safrinha
Blocos/Exp	6	6	9,44	8,27	525,90	1737,82	871,65	185,61	1,22	11,79	0,01	0,03	0,01	0,03	0,71	0,14	0,6714	-
Experimentos	2	2	8601,49**	9,13*	73750,33**	1168,53**	17853,48**	572,14**	18,6419**	219,83**	3,40**	0,30**	16,2682**	0,01	24,96**	0,87**	28,3389**	-
Progênes/Exp	116	147	1,99*	6,45**	701,81**	288,91**	387,46**	157,32**	1,20	1,82**	0,54**	0,03**	0,0064*	0,01*	0,93**	0,14**	1,0264**	-
Testemunhas	1	1	9,38*	0,00	1192,34**	128,00	630,12**	117,55	0,49	0,43	0,00	0,01	0,00	0,00	0,56	0,00	0,8712	-
Prog vs Test/ Exp	3	3	365,66**	442,54**	16791,95**	5650,88**	16498,03**	6921,80**	3,52	16,93**	0,02	0,52**	0,01	0,01	19,19**	4,60**	13,2248**	-
Test x Exp	2	2	5,05	0,00	71,43	605,54*	3,79	516,26**	1,03	0,68	0,00	0,01	0,01	0,01	0,07	0,03	0,9931	-
Erro Médio	244	306	1,71	1,97	105,93	111,89	74,01	52,14	1,01	0,67	0,02	0,02	0,005	0,004	0,20	0,05	0,5137	-
Média Geral	-	-	53,08	59,08	151,92	115,01	69,95	53,89	2,08 (4,93)	7,89 (63,87)	1,04	0,67	2,30 (4,78)	2,17 (4,37)	2,86	1,04	2,66 (7,4)	-
Média Progênes	-	-	53,47	59,42	149,35	113,92	67,38	52,62	2,10 (5,04)	7,83 (62,87)	1,04	0,65	2,30 (4,77)	2,17 (4,37)	2,77	1,01	2,73 (7,6)	-
Média Testemunhas	-	-	45,50	50,66	202,86	142,11	120,86	85,66	1,58 (2,89)	9,42 (88,90)	0,98	0,95	2,33 (4,92)	2,14 (4,22)	4,60	1,90	1,30 (2,1)	-
CV (%)	-	-	2,46	2,37	6,77	9,19	12,30	13,39	48,43	10,42	14,16	20,92	2,99	2,88	15,84	21,95	26,96	-

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

''-dados transformados = $\sqrt{x+0,5}$ e () = médias com dados originais

Tabela 10- Médias, coeficientes de variação e quadrados médios das análises de variância conjuntas para época normal e safrinha, para os caracteres florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em cm), altura de espiga (AE em cm), tombamento (TOMB em %), prolificidade (PRO em espiga/planta), grãos ardidos (GA em nota) e Rendimento (REND em kg/parcela). Composto Flintisa Anão, Selvíria-MS, julho de 2004 e março de 2005.

Quadrados Médios								
FV	GL	FF	AP	AE	TOMB	PRO	GA	REND
<i>Experimento 1</i>								
Blocos/S	4	3,5648	328,5023	112,5046	5,2363	0,0233	0,0206	0,0695
Época(S)	1	1014,4537**	34848,1481**	6888,0208**	715,6955**	0,1430	0,2872**	105,7813**
Progênes (Prog)	15	5,0159*	913,1623**	506,7206**	2,6063**	0,04917**	0,1057	1,2216**
Testemunha (T)	1	0,3333	17,5208	70,0833	0,4332	0,0000	0,0000	0,2512
Prog vs T	1	854,0289**	22596,2294**	24773,7294**	11,2659**	0,0319	0,0146	21,6435**
Progênes x S	15	4,6881*	300,2845**	158,4123**	1,1459	0,04983**	0,0074	0,5880**
Test x S	1	0,3333	172,5208	140,0833	2,3941	0,0000	0,0000	0,5323*
Prog vs T/ S	1	0,0567	2489,1461**	867,0026**	19,5722**	0,0870*	0,0074	2,4561**
Erro	68	2,3687	83,1200	43,5782	0,9586	0,0153	0,0062	0,1016
Média Geral	-	55,29	135,88	64,00	4,21	1,06	2,24	2,07
Média Progênes	-	56,28	130,77	58,64	4,10	1,06	2,24	1,91
Média Testemunhas	-	47,33	176,79	106,83	5,13	1,11	2,28	3,33
C.V. (%)	-	2,78	6,71	10,32	23,25	11,65	3,50	15,41
<i>Experimento 2</i>								
Blocos/S	4	9,6026	772,9503	90,5946	3,9362	0,0060	0,0023	0,0664
Época(S)	1	1489,2564**	61443,6923**	13804,8477**	1617,7280**	0,0000	0,3538**	133,8440**
Progênes (Prog)	23	1,2606	819,5857**	467,1321**	1,3463	0,0213	0,0046	0,4370**
Testemunha (T)	1	4,0833	1430,0833**	1180,0833**	0,1452	0,0000	0,0014	0,1852
Prog vs T	1	688,1543**	7046,7000**	10699,8398**	8,3841**	0,0280	0,0073	13,1397**
Progênes x S	23	1,9610*	169,1990	67,2058	0,9829	0,036387*	0,0034	0,2987**
Test x S	1	4,0833	133,3333	120,3333	0,0096	0,0021	0,0290*	0,0399
Prog vs T/ S	1	5,8894*	2573,7313**	1648,1262**	3,4892*	0,0347	0,0043	1,4768**
Erro	100	1,1492	124,1770	58,9362	0,8450	0,0165	0,0045	0,0880
Média Geral	-	55,53	138,05	64,89	5,25	1,08	2,27	2,15
Média Progênes	-	56,13	136,11	62,50	5,18	1,09	2,27	2,06
Média Testemunhas	-	48,25	161,33	93,58	6,05	1,03	2,25	3,15
C.V. (%)	-	1,93	8,07	11,83	17,52	11,86	2,95	13,83
<i>Experimento 3</i>								
Blocos/S	4	4,1263	628,7058	1216,1692	0,5595	0,0110	0,0082	0,0796
Época(S)	1	1511,1565**	103480,8194**	22219,7285**	2142,1849**	9,295**	0,3911**	196,4428**
Progênes (Prog)	30	3,7759*	678,71326**	501,1144**	0,7732	0,0501**	0,0078*	0,6510**
Testemunha (T)	1	5,3333	200,0833	1,6875	0,0075	0,0004	0,0000	0,0027
Prog vs T	1	738,0335**	20877,1652**	21972,2509**	0,5720	0,1803**	0,0070	20,4277**
Progênes x S	30	2,8441	131,8975	89,1669	1,2954**	0,0300*	0,0029	0,3308**
Test x S	1	5,3333	720,75*	275,5208	0,0056	0,0001	0,0044	0,0277
Prog vs T/ S	1	2,3542	100,5475	390,8675*	12,3291**	0,5152**	0,0337**	2,0976**
Erro	128	2,2929	126,9766	80,9504	0,5017	0,0165	0,0048	0,1637
Média Geral	-	56,27	138,91	67,90	5,56	0,84	2,26	2,04
Média Progênes	-	56,76	136,30	65,23	5,58	0,83	2,26	1,96
Média Testemunhas	-	48,67	179,33	109,38	5,35	0,96	2,24	3,30
C.V. (%)	-	2,69	8,11	13,25	12,73	15,32	3,06	19,84

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

"- dados transformados = $\text{raiz}(x+0,5)$.

Tabela 11- Análises de variância conjuntas agrupadas para as épocas normal e safrinha, para os caracteres florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em cm), altura de espiga (AE em cm), tombamento (TOMB em %), prolificidade (PRO em espiga/planta), grãos ardidos (GA em nota), Rendimento (REND em kg/parcela), avaliado na densidade de 80.000 plantas há⁻¹. Composto Flintisa Anão, Selvíria-MS, julho de 2004 e março de 2005.

FV	GL	FF	AP	AE	TOMB"	PRO	GA"	REND
Blocos/Época/Exp	12	5,7645	114,0770	473,0895	3,2440	0,0134	0,0104	0,0719
Experimento (Exp)	2	12083028,6021**	637516245,3195**	182060860,6294**	14228149,0400**	17003,1703**	2981,4602**	1346915,4701**
Época (S)	1	435432490,3098**	2666148709,6478**	357287695,1830**	6714597,9954**	51698,1846**	677381,7978**	516286,9171**
Época x Exp	2	370144,6478**	56554794,9929**	4154872,1830**	1107843,5299**	26067,8573**	79,9515**	70339,7423**
Progênes /Exp	68	3,1987**	778,0780**	490,8570**	1,3714**	0,0401**	0,0282**	0,7045**
Testemunha (T)	1	4,6944**	1050,8402**	646,0069**	0,0121	0,0066	0,0004	0,3220**
(Prog vs T)/ Exp	3	760,0722**	16840,0315**	19148,6067**	6,74071**	0,0800**	0,0096**	18,4036**
(Progênes x S)/Exp	68	2,9522**	181,6583**	97,0136**	1,1567**	0,0365**	0,0040	0,3767**
Test x Época	1	4,6944**	269,5069**	101,6736**	0,7744	0,0006	0,0036	0,4002**
Test x Exp	2	2,5277**	298,4236**	302,9236**	0,2869	0,0109	0,0005	0,0585
Test x S x Exp	2	2,5277**	378,5486**	217,1319**	0,8175	0,0008	0,0149**	0,0999
[(Prog vs T)xÉpoca	3	2,7667**	1721,1416**	968,6654**	11,7968**	0,2123**	0,0151**	2,0102**
Erro Médio	296	1,9239	115,9556	64,9277	0,7226	0,0162	0,0050	0,1238
Média Geral	-	55,7879	137,9102	65,9729	5,1404	0,9732	2,2587	2,0816
Média Progênes	-	58,9289	140,9436	65,5931	5,3347	1,0108	2,3590	2,0692
Média Testemunhas	-	48,0833	172,4861	103,2639	5,5089	1,0314	2,2519	3,2627
C.V. (%)	-	2,4863	7,8082	12,2138	16,5372	13,0902	3,1298	16,9066

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

"-dados transformados = raiz(x+0,5).

Tabela 12- Estimativas de variância ambiental, variância genética de progênes, variância genética aditiva, variância fenotípica média, coeficiente de variação genético, herdabilidade, índice de variação e ganho com a seleção (intensidade 20%) nas épocas de safrinha e normal para os caracteres florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em cm), altura de espiga (AE em cm), tombamento (TOMB em %), prolificidade (PRO em espiga/planta), grãos ardidos (GA em nota), rendimento (REND em kg/parcela), em época normal e safrinha. Composto Flintisa Anão, Selvíria-MS, julho de 2004 e março de 2005.

Parâmetros	CARACTERÍSTICAS													
	FF		AP		AE		TOMB		PRO		GA		REND	
	normal	safrinha	normal	safrinha	normal	safrinha	normal	safrinha	normal	safrinha	normal	safrinha	normal	safrinha
Variância ambiental	1,711	1,971	105,933	111,888	74,008	52,137	0,005	129,583	0,011	0,020	0,005	0,098	0,071	0,053
Variância de Progênes	0,094	1,495	198,628	59,008	104,485	35,063	0,001	40,848	0,011	0,005	0,001	0,011	0,243	0,030
Variância aditiva	0,374	5,978	794,510	236,033	417,939	140,251	0,004	163,392	0,044	0,021	0,002	0,044	0,971	0,121
Variância fenotípica média	0,664	2,152	233,938	96,304	129,154	52,442	0,003	84,042	0,014	0,012	0,002	0,044	0,266	0,048
Herdabilidade	14,090	69,460	84,906	61,270	80,899	66,860	39,587	48,600	60,118	45,010	26,875	25,330	78,067	63,320
Coef. variação genético (%)	0,592	2,057	9,437	6,743	15,170	11,252	1,461	10,166	10,009	11,121	1,047	2,408	17,797	17,214
Índice de variação (CV/CVe)	0,232	0,866	1,393	0,733	1,234	0,840	0,467	0,570	0,707	0,531	0,350	0,336	1,124	0,784
Ganho com seleção (unid)	0,161	1,426	18,178	8,417	12,870	6,778	0,029	6,237	0,129	0,068	0,017	0,074	0,658	0,194
Ganho com seleção (%)	0,302	2,400	12,172	7,388	19,100	12,880	1,268	9,921	12,365	10,492	0,760	1,686	23,779	19,194

Tabela 13- Estimativas de variância ambiental, variância genética de progênies, variância genética aditiva, variância fenotípica média, coeficiente de variação genético, herdabilidade, índice de variação e ganho com a seleção (intensidade 20%) para a análise conjunta agrupada envolvendo as épocas normal e safrinha, para os caracteres florescimento feminino (FF em dias), altura de plantas (AP em cm), altura de espiga (AE em cm), tombamento (TOMB em %), prolificidade (PRO em espiga/planta), grãos ardidos (GA porcentagem de nota), rendimento (REND em kg/parcela). Composto Flintisa Anão, Selvíria-MS, março de 2005 e julho de 2004.

Parâmetros	CARACTERÍSTICAS						
	FF	AP	AE	TOMB	PRO	GA	REND
Variância ambiental	1,9239	115,9556	64,9277	0,7226	0,0162	0,0050	0,1238
Variância de Progênies	0,2125	110,3537	70,9882	0,1081	0,0040	0,0039	0,0968
Varância de Prog x Época	0,1714	10,9505	5,3477	0,0724	0,0034	-0,0002	0,0421
Variância aditiva	0,8498	441,4149	283,9529	0,4325	0,0160	0,0155	0,3871
Variância fenotípica média	0,6188	135,1549	84,4834	0,2647	0,0084	0,0046	0,1385
Coef. variação genético (%)	0,7822	7,4533	12,8450	6,1639	6,2484	2,6388	15,0348
Razão CV/Cve	0,3323	0,9755	1,0456	0,3868	0,4958	0,8806	0,8840
Herdabilidade	34,3390	81,6498	84,0263	40,8424	47,5459	83,7391	69,8809
Ganho com seleção (unid)	0,3781	13,2873	10,8110	0,2941	0,0610	0,0797	0,3640
Ganho com seleção (média)	0,6416	9,4227	16,4819	5,5141	6,0307	3,3801	17,5932

Tabela 14- Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva (acima da diagonal) e fenotípica (abaixo da diagonal) entre os caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PRO), rendimento (REND), enfezamento (ENF), tombamento (TOMB) e grãos ardidos (GA), em época normal. Composto Flintisa Anão, Selvíria - MS, março de 2005).

Combinação de Caracteres	FF	AP	AE	PRO	REND	ENF	TOMB	GA
FF	-----	-1,17	-1,32	-1,95	-1,82	0,66	-1,15	-1,66
AP	-0,35	-----	0,95	0,52	0,78	-0,31	-0,93	0,83
AE	-0,37	0,93	-----	0,59	0,83	-0,27	-0,97	0,80
PRO	-0,48	0,38	0,44	-----	0,81	-0,33	-0,67	0,61
REND	0,57	0,67	0,72	0,72	-----	-0,52	-0,19	0,83
ENF	-0,02	-0,20	-0,17	-0,17	-0,32	-----	-0,68	-0,44
TOMB	-0,09	-0,27	-0,28	-0,02	-0,09	-0,01	-----	-0,29
GA	-0,27	0,40	0,39	0,31	0,46	-0,16	-0,08	-----

Tabela 15- Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva (acima da diagonal) e fenotípica (abaixo da diagonal) entre os caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PRO), rendimento (REND), tombamento (TOMB) e grãos ardidos (GA). Na safrinha. Composto Flintisa Anão, Selvíria - MS, julho de 2004).

Combinação de Caracteres	FF	AP	AE	PRO	REND	TOMB	GA
FF	-----	-0,28	-0,25	-0,26	-0,37	-0,06	-0,10
AP	-0,16	-----	0,94	0,22	0,47	0,40	-0,76
AE	-0,16	0,92	-----	0,10	0,47	0,38	-0,01
PRO	-0,54	0,13	0,07	-----	0,85	0,13	0,19
REND	-0,77	0,47	0,47	0,85	-----	0,33	0,34
TOMB	0,24	0,19	0,21	0,30	0,33	-----	-0,08
GA	-0,13	0,04	0,01	0,15	0,34	-0,12	-----

Tabela 16- Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva (acima da diagonal) e fenotípica (abaixo da diagonal) entre os caracteres florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PRO), rendimento (REND), tombamento (TOMB) e grãos ardidos (GA), para as épocas normal e safrinha, analisadas conjuntamente. Composto Flintisa Anão, Selvíria - MS, julho de 2004 e março de 2005).

Combinação de Caracteres	FF	AP	AE	PRO	REND	TOMB	GA
FF	-----	-0,40	-0,58	-1,50	-0,95	-0,51	-2,67
AP	-0,28	-----	0,96	0,88	0,79	-0,24	1,06
AE	-0,32	0,94	-----	0,86	0,81	-0,25	1,05
PRO	-0,47	0,56	0,55	-----	0,84	0,35	-0,93
REND	-0,53	0,69	0,71	0,65	-----	0,25	0,69
TOMB	-0,21	-0,14	-0,14	0,11	0,12	-----	0,78
GA	-0,30	0,39	0,37	0,22	0,39	0,04	-----

Tabela 17- Estimativas das respostas correlacionadas (%) nos caracteres, florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PRO), rendimento (REND), enfezamento (ENF), tombamento (TOMB) e grãos ardidos (GA), em época normal. Composto Flintisa Anão, Selvíria - MS, março de 2005).

Resposta Correlacionada	Característica Selecionada							
	FF	AP	AE	PRO	REND	ENF	TOMB	GA
FF	-----	-0,64	-0,70	-8,81	-0,95	0,03	-0,22	-0,46
AP	-4,28	-----	10,88	5,09	8,81	-2,76	-3,75	4,94
AE	-7,77	17,92	-----	9,21	15,06	-3,88	-6,32	7,68
PRO	-7,48	6,43	7,06	-----	9,51	-3,04	-0,28	3,77
REND	-12,55	17,32	17,99	14,81	-----	-8,53	-1,42	9,25
ENF	0,38	-5,79	-4,93	-5,05	-9,09	-----	-4,33	-4,07
TOMB	-4,26	-11,03	-11,30	-0,66	-2,12	-6,07	-----	-1,74
GA	-0,62	0,99	0,93	0,60	0,94	-0,39	-0,12	-----

Tabela 18- Estimativas das respostas correlacionadas (%) nos caracteres, florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PRO), rendimento (REND), tombamento (TOMB) e grãos ardidos (GA), na safrinha. Composto Flintisa Anão, Selvíria - MS, julho de 2004).

Resposta Correlacionada	Caráter Selecionado						
	FF	AP	AE	PRO	REND	TOMB	GA
FF	-----	-0,19	-0,28	-1,49	-1,70	-0,88	-0,28
AP	-0,68	-----	6,95	1,33	3,39	2,67	-0,32
AE	-1,57	11,11	-----	1,06	5,75	4,33	-0,08
PRO	-10,11	2,59	1,29	-----	10,03	4,04	1,32
REND	-14,94	8,53	9,06	12,98	-----	6,05	3,70
TOMB	-5,20	4,53	4,59	3,52	4,07	-----	-0,34
GA	-0,55	-0,18	-0,03	0,38	0,82	-0,11	-----

Tabela 19- Estimativas das respostas correlacionadas (%) nos caracteres, florescimento feminino (FF), altura de plantas (AP), altura de espigas (AE), prolificidade (PRO), rendimento (REND), tombamento (TOMB) e grãos ardidos (GA), nas épocas normal e safrinha analisados conjuntamente. Composto Flintisa Anão, Selvíria - MS, julho de 2004 e março de 2005).

Resposta Correlacionada	Caráter Selecionado						
	FF	AP	AE	PRO	REND	TOMB	GA
FF	---	-0,43	-0,52	-0,74	-0,77	-0,30	-0,26
AP	-2,66	-----	9,12	5,49	6,87	-1,16	2,03
AE	-5,48	15,49	-----	9,05	12,02	-2,31	2,60
PRO	-5,03	6,04	5,85	-----	32,00	1,81	8,64
REND	-10,41	14,98	15,43	63,48	-----	3,75	3,78
TOMB	-2,18	-1,36	-1,59	1,93	2,01	-----	0,56
GA	-0,56	0,71	0,72	2,74	0,60	0,17	-----