

CORRELAÇÕES GENÉTICAS E CAPACIDADE GERAL DE COMBINAÇÃO EM LINHAGENS ENDOGÂMICAS DE MILHO (*Zea mays* L.)*

Ronaldo Torres Vianna
José Carlos Silva**

1. INTRODUÇÃO

Os fundamentos para a produção de híbridos a partir de linhagens endogâmicas foram estabelecidos por SHULL (23, 24) e JONES (14, 15).

Para avaliação preliminar das linhagens endogâmicas a serem usadas na produção de híbridos, DAVIS (3) sugeriu o teste de «topcross», que mede a capacidade geral de combinação. JENKINS (13) sugeriu que esse teste fosse aplicado logo nos primeiros ciclos de autofecundação, sendo esta sugestão reforçada pela demonstração, por GREEN (7), de que a capacidade de combinação é um caráter herdável.

Quanto ao tipo de testador a ser usado, MATZINGER (18) mostrou que, com o aumento da variação genética dentro do testador, o componente de interação linhagem-testador decresceu. Contudo, HORNER (9) mostrou que, neste caso, o problema de amostragem do testador cresce. Esse problema não é tão sério, tendo SPRAGUE (25) mostrado que no teste de «topcross» é suficiente uma amostra de 10 a 20 plantas da variedade testadora. HORNER *et alii* (11) mostraram a eficiência de testadores de base genética estreita em ciclos avançados de seleção, tendo HORNER *et alii* (10) e HORNER *et alii* (12) mostrado que testadores de base genética estreita são efetivos para melhorar a capacidade geral de combinação.

Quanto aos caracteres agrônômicos do testador, HARRIS *et alii* (8) mostraram como os genes dominantes do testador podem mascarar os genes recessivos favoráveis do material que está sendo testado. Assim, é de interesse que os testadores expressem ao máximo os caracteres determinados por genes recessivos.

No presente trabalho usaram-se testadores de base genética ampla e produção mediana, a fim de avaliar a capacidade geral de combinação de linhagens endogâmicas de milho. Para linhagens do tipo «dent» usou-se como testador o «Composto Flint B» e para linhagens do tipo «flint» o «Composto Dent B». Ao mesmo tempo, analisaram-se as correlações fenotípicas, genotípicas e de ambien-

* Parte da tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, pelo primeiro autor, como parte das exigências para obtenção do grau de «Magister Scientiae» em Fitotecnia.

Recebido para publicação em 12/09/1977.

** Respectivamente, Pesquisador da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária e Professor Adjunto da Universidade Federal de Viçosa.

te entre os caracteres estudados, a fim de identificar quais poderiam ser melhorados simultaneamente e quais seriam prejudicados em favor de outros, quando da seleção das linhagens.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Neste trabalho usaram-se progênes resultantes dos cruzamentos («topcrosses») entre linhagens do tipo «dent» e o «Composto Flint B» e entre linhagens do tipo «flint» e o «Composto Dent B», respectivamente. Essas linhagens, pertencentes à Universidade Federal de Viçosa (U.F.V.), são de origem diversa, em termos de populações de milho e locais. Espera-se, portanto, que apresentem alto grau de variabilidade genética entre si.

As progênes ou famílias de «meios-irmãos» resultantes do cruzamento entre as linhagens «flint» e o «Composto Dent B» foram plantadas em delineamento de «lattice» simples 8 x 8, tendo o próprio «Composto Dent B» como testemunha.

As progênes de «meios-irmãos» resultantes do cruzamento entre as linhagens «dent» e o «Composto Flint B» também foram plantadas em delineamento de «lattice» simples 8 x 8, tendo o «Composto Flint B» como testemunha.

O esquema de plantio em «lattice» foi usado conforme apresentado por COCHRAN e COX (1).

No Quadro 1 são apresentadas as informações principais, relativas ao planejamento de cada um dos dois experimentos, montados para se determinar a capacidade geral de combinação das linhagens da U.F.V.

QUADRO 1 - Relação dos Experimentos utilizados para se determinar a capacidade geral de combinação das linhagens de milho da U.F.V.

Progênes dos cruzamentos	Ano de plantio	"Lattice" simples	Nº repetições	Nº testemunhas	Nº trat. recí-procos	Nº de pares trat. recí-procos	Nº real prog. "meios-irmãos" não recip.
1) Linhagens "flint" x "Composto Dent B"	1975	8 x 8	2	5	25	17	42
2) Linhagens "dent" x "Composto Flint B"	1975	8 x 8	2	12	28	12	40

Ambos os experimentos foram montados em Viçosa, em outubro de 1975.

As sementes foram plantadas em fileiras de dez metros de comprimento, com espaçamento de 0,30 metros entre plantas e 1,00 metro entre fileiras, plantando-se duas sementes por cova, sendo feito desbaste posterior (40 a 45 dias após a emergência), deixando-se uma planta por cova. Usou-se bordadura em torno dos experimentos montados.

A área útil da parcela foi de 10m². Deixou-se polinização livre entre as plantas de cada um dos experimentos de teste de progênes. Usou-se adubação, na base de 60 kg/ha de N, 60 kg/ha de P₂O₅ e 40 kg/ha de K₂O, sendo 1/3 do nitrogênio aplicado no plantio e 2/3 aplicado em cobertura, logo após o desbaste.

As características anotadas nas progênes de «meios-irmãos» foram: altura de planta, altura da primeira espiga, número de plantas acamadas, número de plantas quebradas, número total de plantas, número de espigas, peso de 50 grãos, peso de espigas, peso de grãos, número de dias até o florescimento e porcentagem de

umidade nos grãos.

Os dados referentes às pesagens foram corrigidos para um padrão de 15,5% de umidade. Em razão de falhas ou variações de «stand» procedeu-se também à correção das pesagens para «stand», à exceção do peso de 50 grãos, que não foi considerado, utilizando-se a fórmula de ZUBER (29).

2.1. Análise da Variância

Fez-se, inicialmente, a análise usual do «lattice» simples 8 x 8; posteriormente, foi feita uma análise como blocos casualizados, usando-se, neste caso, as médias dos tratamentos ajustados e, como resíduo, o erro efetivo do «lattice», ambos obtidos do programa de análise da variância do «lattice». Nessa análise, as esperanças matemáticas dos quadrados médios foram obtidas de acordo com as indicações de SUWANTARADON (26) e EBERHART (4), como se vê esquematicamente no Quadro 2.

QUADRO 2 - Esquema da análise da variância e esperanças dos quadrados médios, para um delineamento em blocos completamente casualizados, usando-se as médias dos tratamentos ajustados e o erro efetivo do "lattice"

FV	GL	QM	E (QM)
Repetições	$(r-1) = 1$		
Progenies (trat.Aj.)	$(f-1) = 63$	Q_2	$\sigma_e^2 + r \sigma_{MI}^2$
Erro efetivo	$(k-1)(rk-k-1) = 49$	Q_1^*	σ_e^2

Q_1^* = quadrado médio do erro efetivo, calculado pelo método de COCHRAN e COX (2).
 r = número de repetições.
 f = número de famílias analisadas.
 k = número de tratamentos ou famílias por bloco.

Usou-se, neste caso o modelo estatístico para blocos casualizados proposto por FEDERER e SPRAGUE (6), de acordo com as indicações de SUWANTARADON (26) e EBERHART (4).

Os dados de campo submetidos à análise de variância descrita, referentes aos caracteres altura de planta, altura da primeira espiga, peso de 50 grãos, número de dias até o florescimento e porcentagem de umidade dos grãos, foram tomados em termos de média da parcela. Os dados de campo referentes aos caracteres número de espigas por parcela e peso de grãos por parcela foram tomados do total da parcela. Não se analisaram os demais caracteres anotados.

No presente trabalho interessou-se principalmente pela análise dos caracteres importantes para produção, apresentando-se as análises dos demais caracteres apenas para observação de suas médias, como auxílio para seleção das linhagens e para correlações.

2.2. Desdobramento da Soma de Quadrados dos Tratamentos Ajustados

Fez-se o desdobramento da soma de quadrados dos tratamentos ajustados, para cada experimento, para verificação do efeito das testemunhas, das progenies de «meios-irmãos» não recíprocas e das progenies de «meios-irmãos» recíprocas.

O Quadro 3 mostra, em esquema, como ficou a análise da variância com esse desdobramento e as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios para cada uma das fontes de variação de interesse.

QUADRO 3 - Esquema da análise da variância do "lattice" simples, como blocos casualizados, usando-se as médias dos tratamentos ajustados e, como resíduo, o erro efetivo do "lattice", com desdobramento da soma de quadrados dos tratamentos ajustados, em grupos, e com as esperanças matemáticas dos quadrados médios de cada grupo de interesse

FV	GL	SQ	QM	E (QM)
Repetições	(r-1)			
(Trat. ajustados):	(f-1)			
(Entre grupos)	(g-1)			
Entre testemunhas	(t-1)	SQ ₅	Q ₅	$\sigma_e^2 + r \sigma_T^2$
Entre progênes sem recíprocos	(p-1)	SQ ₄	Q ₄	$\sigma_e^2 + r \sigma_p^2$
(Entre progênes com recíprocos):	(2n-1)			
Entre recíprocos	n	SQ ₃	Q ₃	$\sigma_e^2 + r \sigma_{ER}^2$
Entre n/recíprocos	(n-1)	SQ ₂	Q ₂	$\sigma_e^2 + r \sigma_{ENR}^2$
Erro efetivo	(k-1) (rk-k-1)	SQ ₁	Q ₁	σ_e^2

SQ = soma de quadrados

g = nº de grupos

t = nº de testemunhas

p = nº de progênes, excluindo os pares recíprocos

n = nº de pares de progênes recíprocas

2.3. Análise da Variância para Progênes de «Meios-irmãos» Não Recíprocas

Para obter o componente de variância genética (σ_F^2) devido ao efeito de famílias de «meios-irmãos» não recíprocas, o qual foi usado nas estimativas dos parâmetros genéticos, excluindo-se os efeitos das testemunhas e das famílias de «meios-irmãos» recíprocas, somaram-se as somas de quadrados e os respectivos graus de liberdade correspondentes a entre progênes sem recíprocos (dentro do grupo 2) e a entre não recíprocos (dentro do grupo 3). Dividindo-se o novo total da soma de quadrados das progênes pelo respectivo total de graus de liberdade, obteve-se um novo quadrado médio para essas progênes e estimou-se o componente de variância genética real (σ_F^2) devido ao efeito de famílias de «meios-irmãos» não recíprocas. O quadrado médio para essas famílias foi testado com o mesmo quadrado médio do erro efetivo do «lattice» usado na análise da variância anterior.

O Quadro 4 mostra, em esquema, como ficou a análise da variância e as esperanças dos quadrados médios, para se estimar o componente de variância genética real (σ_F^2) devido ao efeito de famílias de «meios-irmãos» não recíprocas.

Em todas as análises da variância em que se usaram as médias dos tratamentos ajustados todas as somas de quadrados dos tratamentos foram multiplicadas por dois, em razão do fato de cada média vir de duas repetições.

QUADRO 4 - Esquema de análise da variância e esperanças dos quadrados médios, para as famílias de "meios-irmãos" não recíprocas

FV	GL	SQ	QM	E(QM)
Repetições	(r-1)			
Famílias de "meios-irmãos" não recíprocas	(p-1) + (n-1)	$SQ_4 + SQ_2$	Q_2	$\sigma_e^2 + r \sigma_F^2$
Erro efetivo	(k-1) (rk-k-1)	SQ_1	Q_1	σ_e^2
SQ_4 = soma de quadrados entre progênies sem recíprocos, dentro do grupo 2 SQ_2 = soma de quadrados entre não recíprocos, dentro do grupo 3.				

2.4. Estimativas dos Parâmetros Genéticos

Os parâmetros genéticos de interesse estudados neste trabalho foram: os componentes de variância genética devidos ao efeito de famílias de «meios-irmãos» não recíprocas (σ_F^2), as covariâncias entre «meios-irmãos» (COV (MI)), a variância genética aditiva (σ_A^2), a herdabilidade no sentido amplo (Ha) e no sentido restrito (H) e o ganho genético esperado por seleção ou resposta esperada à seleção (G).

Desses parâmetros, os componentes de variância genética devidos ao efeito de famílias de «meios-irmãos» não recíprocas são de especial interesse, pois indicam o grau de variabilidade entre essas famílias. Estatisticamente, essas variâncias correspondem à covariância dentro das famílias de «meios-irmãos» ou à covariância entre «meios-irmãos» (COV(MI)), portanto, $COV(MI) = \sigma_F^2$. Para se transladar a COV(MI) em termos de variâncias genéticas, as suposições básicas, conforme COMSTOCK e ROBINSON (2), são: herança mendeliana com meiose regular, ausência de efeito materno, parentes não endogâmicos e ausência de correlação de ambiente entre parentes, em razão da casualização.

Dada a validade dessas suposições, KEMPTHORNE (16) apresenta a seguinte fórmula, relacionando COV(MI) com variância genética: $COV(MI) = ((1 + F)/4)A + ((1 + F)/4)^2 AA + ((1 + F)/4)^3 AAA + \dots$ onde:

F = coeficiente de endogamia do pai comum (F = 0, nos compostos)

A = variância genética aditiva = σ_A^2

AA = variância genética epistática aditiva por aditiva.

Supondo ausência de epistasia, e como F = 0 para o pai comum (compostos), tem-se:

$$COV(MI) = ((1 + F) / 4) A \therefore$$

$$COV(MI) = 1/4 \sigma_A^2$$

Igualando-se as fórmulas de COV(MI), tem-se:

$$\sigma_A^2 = 4 \sigma_F^2$$

A variância genética aditiva é um parâmetro muito importante, principalmen-

te no caso de determinação da capacidade geral de combinação que é devida, praticamente, a efeitos gênicos aditivos. Essa variância aditiva indica a variabilidade utilizável pela seleção, permitindo, assim, o cálculo do ganho genético esperado por seleção, por meio de fórmulas indicadas por FALCONER (5), ROBINSON e COCKERHAM (22), WEBEL e LONNQUIST (27) e PATERNIANI (20), como se apresenta a seguir:

$$G = \frac{k (\sigma_A^2) p}{\sqrt{\sigma_F^2 + \sigma_e^2 / r}}$$

onde:

G = ganho genético esperado por seleção

p = coeficiente de controle para variância aditiva ($p = 1/4$, no caso de seleção entre famílias de «meios-irmãos», neste trabalho).

k = proporção de progênies ou famílias de «meio-irmão» selecionadas. O valor de k depende da intensidade de seleção e corresponde ao quociente Z/P, na curva normal onde Z é o valor da ordenada, que separa a proporção selecionada da não selecionada, e P é a proporção selecionada. Valores de k para várias proporções de seleção, praticadas numa população de distribuição normal, são dados por LUSH (17), na tabela 12 ($k = 1,40$, neste trabalho).

De posse da variância genética, da variância genética aditiva e da variância fenotípica, estimaram-se as herdabilidades, no sentido amplo (Ha) e no sentido restrito (H).

A herdabilidade no sentido amplo (Ha), citada por FALCONER (5), baseada nas médias das famílias de «meios-irmãos», foi estimada pela fórmula:

$$H_a = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2}$$

onde:

$$\sigma_G^2 = \text{variância genética total} = \sigma_F^2$$

$$\sigma_P^2 = \text{variância fenotípica} = \sigma_F^2 + \sigma_e^2 / r$$

A herdabilidade no sentido restrito (H) é definida por LUSH (17) e por COMSTOCK e ROBINSON (2) como sendo «a relação entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica». Estimou-se essa herdabilidade, com base nas médias das famílias de «meios-irmãos», pela seguinte fórmula:

$$H = \frac{(\sigma_A^2) p}{\sigma_P^2} = \frac{1/4 \sigma_A^2}{\sigma_P^2}$$

No presente trabalho, como se pode observar pela comparação das fórmulas de herdabilidade (Ha e H), a herdabilidade no sentido amplo (Ha) é, na realidade, a herdabilidade no sentido restrito (H), isto porque, no caso da capacidade geral de combinação de linhagens só se têm efeitos gênicos aditivos e, neste caso, a variância genética total (σ_G^2) é igual à quarta parte da variância genética aditiva (σ_A^2), não havendo variância devida à dominância.

Então:

$$\frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2} = \frac{1/4 \sigma_A^2}{\sigma_P^2} \therefore H_a = H$$

2.5. Cálculo das Correlações Fenotípicas, Genotípicas e de Ambiente

Fizeram-se cálculos das correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente entre os caracteres de interesse e importantes para produção, de acordo com indicações de KEMPTHORNE (16), MODE e ROBINSON (19) e SUWANTARADON (26).

3. RESULTADO E DISCUSSÃO

3.1. Análises da Variância

Nos Quadros 5 e 6 são apresentadas as análises da variância do «lattice» simples 8 X 8, como blocos casualizados, usando-se as médias dos tratamentos ajustadas pelo programa de análise da variância do «lattice» e, como resíduo, o erro efetivo do «lattice», para os sete caracteres dos experimentos n.º 1 e n.º 2, respectivamente. Observa-se, nesses quadros, que os quadrados médios dos tratamentos foram altamente significativos para todos os caracteres, em ambos os experimentos.

3.2. Desdobramento da Soma de Quadrados dos Tratamentos Ajustados

Nos Quadros 7 e 8 são apresentadas as análises da variância do «lattice» simples 8 X 8, como blocos casualizados, com desdobramento da soma de quadrados dos tratamentos, usando-se as médias dos tratamentos ajustados e, como resíduo, o erro efetivo do «lattice», para os sete caracteres dos experimentos n.º 1 e n.º 2, respectivamente. Neste caso, dividiram-se os tratamentos em três grupos de interesse, obtendo-se as seguintes novas fontes de variação: entre grupos, entre testemunhas (dentro do grupo 1), entre progênies sem recíprocos (dentro do grupo 2) e entre progênies com recíprocos (dentro do grupo 3). Essa última fonte de variação foi subdividida em dois subgrupos: entre recíprocos e entre não recíprocos. Calcularam-se as somas de quadrados corrigidas, relativas a cada nova fonte de variação, para todos os caracteres de ambos os experimentos, pelo processo usual, à exceção dos dois subgrupos citados. Calculou-se a soma de quadrados corrigida para recíprocos (primeiro subgrupo) pelo processo da soma de quadrados dos contrastes ortogonais entre os pares de médias das progênies recíprocas, de acordo com PIMENTEL GOMES (21). Calculou-se a soma dos quadrados corrigida para não recíprocos (segundo subgrupo) por diferença. Testaram-se somente os quadrados médios das novas fontes de variação de interesse.

Para o experimento n.º 1, como se observa no Quadro 7, os quadrados médios das testemunhas (dentro do grupo 1), para todos os caracteres, não foram significativos, como se esperava, à exceção da porcentagem de umidade dos grãos na colheita, cujo quadrado médio foi significativo ao nível de 5%. Possivelmente esse último resultado se deva a problemas de amostragem dos compostos testadores usados nos cruzamentos, em razão da grande variabilidade genética presente nessas populações. Contudo, esse aspecto não está claro, pois não houve significância para os outros caracteres.

Para o experimento n.º 2, como se observa no Quadro 8, os quadrados médios das testemunhas, para a maioria dos caracteres, não foram significativos, à exceção de altura de planta e altura de espiga, cujos quadrados médios foram significativos aos níveis de 5% e 1%, respectivamente. Uma possível explicação para esses últimos resultados seria a mesma dada anteriormente, referente aos problemas de amostragem dos compostos testadores.

Para o experimento n.º 1 (Quadro 7), os quadrados médios das progênies sem recíprocos (dentro do grupo 2), para todos os caracteres, foram altamente significativos, mostrando, mais uma vez, que existem diferenças na capacidade combi-

QUADRO 5 - Análise da variância do "lattice" simples 8 x 8, como blocos casualizados, usando-se as médias dos tratamentos ajustados e, como resíduo, o erro efetivo do "lattice", para sete caracteres do experimento n.º 1: linhagens "flint" x "Composto Dent B"

Fontes de Variação		Quadrados Médios					
		Altura de planta (m)	Altura de espiga (m)	Nº de espigas/parce- lia	Peso de 50 grãos (g)	Peso de 50 grãos de parcela até o flo- rescimento (kg/10 m ²)	Nº de dias de unidade dos grãos
Repetições	1						
Tratamentos (aj.)	63	0,0415**	0,0507**	71,9838**	4,0686**	1,0298**	13,4623**
Erro efetivo	49	0,0085	0,0068	13,0356	0,4946	0,3225	1,8826
Média geral		2,8967	1,8998	37,8594	15,0759	5,4639	78,4687
C.V.		3,1828	4,3406	9,5366	4,6649	10,3935	1,7486
							16,2734
							3,1122

** - Significativo, ao nível de 1% de probabilidade.

QUADRO 6 - Análise da variância do "lattice" simples 8 x 8, como blocos casualizados, usando-se as médias dos tratamentos ajustados e, como resíduo, o erro efetivo do "lattice", para sete caracteres do experimento nº 2: linhagens "dent" x "Composto Flint B"

		Quadrados Médios				
Fontes de Variação	G.L.	Altura de planta (m)	Altura de espiga (m)	Nº de espigas/parcela	Peso de 50 grãos /parcela ² (g)	Nº de dias Porcentagem até o fio-de unidade rescimento dos grãos
Repetições	1					
Tratamentos (aj.)	63	0,0412**	0,0324**	71,9206**	1,7915**	1,2167** 7,3169** 2,1386**
Erro efetivo	49	0,0133	0,0089	34,2484	0,5512	0,3750 2,6706 0,5716
Média geral		2,7146	1,7405	41,5937	15,7034	6,5725 79,2656 17,1156
C.V.		4,2483	5,4203	14,0700	4,7278	9,3172 2,0617 4,4173

** - Significativo, ao nível de 1% de probabilidade.

QUADRO 7 - Análise da variância do "lattice" simples 8 x 8, como blocos casualizados, com desdobramento da soma de quadrados dos tratamentos, usando-se as médias dos tratamentos ajustados e, como resíduo, o erro efetivo do "lattice", para sete caracteres do experimento nº 1: linhagens "flint" x "Composto Dent B"

Fontes de Variação	G.L.	Quadrados Médios						
		Altura de planta (m)	Altura de espiga (m)	Nº de espigas/parcela	Peso de 50 grãos (g)	Peso de grãos /parcela (kg/10 m ²)	Nº de dias até o florescimento	Porcentagem de unidade dos grãos
Repetições								
(Tratamentos aj.)	(63)	(0,0415)	(0,0507)	(71,9838)	(4,0686)	(1,0298)	(13,4623)	(2,3067)
(Entre grupos)	(2)	(0,0300)	(0,0320)	(162,7500)	(32,1260)	(0,2860)	(67,3760)	(6,4300)
Entre testemunhas	4	0,0020	0,0140	24,8400	0,9400	0,2500	4,8300	0,6880*
Entre prog. s/recíprocos	24	-0,0520**	0,0580**	88,3920**	2,7540**	1,2880**	17,2920**	2,2740**
(Entre prog. c/recíp.)	(33)	(0,0400)	(0,0520)	(60,2820)	(3,7100)	(0,9820)	(8,6360)	(2,2860)
Entre recíprocos	17	0,0080	0,0110	41,9340**	1,3200**	0,8350**	2,5450	0,3560
Entre não recíprocos	16	0,0720*	0,0940**	79,7740**	6,2480**	1,1400**	15,1080**	4,3380**
Erro Efetivo	49	0,0085	0,0068	13,0356	0,4946	0,3225	1,8826	0,2565
Média geral		2,8967	1,8998	37,8594	15,0759	5,4639	78,4687	16,2734
C.V.		3,1828	4,3406	9,5366	4,6649	10,3935	1,7486	3,1122

*, ** - Significativos, aos níveis de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

QUADRO 3 - Análise da variância do "lattice" simples 8 x 8, como blocos casualizados, com desdobramento da soma de quadrados dos tratamentos, usando-se as médias dos tratamentos ajustados e, como resíduo, o erro efetivo do "lattice", para sete caracteres do experimento nº 2: linhagens "dent" x "Composto Flint B"

Fontes de Variação	G.L.	Quadrados Médios					
		Altura de planta (m)	Altura de espiga (m)	Nº de espigas/parcela	Peso de 50 grãos (g)	Peso de grãos /parcela até o florescimento (kg/10m ²)	Porcentagem de unidade dos grãos
Repetições							
(Tratamentos aj.):	1						
(Entre grupos)	(63)	(0,0412)	(0,0324)	(71,9206)	(1,7915)	(1,2167)	(2,1386)
Entre testemunhas	(2)	(0,1600)	(0,0260)	(1,5760)	(0,4720)	(2,2920)	(1,8320)
	11	0,0320*	0,0260**	30,7660	0,7080	0,4760	0,8100
Entre prog. s/recíprocos	27	0,0480**	0,0320**	59,7460*	1,7000**	1,4300**	1,9660**
(Entre prog. c/recíp.)	(23)	(0,0280)	(0,0380)	(112,0720)	(2,5460)	(1,2300)	(3,0160)
Entre recíprocos	12	0,0300*	0,0320**	40,4100	0,5780	0,9340*	0,4100
Entre n/recíprocos	11	0,0260	0,0420**	190,2500**	4,6920**	1,5520**	5,8600**
Erro efetivo	49	0,0133	0,0089	34,2424	0,5512	0,3750	0,5716
Média geral		2,7146	1,7405	41,5937	15,7034	6,5725	17,1156
C.V.		4,2485	5,4203	14,0700	4,7273	9,3172	4,4173

*, ** - Significativos, aos níveis de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

natória geral das linhagens que deram origem a essas progênes. Para o experimento n.º 2 (Quadro 8), os quadrados médios das progênes sem recíprocos também foram significativos, confirmando a afirmativa anterior.

Para o experimento n.º 1 (Quadro 7), os quadrados médios entre recíprocos (primeiro subgrupo), para a maioria dos caracteres, não foram significativos, como se esperava, à exceção de número de espigas por parcela, peso de 50 grãos e peso de grãos por parcela, cujos quadrados médios foram altamente significativos. Uma possível explicação para esses últimos resultados seria dada pela diferença de tamanho das sementes das linhagens e dos compostos, de acordo com trabalho de ZINSLEY e VENCOVSKY (28). Como os compostos possuem sementes maiores que as das linhagens, naqueles cruzamentos em que os compostos funcionaram como progenitor feminino e as linhagens como masculino as progênes resultantes possivelmente foram beneficiadas, em razão da maior reserva nutritiva acumulada nas sementes, em detrimento daquelas progênes resultantes dos cruzamentos entre compostos funcionando como progenitor masculino e linhagens como feminino. Essa hipótese não invalida a possibilidade de problemas na amostragem dos compostos testadores, utilizados nos cruzamentos com as linhagens.

Para o experimento n.º 2 (Quadro 8), os quadrados médios entre recíprocos, para a maioria dos caracteres, não foram significativos, à exceção de altura de planta, altura de espiga e peso de grãos por parcela, cujos quadrados médios foram significativos. Também neste caso caberiam as mesmas possíveis explicações expostas para as diferenças entre os recíprocos do experimento n.º 1.

Para o experimento n.º 1 (Quadro 7), os quadrados médios entre não recíprocos (segundo subgrupo), para todos os caracteres, foram altamente significativos, como se esperava.

Para o experimento n.º 2 (Quadro 8), os quadrados médios entre não recíprocos, para todos os caracteres, foram também altamente significativos, à exceção de altura de planta, cujo quadrado médio não foi significativo.

3.3. *Análise da Variância Global para Progênes de «Meios-Irmãos» Não Recíprocas*

Nos Quadros 9 e 10 são apresentadas as análises das variâncias das progênes de «meios-irmãos» não recíprocas, para os sete caracteres dos experimentos n.º 1 e n.º 2, respectivamente. Como se observa nesses quadros, os quadrados médios dessas progênes, para todos os caracteres, em ambos os experimentos, foram altamente significativos, como se esperava. Com o procedimento usado, neste caso, para encontrar os novos quadrados médios dessas progênes, obtiveram-se, para todos os caracteres, em ambos os experimentos, variâncias representativas das progênes de «meios-irmãos» não recíprocas, isolando-se os efeitos das testemunhas e dos recíprocos, para estimativas mais reais dos parâmetros genéticos, como se desejava.

No melhoramento dos compostos «Dent B» e «Flint B» pretende-se introduzir genes favoráveis à produção nesses compostos, por meio do cruzamento destes, em diversas proporções, com as linhagens superiores «dent» e «flint», respectivamente. Tais cruzamentos, possivelmente, irão aumentar a capacidade geral de combinação entre esses compostos, a qual poderá ser devidamente explorada num programa de seleção recorrente recíproca para capacidade geral de combinação desses compostos.

As linhagens superiores poderão também ser utilizadas na formação de variedades sintéticas, por meio de cruzamentos livres entre elas, dentro de cada tipo («flint» ou «dent»).

3.4. *Estimativas dos Parâmetros Genéticos*

Nos Quadros 11 e 12 são apresentadas as estimativas dos parâmetros genéticos para os sete caracteres dos experimentos n.º 1 e n.º 2, respectivamente.

As estimativas do componente de variância genética devido ao efeito de progênes de «meio-irmão» não recíprocas (σ_F^2), para os sete caracteres dos experimentos n.º 1 (Quadro 11) e n.º 2 (Quadro 12), traduzem o grau de variação genética real entre essas progênes, excluindo-se o efeito das testemunhas e dos recíprocos. É importante, como salienta PATERNIANI (20), que se excluam as testemunhas e outras fontes de variação indesejáveis, uma vez que as estimativas dos parâme-

QUADRO 9 - Análise da variância das progênes de "meios-irmãos" não recíprocas, para sete caracteres do experimento nº 1: linhagens "flint" x "Composto Dent B"

Fontes de Variação	G.L.	Quadrados Médios					
		Altura de planta (m)	Altura de espiga (m)	Nº de espigas/parcela	Peso de 50 grãos (g)	Nº de grãos /parcela até o florescimento dos grãos (kg/10m ²)	Nº de dias Porcentagem
Progênes não recíprocas	40	0,0600**	0,0724**	84,9448**	4,1516**	1,2288**	16,4184** 3,0996**
Erro efetivo	49	0,0085	0,0068	13,0356	0,4946	0,3225	1,8826 0,2565
Média geral		2,9005	1,3955	38,2020	15,0170	5,4805	78,2975 16,2530
C.V.		3,1786	4,3504	9,4510	4,6332	10,3620	1,7524 3,1161

** - Significativo, ao nível de 1% de probabilidade.

QUADRO 10 - Análise da variância das progêneses de "meios-irmãos" não recíprocas, para sete caracteres do experimento nº 2: linhagens "dent" x "Composto Flint B"

Fontes de Variação G.L.	Quadrados Médios							
	Altura de planta (m)	Altura de espiga (m)	Nº de espigas/parcela	Peso de 50 grãos (g)	Peso de grãos /parcela (kg/10 m ²)	Nº de dias até o florescimento	Porcentagem de unidade dos grãos	
Progenies não recíprocas	38	0,0416**	0,0349**	97,5235**	2,5661**	1,4653**	9,2698**	3,0932**
Erro efetivo	49	0,0133	0,0089	34,2484	0,5512	0,3750	2,6706	0,5716
Média geral	2,7340	1,7415	41,6620	15,7095	6,6620	79,0390	17,0475	
C.V.	4,2182	5,4172	14,0469	4,7260	9,1920	2,0676	4,4349	

** - Significativo, ao nível de 1% de probabilidade.

tros genéticos de interesse são aquelas referentes às progênes de «meios-irmãos», isoladamente de outros efeitos, para que se tenham idéias mais precisas do ganho genético esperado por seleção (G) e da herdabilidade (H), para cada um dos caracteres estudados.

De acordo com as suposições genéticas básicas, apresentadas por COMSTOCK e ROBINSON (2), válidas neste trabalho, e por meio de fórmula derivada por KEMPTHORNE (16), estimou-se a variância genética aditiva (σ_A^2), para cada um dos sete caracteres dos experimentos n.º 1 (Quadro 11) e n.º 2 (Quadro 12) sendo $\sigma_A^2 = 4 \sigma_F^2$, neste caso. A variância genética aditiva (σ_A^2) é um parâmetro importante na determinação do ganho genético esperado por seleção (G) e da herdabilidade (H). A estimativa de σ_A^2 traduz a variância entre os valores reprodutivos dos indivíduos e indica a variabilidade utilizável pela seleção. Pela presença de pequeno número de irmãos completos dentro de cada uma das famílias de «meios-irmãos» estudadas, a variância genética aditiva possivelmente foi ligeiramente superestimada neste trabalho; mas, como se acredita que essa superestimativa seja mínima, tal fato não foi levado em conta, considerando-se que as estimativas do ganho genético e da herdabilidade terão precisão satisfatória.

As estimativas do ganho genético esperado (G), pela seleção de 20% das famílias de «meios-irmãos» superiores, para peso de grãos, no experimento n.º 1 (Quadro 11) e no experimento n.º 2 (Quadro 12), foram, respectivamente, 12,41% e 11,33%. Apesar de se selecionarem as famílias de «meios-irmãos» com base no peso de grãos, essa seleção se refletiu também nos outros caracteres estudados. Não se teve, porém, interesse, no presente trabalho, pelas estimativas de resposta indireta à seleção para esses caracteres. Como as estimativas da variância genética aditiva, as do ganho genético esperado, possivelmente, também devem estar ligeiramente superestimadas, mas, como naquele caso, acredita-se ser mínima essa superestimativa, não influenciando na interpretação dos resultados.

Ainda nos Quadros 11 e 12 são apresentadas as estimativas de herdabilidade no sentido restrito (H), baseadas nas médias das famílias, para cada um dos sete caracteres dos experimentos n.º 1 e n.º 2, respectivamente. Como se observa nesses quadros, as estimativas de herdabilidade, para todos os caracteres estudados, em ambos os experimentos, foram bastante altas, evidenciando a importância dos fatores genéticos na expressão desses caracteres, principalmente fatores genéticos de natureza aditiva, no presente caso. As altas estimativas de herdabilidade indicam, para ambos os experimentos, a viabilidade do uso de métodos simples de seleção, para qualquer caráter que se desejar, mostrando também a possibilidade de mudanças consideráveis nas novas populações derivadas.

3.5. Correlações Fenotípicas, Genotípicas e de Ambiente

Nos Quadros 13, 14 e 15 são apresentados, respectivamente, os coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e de ambiente (r_E) entre os sete caracteres estudados dos experimentos n.º 1 e n.º 2. De modo geral, em ambos os experimentos as correlações genotípicas foram maiores que as fenotípicas, mesmo nos casos em que estas foram altas, indicando maior influência do componente genético que do componente de ambiente da correlação. Obtiveram-se, para o experimento n.º 2, coeficientes de correlação fenotípica e genotípica com sinais opostos entre altura de planta e peso de 50 grãos, entre número de espigas por parcela e número de dias até o florescimento e entre peso de grãos por parcela e porcentagem de umidade dos grãos na colheita. Em todos estes casos os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica foram baixos, não diferindo significativamente de zero. A correlação genotípica entre os caracteres, na maioria das vezes maior que a fenotípica, indicou que esta foi composta, em grande parte, pela parte genotípica da correlação. Tal fato se torna importante no caso de seleção simultânea para vários caracteres correlacionados entre si.

Como se observa nos Quadros 13 e 14, os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica, respectivamente, foram altamente significativos entre muitos dos caracteres estudados. Tomando-se como exemplo o peso de grãos por parcela, verifica-se que esse caráter correlacionou-se significativamente, de modo positivo, tanto fenotípica como genotipicamente, com altura de planta, altura de espiga e nú-

QUADRO 11 - Componente de variância genética devido ao efeito de progênie de "meios-irmãos" não recíprocos (σ^2_{MI}), variância genética aditiva (σ^2_A), variância fenotípica entre médias das famílias (σ^2_F), ganho genético esperado por seleção (G)* e herdabilidade no sentido restrito (H). Baseada em médias das famílias para sete caracteres do experimento nº 1: linhagens "flint" x "Composto Dent B"

Parâmetros Genéticos	Caracteres				
	Altura de planta (m)	Altura de espiga (m)	Nº de espigas/parce-la	Peso de 50 grãos /parcela (g)	Peso de 50 grãos /parcela até o florescimento (kg/10 m ²)
Componente de variância genét. devido ao efeito de prog. de "meios-irmãos" n/recíproco (σ^2_F)	0,0258	0,0328	35,9546	1,8285	0,4532 7,2679 1,4216
Variância genética aditiva (σ^2_A)	0,1032	0,1312	143,9184	7,3140	1,3128 29,0716 5,6864
Variância fenotípica (σ^2_F)	0,0300	0,0362	42,4724	2,0758	0,6144 8,2092 1,5498
Ganho genético esperado (G)					0,3095
Herdabilidade no sentido restrito (H)	86,60%	90,51%	84,65%	88,09%	73,76% 98,53% 91,73%

* - O ganho genético esperado por seleção (G) foi calculado somente para peso de grãos por parcela.

QUADRO 12 - Componente de variância genética devido ao efeito de progenies de "meios-irmãos" não recíprocas (σ^2_{F}), variância genética aditiva (σ^2_{A}), variância fenotípica entre médias das famílias (σ^2_{P}), ganho genético esperado por seleção (G)* e herdabilidade no sentido restrito (H), baseada em médias das famílias, para sete caracteres do experimento n° 2: linhagens "dent" x "Composto Flint B"

Parâmetros Genéticos	Caracteres				
	Altura de planta (m)	Altura de espiga (m)	N° de espigas/parcela	Peso de 50 grãos (g)	Peso de grãos N° de dias Porcentagem /parcela até o flo- de unidade (kg/10m ²) rescimento dos grãos
Componente de variância genética devido ao efeito de prog. de "meios-irmãos" n/recíprocas (σ^2_{F})	0,0142	0,0130	31,6376	1,0075	0,5452 3,2996 1,2608
Variância genética aditiva (σ^2_{A})	0,0568	0,0520	126,5504	4,0300	2,1808 13,1984 5,0432
Variância fenotípica (σ^2_{P})	0,0208	0,0175	48,7618	1,2831	0,7327 4,6349 1,5466
Ganho genético esperado (G)					0,3917
Herdabilidade no sentido restrito (H)	68,27%	74,29%	64,88%	78,52%	74,41% 71,19% 81,52%

* - O ganho genético esperado por seleção (G) foi calculado somente para peso de grãos por parcela.

QUADRO 13 - Coeficiente de correlação fenotípica (rp), entre os sete caracteres estudados, do experimento nº 1: linhagens "flint" x "Composto Dent B" e do experimento nº 2: linhagens "dent" x "Composto Flint B"

	Altura de espiga	Nº de espigas/parc.	Peso de 50 grãos	Peso de grãos /parcela	Nº de dias até o florescimento	Porcentagem de unidade dos grãos
Experimento nº 1:						
Altura de planta	0,849**	0,305*	-0,156	0,316*	0,122	0,222
Altura de espiga		0,285*	-0,219	0,253	0,298*	0,297*
Nº de espigas/parcela			-0,340*	0,666**	-0,271	-0,169
Peso de 50 grãos				0,101	0,120	0,185
Peso de grãos/parcela					-0,199	0,140
Nº de dias até o florescimento						0,511**
Experimento nº 2:						
Altura de planta	0,814**	0,382**	-0,004	0,416**	-0,099	0,140
Altura de espiga		0,462**	0,143	0,471**	0,017	0,182
Nº de espigas/parcela			-0,132	0,478**	-0,074	0,061
Peso de 50 grãos				0,238	0,071	0,227
Peso de grãos/parcela					-0,079	0,026
Nº de dias até o florescimento						0,508**

*, ** - Significativos, aos níveis de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

QUADRO 14 - Coeficiente de correlação genotípica (rg), entre os sete caracteres estudados, do experimento nº 1: linhagens "flint" x "Composto Dent 80" e do experimento nº 2: linhagens "dent" x "Composto Flint B"

	Altura de planta cm	Peso de 50 grãos g	Peso de 50 grãos g	Nº de espigas por parcela	Nº de dias até o florescimento	Porcentagem de unidade dos grãos
Experimento nº 1:						
Altura de planta	0,887**	0,353*	-0,215	0,363**	0,194	0,252
Altura de espiga		0,332*	-0,231	0,332*	0,341*	0,343*
Nº de espigas/parcela			-0,374**	0,681**	-0,297*	-0,175
Peso de 50 grãos				0,074	0,169	0,182
Peso de grãos por parcela					-0,178	0,132
Nº de dias até o florescimento						0,592**
Experimento nº 2:						
Altura de planta	0,878**	0,399**	0,005	0,495**	-0,044	0,325
Altura de espiga		0,568**	0,199	0,587**	0,094	0,239
Nº de espigas/parcela			-0,10*	0,559**	0,072	0,210
Peso de 50 grãos				0,272	0,151	0,308*
Peso de grãos por parcela					-0,036	0,273
Nº de dias até o florescimento						0,594**

*, ** - Significativos aos níveis de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

QUADRO 15 - Coeficientes de correlação de ambiente (rE), entre os sete caracteres estudados, do experimento nº 1: Linhagens "flint" x "Composto Dent B" e do experimento nº 2: linhagens "dent" x "Composto Flint B"

	Altura de espiga	Nº de espigas/parcela	Peso de 50 grãos	Peso de grãos /parcela	Nº de dias até o florescimento	Porcentagem de unidade dos grãos
Experimento nº 1:						
Altura de planta	0,613**	0,056	0,217	0,163	-0,317*	0,019
Altura de espiga		-0,002	-0,128	-0,064	-0,030	-0,080
Nº de espigas/parcela			-0,147	0,644**	-0,129	-0,133
Peso de 50 grãos				0,224	-0,220	0,208
Peso de grãos por parcela					-0,306*	0,194
Nº de dias até o florescimento						-0,095
Experimento nº 2:						
Altura de planta	0,585**	0,365**	-0,027	0,174	-0,252	-0,149
Altura de espiga		0,186	-0,039	0,101	-0,204	-0,020
Nº de espigas/parcela			-0,195	0,235	-0,354**	-0,436**
Peso de 50 grãos				0,139	-0,133	0,005
Peso de grãos por parcela					-0,189	0,244
Nº de dias até o florescimento						0,280*

*,** - Significativos, aos níveis de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

mero de espigas por parcela, em ambos os experimentos, como se esperava, à exceção do experimento n.º 1, em que o coeficiente de correlação fenotípica entre peso de grãos e altura de espiga não foi significativo. Esses fatos permitem concluir, de acordo com a literatura, que produção está intimamente ligada com altura de planta e de espiga e com prolificidade. Diversos autores apontam, sem generalizar, que ganhos de produção estão associados com maiores alturas de plantas e de espiga e com maior prolificidade, apesar dos problemas de acamamento que podem surgir, restringindo essa produção. Alturas de planta e de espiga correlacionaram-se positivamente entre si, tanto fenotípica quanto genotipicamente, em ambos os experimentos. Alguns caracteres, como número de espigas por parcela e peso de 50 grãos, correlacionaram-se negativamente, de modo significativo, tanto fenotípica quanto genotipicamente, para o experimento n.º 1, como se esperava, concordando com a literatura. Isso indica que o crescimento do número de espigas por parcela (maior prolificidade) provavelmente reduzirá o peso de 50 grãos, e vice-versa. Caso um caráter venha a correlacionar-se negativamente com alguns e positivamente com outros, deve-se tomar cuidado no sentido de que, ao selecionar-se para aquele caráter, não sejam provocadas mudanças indesejáveis em outros caracteres. Número de dias até o florescimento e porcentagem de umidade dos grãos na colheita foram correlacionados positivamente entre si de um modo altamente significativo.

Os coeficientes de correlação de ambiente (r_E) apresentados no Quadro 15, para ambos os experimentos, foram significativos (negativos ou positivos) para determinados caracteres, evidenciando a influência do ambiente na correlação desses caracteres. Naqueles casos em que a correlação de ambiente não foi significativa, acredita-se que a influência do ambiente tenha agido casualmente. No caso de alturas de planta e de espiga, podem acontecer altas correlações de ambiente entre esses caracteres, como no presente trabalho.

De acordo com High, citado por SUWANTARADON (26), é aplicável neste trabalho, a correlação de ambiente poderá ser alta entre caracteres do mesmo indivíduo, em razão de fatores acidentais, ou o ambiente peculiar, ao qual o indivíduo está sujeito, poderá ser próprio para alterar muitas das partes e funções desse indivíduo, sendo que essa correlação pode ser positiva ou negativa, desde que as condições de ambiente favoreçam ambos os caracteres ou apenas um em detrimento do outro.

Para peso de grãos por parcela e número de espigas por parcela, a correlação de ambiente foi positiva e altamente significativa para o experimento n.º 1, mas o mesmo não aconteceu para o experimento n.º 2; portanto, torna-se difícil uma conclusão satisfatória, neste caso. Em geral, acredita-se que aumentos na prolificidade provocarão aumento no peso de grãos por parcela, sendo que ambos os caracteres podem ser simultaneamente favorecidos pelo ambiente, como no experimento n.º 1.

4. RESUMO

Estudou-se a capacidade geral de combinação de linhagens endogâmicas de milho da U.F.V., usando-se as progênes de «meios-irmãos» resultantes dos «topcrosses» entre linhagens «flint» e o «Composto Dent B» (Experimento n.º 1) e entre linhagens «dent» e o «Composto Flint B» (Experimento n.º 2).

As linhagens utilizadas em ambos os «topcrosses» são de origem diversa, em termos de populações de milho e locais, e apresentam, portanto, provavelmente, alto grau de variabilidade genética entre si.

Os compostos «Dent B» e «Flint B» funcionaram como testadores e, na maioria das vezes, como progenitores femininos no cruzamento com as linhagens, por serem mais produtivos. Esses compostos são muito usados pelos melhoristas brasileiros, graças à sua ampla base genética.

Dez a quinze espigas constituíram o material de estudo de cada cruzamento. As progênes resultantes de ambos os «topcrosses» foram plantadas utilizando-se o delineamento experimental de «lattice» simples 8 x 8.

As características estudadas nas progênes (famílias de «meios-irmãos») foram: altura de planta, altura de espiga, número de espigas por parcela, peso de 50 grãos, peso de grãos por parcela, número de dias até o florescimento e porcentagem de umidade dos grãos na colheita. Os dados referentes a pesagens foram corrigidos para um padrão de 15,5% de umidade e para «stand» (exceto peso de 50 grãos).

O desdobramento da soma de quadrados dos tratamentos ajustados mostrou

que, para a maioria dos caracteres de ambos os experimentos, não houve diferenças entre cruzamentos recíprocos. Contudo, em alguns casos, como para número de espigas por parcela, peso de 50 grãos e peso de grãos por parcela (experimento n.º 1) e para altura de planta, altura de espiga e peso de grãos por parcela (experimento n.º 2), detectaram-se variâncias significativas entre os recíprocos, atribuídas às diferenças entre tamanho de sementes (maiores quando o composto é usado como fêmea) e a possíveis efeitos de amostragem.

Ainda com base no desdobramento da soma de quadrados dos tratamentos ajustados foram feitas análises da variância das progênies ou famílias de «meios-irmãos» não recíprocas, estimando-se as variâncias genéticas aditivas (σ_A^2) e as herdabilidades no sentido restrito (H), baseadas nas médias dessas famílias, para os sete caracteres estudados de ambos os experimentos. De modo geral, essas herdabilidades foram altas (a menor herdabilidade foi de 64,88%, para número de espigas por parcela do experimento n.º 2), evidenciando a forte influência dos fatores genéticos na expressão dos caracteres em estudo e mostrando a possibilidade de seleção para esses caracteres. As diferenças altamente significativas para capacidade geral de combinação refletiram a acentuada variabilidade genética, predominantemente de natureza aditiva, entre as linhagens.

De modo geral, as correlações genotípicas foram maiores que as fenotípicas. Assim, concluiu-se que a correlação fenotípica, nesses casos, foi composta, em grande parte, pela parte genotípica da correlação, fato de grande importância no caso da seleção simultânea para vários caracteres correlacionados entre si. As correlações fenotípicas e genotípicas, altamente significativas e positivas em ambos os experimentos, entre peso de grãos por parcela e altura de planta, altura de espiga e número de espigas por parcela permitem concluir, de acordo com a literatura, que produção está intimamente ligada com alturas de planta e de espiga e com prolificidade. Por outro lado, encontrou-se uma correlação fenotípica e genotípica altamente significativa e negativa entre prolificidade e peso de 50 grãos (experimento n.º 1), mostrando o perigo de se reduzir o tamanho dos grãos (ou, menos provavelmente, de se diminuir a densidade dos grãos) ao se aumentar a produção por meio da prolificidade.

5. SUMMARY

The general combining ability of inbred lines of maize belonging to the Federal University of Viçosa (Viçosa, Minas Gerais, Brazil) was studied by evaluation of half-sib progenies resulting from the topcross between flint inbred lines x Dent Composite B (Experiment 1) and dent inbred lines x Flint Composite B (Experiment 2).

The inbred lines have a widely distinct origin, both in terms of source population and geography, so great genetic variability among them was expected. Both composites functioned as testers, and in most cases as female parents in the crosses, because they have higher yield than the inbred lines. These composites are widely used by Brazilian breeders, mainly due to their very broad genetic base.

Ten to 15 ears were worked for each topcross. The progenies from both experiments were tested in an 8 x 8 simple lattice design. The characters studied were: plant height, ear height, number of ears per plot, weight of 50 kernels, yield, number of days to flowering and moisture at harvest. The data were corrected for a standard of 15.5% moisture and also for the stand.

The breakdown of the sum of squares for the adjusted treatments in both experiments showed no significant difference between reciprocal crosses for most characters. However, for number of ears per plot, weight of 50 kernels and yield (Experiment 1), and plant height, ear height and yield (Experiment 2), reciprocal differences were detected. It is believed that these differences are due to the larger kernels produced by the composites when used as female parents, as well as to some sampling effect.

The variance among the half-sib families was estimated for all characters. Estimates for the additive genetic variance and for the heritability in the narrow sense, based on progeny means, were obtained for all seven characters in both experiments. The heritabilities were generally high, the smallest being 64.88% for number of ears per plot, and the highly significant general combining ability effects reflect the great genetic variability, mostly additive, among the inbred

lines.

In general, the genotypic correlations were greater than the phenotypic ones. From this it was concluded that the phenotypic correlations were brought about mainly by the genotypic correlations.

Yield was significantly and positively correlated, both genotypically and phenotypically, with plant height, ear height and number of ears per plot. A significant negative correlation also was found, both genotypically and phenotypically, between number of ears per plot and weight of 50 kernels (Experiment 1), showing the risk of reducing the size of the kernels (or, less probably, reducing the density) when one pursues increases in yield through the increase in the number of ears per plot (prolificity).

6. LITERATURA CITADA

1. COCHRAN, W.G. & COX, G.M. *Experimental Designs*. 2.^a edição. New York, John Wiley and Sons, Inc. 1957. 611 p.
2. COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. Estimation of average dominance of genes. In: *Heterosis*. Ames, Iowa State College Press. 1952. p. 494-511.
3. DAVIS, R.L. Report of the plant breeder. *Ann. Repts.*, Puerto Rico Agr. Exp. Sta., 1929. p. 14-15.
4. EBERHART, S.A. Factors effecting efficiencies of breeding methods. *African Soils/Soils Africans*, 15(1,2,3): 669-679. 1970.
5. FALCONER, D.S. *Introduction to quantitative genetics*. London, Oliver and Boyd, 1960. 365 p.
6. FEDERER, W.T. & SPRAGUE, G.F. A comparison of variance components in corn yield trials. I. Error, tester x line and line components in top-cross experiments. *J. Am. Soc. Agron.* 39: 453-463. 1947.
7. GREEN, J.M. Inheritance of combining ability in maize hybrids. *J. Am. Soc. Agron.* 40: 58-63. 1948.
8. HARRIS, R.E., GARDNER, C.O. & COMPTON, W.A. Effects of mass selection and irradiation in corn measured by random S_1 lines and their testcrosses. *Crop Science*, 12:594-598. 1972.
9. HORNER, E.S. A comparison of S_1 line and S_1 plant evaluation for combining ability in corn (*Zea mays* L.). *Crop Science*, 3:519-522. 1963.
10. HORNER, E.S., CHAPMAN, W.H., LUTRICK, M.C. & LUNDY, H.W. Comparison of selection based on yield of topcross progenies and of S_2 progenies in maize (*Zea mays* L.). *Crop Science*, 9:539-543. 1969.
11. HORNER, E.S., LUNDY, H.W., LUTRICK, M.C. & WALLACE, R.W. Relative effectiveness of recurrent selection for specific and for general combining ability in corn. *Crop Science*, 3:63-66. 1963.
12. HORNER, E.S., LUTRICK, M.C., CHAPMAN, W.H. & MARTIN, F.G. Effect of recurrent selection for combining ability with a singlecross tester in maize. *Crop Science*, 16: 5-8. 1976.
13. JENKINS, M.T. The effect of inbreeding and selection within inbred lines of maize upon the hybrids made after successive generations of selfing. *Iowa State College J. Sci.* 9:429-450. 1935.
14. JONES, D.F. Dominance of linked factors as a means of accounting for heterosis. *Genetics*, 2: 466-479. 1917.
15. JONES, D.F. The effects of inbreeding and crossbreeding upon development.

Connecticut Agr. Expt. Sta. Bull. 207: 5-100. 1918.

16. KEMPTHORNE, O. *An Introduction To Genetic Statistics*. Ames, The Iowa State University Press, U.S.A. 1957. 545 p.
17. LUSH, J.L. *Animal Breeding Plans*. 3.^a edição. Ames, The Iowa State College Press, 1945. 443 p.
18. MATZINGER, D.F. Comparison of three types of testers for the evaluation of inbred lines of corn. *Agronomy Journal*, 45:493-495. 1953.
19. MODE, C.J. e ROBINSON, H.F. Pleiotropism and the genetic variances and covariances. *Biometrics*, 15:518-537. 1959.
20. PATERNIANI, E. *Avaliação do método de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos no melhoramento de milho (Zea mays L.)*. ESALQ, Piracicaba, SP. 1968. 92 p. (Tese não publicada).
21. PIMENTEL GOMES, F. *Curso de Estatística Experimental*. 6.^a edição São Paulo, Livraria Nobel, 1976. 430 p.
22. ROBINSON, H.F. e COCKERHAM, C.C. Estimación y significado de los parámetros genéticos. *Fitotecnía Latinoamericana*, 2:23-38. 1965.
23. SHULL, G.H. The composition of a field of maize. *Am. Breed. Assoc. Rept.* 4: 296-301. 1908.
24. SHULL, G.H. A pure line method of corn breeding. *Am. Breed. Assoc. Rept.* 5: 51-59. 1909.
25. SPRAGUE, G.F. An estimation of the number of top-crossed plants required for adequate representation of a corn variety. *J. Am. Soc. Agron.* 31:11-16. 1939.
26. SUWANTARADON, K. *Simultaneous selection for several agronomic characters in the BSSS2 maize population by means of selection indices*. Ames, Iowa State University, 1974. 159 p. (Ph.D. thesis).
27. WEBEL, O.D. & LONNQUIST, J.H. An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L.). *Crop Science*, 7:651-655. 1967.
28. ZINSLY, J.R. & VENCOVSKY, R. Influência do tamanho da semente de milho sobre a produtividade e sobrevivência das plantas. In: *Relatório Científico do Instituto de Genética*. Piracicaba, ESALQ, 1968. p. 123-124.
29. ZUBER, M.S. Relative efficiency of incomplete block designs using corn uniformity trial data. *J. Am. Soc. Agron.* 34:30-47. 1942.