

METODOLOGIA PARA AVALIAR OS GANHOS POR SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM POPULAÇÕES DE MILHO¹

José Ivo Ribeiro Júnior²

Cosme Damião Cruz³

Carlos Alberto Scapim⁴

Cleso Antônio Patto Pacheco⁵

RESUMO

Cinco pares de populações de milho braquítico 'Piranão' (A₀, A₁, A₂, A₃ e A₄) e 'Cimmyt' (B₀, B₁, B₂, B₃ e B₄), seus 25 híbridos correspondentes e uma testemunha, obtidos pelo programa de seleção recorrente recíproca entre famílias de irmãos completos (SRRFIC) da UFV, foram avaliados em látice simples 6 x 6, com duas repetições, em dois locais. O objetivo do trabalho foi verificar a eficiência da SRRFIC, por meio de uma metodologia baseada em alguns parâmetros genéticos, em produzir populações e híbridos superiores, quanto ao incremento das frequências dos alelos favoráveis e da heterose com o avanço das gerações de seleção. As maiores partes dos ganhos genéticos, nas populações, foram devidas aos efeitos aditivos na troca dos alelos desfavoráveis pelos favoráveis do que pelos efeitos de dominância. Para os híbridos, os dois fatores foram importantes. Com base nas médias ajustadas, observou-se que os híbridos superaram as duas populações nos dois locais. Comprovou-se a eficiência da SRRFIC em promover ganhos, como também foram satisfatórios os ganhos genéticos estimados pela metodologia aplicada.

Palavras-chaves: *Zea mays*, melhoramento genético, milho braquítico.

¹Parte da tese de doutorado apresentada pelo primeiro autor à Universidade Federal de Viçosa (UFV), 36571-000 Viçosa, MG. Aceito para publicação em 13.04.2000.

²Departamento de Informática, UFV, 36571-000 Viçosa, MG.

³Departamento de Biologia Geral, UFV, 36571-000 Viçosa, MG.

⁴Departamento de Agronomia, UEM, 87020-800 Maringá, PR.

⁵EMBRAPA/CNP Milho e Sorgo, 35701-970 Sete Lagoas, MG.

ABSTRACT

METHODOLOGY TO ESTIMATE GAINS USING RECIPROCAL RECURRENT SELECTION IN MAIZE POPULATIONS

Five pairs of brachyte corn populations 'Piranão' (A₀, A₁, A₂, A₃ and A₄) and 'Cimmyt' (B₀, B₁, B₂, B₃ and B₄), their 25 correspondent hybrids and one control, obtained by the UFV's program of reciprocal recurrent full sib selection (SRRFIC) were evaluated in simple 6 x 6 lattice with two replications, in two places. The objective of this work was to verify the efficiency of SRRFIC, using a methodology based on some genetic parameters, when producing superior populations and hybrids, in relation to the increase of the favorable alleles and heterose frequencies, with the advance of the selection generations. Most of the population genetic gains, were due to the additive effects in the exchange of unfavorable alleles for favorable ones rather than due to the dominance effects. Both parameters were important for the hybrids. Based on the adjusted average, it was observed that the hybrids overcame the two populations in both places. SRRFIC effectiveness in promoting gains was evident and the genetic gains estimated by the applied methodology were found to be satisfactory.

Key words: *Zea mays*, breeding, brachyte corn.

INTRODUÇÃO

O objetivo principal do melhoramento de populações de milho é aumentar a frequência dos alelos desejáveis e criar condições para a obtenção de linhagens superiores. Existem várias modalidades de seleção, sendo que as principais diferenças entre elas se referem ao grau de controle dos progenitores selecionados. O melhoramento intrapopulacional é utilizado principalmente para aperfeiçoar o comportamento *per se* de uma população, enquanto o melhoramento interpopulacional constitui um método para melhorar a resposta heterótica entre duas populações (5).

Um dos primeiros métodos de seleção recorrente recíproca foi o proposto por Comstock et al. (1), cujo objetivo é a seleção de uma população de acordo com sua capacidade de combinação com uma outra e vice-versa. Posteriormente, várias metodologias de melhoramento em nível interpopulacional foram apresentadas e diversas modificações sugeridas. Dentre elas, Hallauer e Eberhart (4) propuseram o método de seleção recorrente recíproca entre famílias de irmãos-completos (SRRFIC). O método consiste no cruzamento planta a planta entre as duas populações, autofecundando-se simultaneamente as mesmas plantas. É necessário que as plantas sejam prolíficas e, usualmente, procede-se à autofecundação da espiga inferior, sendo a espiga superior polinizada com pólen de outra planta, da outra população. Segundo Hallauer (3), este método proporciona

aumento na frequência dos homozigotos em relação aos alelos favoráveis nas populações parentais e na frequência dos heterozigotos nos híbridos.

Em meados da década de 70, a Universidade Federal de Viçosa (UFV) iniciou um programa de SRRFIC com as populações braquíticas 'Piranão' e 'Cimmyt'. Visando avaliar o comportamento das populações e dos híbridos nas diversas gerações, os cruzamentos dialélicos foram utilizados para a obtenção de informações genéticas a respeito do potencial *per se* das populações e em combinações híbridas. Desse modo, os objetivos do trabalho foram verificar a eficiência da SRRFIC para a obtenção de populações e híbridos superiores e avaliar o progresso da seleção por meio de um modelo genético aditivo-dominante.

MATERIAL E MÉTODOS

Cinco gerações das populações de milho braquítico, 'Piranão' (população A) e 'Cimmyt' (população B), e os híbridos resultantes dos cruzamentos entre elas foram utilizados para avaliar a resposta à seleção intra e interpopulacional, correspondendo aos ciclos 0, 1, 2, 3 e 4. Estas gerações foram obtidas por SRRFIC, dentro do programa de melhoramento desenvolvido pela UFV. Para as populações 'Piranão' e 'Cimmyt', obtiveram-se os seguintes compostos: $A_0, A_1, A_2, A_3, A_4, B_0, B_1, B_2, B_3$ e B_4 , e seus cruzamentos correspondentes, representados por $A_i B_j$, em que i e j são as gerações de seleção das populações A e B, respectivamente. Durante todas as etapas do programa, foram armazenadas sementes remanescentes dos progenitores selecionados.

No ano agrícola de 91/92 foi realizado um dialelo parcial 5 x 5, envolvendo as cinco gerações das duas populações, totalizando-se 25 híbridos F_1 's. No ano seguinte, foram realizadas as avaliações, dispondo-se os 35 tratamentos e uma testemunha em látice 6 x 6 com duas repetições em dois locais de Minas Gerais: Coimbra e Visconde do Rio Branco (VRB). As parcelas foram constituídas por fileiras de 6,0 m de comprimento, espaçadas de 1,0 m e com 0,5 m entre plantas. Nos ensaios foram anotados dados das características peso das espigas (PE), peso dos grãos (PG), altura de planta (AP) e altura de espiga (AE).

Para avaliar as alterações nos parâmetros genéticos provocadas pela SRRFIC, foi adotado um modelo genético aditivo-dominante, como o proposto por Falconer (2), em que as propriedades de uma população e suas alterações por seleção são expressas em termos de frequências alélicas e genotípicas. Considerando um loco com dois alelos, p e r correspondem às frequências dos alelos favoráveis nas populações A e B, representados por X_1 e X_2 , respectivamente, e q e s , às frequências dos alelos desfavoráveis nas populações A e B, representados por x_1 e x_2 ,

respectivamente. O valor genotípico dos homozigotos X_1X_1 e X_2X_2 é denominado $+a$, o valor genotípico dos homozigotos x_1x_1 e x_2x_2 , de $-a$, e o dos heterozigotos X_1x_1 e X_2x_2 , de d . As médias das populações e os efeitos médios de substituições gênicas são obtidos como seguem:

$$M_A = a(p - q) + 2pqd : \text{média genotípica da população A}$$

$$M_B = a(r - s) + 2rsd : \text{média genotípica da população B}$$

$$\alpha_A = a + d(1 - 2p) : \text{efeito médio de substituição gênica da população A}$$

$$\alpha_B = a + d(1 - 2r) : \text{efeito médio de substituição gênica da população B}$$

$$p + q = r + s = 1$$

As médias genotípicas, das populações A e B, são obtidas pela soma dos resultados da multiplicação do valor de cada genótipo por suas frequências. Os efeitos médios de substituições gênicas são iguais às diferenças entre os efeitos médios dos dois alelos envolvidos nas substituições. Nestes casos, eles medem as substituições dos alelos desfavoráveis pelos favoráveis nas populações A e B, respectivamente (2).

O ganho por seleção (GS) mede a mudança da média da população por geração. O presente trabalho apresenta quatro GSs para cada população, a seguir mostrados para a população A:

$$GS_{1A} = M_{1A} - M_{0A} = 2\Delta p_1 \alpha_{0A} - 2(\Delta p_1)^2 d$$

$$GS_{2A} = M_{2A} - M_{1A} = 2\Delta p_2 \alpha_{0A} - 4\Delta p_1 \Delta p_2 d - 2(\Delta p_2)^2 d$$

$$GS_{3A} = M_{3A} - M_{2A} = 2\Delta p_3 \alpha_{0A} - 4\Delta p_1 \Delta p_3 d - 4\Delta p_2 \Delta p_3 d - 2(\Delta p_3)^2 d$$

$$GS_{4A} = M_{4A} - M_3 = 2\Delta p_4 \alpha_{0A} - 4\Delta p_1 \Delta p_4 d - 4\Delta p_2 \Delta p_4 d - 4\Delta p_3 \Delta p_4 d - 2(\Delta p_4)^2 d$$

em que

$$\Delta p_1 = p_1 - p_0$$

$$\Delta p_2 = p_2 - p_1$$

$$\Delta p_3 = p_3 - p_2$$

$$\Delta p_4 = p_4 - p_3$$

$$\alpha_{0A} = a + d(1 - 2p_0)$$

Segundo Falconer (2), a heterose (h) expressa no híbrido obtido do cruzamento entre duas populações depende da dominância e do quadrado da diferença da frequência alélica. Desse modo, considerando uma taxa constante na alteração da frequência alélica em todas as gerações, a heterose intrapopulacional (h_i) entre uma geração e outra consecutiva na população A, ou seja, a diversidade genética entre as gerações proporcionadas pela SRRFIC, pode ser representada por:

$$h_{iA} = (\Delta p)^2 d$$

em que

h_{iA} = heterose intrapopulacional (população A) e

$$\Delta p = \Delta p_1 = \Delta p_2 = \Delta p_3 = \Delta p_4.$$

As expressões dos GSs para a população A ficam assim resumidas:

$$GS_{1A} = 2\Delta p\alpha_{0A} - 2hi_A$$

$$GS_{2A} = 2\Delta p\alpha_{0A} - 6hi_A$$

$$GS_{3A} = 2\Delta p\alpha_{0A} - 10hi_A$$

$$GS_{4A} = 2\Delta p\alpha_{0A} - 14hi_A$$

Do mesmo modo, para a população B, os GSs são como seguem:

$$GS_{1B} = 2\Delta r\alpha_{0B} - 2hi_B$$

$$GS_{2B} = 2\Delta r\alpha_{0B} - 6hi_B$$

$$GS_{3B} = 2\Delta r\alpha_{0B} - 10hi_B$$

$$GS_{4B} = 2\Delta r\alpha_{0B} - 14hi_B$$

em que

$$\alpha_{0B} = a + d(1 - 2r_0) \text{ e}$$

$$hi_B = (\Delta r)^2 d.$$

As médias dos híbridos entre as populações A e B nas cinco gerações, com base na heterose em relação à média dos pais (h_{MP}), foram assim expressas:

$$M_{0H} = \frac{M_{0A} + M_{0B}}{2} + h_0$$

$$M_{1H} = \frac{M_{1A} + M_{1B}}{2} + h_0$$

$$M_{2H} = \frac{M_{2A} + M_{2B}}{2} + h_0$$

$$M_{3H} = \frac{M_{3A} + M_{3B}}{2} + h_0$$

$$M_{4H} = \frac{M_{4A} + M_{4B}}{2} + h_0$$

em que

$$h_0 = (p_0 - r_0)^2 d = (s_0 - q_0)^2 d$$

$$h_1 = (p_1 - r_1)^2 d = (s_1 - q_1)^2 d$$

$$h_2 = (p_2 - r_2)^2 d = (s_2 - q_2)^2 d$$

$$h_3 = (p_3 - r_3)^2 d = (s_3 - q_3)^2 d$$

$$h_4 = (p_4 - r_4)^2 d = (s_4 - q_4)^2 d$$

As alterações nas quantidades da heterose (Δh) manifestadas nos híbridos entre as duas populações entre as gerações consecutivas de seleção foram obtidas como seguem:

$$\Delta h_1 = h_1 - h_0 = [(\Delta p_1 - \Delta r_1)^2 + 2(p_0 - r_0)(\Delta p_1 - \Delta r_1)]d$$

$$\Delta h_2 = h_2 - h_1 = [(\Delta p_2 - \Delta r_2)^2 + 2(p_1 - r_1)(\Delta p_2 - \Delta r_2)]d$$

$$\Delta h_3 = h_3 - h_2 = [(\Delta p_3 - \Delta r_3)^2 + 2(p_2 - r_2)(\Delta p_3 - \Delta r_3)]d$$

$$\Delta h_4 = h_4 - h_3 = [(\Delta p_4 - \Delta r_4)^2 + 2(p_3 - r_3)(\Delta p_4 - \Delta r_4)]d$$

Considerando que o melhoramento genético acarretou o mesmo incremento de heterose a cada ciclo de seleção, e as mesmas alterações em p e r , como admitido anteriormente, obtêm-se:

$$\Delta h = h_4 - h_3 = h_3 - h_2 = h_2 - h_1 = h_1 - h_0$$

$$\Delta h = [(\Delta p - \Delta r)^2 + 2(p_0 - r_0)(\Delta p - \Delta r)]d.$$

De acordo com Souza Júnior e Miranda Filho (7), o valor de Δh pode ser expresso de maneira aproximada e simplificada como a seguir:

$$\Delta h = 2(p_0 - r_0)d(\Delta p - \Delta r).$$

Os progressos de seleção no híbrido (GS_F) nas quatro gerações de seleção foram determinados como seguem:

$$GS_{1F} = M_{1F} - M_{0F} = \Delta p\alpha_{0A} + \Delta r\alpha_{0B} - hi_A - hi_B + \Delta h$$

$$GS_{2F} = M_{2F} - M_{1F} = \Delta p\alpha_{0A} + \Delta r\alpha_{0B} - 3hi_A - 3hi_B + \Delta h$$

$$GS_{3F} = M_{3F} - M_{2F} = \Delta p\alpha_{0A} + \Delta r\alpha_{0B} - 5hi_A - 5hi_B + \Delta h$$

$$GS_{4F} = M_{4F} - M_{3F} = \Delta p\alpha_{0A} + \Delta r\alpha_{0B} - 7hi_A - 7hi_B + \Delta h$$

Confrontando as expressões dos GSs dos híbridos com as dos GSs das populações A e B, como também já constatado por Souza Júnior e Miranda Filho (7), a alteração na heterose pode ser representada pela seguinte equação:

$$\Delta h = GS_{nF} - \frac{GS_{nA} + GS_{nB}}{2},$$

em que

n : geração de seleção.

Para quantificar as alterações em alguns parâmetros genéticos, em consequência da mudança nas médias das populações 'Piranão' e 'Cimmyt' e de seus respectivos híbridos ao longo das gerações de seleção, foi utilizada metodologia baseada num modelo de regressão linear, para descrever a relação entre os GSs com as diferenças de freqüências alélicas e heteroses interpopulacionais nas gerações de seleção e com os valores dos efeitos médios de substituição gênica e das heteroses intra e interpopulacionais, assumidos em cada geração. A avaliação da eficiência da SRRFIC e a estimativa desses parâmetros foram expressas pelas estimativas dos coeficientes de regressão estimados por soluções de quadrados mínimos generalizados (QMG).

Os seguintes modelos lineares foram propostos para descrever a relação entre o GS com a diferença de freqüência alélica, o efeito médio de substituição gênica e a hi , para a população A:

$$GS_{iA} = \beta_1 w_1 + \beta_2 w_2 + \varepsilon_i,$$

em que

GS_{iA} : ganho por seleção da população A na geração i , $i = 0, 1, \dots, 4$

w_1 : quantidade associada ao parâmetro genético $\Delta p\alpha_{0A}$

w_2 : quantidade associada ao parâmetro genético hi_A

β_1 : parâmetro genético $\Delta p\alpha_{0A}$

β_2 : parâmetro genético hi_A

De forma análoga para a população B, tem-se:

$$GS_{iB} = \theta_1 z_1 + \theta_2 z_2 + \varepsilon_i,$$

em que

GS_{iB} : ganho por seleção da população B na geração i , $i = 0, 1, \dots, 4$

z_1 : quantidade associada ao parâmetro genético $\Delta \Gamma\alpha_{0B}$

z_2 : quantidade associada ao parâmetro genético hi_B

θ_1 : parâmetro genético $\Delta \Gamma\alpha_{0B}$

θ_2 : parâmetro genético hi_B

O seguinte modelo linear foi proposto para descrever a relação entre GS e as diferenças de frequências alélicas, os efeitos médios de substituição gênica, a heterose entre gerações consecutivas e a alteração na heterose interpopulacional, para os híbridos resultantes entre os cruzamentos das populações A e B:

$$GS_{iF} = \kappa_1 u_1 + \kappa_2 u_2 + \varepsilon_i,$$

em que

GS_{iF} : ganho por seleção do híbrido A x B na geração i , $i = 0, 1, \dots, 4$

u_1 : quantidade associada ao parâmetro genético $(\Delta p\alpha_{0A} + \Delta \Gamma\alpha_{0B} + \Delta h)$

u_2 : quantidade associada ao parâmetro genético $(hi_A + hi_B)$

κ_1 : parâmetro genético $(\Delta p\alpha_{0A} + \Delta \Gamma\alpha_{0B} + \Delta h)$

κ_2 : parâmetro genético $(hi_A + hi_B)$

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas de β e θ são soluções de QMG, já que os GSs das gerações avaliadas podem não ter sido obtidos com igual precisão, além de apresentarem covariâncias entre si em razão das diferenças entre médias.

Sob a forma matricial $y = X\beta + \varepsilon$, para as populações A e B, obtêm-se:

$$\begin{bmatrix} GS_{1A} \\ GS_{2A} \\ GS_{3A} \\ GS_{4A} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 2 & -2 \\ 2 & -6 \\ 2 & -10 \\ 2 & -14 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \varepsilon_3 \\ \varepsilon_4 \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} GS_{1B} \\ GS_{2B} \\ GS_{3B} \\ GS_{4B} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 2 & -2 \\ 2 & -6 \\ 2 & -10 \\ 2 & -14 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \theta_1 \\ \theta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \varepsilon_3 \\ \varepsilon_4 \end{bmatrix}$$

$$\varepsilon \sim N(\phi, V\sigma^2).$$

As soluções para β e θ são obtidas por

$$\hat{\beta} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}GS_A$$

$$\hat{\theta} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}GS_B$$

em que

$$V = \begin{bmatrix} 2\frac{\sigma^2}{n} & -\frac{\sigma^2}{n} & 0 & 0 \\ & 2\frac{\sigma^2}{n} & -\frac{\sigma^2}{n} & 0 \\ & & 2\frac{\sigma^2}{n} & -\frac{\sigma^2}{n} \\ \text{Simétrica} & & & 2\frac{\sigma^2}{n} \end{bmatrix}$$

A estimativa de κ é também uma solução QMG e, sob a forma matricial, tem-se:

$$\begin{bmatrix} GS_{1H} \\ GS_{2H} \\ GS_{3H} \\ GS_{4H} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & -1 \\ 1 & -3 \\ 1 & -5 \\ 1 & -7 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} \kappa_1 \\ \kappa_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \varepsilon_1 \\ \varepsilon_2 \\ \varepsilon_3 \\ \varepsilon_4 \end{bmatrix}$$

$$\varepsilon \sim N(\phi, V\sigma^2) \text{ e}$$

$$\hat{\kappa} = (X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}GS_F.$$

As análises de variância indicaram diferenças significativas ($P < 0,05$) para as características PE, PG, AP e AE, em cada local de avaliação. Posteriormente, realizaram-se as análises conjuntas das mesmas características. A interação genótipos por ambientes foi significativa para PE ($P < 0,10$) e para PG ($P < 0,05$), mostrando que os efeitos da seleção foram diferentes, proporcionando os melhores genótipos para os dois locais, já que estas características foram as principais entre os critérios de seleção. Após esses resultados, realizaram-se as análises da metodologia proposta com base nas médias ajustadas das populações e dos híbridos, em cada local separadamente.

Com base nas médias ajustadas pelo látice, verificou-se que as médias dos híbridos superaram às de ambas as populações, em relação às características avaliadas nos dois locais. Além disso, as médias das gerações mais avançadas de seleção foram, em termos gerais, superiores às das gerações iniciais. Desse modo, como conclusão preliminar, a SRRFIC foi eficiente, não somente para melhorar o híbrido, como também capaz de aprimorar as populações parentais (Quadro 1).

Em cada geração obtida pela SRRFIC, os ganhos genéticos das populações foram atribuídos a duas causas. A primeira, aos efeitos gênicos aditivos explorados via capacidade geral de combinação, expressa pelo produto da diferença de frequência alélica entre gerações consecutivas e o efeito médio de substituição gênica, denotados por β_1 e θ_1 para as populações A e B, respectivamente. A segunda, aos efeitos gênicos não-aditivos explorados via capacidade específica de combinação, expressa pela h_i entre gerações consecutivas, denotados por β_2 e θ_2 , respectivamente, para as populações A e B. Assim, as populações foram melhoradas por uma ou ambas as causas apresentadas. Para a obtenção dos maiores GSs, as estimativas de β_1 e θ_1 devem ser positivas e as de β_2 e θ_2 negativas.

QUADRO 1 - Médias ajustadas das gerações de seleção das populações 'Piranão' e 'Cimmyt' e de seus híbridos das características peso das espigas (PE), peso dos grãos (PG), altura de planta (AP) e altura de espiga (AE), avaliadas em Coimbra e Visconde do Rio Branco (VRB)

População ¹	PE (kg/parcela)		PG (kg/parcela)		AP (m)		AE (m)	
	Coimbra	VRB	Coimbra	VRB	Coimbra	VRB	Coimbra	VRB
A ₀	2,1584	2,1358	1,8729	1,7672	1,4421	1,6302	0,4878	0,7097
A ₁	1,8183	1,5747	1,4110	1,2226	1,5183	1,4402	0,7348	0,6845
A ₂	2,6123	1,4050	2,2720	1,1288	1,6673	1,5135	0,7877	0,6810
A ₃	3,0288	1,4082	2,5649	1,0451	1,6002	1,4933	0,6304	0,6782
A ₄	2,9817	1,9495	2,4513	1,5454	1,5978	1,6025	0,6408	0,7330
B ₀	2,3673	1,2809	1,9296	0,9878	1,2056	1,2377	0,4610	0,4820
B ₁	2,5835	1,3015	2,1990	1,0058	1,4827	1,3526	0,5934	0,6292
B ₂	2,7938	1,4673	2,3531	1,1670	1,3347	1,3280	0,5427	0,5802
B ₃	2,6793	1,8849	2,1921	1,4893	1,6093	1,4526	0,6914	0,7024
B ₄	2,5996	1,6214	2,1416	1,2736	1,5179	1,3274	0,7093	0,6496
A ₀ B ₀	2,6519	2,0370	2,1727	1,6506	1,4048	1,5283	0,5430	0,6708
A ₁ B ₁	3,0077	2,1995	2,4645	1,8107	1,6382	1,5802	0,6992	0,7109
A ₂ B ₂	3,3206	2,0206	2,7719	1,6026	1,6005	1,4288	0,6435	0,6354
A ₃ B ₃	3,4084	2,4846	2,8341	2,0704	1,6809	1,5339	0,6933	0,6720
A ₄ B ₄	2,5610	2,3111	2,0939	1,9993	1,5893	1,6696	0,7571	0,7962

¹A : População 'Piranão'; B : População 'Cimmyt'.

Pelas análises dos Quadros 2 e 3, observaram-se que as maiores partes dos GSs foram devidas aos efeitos aditivos na troca dos alelos desfavoráveis pelos favoráveis em cada população. Desse modo, quando as estimativas dos coeficientes β_1 e θ_1 foram positivas, a frequência dos alelos favoráveis das gerações mais avançadas de seleção foi maior que a das anteriores. Os sinais negativos de β_2 e θ_2 indicaram que d foi negativo, o que significa que os alelos desfavoráveis (x_1 e x_2) foram dominantes sobre os alelos favoráveis (X_1 e X_2). Esta situação favorece a seleção dos genótipos homozigotos dominantes X_1X_1 e X_2X_2 e, conseqüentemente,

aumenta o GS. Para a população 'Piranão', as estimativas β_1 foram positivas para todas as características avaliadas em Coimbra. Na população 'Cimmyt', todas as estimativas de θ_1 e θ_2 foram positivas, indicando trocas positivas dos alelos pela seleção, sendo os favoráveis dominantes sobre os desfavoráveis.

QUADRO 2 - Estimativas dos coeficientes de regressão das características peso das espigas (PE), peso dos grãos (PG), altura de planta (AP) e altura de espiga (AE), da população 'Piranão', avaliada em Coimbra e Visconde do Rio Branco (VRB)

Coeficiente	PE		PG		AP		AE	
	Coimbra	VRB	Coimbra	VRB	Coimbra	VRB	Coimbra	VRB
$\hat{\beta}_1$	0,1131	-0,3667	0,0972	-0,3310	0,0730	-0,0722	0,1076	-0,0209
$\hat{\beta}_2$	-0,0075	-0,0849	-0,0046	-0,0750	0,0133	-0,0180	0,0244	-0,0057
$s(\hat{\beta}_1)$	0,0094	0,0076	0,0065	0,0059	0,0007	0,0008	0,0003	0,0003
$s(\hat{\beta}_2)$	0,0023	0,0018	0,0016	0,0014	0,0002	0,0002	0,0001	0,0001

QUADRO 3 - Estimativas dos coeficientes de regressão das características peso das espigas (PE), peso dos grãos (PG), altura de planta (AP) e altura de espiga (AE), da população 'Cimmyt', avaliada em Coimbra e Visconde do Rio Branco (VRB)

Coeficiente	PE		PG		AP		AE	
	Coimbra	VRB	Coimbra	VRB	Coimbra	VRB	Coimbra	VRB
$\hat{\theta}_1$	0,1590	0,1084	0,1573	0,0965	0,0823	0,0613	0,0338	0,0532
$\hat{\theta}_2$	0,0327	0,0113	0,0341	0,0109	0,0112	0,0118	0,0010	0,0082
$s(\hat{\theta}_1)$	0,0094	0,0076	0,0065	0,0059	0,0007	0,0008	0,0003	0,0003
$s(\hat{\theta}_2)$	0,0023	0,0018	0,0016	0,0014	0,0002	0,0002	0,0001	0,0001

De maneira geral, foi constatado que a SRRFIC conduziu a uma superioridade da média da última geração de seleção em relação à original e que, simultaneamente, este incremento da frequência dos alelos favoráveis veio com o aumento dos alelos que exibiram dominância. Uma utilidade desta metodologia é avaliar a contribuição dos efeitos gênicos aditivos e não-aditivos para promoverem acréscimos nas médias das populações sob seleção. Adicionalmente, pelas expressões dos GSs pode-se prever os ganhos na geração n:

$$GSE_n = 2\beta_1 - (4n - 2)\beta_2,$$

em que

GSE_n : ganho por seleção esperado na geração n da população A .

Da mesma maneira observada nas populações, as estimativas de κ_1 deveriam ser positivas e as de κ_2 negativas. Porém, somente na característica PG , avaliada em Coimbra, é que se manifestou esta combinação. No entanto, a SRRFIC foi eficiente para a melhoria das combinações híbridas durante as gerações de seleção. Neste caso, não se pode afirmar qual dos fatores, aumento dos alelos favoráveis ou aumento populações *per se*.

QUADRO 4 - Estimativas dos coeficientes de regressão das características peso das espigas (PE), peso dos grãos (PG), altura de planta (AP) e altura de espiga (AE) do híbrido 'Piranão' x 'Cimmyt', avaliado em Coimbra e Visconde do Rio Branco (VRB)

Coeficiente	PE		PG		AP		AE	
	Coimbra	VRB	Coimbra	VRB	Coimbra	VRB	Coimbra	VRB
$\hat{\kappa}_1$	0,7738	0,0916	0,6810	0,0346	0,1930	-0,0975	0,0645	-0,0589
$\hat{\kappa}_2$	0,1880	0,0021	0,1649	-0,0153	0,0380	-0,0303	0,0056	-0,0200
$s(\hat{\kappa}_1)$	0,0188	0,0151	0,0130	0,0118	0,0013	0,0016	0,0006	0,0007
$s(\hat{\kappa}_2)$	0,0045	0,0036	0,0031	0,0028	0,0003	0,0004	0,0001	0,0002

CONCLUSÕES

Os ganhos genéticos nas populações foram devidos, principalmente, aos efeitos aditivos. Nos híbridos, os efeitos aditivos e de dominância foram importantes. A SRRFIC foi eficiente em promover os ganhos, sendo maiores nos híbridos cujas estimativas dadas pela metodologia aplicada foram satisfatórias.

REFERÊNCIAS

1. COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F. & HARVEY, P.H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. *Agronomy Journal*, 41: 360-7, 1949.
2. FALCONER, F. Introdução à genética quantitativa. Viçosa, Editora UFV, 1987. 279p.
3. HALLAUER, A.R. Reciprocal full-sib selection in maize. *Crop Science*, 24: 755-9, 1984.

4. HALLAUER, A.R. & EBERHART, S.A. Reciprocal full-sib selection. *Crop Science*, 10: 315-6, 1970.
5. PATERNIANI, E. & MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: Paterniani, E. & Viégas, G.P. (eds.). *Melhoramento e produção do milho*. 2^a ed. Campinas, Fundação Cargill, 1987. Vol. 1, p.215-74.
6. SOUZA JÚNIOR, C.L. Comparisons of recurrent selection methods. *Revista Brasileira de Genética*, 16: 91-105, 1993.
7. SOUZA JÚNIOR, C.L. & MIRANDA FILHO, J.B. Alterações na heterose via seleção intra e interpopulacional. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 20: 1197-201, 1985.