

PREDIÇÃO DE GANHO GENÉTICO EM UMA POPULAÇÃO DE MILHO (*Zea mays* L.) PALHA ROXA¹

Guilherme Alípio Dias Ferreira²
Aluizio Borém²

1. INTRODUÇÃO

O progresso genético obtido por qualquer método de seleção intrapopulacional depende da variabilidade na população-base, mais precisamente da variância aditiva. O conhecimento da variabilidade genética e da contribuição relativa dos diferentes tipos de ação gênica, presentes na população, é importante para os programas de melhoramento. Dessa forma, a estimativa da variância genética aditiva e de outros parâmetros genéticos do material sob seleção pode indicar ao melhorista suas reais possibilidades de êxito no melhoramento (3).

RAMALHO (13) e HALLAUER e MIRANDA FILHO (8) mostraram que a variância aditiva é o principal componente da variância genética total para a maioria dos caracteres de milho no processo de seleção. A variância genética aditiva pode ser estimada quando se conhece o grau de parentesco entre as progênies avaliadas.

¹ Parte da tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, pelo primeiro autor, para a obtenção do título de "Magister Science" em Genética e Melhoramento de Plantas. Aceito para publicação em 24.09.1998.

² Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa. 36571-000 Viçosa-MG.

O uso dos parâmetros genéticos aumenta a eficiência na execução dos programas de melhoramento. Estes parâmetros são característicos de cada população, sendo alterados durante o processo de seleção. WEBEL e LONNQUIST (22) observaram que a variabilidade na variedade 'Hays Golden', após quatro ciclos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos, caiu de 11,27% para 4,23% após o primeiro ciclo de seleção, permanecendo relativamente constante nos demais ciclos. COMPTON e BAHADUR (4) relataram que, após 10 ciclos nessa mesma população, foram observados progressos contínuos e, ainda, considerável variância genética.

O presente trabalho teve como objetivos: a) estimar parâmetros genéticos relativos à altura de planta, à altura de espiga, ao peso da planta (seca), ao peso de espigas por parcela e ao peso de grão por parcela numa população de milho denominada Palha Roxa; e b) avaliar as possibilidades de êxito no melhoramento dessa população pela predição de ganho genético e inter-relações das variáveis avaliadas pela resposta correlacionada.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Três experimentos foram conduzidos em látice triplo 7 x 7, avaliando-se 147 famílias de meios-irmãos de uma população de milho 'Palha Roxa'. Cada parcela foi constituída por uma área útil de 5 m², ou seja, uma fileira de 5 m por 1 m entre linhas.

Antes de se proceder à análise estatística, os dados para peso de grãos e espigas por parcela foram corrigidos para 15,5% de umidade, utilizando-se a seguinte fórmula:

$$P_{15,5\%} = \frac{P_c(1-U)}{(1-0,155)}$$

em que

$P_{15,5\%}$ - peso corrigido para 15,5% de umidade;

P_c - peso de campo observado do caráter por parcela; e

U - umidade dos grãos observada em cada parcela, expressa em decimais.

A correção do estande para produção de grãos e espigas por parcela foi feita pelo método da covariância (19). A metodologia consistiu na realização da análise de variância relativa ao estande e da análise de covariância entre estande e produção, conforme o delineamento proposto.

Obteve-se, assim, um coeficiente de regressão linear da produção em relação às variações do estande (b), que é dado pela relação PMe/QMe , em que PMe é o produto médio residual da análise de covariância e QMe é o quadrado médio do resíduo da análise de variância do estande.

O modelo de correção utilizado foi $Z_{ij}=y_{ij}-b(x_{ij}-N)$

em que

Z_{ij} - rendimento corrigido do tratamento i, na repetição j, correção feita para estande de 25 plantas por parcela;

y_{ij} - rendimento observado do tratamento i, na repetição j;

b - coeficiente de regressão linear da produção, em relação às variações de estande;

x_{ij} - número de plantas da parcela ij; e

N - estande na parcela (25 plantas).

Nos três experimentos, cinco plantas competitivas e tomadas ao acaso, dentro de cada família, previamente marcadas com tinta preta para avaliação de suas alturas, foram posteriormente analisadas para a determinação de seus pesos. Para mensuração do peso das plantas, realizou-se um corte rente ao solo (toda parte aérea) e levou-se em consideração a umidade do grão de aproximadamente 17,5%.

Utilizando-se uma estufa com ventilação forçada a 72°C durante 72 horas, determinou-se o peso da parte aérea seca da planta (PA).

O modelo estatístico adequado para a análise de variância de médias ou totais de parcela foi

$$Y_{ijl} = \mu + t_i + r_j + (b/r)_{jl} + e_{ijl}$$

em que

Y_{ijl} - total ou média do tratamento i ($i=1,2,3,\dots,v$), no bloco l ($l=1,2,3,\dots,k$) da repetição j ($j=1,\dots,r$);

μ - constante comum a todas as observações;

t_i - efeito aleatório da progênie de meios-irmãos i;

r_j - efeito aleatório da repetição j;

$(b/r)_{jl}$ - efeito aleatório do bloco l, dentro da repetição j; e

e_{ijl} - erro ou resíduo intrabloco associado à observação Y_{ijl} .

Segundo VIANA (21), o esquema da análise de variância e as esperanças matemáticas de quadrados médios estão representados no Quadro 1.

Testar a hipótese $H_0: \sigma_p^2 = 0$ vs $H_a: \sigma_p^2 > 0$ equivale a testar a nulidade da variância aditiva na população base, pois $\sigma_A^2 = 4 \sigma_p^2$.

A significância ou não da variância aditiva é dada por

$$F = \frac{QMT}{QME}$$

QUADRO 1 - Esquema da análise de variância para um experimento em látice quadrado, mostrando as esperanças matemáticas dos quadrados médios			
FV	GL	QM	E(QM)
Repetições	$(r-1)=2$	QMR	$\sigma^2 + k\sigma_b^2 + v\sigma_r^2$
Blocos/repetições (n.aj.)	$r(k-1)=18$	QMB	$\sigma^2 + \sigma_p^2 + k\sigma_b^2$
Tratamentos (aj)	$(k^2-1)=48$	QMT _(aj)	$\sigma^2 + \frac{k}{k+1} r\sigma_p^2$
Resíduo (erro intrabloco)	$(k-1)(rk-k-1)=78$	QME	σ^2
Total	$(rk^2-1)=146$		

k = número de tratamentos em cada bloco;
 v = número de tratamentos ($v = k^2$);
 r = número de repetições;
 n. aj = não-ajustado
 aj. = ajustado.

Antes de se realizar a análise agrupada, foi testada a homogeneidade dos erros entre os experimentos, por meio da relação entre o maior erro intrabloco relativo a um dos três experimentos (individuais), para os caracteres em estudo e para o menor erro (intrabloco), observando que esta relação não ultrapassou o valor quatro; só assim consideraram-se as variâncias homogêneas, permitindo fazer a análise agrupada da variância (7). Na análise da variância agrupada, as somas de quadrados e números de graus de liberdade para tratamentos (famílias de meios-irmãos) e para o erro intrabloco resultam da soma dos respectivos valores dos experimentos individuais, definindo os quadrados médios ponderados pelos graus de liberdade (14). Como não houve perda de tratamento, a soma de quadrado

na análise agrupada para um dado caráter em estudo nada mais foi que sua média aritmética relativa aos experimentos 1, 2 e 3.

O modelo da análise agrupada foi o seguinte:

$$y_{ijlm} = \mu + g_m + (t/g)_{im} + (r/g)_{jm} + (b/r/g)_{jlm} + e_{ijlm}$$

em que

y_{ijlm} = total ou média do tratamento i , no bloco l , da repetição j , no experimento m , em que $m=1,2,3$;

μ = constante comum a todas as observações;

g_m = efeito aleatório do experimento m ;

$(t/g)_{im}$ = efeito aleatório da progênie de meio-irmão i dentro do experimento m ;

$(r/g)_{jm}$ = efeito aleatório da repetição j dentro do experimento m ;

$(b/r/g)_{jlm}$ = efeito aleatório do bloco l dentro da repetição j , dentro do experimento m ; e

e_{ijlm} = erro ou resíduo associado à observação y_{ijlm} (erro intrabloco).

O esquema da análise de variância e as esperanças de quadrados médios, segundo BONOMO (2), encontram-se no Quadro 2.

QUADRO 2 - Esquema da análise de variância agrupada, para um experimento em látice quadrado, com as esperanças matemáticas dos quadrados médios			
FV	G.L	QM	E(QM)
Experimentos	$(g-1)=2$	QMEX	-
Repetições/Exp.	$g(r-1)=6$	QMR	$\sigma^2 + k\sigma_b^2 + v\sigma_r^2$
Blocos/Rep./Exp.(n.aj.)	$gr(k-1)=54$	QMB	$\sigma^2 + \sigma_p^2 + k\sigma_b^2$
Tratamento/Exp.(aj.)	$g(k^2-1)=144$	QMT	$\sigma^2 + \frac{k}{k+1} r\sigma_p^2$
Resíduo(erro intrabloco)	$g(k-1)(rk-k-1)=234$	QME	σ^2
Total	$(grk^2-1)=440$		
σ^2 - Variância do erro intrabloco; e			
σ_p^2 - Variância genética entre progênies.			

O teste de hipótese é mesmo para um experimento individual em que, sob H_0 , F tem distribuição de Snedecor com 144 e 234 graus de liberdade, segundo SEARLE (16).

2.1. Estimação dos parâmetros genéticos

Com base nas esperanças dos quadrados médios que se encontram nos Quadros 1 e 2, estimaram-se a variância genotípica entre progênieis (σ_p^2), a variância ambiental (σ^2) e a variância fenotípica entre progênieis (σ_F^2), pelos estimadores

$$\hat{\sigma}_p^2 = \left(\frac{k+1}{k} \right) \left(\frac{QMT - QME}{r} \right)$$

$$\hat{\sigma}^2 = QME$$

$$\hat{\sigma}_F^2 = \left(\frac{k+1}{k} \right) \frac{QMT}{r} \quad \text{segundo VIANA (21).}$$

As variâncias, tanto da estimativa da variância genética entre progênieis como da variância aditiva, são dadas por

$$V(\hat{\sigma}_p^2) = \left(\frac{k+1}{k} \right)^2 \cdot \frac{2}{r^2} \cdot \left(\frac{(QMT)^2}{(gl_1 + 2)} + \frac{(QME)^2}{(gl_2 + 2)} \right)$$

$$V(\hat{\sigma}_a^2) = 16 \cdot \left(\frac{k+1}{k} \right)^2 \cdot \frac{2}{r^2} \cdot \left(\frac{(QMT)^2}{(gl_1 + 2)} + \frac{(QME)^2}{(gl_2 + 2)} \right)$$

em que $V(\hat{\sigma}_p^2)$ e $V(\hat{\sigma}_a^2)$ medem a precisão das estimativas do componente da variância genética e da variância aditiva entre progênieis. Nas fórmulas acima, os gl_1 e gl_2 representam os graus de liberdade para tratamento ajustado e resíduo intrabloco, respectivamente.

Segundo VENCOVSKY (18), o coeficiente de variação genética

(CV_g) , o coeficiente de variação experimental (CV_e) e o índice de variação (θ) são obtidos da seguinte forma:

$$CV_g \% = \frac{\hat{\sigma}_p}{\bar{X}} 100$$

$$CV_e \% = \frac{\hat{\sigma}}{\bar{X}} 100$$

$$\hat{\theta} = \frac{CV_g \%}{CV_e \%}$$

em que

\bar{X} é a estimativa da média do caráter em estudo.

O estimador da herdabilidade no sentido restrito, com base na média de família, em uma população sob equilíbrio de Hardy-Weinberg e equilíbrio de ligação gênica, é dado por

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_F^2}$$

2.2. Ganho esperado com a seleção

Segundo CRUZ e REGAZZI (6), a avaliação da magnitude da resposta correlacionada tem sido de grande interesse quando se deseja obter ganhos em caracteres de grande importância, mas que, por questões de complexidade, facilidade de identificação e, ou, mensuração, a seleção é praticada em caracteres auxiliares. Entretanto, a resposta esperada em um caráter Y, quando a seleção é aplicada sobre um outro caráter X, é definida pelo produto entre a resposta direta em X e o coeficiente de regressão dos valores genéticos de Y em função dos valores genéticos de X, dada por

$$RY(x) = \hat{\beta}RX$$

em que

$RY_{(x)}$ - resposta indireta em Y resultante da seleção em X (ganho indireto);

RX - resposta direta em X (ganho direto), dada por

$$R_x = DS_x p \frac{\hat{\sigma}_{px}^2}{\hat{\sigma}_{Fx}^2} = k_x p h_x \hat{\sigma}_{px}$$

DS_x - diferencial de seleção direto para o caráter X;

k_x - diferencial de seleção em unidades de desvio-padrão (diferencial de seleção estandarizado), obtido em tabelas apropriadas;

p - controle parental; neste trabalho, em que a unidade de seleção é igual à unidade de recombinação, e foram recombinados apenas os indivíduos selecionados, seu valor é 1.

$\hat{\beta}$ - estimador do coeficiente de regressão que mede a variação nos valores genéticos de Y, com a mudança de uma unidade nos valores genéticos de X, dado por

$$\hat{\beta} = \frac{Cov(X, Y)}{\hat{\sigma}_{gx}^2} = \frac{r_{gxy} \hat{\sigma}_{py}}{\hat{\sigma}_{px}}$$

r_{gxy} - estimador do coeficiente de correlação genotípica entre X e Y.

Assim, tem-se

$$R_{y(x)} = k_x p h_x r_{gxy} \hat{\sigma}_{py}$$

Sendo RY a resposta à seleção direta em Y, tem-se que

$$R_y = k_y p h_y \hat{\sigma}_{py}$$

logo, a resposta indireta de X em Y é dada por

$$R_{y(x)} = k_x \cdot p \cdot \frac{\hat{\sigma}_{px}^2}{\hat{\sigma}_{Fx}^2} \cdot \frac{\hat{\sigma}_{py} \cdot r_{gxy}}{\hat{\sigma}_{px}} = k_x \cdot p \cdot h_x \cdot \hat{\sigma}_{py} \cdot r_{gxy}$$

A relação $R_{y(x)}/R_y$, considerando-se a mesma intensidade de seleção praticada em X e Y, permite verificar se a resposta indireta proporciona

ganhos superiores à resposta direta.

$$\frac{RY_{(x)}}{RY} = \frac{h_x r_{gxy}}{h_y}, \text{ logo } RY_{(x)} > RY \text{ se } r_{gxy} h_x > h_y.$$

Todas as análises estatísticas foram feitas no programa GENES (5). As médias ajustadas intrabloco foram obtidas pelo SAS (15).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

No Quadro 3, apresenta-se o resumo das análises de variância agrupadas referentes à altura de planta (AP), à altura de espiga (AE), ao peso da parte aérea seca (PA), ao peso de espigas da parcela (PE) e ao peso de grãos da parcela (PG). As análises, com exceção de PA, apresentaram eficiência do látice superior a 6%, em relação a blocos completos casualizados. Assim, o delineamento em látice foi adequado para melhor controle local. Segundo RAMALHO (13), a condução adequada dos experimentos, visando reduzir o erro experimental, deve ser preocupação constante dos melhoristas, pois pode proporcionar uma série de vantagens, como maior precisão das estimativas e elevação da herdabilidade estimada.

O coeficiente de variação ambiental (C_{Ve}), segundo GOMES (7), fornece uma idéia da precisão experimental. Ele é dependente do caráter avaliado, da média observada desse caráter e do delineamento experimental utilizado. Para os caracteres alturas de planta (AP) e de espiga (AE), peso de espigas (PE) e peso de grãos (PG), o C_{Ve} se assemelha aos relatados em outros trabalhos. VENCOVSKY *et alii* (20), trabalhando com 58 ensaios de famílias de meio-irmãos, conduzidos no Brasil, obtiveram um C_{Ve} médio de 16,3%, oscilando de 7,8 a 23,30%, para o caráter peso de espiga. AGUIAR (1), avaliando progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-39, em Lavras, Ijaci e Sete Lagoas (MG), encontrou C_{Ve}, expresso em %, para altura de planta e da espiga, respectivamente, de 7,47 e 10,55, em Lavras; de 4,47 e 8,88, em Ijaci; e de 8,00 e 15,08, em Sete Lagoas.

Verificou-se, para todos os caracteres, variação significativa entre progênies, pelo teste F (Quadro 3). Isso evidencia a variabilidade genética aditiva na população-base e, por conseguinte, a possibilidade de progresso genético com a seleção.

3.1. *Estimação de parâmetros genéticos*

O método de seleção intrapopulacional entre e dentro de famílias de meios-irmãos vem sendo amplamente empregado no Brasil, em programas de melhoramento de populações de milho, com o objetivo de elevar as frequências dos genes desejáveis. Neste trabalho, foi realizada apenas a seleção entre progênies, e, concomitantemente, foram estimados os parâmetros genéticos da população em estudo. Como foi utilizado apenas um tipo de família, não foi possível estimar a variância de dominância (σ_D^2).

QUADRO 3 - Resumo das análises de variância agrupadas, para altura de planta (AP) e de espiga (AE), em metro, peso da parte aérea da planta seca (PA), em kg, peso de espigas por parcela (PE) e peso de grãos por parcela (PG), em kg/5m ²						
FV	GL	Quadrados Médios				
		AP	AE	PA	PE	PG
Experimentos	2	0,337	0,128	0,347	0,013	14,195
Repetições/Exp.	6	0,1365	0,0443	0,0423	1,3345	1,0071
Blocos/Rep./(n.aj.)	54	0,0771	0,0349	0,0123	1,6107	1,0819
Tratamento/Exp. (aj.)	144	0,0376*	0,0315*	0,0075*	0,6271*	0,4139*
Resíduo (erro intrabloco)	234	0,0120	0,0094	0,0041	0,1631	0,1155
Média		2,5167	1,4738	0,281	3,0941	2,5307
C.V. (%)		4,35	6,57	22,91	13,05	13,43
Ef. Látice		133,70	111,37	106,23	131,82	128,72

* significativo a 5% de probabilidade, pelo teste F.

No Quadro 4 estão apresentadas as estimativas da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), do valor do desvio-padrão das estimativas da variância genética aditiva ($s(\hat{\sigma}_A^2)$), assim como o percentual que este representa da estimativa [ou seja, da ($\hat{\sigma}_A^2$)], da variância ambiental ($\hat{\sigma}^2$), da variância fenotípica entre progênies ($\hat{\sigma}_F^2$), do coeficiente de variação genética (CVg), do coeficiente de variação ambiental (CVe), do índice de variação ($\hat{\theta}$) e da herdabilidade (h^2).

Para todos os caracteres avaliados, as estimativas de variância genética aditiva da população-base foram significativamente diferentes de zero, a 5% de probabilidade, pelo teste F, evidenciando a possibilidade de se obterem ganhos genéticos com a seleção.

A estimativa da variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$) para produção de grãos foi de $11,37 \times 10^{-2}$ (kg/5m²), que corresponde a $1,8 \times 10^{-4}$ (kg/planta)². Na literatura são relatadas estimativas dessa variância semelhantes às encontradas neste experimento, segundo SILVA (17), da ordem de $1,14 \times 10^{-4}$ (kg/planta)², e, de acordo com LIMA (9), de $1,09 \times 10^{-4}$ (kg/planta)².

QUADRO 4 - Estimativas da variância genotípica entre progênies (σ_p^2), da variância genética aditiva (σ_A^2), do desvio-padrão da variância genética aditiva $s(\sigma_A^2)$, da variância ambiental (σ^2), da variância fenotípica entre progênies (σ_F^2), do coeficiente de variação genética (CVg), do coeficiente de variação ambiental (CVe), do índice de variação (θ), e da herdabilidade no sentido restrito, em nível de média de família (h^2), para altura de planta, altura de espiga, peso da planta, peso de espigas da parcela e peso de grãos da parcela

Parâmetros	AP	AE	PA	PE	PG
σ_p^2	0,0098	0,0084	0,0013	0,1767	0,1137
σ_A^2	0,0391	0,034	0,0051	0,7069	0,4547
$\pm s(\sigma_A^2)^{1/}$	$\pm 0,0069$ (17,7%)	$\pm 0,0058$ (17,1%)	$\pm 0,0015$ (28,4%)	$\pm 0,1142$ (16,1%)	$\pm 0,0756$ (16,6%)
σ^2	0,0120	0,0094	0,0041	0,1631	0,1155
σ_F^2	0,0143	0,0120	0,0029	0,2389	0,1577
C.V.g(%)	3,93	6,23	12,76	13,59	13,32
C.V.e(%)	4,35	6,57	22,91	13,05	13,43
θ	0,90	0,95	0,56	1,04	0,99
h^2 (%)	68	70	45	74	72

1/ Os números entre parênteses representam a variação do desvio-padrão em relação a σ_A^2 .

Para o caráter PG, o valor do desvio-padrão da estimativa de σ_A^2 foi de $\pm 0,075$ kg/5m², o que representa 16,6% da estimativa de σ_A^2 . Os desvios-padrão das estimativas de σ_A^2 , obtidos neste trabalho, foram de

baixa magnitude, quando comparados a valores obtidos em outros estudos apresentados na literatura (14).

A estimativa obtida para o coeficiente de variação genética, referente ao caráter PG, foi de 13,32%, e pode ser satisfatória para a utilização do método de seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos, quando comparada com 15% encontrados por PATERNIANI (11), 12% por PACKER (10) e 11% por WEBEL e LONNQUIST (22). No entanto, segundo ZINSLY (23), a variabilidade genética medida pelo coeficiente de variação genética tem suas limitações, podendo o aumento da produção com os sucessivos ciclos de seleção ser a principal causa de erro em sua estimativa. Portanto, na fase inicial do programa de melhoramento a utilização do coeficiente de variação genética, como referência da variabilidade da população, é de importância para a variedade Palha Roxa. Assim, num processo de seleção a longo prazo espera-se obter ganhos mais expressivos nos caracteres PA, PE e PG, cujos CVg's são maiores.

O índice de variação (θ) que expressa a proporção do coeficiente de variação genética entre as famílias de meio-irmãos, em relação ao coeficiente de variação do erro experimental, fornece uma idéia da facilidade de se realizar a seleção. Um valor igual ou superior a 1,0 indica uma situação favorável à seleção (18). A estimativa de θ foi de pequena magnitude para o caráter PA. Para os caracteres AP, AE, PE e PG, os valores de θ foram próximos ou superiores a 1,0. Isso indica facilidade para obtenção de ganhos por seleção, para esses caracteres, por meio do método de seleção utilizado. A grande influência do ambiente, no peso da produção biológica, ressaltá a dificuldade de se manipularem geneticamente esses caracteres e de se praticar uma seleção eficiente a curto prazo, associada à pequena praticidade experimental na determinação do caráter (PA).

As herdabilidades no sentido restrito, para a média de família, relativas aos caracteres AP, AE, PE e PG, foram superiores a 68%. Para PA a estimativa foi de 45%. O conhecimento da herdabilidade no sentido restrito, bem como da variância aditiva, são indispensáveis para as estimativas de progressos genéticos.

A estimativa de herdabilidade para peso de grãos foi de 72%, o que pode ser considerado acima do que vem sendo apresentado na literatura. Porém, concorda com trabalhos que consideram populações em fase inicial de melhoramento, nos quais têm sido obtidas maiores estimativas de variância genética aditiva. PATERNIANI (12) encontrou o valor de 74% na população 'Piramex', já ZINSLY (23) obteve, na 'Dente Paulista', o valor de 51%.

3.2. Predição de ganho

No Quadro 5 estão representadas as estimativas das médias de cada caráter avaliado (\bar{X}_0), bem como as estimativas do ganho indireto dos caracteres em estudo, quando se seleciona para produção de grãos por parcela ($R_{(X)PG}$), o ganho em porcentagem ($GS\%$), o ganho direto para produção de grãos por parcela e a eficiência da seleção indireta (ESI) em relação à seleção direta. As estimativas de ganho genético foram baseadas no diferencial de seleção padronizado, considerando-se uma seleção truncada para o caráter PG, com uma intensidade de seleção de 20%.

O ganho estimado para produção de grãos foi 796 kg/ha, que corresponde a 16% de acréscimo na produtividade, em relação à da população original. PATERNIANI (11) obteve para a população 'Dente Paulista' um progresso médio de 14%. ZINSLY (23), trabalhando com três populações, também obteve um ganho médio por ciclo de 14%. Isso mostra que a estimativa do progresso genético obtida neste trabalho está dentro de um padrão esperado no melhoramento do milho.

O progresso genético não é uma propriedade do caráter, mas também da população e das condições ambientais a que foi submetida a amostra da população. Desse modo, o progresso genético também depende do controle ambiental do experimento.

QUADRO 5 - Estimativas das médias populacionais (\bar{X}_0), dos ganhos indiretos ($R_{(X)PG}$), dos ganhos percentuais por seleção ($GS\%$), do ganho direto e da eficiência da seleção indireta em relação à seleção direta, utilizando o diferencial de seleção estandarizado, para alturas de planta seca (AP) e de espiga (AE), em metro, peso da parte aérea da planta (PA), em kg, peso de espigas por parcela (PE) e peso de grãos por parcela (PG), em kg/5m ² .					
	AP	AE	PA	PE	PG
\bar{X}_0	2,52	1,47	0,28	3,09	2,53
$R_{(X)PG}$	0,038	0,019	0,005	0,492	0,398
$GS\%$	1,51	1,29	1,78	15,92	15,73
ESI	0,338	0,176	0,138	0,980	

Para o caráter PA (peso da planta seca), a estimativa de variância aditiva mostrou também ser de pequena precisão, o que representa uma variação de 28,4% em relação à sua estimativa (σ_A^2). No entanto, para os demais caracteres estudados isso não se verificou.

Na seleção para aumento da produção, verificou-se ganho para PA de 1,78% maior que para AP (1,51%) e AE (1,29%) e menor que para PE (15,92%). Isso mostra que ao selecionar para aumento da produção de grãos, obteve-se pequeno incremento na produção de biomassa (evidenciando melhor eficiência na translocação de fotoassimilados para os grãos e espigas). Entretanto, o ganho para AP e AE pode trazer problemas de acamamento à variedade, dada à magnitude suas médias, de 2,51 e de 1,47, respectivamente.

A população Palha Roxa apresentou ganho estimado de 15,73% para produção de grãos e herdabilidade no sentido restrito de 72%. Pelos resultados apresentados neste trabalho, pode-se concluir que a população tem potencial para ser explorada em programas de melhoramento genético.

4. RESUMO

As estimativas da variância genética aditiva e da herdabilidade no sentido restrito foram obtidas para altura de planta (AP), altura de espiga (AE), peso da parte aérea da planta seca (PA), peso de espiga por parcela (PE) e peso de grãos por parcela (PG). Todos os caracteres estudados apresentaram variabilidade genética na análise agrupada, utilizando-se um látice triplo 7 x 7. As variâncias genéticas aditivas para PG e PE foram $7,28 \times 10^{-4}$ (kg/planta)² e $11,31 \times 10^{-4}$ (kg/planta)², cuja herdabilidade variou, respectivamente, de 44,8 a 74,0% para estes caracteres. O ganho indireto para PA, quando se seleciona para PG, foi de 1,78%, maior que para as demais variáveis, com exceção do peso de espiga da parcela (15,92%). Isso mostra que a seleção visando ao aumento da produção de grãos resultou em pequeno incremento na produção de biomassa (parte aérea da planta), evidenciando melhor translocação de fotoassimilados para os grãos e espigas. O ganho estimado e a herdabilidade no sentido restrito para a produção de grãos foram de 15,73% e de 72%, respectivamente, para a população Palha Roxa, evidenciando o seu potencial para exploração em programas de melhoramento genético.

5. SUMMARY

(PREDICTION OF GENETIC GAIN IN A PALHA ROXA CORN POPULATION (*Zea mays* L.))

Estimates of genetic variance and coefficient of heritability were obtained for plant height, ear height, plant dry weight, ear weight on plot basis and grain weight on plot basis in a Palha Roxa corn population.

Estimate of additive genetic variance for grain weight on plot basis was 7.28×10^{-4} and the coefficient of narrow sense heritability, 72%. For plant height, ear height, plant dry weight and ear weight by plot, coefficient estimates were 68%, 70%, 45% and 74%, respectively. Thus, it can be concluded that this population has potential for genetic progress.

6. LITERATURA CITADA

1. AGUIAR, P.A. *Avaliação de progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambientes*. Lavras, ESAL, 1986. 69 p. (Dissertação de mestrado).
2. BONOMO, P. *Ganho genético na população de milho (Zea mays L.). Palha Roxa, sob quatro intensidades de seleção*. Viçosa, UFV, 1997. 60p. (Tese de M.S.).
3. CHURATA, B.G.M. *Estimativas de parâmetros genéticos no composto de milho (Zea mays L.) A₁ quitetura*. Jaboticabal, UEP, 1994. 109p. (Dissertação de mestrado).
4. COMPTON, W.A. & BAHADUR, K. Ten cycles of progress from modified ear to row (Zea mays L.). *Crop Sci.*, 17: 378-380, 1977.
5. CRUZ, C.D. *Programa genes; aplicativos computacionais em genética e estatística*. Viçosa, UFV, 1997. 442p.
6. CRUZ, C.D. & REGAZZI, A.J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa, UFV, 1994. 390p.
7. GOMES, F.P. *Curso de estatística experimental*. 13. ed. Piracicaba, Nobel, 1990. 468p.
8. HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames, Iowa State University, 1981. 468p.
9. LIMA, M. *Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos na população de milho (Zea mays L.) ESALQ VD-2*. Piracicaba, ESALQ, 1977. 71p. (Dissertação de mestrado).
10. PACKER, D. *Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em milho (Zea mays L.) na população ESALQ VD 2 WAXY*. Piracicaba, ESALQ, 1991. 88p. (Dissertação de mestrado).
11. PATERNIANI, E. Selection among and within half-sib families in a Brazilian population of maize (Zea mays L.). *Crop Sci.*, 7: 212-215, 1967.
12. PATERNIANI, E. *Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meio irmãos no melhoramento do milho*. Piracicaba, ESALQ, 1968. 92p. (Tese de Professor Catedrático).
13. RAMALHO, M.A.P. *Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseado em famílias não endogâmicas*. Piracicaba, ESALQ, 1977. 122p. (Tese de Doutorado).
14. SAMPAIO, N.F. *Propriedades genéticas e potencial para o melhoramento dos compostos de milho (Zea mays L.) ESALQ-PB-4 e ESALQ-PB-5*. Piracicaba, ESALQ, 1986. 105p. (Dissertação de Mestrado).
15. SAS INSTITUTE SAS/STAT user's guide, version 6. 4th. ed. Cary, 1994. v. 2, p.891-996, R. 1661-1663.
16. SEARLE, S.R. *Linear models*. New York, John Wiley, 1971. 532p.
17. SILVA, J. *Seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos no milho Cateto Colombia Composto*. Piracicaba, ESALQ, 1969. 74p. (Dissertação de Mestrado).

18. VENCOVSKY, R. Herança quantitativa . In: PATERNIANI, E.& VIEGAS, G.P. (Eds). *Melhoramento e produção de milho*. Campinas, Fundação Cargill, 1987. v.1, p.135-214.
19. VENCOVSKY, R. & BARRIGA, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto, Soc. Bras. Genét., 1992. 496p.
20. VENCOVSKY, R., MIRANDA FILHO, J.B. & SOUZA JUNIOR, C.L. Quantitative genetics and corn breeding in Brazil. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2, 1987, Raleigh. Proceedings... Sunderland, Sinauer Associater, 1988. p.465-477.
21. VIANA, J.M.S. *Análise individual e conjunta intrabloco de experimentos em látice quadrado ("square lattice") e estimação de parâmetros genéticos*. Viçosa, UFV, 1993. 89p.
22. WEBEL, O.D. & LONNQUIST, J.H. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L.). *Crop Sci.*, 7: 651-655, 1967.
23. ZINSLY, J.R. *Estudos comparativos entre a seleção massal e a seleção entre e dentro de famílias de meios irmãos em milho (Zea mays L.)*. Piracicaba, ESALQ, 1969. 89p. (Tese de Doutorado).