

HERDABILIDADES, CORRELAÇÕES E ÍNDICES DE SELEÇÃO EM MILHO (*Zea mays* L.)^{1/}

Fernando Pinheiro Reis ^{2/}
José Carlos Silva ^{3/}
Adair José Regazzi ^{2/}
Laede Maffia de Oliveira ^{2/}

1. INTRODUÇÃO

O conhecimento da variabilidade genética é problema que interessa ao melhorista, uma vez que a variação constitui matéria-prima de seu trabalho. Diferenças genéticas e diferenças ambientais são causas de variação, que são expressas em termos de variância (12).

Vários procedimentos genético-estatísticos, que permitem obter essa informação básica, têm sido propostos. Dentre esses, o Delineamento I, proposto por COMSTOCK e ROBINSON (1, 2), é um dos mais usados para desenvolver progénies para estimar os parâmetros genéticos referentes à variabilidade na população.

Outro aspecto de grande utilidade para o melhorista é o conhecimento das estimativas das correlações entre caracteres, uma vez que essas estimativas dão idéia do comportamento dos caracteres correlacionados, quando se pratica a seleção para determinada característica (4).

Para fazer a seleção baseada em várias características, simultaneamente o critério lógico é o índice de seleção (7), que pode ser usado nos programas de melhoramento de plantas e animais, quando forem considerados caracteres quantitativos. Tais caracteres apresentam particular dificuldade nos programas de seleção, uma vez que variações herdáveis são freqüentemente mascaradas por variações não herdáveis. O índice de seleção, que envolve um critério de escolha baseado numa combina-

^{1/} Parte da tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, pelo primeiro autor, como uma das exigências para obtenção do grau de Magister Scientiae em Genética e Melhoramento.

Recebido para publicação em 21-12-1981.

^{2/} Departamento de Matemática da U.F.V. 36570 Viçosa, MG.

^{3/} Departamento de Biologia Geral da U.F.V. 36570 Viçosa, MG.

ção de medidas de vários caracteres, pode ser usado com eficiência para aumentar a probabilidade de selecionar os genótipos que interessam.

As interações genótipo x ambiente influenciam as variâncias, as covariâncias, as correlações e, portanto, os índices de seleção (6). Sabe-se que essas interações dependem de fatores diversos; em resumo, os efeitos genotípicos, variando de acordo com o ambiente, originam as interações. Na prática, a situação é mais complicada, porque muitos genótipos e ambientes devem ser considerados, tornando numerosos os tipos possíveis de interações.

Neste trabalho procurou-se estimar variâncias, covariâncias e correlações fenotípicas, genotípicas e genéticas aditivas entre os diversos caracteres, estimar a herdabilidade de cada caráter e estabelecer índices de seleção, usando o ganho genético desejado.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Material

Neste trabalho foi utilizado o 'Composto Dente B', sintetizado no Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura «Luís de Queiroz», Piracicaba, São Paulo (11). Esse composto é resultante de várias populações dentadas brancas e amarelas, notadamente da raça Tuxpeño, incluindo, também, germoplasma da América Central e do Sul. Em razão de suas origens diversas, apresenta ampla base genética.

2.2. Métodos

2.2.1. Delineamento Genético

Utilizou-se o Delineamento I, de COMSTOCK e ROBINSON (2). Nesse delineamento, efetuaram-se cruzamentos múltiplos entre os indivíduos, cruzando cada macho com «f» fêmeas; cada fêmea foi cruzada apenas com um macho. Para cada grupo de «m» machos foram obtidas «mf» progêñies de irmãos completos. As progêñies, em cada grupo de «f» fêmeas acasaladas com o mesmo macho, constituíram «f» famílias de meios-irmãos.

2.2.2. Obtenção do Material Experimental (polinização)

O 'Composto Dente B' utilizado na obtenção do material experimental foi plantado no campo experimental do setor de Genética da Universidade Federal de Viçosa, no ano agrícola 74/75.

O esquema de cruzamentos obedeceu ao Delineamento I, de COMSTOCK e ROBINSON (2). Tanto as plantas usadas como «machos» quanto as usadas como «fêmeas» foram tomadas ao acaso, para constituir uma amostra da população original. Uma planta usada como macho, tomada ao acaso em cada fileira, foi cruzada com quatro a seis plantas usadas como fêmeas, tomadas ao acaso na mesma fileira.

Foram feitos cruzamentos em 80 fileiras, aproximadamente, aproveitando-se, no final, 39 plantas usadas como machos, cada uma cruzada com 4 plantas usadas como fêmeas, produzindo 156 progêñies.

2.2.3. Experimento (testes)

As 156 progêñies produzidas foram testadas nos anos agrícolas 75/76 e 77/78 (anos I e II, respectivamente).

Os machos foram divididos em 7 grupos de cinco e um grupo de quatro, tomados ao acaso. As 20 progêñies que resultaram dos cruzamentos de 5 machos, cada um

cruzado com 4 fêmeas, constituíram um grupo. Assim, foram usados 7 grupos com 20 progénies e um grupo com 16 progénies apenas, isto é, 4 machos, cada um com 4 fêmeas. Desse modo, para avaliação de campo, o material experimental foi dividido em 8 grupos, cada grupo incluindo duas repetições de cada progénie.

As parcelas constaram de uma fileira de 6 metros de comprimento, com espaçamento de 1 metro entre fileiras e 0,50 metro entre covas.

Na semeadura, as sementes foram colocadas em covas (3 sementes por cova); 40 a 45 dias após a semeadura fez-se um desbaste, deixando duas plantas por cova.

Usou-se a adubação NPK, à base de 20 kg de N/ha, 60 kg de P₂O₅/ha e 40 kg de K₂O/ha, na forma de sulfato de amônio, superfosfato simples e cloreto de potássio, respectivamente. A aplicação foi efetuada no sulco, por ocasião da semeadura. Imediatamente após o desbaste, fez-se uma adubação em cobertura, sendo aplicados 40 kg de N/ha.

2.2.4. Caracteres Medidos

Foram estudados os seguintes caracteres: altura de planta (m), altura de espiga (m), número de plantas por parcela, número de espigas por parcela, peso de 50 grãos (g), peso de espigas por parcelas (kg) e produção de grãos por parcela (kg).

Os dados referentes a peso de 50 grãos, peso de espigas e produção de grãos foram corrigidos para umidade-padrão de 15,5%.

2.2.5. Análise de Variância

Cada grupo foi analisado individualmente. Como a relação entre os quadrados médios dos resíduos, em geral, variou de 1,2 a 3,0, procedeu-se à análise conjunta dos 8 grupos (5). Uma vez que cada grupo constituiu uma amostra representativa da população original, as esperanças dos quadrados médios [E (QM)] foram as mesmas, tanto para a análise de um grupo como para a análise conjunta. Desse modo, mostrase apenas o esquema para a análise conjunta (Quadro 1).

QUADRO 1 - Análise de variância conjunta dos 2 anos, para os 8 grupos

FV	GL	QM	E (QM)
Grupos (S)		7	
Repetições (R)/S		8	
Anos (A)/S		8	
Interações R x A/S		8	
Machos (M)/S	31	M ₁	$\sigma^2 + 2\sigma_{(F/M)A}^2 + 4\sigma_{F/M}^2 + 8\sigma_{MA}^2 + 16\sigma_M^2$
Interação M x A/S	31	M ₂	$\sigma^2 + 2\sigma_{(F/M)A}^2 + 8\sigma_{MA}^2$
Fêmeas (F)/M/S	117	M ₃	$\sigma^2 + 2\sigma_{(F/M)A}^2 + 4\sigma_{F/M}^2$
Interação F/M x A/S	117	M ₄	$\sigma^2 + 2\sigma_{(F/M)A}^2$
Erro	296	M ₅	σ^2

Com os dados referentes aos testes realizados nos anos agrícolas 75/76 e 77/78, fez-se a análise de variância conjunta, considerando os anos I e II (Quadro 1). Nesse caso, para testar o efeito de machos dentro de grupo, pelo teste F, ajustaram-se os graus de liberdade pela fórmula de SATTERTHWAITE (15). A análise de variância foi feita segundo o modelo genético-estatístico, semelhante ao que foi utilizado por COMSTOCK e ROBINSON (2) no Delineamento I.

Estimaram-se os componentes de variância do seguinte modo:

$$\hat{\sigma}^2_M = M_5; \hat{\sigma}^2_M = \frac{(M_1 + M_4) - (M_2 + M_3)}{16}; \hat{\sigma}^2_{MA} = \frac{M_2 - M_4}{8}$$

$$\hat{\sigma}^2_{F/M} = \frac{M_3 - M_4}{4}; \hat{\sigma}^2_{(F/M)A} = \frac{M_4 - M_5}{2}$$

De acordo com KEMPTHORNE (8) e admitindo, para o caso específico deste estudo, ausência de epistasia e coeficiente de endogamia dos pais igual a zero ($F = 0$), chegou-se às seguintes fórmulas:

$$\hat{\sigma}^2_A = 4\hat{\sigma}^2_M \text{ e } \hat{\sigma}^2_D = 4(\hat{\sigma}^2_{F/M} - \hat{\sigma}^2_M)$$

2.2.6. Herdabilidades

As herdabilidades, no sentido amplo (H_a) e restrito (H), foram calculadas com base na média das progênies. Utilizaram-se as seguintes fórmulas:

$$H_a = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2}, \text{ em que}$$

$$\sigma_G^2 = \text{variância genotípica};$$

$$\sigma_P^2 = \text{variância fenotípica};$$

$$\sigma_G^2 = \sigma_M^2 + \sigma_{F/M}^2;$$

$$\sigma_P^2 = \sigma_M^2 + \sigma_{F/M}^2 + \sigma^2/4$$

$$H = \frac{\frac{1}{2} \sigma_A^2}{\sigma_P^2}$$

2.2.7. Correlações

As covariâncias foram estimadas a partir dos quadrados médios da análise da soma de dois caracteres ($X + Y$). Foram estimadas as correlações fenotípicas, genotípicas e genéticas aditivas. O procedimento para esses cálculos foi o indicado por MODE e ROBINSON (9).

2.2.8. Índices de Seleção

Os índices de seleção foram estabelecidos de acordo com os «ganhos genéticos desejados», segundo PESEK e BAKER (10).

O índice é da forma

$$I = b_1x_1 + b_2x_2 + \dots + b_jx_j + \dots + b_nx_n,$$

em que os x_i 's são os valores fenotípicos das n características incluídas no índice e os b_i 's são os coeficientes do índice.

Para estimar os b 's, utilizou-se a seguinte expressão:

$$\vec{b} = G^{-1}\vec{h}, \text{ em que}$$

\vec{b} é o vetor coluna dos coeficientes do índice;

G é a matriz ($n \times n$) de variâncias-covariâncias genéticas aditivas das n características;

G^{-1} é a inversa de G e

h é o vetor coluna dos ganhos genéticos desejados das n características.

Assim, os coeficientes dos índices podem ser determinados sem o conhecimento dos valores económicos relativos de cada característica, ao contrário da teoria convencional proposta por HAZEL (7). Contudo, o vetor \vec{a} dos valores económicos relativos das características foi estimado de acordo com o sistema de equações $P\vec{b} = G\vec{a}$, depois de estimado o vetor \vec{b} . A solução desse sistema para o vetor \vec{a} é $\vec{a} = G^{-1}P\vec{b}$, em que \vec{a} é o vetor coluna dos valores económicos que as n características deveriam ter para a proposição e P é matriz ($n \times n$) das variâncias-covariâncias fenotípicas das n características incluídas no índice.

Conhecidos os vetores \vec{a} e \vec{b} e as matrizes de variâncias-covariâncias fenotípicas e genéticas aditivas, estimaram-se os seguintes parâmetros, segundo CUNNINGHAN (3):

$$\text{variância do índice: } \sigma_I^2 = b'Pb$$

Ganho genético em determinada característica (J) incluída no índice, resultante da seleção pelo índice (I):

$$\Delta G_J = \frac{b'G}{(b'Pb)^{1/2}}$$

Correlação existente entre o índice (I) e o agregado (H):

$$HI = \frac{(b'Pb)^{1/2}}{(a'Ga)^{1/2}},$$

sendo a o vetor dos valores econômicos relativos das características incluídas no índice.

Ganho genético no agregado pela seleção baseada no índice:

$$\Delta H = (b' Pb)^{1/2} i;$$

sendo i a intensidade de seleção.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Análises Estatísticas

No Quadro 2 encontram-se os resultados da análise de variância conjunta para os oito grupos, as médias gerais e os coeficientes de variação, para os seis caracteres estudados, relativos à análise conjunta dos dois anos. Os coeficientes de variação foram de magnitudes relativamente baixas (< 24%), indicando boa precisão do ensaio de campo (5).

A exceção de número de espigas por parcela, peso de espigas por parcela e produção de grãos por parcela, os demais caracteres apresentaram diferenças significativas, pelo teste F, entre machos dentro de grupos ($P < 0,05$), indicando a presença de variabilidade genética aditiva (13).

Entre fêmeas dentro de machos dentro de grupos, à exceção de peso de espigas por parcela e produção de grãos por parcela, também foram detectadas diferenças significativas ($P < 0,05$).

Nos Quadros 3 e 4 encontram-se os produtos médios dos 15 pares de caracteres, relativos à análise conjunta dos dois anos. Os produtos médios forneceram as estimativas das covariâncias, para que se pudesse calcular as correlações.

A interação machos x ano dentro de grupo foi significativa ($P < 0,05$) apenas para altura de planta e peso de 50 grãos, ao passo que a interação fêmea dentro de machos x anos dentro de grupo foi significativa ($P < 0,01$) para número de espigas por parcela e peso de 50 grãos, evidenciando sensibilidade desses caracteres a variações do meio ambiente (Quadro 2).

3.2. Estimativas dos Parâmetros

As estimativas dos parâmetros genéticos dos seis caracteres estudados, relativos à análise conjunta dos dois anos, encontram-se no Quadro 5. As estimativas dos componentes de variância atribuídos ao efeito de machos ($\hat{\sigma}_{M}^2$) e fêmeas dentro de machos ($\hat{\sigma}_{F/M}^2$) refletem o grau de variação genética nesses indivíduos.

A estimativa da variância genética aditiva foi calculada de acordo com as fórmulas derivadas por KEMPTHORNE (8), sendo $\hat{\sigma}_A^2 = 4 \hat{\sigma}_M^2$ nesse caso. A estimativa de $\hat{\sigma}_A^2$ reflete a variância nos valores reprodutivos dos indivíduos e indica a variabilidade utilizável pela seleção. De posse das estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) e da variância fenotípica ($\hat{\sigma}_P^2$), estimou-se a herdabilidade no sentido restrito (H), definida por COMSTOCK e ROBINSON (1). A herdabilidade (H) é de grande importância, porque mostra em quanto ou em que grau a variância genética aditiva foi causa da variância total.

As herdabilidades, para todos os caracteres, foram estimadas com base nas médias das progênies. Para peso de 50 grãos não foram estimadas pelo fato de a estimativa do componente de variância atribuído ao efeito de machos ($\hat{\sigma}_M^2$) ter sido maior que a estimativa do componente atribuído ao efeito de fêmeas dentro de ma-

QUADRO 2 - Análise de variância conjunta dos anos I e II, para os 8 grupos, para altura de planta, altura de espiga, número de espigas por parcela, peso de 50 grãos, peso de espigas por parcela e produção de grãos por parcela

Quadrados Médios							
Causa de Variação	GL	Altura de planta (m)	Altura de espiga (m)	Número de espigas/parcela	Peso de 50 grãos (g)	Peso de espigas/parcela (kg)	Produção de grãos/parcela (kg)
Grupos (S)	7	-	-	-	-	-	-
Repetições/S	8	-	-	-	-	-	-
Ano (A)/grupos (S)	8	0,7410	0,9106	126,5942	46,3637	5,6318	3,5872
R x A/S	8	0,2400	0,2047	21,9254	3,6080	2,3232	1,7340
Machos (M)/grupos (S)	31	0,1835*	0,1607**	100,2200n.s.	21,8569**	2,8718n.s.	2,3551n.s.
M x A/S	31	0,0499**	0,0286n.s.	22,9782n.s.	1,6455*	0,7940n.s.	0,6015
Fêmeas x A/S	117	0,0849**	0,0712**	72,2241**	4,3847**	2,3022**	1,7070**
F/M x A/S	117	0,0257n.s.	0,0258n.s.	22,8567**	2,2685**	0,5907n.s.	0,4097n.s.
Erro	296	0,0238	0,0213	11,2096	1,1326	0,4984	0,3508
Médias	-	2,673	1,749	17,572	18,533	3,896	3,215
CV (%)	-	5,77	8,34	19,05	5,74	18,12	18,42

**, * Significativo aos níveis de 1 e 5% de probabilidade, respectivamente.
n.s. Não significativo ao nível de 5% de probabilidade.

QUADRO 3 - Produtos médios da análise conjunta dos anos I e II para os pares de caracteres: altura de espiga e produção de grãos ($AE \times YD$), número de espigas e peso de 50 grãos ($NE \times PG$), número de espigas e peso de grãos ($NE \times PE$), número de espigas e produção de grãos ($NE \times YD$), peso de 50 grãos e peso de grãos ($PG \times PE$), peso de 50 grãos e produção de grãos ($PG \times YD$), peso de espigas e produção de grãos ($PE \times YD$)

QUADRO 4 - Produtos médios da análise conjunta dos anos I e II, para os pares de caracteres: altura de planta e altura de espiga ($AP \times AE$), altura de planta e número de espigas ($AP \times NE$), altura de planta e peso de 50 grãos ($AP \times PG$), altura de planta e peso de espigas ($AP \times PE$), altura de planta e produção de grãos ($AP \times YD$), altura de espiga e número de espigas ($AE \times NE$), altura de espiga e peso de 50 grãos ($AE \times PG$), altura de espiga e peso de 50 grãos ($AE \times PE$)

Causa de Variação	GL	Produtos Médios							
		$AP \times AE$	$AP \times NE$	$AP \times PG$	$AP \times PE$	$AP \times YD$	$AE \times NE$	$AE \times PG$	$AE \times PE$
Ano (A)/S	8	0,7983	6,2579	-4,5791	1,4118	1,3974	5,9945	-5,3499	1,5732
Repetição (R)xA/S	8	0,2080	1,7392	0,0981	0,3068	0,3488	1,6437	1,2414	0,3186
Macho (M)/S	31	0,1475	2,0728	0,3566	0,3398	0,3308	2,2412	0,3485	0,3000
M x A/S	31	0,0263	0,3626	0,0351	0,0962	0,0600	0,3684	0,0431	0,0928
Fêmeas (F)/M/S	117	0,0681	0,8037	0,0628	0,1543	0,1843	0,7140	0,0604	0,1337
(F/M) x A/S	117	0,0186	0,2459	-0,0165	0,0083	0,0259	0,3346	-0,0364	0,0077
Erro	296	0,0166	0,1704	0,0219	0,0080	0,0286	0,1766	0,0154	0,0125

QUADRO 5 - Estimativas dos componentes de variância devidos ao efeito de machos (σ_M^2) e de fêmeas dentro de machos ($\sigma_{F/M}^2$) e à interação machos x ano ($\sigma_{M \times a}^2$) e fêmea dentro de machos x ano ($\sigma_{F/M \times a}^2$) variância genética additiva (σ_A^2), variância genotípica nas médias das progêniés (σ_G^2), variância fenotípica nas médias das progêniés (σ_p^2), herdabilidades, no sentido amplo (H_a) e restrito (H), baseadas nas médias das progêniés, para os seis caracteres estudados, relativas à análise conjunta dos anos I e II

Estimativas dos Parâmetros Genéticos	Altura de planta (m)	Altura de espiga (m)	Número de espigas/parcela	Peso de grãos (g)	Peso de espigas/parcela (kg)	Produção de grãos/parcela (kg)
Componente de variância devido ao efeito de machos (σ_M^2)						
Componente de variância devido ao efeito da interação macho x ano ($\sigma_{M \times a}^2$)	0,004638	0,005413	1,742146	1,130951	0,022889	0,028480
Componente de variância devido ao efeito de fêmeas dentro de machos ($\sigma_{F/M}^2$)	0,003037	0,000359	0,015191	0,077869	0,25421	0,023973
Componente de variância devido ao efeito da interação F/M com ano ($\sigma_{F/M \times a}^2$)	0,014820	0,011365	12,341861	0,529039	0,42874	0,324471
Variância genética aditiva (σ_A^2)	0,000945	0,002232	5,823520	0,567926	0,046134	0,029440
Variância genotípica (σ_G^2)	0,018552	0,021652	6,988584	4,5223804	0,091556	0,113920
Variância fenotípica (σ_p^2)	0,019458	0,016778	14,084007	1,659990	0,450763	0,352951
Herdabilidade no sentido amplo (H_a)	0,025404	0,022105	16,886420	1,943154	0,575365	0,440659
Herdabilidade no sentido restrito (H)	76,59%	75,90%	83,40%	***	78,34%	80,09%
	36,51%	48,97%	20,63%	***	7,95%	12,92%

*** Herdabilidades para peso de 50 grãos não foram estimadas, pois a estimativa do componente de variância devido ao efeito de machos (σ_M^2) foi maior que a estimativa do componente devariância de fêmeas dentro de machos ($\sigma_{F/M}^2$).

chos ($\hat{\sigma}_{F/M}^2$), o que proporcionaria um valor incorreto à herdabilidade. Nesse caso, o componente de variância atribuído à dominância ($\hat{\sigma}_D^2$), definido por $\hat{\sigma}_D^2 = e(\hat{\sigma}_{F/M}^2 - \hat{\sigma}_M^2)$, teria uma estimativa negativa. Como a variância, por definição, não pode ser negativa, uma explicação possível seria que ela deve ser estimativa de algum valor real zero ou algum valor positivo muito pequeno e que as estimativas negativas foram consequência de erros de amostragem, conforme ROBINSON *et alii* (14). As estimativas de herdabilidades no sentido restrito foram razoáveis. Peso de espigas por parcela apresentou menor herdabilidade (7,95%), ao passo que altura de espiga apresentou herdabilidade maior (48,97%). Número de espigas por parcela, peso de espigas por parcela e produção de grãos por parcela apresentaram baixa estimativa de herdabilidade. Isso é explicado pelo fato de o componente de machos, para esses caracteres, não ter sido significativo ($P < 0,05$), conforme o Quadro 5.

3.3. Correlações Genéticas Aditivas, Fenotípicas e Genotípicas

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e genética aditiva (r_A) entre os pares de características, referentes à análise conjunta dos dois anos, encontram-se no Quadro 6. A correlação fenotípica pode ser maior ou menor que a correlação genotípica (16). Neste trabalho, de modo geral, as estimativas das correlações genotípicas foram maiores que as fenotípicas, indicando maior influência do componente genético que do componente de ambiente sobre a correlação. Esses resultados concordam com os obtidos por SUWANTARADON (16).

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e genética aditiva entre os caracteres estudados foram de magnitudes relativamente altas, ($> 0,40$ para a maioria dos pares de caracteres), à exceção de peso de 50 grãos, cujo coeficiente de correlação com todos os outros caracteres foi baixo ($< 0,40$). Produção de grãos por parcela apresentou correlações fenotípicas, genotípicas e genéticas aditivas positivas com altura de planta, altura de espiga e número de espigas por parcela. Esse fato permite concluir que a produção está intimamente associada com altura de planta, altura de espiga e prolificidade.

Altura de planta e de espiga correlacionaram-se positivamente entre si, tanto fenotípica quanto genotipicamente, apresentando coeficiente de correlação relativamente alto (superior a 0,80). Essa correlação foi a mais alta entre todos os caracteres, nos diferentes tipos de correlações, concordando com os resultados obtidos por SUWANTARADON (16). Número de espigas por parcela e peso de 50 grãos correlacionaram-se negativamente, tanto fenotípica quanto genotipicamente, embora os coeficientes tenham sido relativamente baixos (inferiores a 0,40). Isso significa que aumentos no número de espigas por parcela (maior prolificidade) provavelmente reduzirão o peso de 50 grãos, e vice-versa. Esses resultados concordam com os obtidos por VIANNA (17).

3.4. Índice de Seleção

Foi estabelecido um índice de seleção, incluindo altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e produção de grãos por parcela (YD), para a análise conjunta dos dois anos. Para estimar os coeficientes dos índices, foram utilizadas as estimativas das variâncias e covariâncias genéticas aditivas entre progénies ($1/2 \hat{\sigma}_A^2$ e $1/2 \hat{\sigma}_{AA'}$).

QUADRO 6 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), genotípica (r_G) e genética aditiva (r_A) correspondentes às combinações dos seis caracteres estudados, relativos à análise conjunta dos dois anos

Caracteres	Coeficientes (r)	Caracteres				
		Altura de espiga	Número de espigas/parcela	Peso de 50 grãos	Peso de espigas/parcela	Produção de grãos/parcela
Altura de planta	F	0,887	0,388	0,182	0,369	0,508
	G	0,933	0,404	0,194	0,455	0,562
	A	0,895	0,800	0,209	0,592	0,611
Altura de espiga	F		0,380	0,198	0,352	0,497
	G		0,387	0,223	0,420	0,528
	A		0,961	0,166	0,457	0,503
Número de espigas/parcela	F			-0,079	0,709	0,763
	G			-0,094	0,765	0,813
	A			-0,106	1,253	1,040
Peso de 50 grãos	F				0,154	0,120
	G				0,130	0,087
	A				-0,079	-0,230
Peso de espigas/parcela	F					0,930
	G					0,947
	A					0,806

As metas, as médias no Composto Dente, os ganhos genéticos desejados e as respostas genéticas esperadas para cada caráter, por ciclo, encontram-se no Quadro 7. As metas finais de seleção, estipuladas para os vários caracteres, podem ser difíceis de atingir, porém foram escolhidas como últimos limites de longo processo de seleção. Assim, com 10% de intensidade de seleção, para atingir a meta final no melhoramento genético dos caracteres pelo uso do índice proposto, seriam necessários 18 ciclos, admitindo que não houvesse mudanças nos parâmetros genéticos durante a seleção.

É importante conhecer os pesos econômicos relativos que deveriam ser atribuídos para obter os mesmos resultados de seleção obtidos pelo método modificado. Esses valores econômicos foram obtidos utilizando a relação $Pb = Ga$.

Os valores econômicos estimados (Quadro 8) parecem ser discrepantes do ponto de vista econômico, o que serve para indicar a inabilidade do pesquisador em considerar, como um todo, as inter-relações genéticas entre os diversos caracteres.

Os coeficientes dos índices e os valores econômicos relativos encontram-se no

QUADRO 7 - Metas, médias no Composto Dente, ganhos genéticos desejados e respostas genéticas esperadas para cada caráter, por ciclo

Caracteres	Metas	Médias no Composto Dente	Ganhos genéticos desejados	Respostas genéticas esperadas para cada caráter por ciclo
AP (m)	2,000	2,673	-0,673	-0,036
AE (m)	1,000	1,749	-0,749	-0,040
YD (kg)	5,100	3,215	1,885	0,100

Quadro 8. A estimativa do coeficiente de correlação entre o índice e o valor genético agregado foi de 0,446.

A complexidade da seleção mediante índice prende-se, principalmente, à dificuldade de obtenção de estimativas precisas dos parâmetros genéticos das características. Erros nas estimativas desses parâmetros podem ter comprometido seriamente as estimativas de variâncias e covariâncias genéticas, provocando erros no cômputo dos índices e das respostas à seleção. Nessas circunstâncias, são válidas as observações de WILLIAMS (18), que sugere a aplicação de um índice no qual os valores de

QUADRO 8 - Pesos econômicos e pesos fenotípicos estimados para o índice de seleção

Caracteres	Pesos econômicos relativos*	Pesos fenotípicos*
AP (m)	-2,343	-2,350
AE (m)	0,770	-0,059
YD (kg)	1,000	1,000

* Valores padronizados, tomando produção igual a 1,0.

ponderação sejam simplesmente os valores econômicos das características.

A possibilidade de obtenção de estimativas imprecisas dos parâmetros genéticos e, ainda, as possíveis mudanças desses parâmetros nos ciclos torna problemático o uso do índice de seleção. Entretanto, com estimadores mais eficientes, o uso do índice será mais razoável que a seleção baseada apenas na combinação puramente arbitrária das características.

4. RESUMO

O material experimental foi obtido a partir de cruzamentos do 'Composto Dente B', de acordo com o Delineamento I, de Comstock e Robinson. Assim, 39 plantas foram usadas como machos; cada uma delas foi cruzada com 4 plantas usadas como fêmeas, produzindo 156 progénies. Estudaram-se seis caracteres dessas progénies: altura de planta, altura de espiga, número de espigas por parcela, peso de 50 grãos, peso de espigas por parcela e produção de grãos por parcela. As progénies foram avaliadas em dois anos, visando a estimar variâncias, covariâncias e correlações fenotípicas, genotípicas e genéticas aditivas entre os vários caracteres; estimar a herdabilidade de cada caráter e estabelecer índices de seleção, usando o ganho genético desejado.

Pelos testes de significância, concluiu-se que, à exceção de número de espigas por parcela, peso de espigas por parcela e produção de grãos por parcela, os demais caracteres apresentaram diferenças significativas, pelo teste F, entre machos dentro de grupos ($P < 0,05$), indicando a presença de variabilidade genética aditiva. Entre fêmeas dentro de machos dentro de grupos, à exceção de peso de espigas por parcela e produção de grãos por parcela, também foram detectadas diferenças significativas ($P < 0,05$).

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e genética aditiva entre os caracteres estudados foram de magnitudes relativamente altas ($> 0,40$ para a maioria dos pares de caracteres), à exceção de peso de 50 grãos, cujo coeficiente de correlação com todos caracteres foi baixo ($< 0,40$). Produção de grãos por parcela apresentou correlações fenotípicas, genotípicas e genéticas aditivas positivas com altura de planta, altura de espiga e número de espigas por parcela. Esse fato permite concluir que a produção está intimamente associada com altura de planta, altura de espiga e produtividade.

As estimativas das herdabilidades, para todos os caracteres, foram calculadas com base nas médias das progénies. As estimativas de herdabilidade no sentido restrito para altura de planta e altura de espiga foram razoáveis ($> 36,0\%$), evidenciando bom controle dos fatores ambientais que influenciam a expressão desses caracteres, ao passo que número de espigas por parcela, peso de espigas por parcela e produção de grãos por parcela apresentaram menor herdabilidade ($< 22\%$).

Foi estabelecido um índice de seleção baseado nos ganhos genéticos desejados, incluindo altura de planta, altura de espiga e produção de grãos por parcela. Para estimar os coeficientes dos índices, foram utilizadas as estimativas das variâncias e covariâncias genéticas aditivas entre progénies ($1/2 \sigma_A^2$ e $1/2 \sigma_{AA}^2$). Os coeficientes dos caracteres foram de -2,350, -0,059 e 1,000, altura de planta, altura de espiga e produção de grãos por parcela, respectivamente.

5. SUMMARY

The design I mating system proposed by Comstock and Robinson was used in the corn variety «Dent Composite B». In this way 39 plants used as males were each crossed with four different plants used as females, producing 156 progenies. Six

characters were evaluated in these progenies: plant and ear height, number of ears per plot, weight of 50 grains, weight of ears per plot and weight of grains per plot. Tests were conducted for two years in order to estimate the variances, covariances, correlations (phenotypic, genotypic and genetic), heritabilities and to establish a selection index based on desired genetic gains.

The F test for males within groups showed ($P < 0.05$) the presence of additive genetic variance except for number of ears per plot, weight of ears per plot and weight of grains per plot. Also, for females within males within groups there was significance ($P < 0.05$), by the F test, except for weight of ears and weight of grain per plot.

The estimates of the correlations (phenotypic, genotypic and genetic) among the characters were high (> 0.40 for most of the pairs), with exception of the weight of 50 grains, which gave low correlations (< 0.40) with all other characters. Yield of grains per plot showed positive correlations (phenotypic, genotypic and genetic) with plant height, ear height and number of ears per plot. This shows the association of yield with these characters.

The heritabilities for all characters were estimated on the basis of progeny means. The narrow sense estimates of heritabilities for the characters plant height and ear height were moderate ($> 36\%$), showing a good control of the environmental factors that affect these. For number of ears per plot, weight of ears per plot and weight of grains per plot the estimates were smaller ($< 22\%$).

A selection index was established based on desired genetic gains including the characters of plant height, ear height and yield of grains per plot. In order to estimate the coefficients of the index, the additive genetic variances and covariances were used. The estimated coefficients of the index were -2.350; -0.059 and 1.000, respectively, for plant height, ear height and yield of grains per plot.

6. LITERATURA CITADA

1. COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics*, 4:254-266. 1948.
2. COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. Estimation of average dominance of genes. In: *Heterosis*. Ames, Iowa State College Press, 1952. p. 494-516.
3. CUNNINGHAM, E.P. *Animal Breeding Theory*. Oslo, Landbruksbolkandlen Universitetsforlaget. 1969. 272 p.
4. FALCONER, D.S. *Introdução à Genética Quantitativa*. Tradução de SILVA, M. de A. e. & SILVA, J.C. Viçosa, Imprensa Universitária, 1981. 279 p.
5. GOMES, F.P. *Curso de Estatística Experimental*. S. Paulo, Livraria Nobel, 1973. 455 p.
6. HANSON, W.D. & JOHNSON, H.W. Methods for calculating and evaluating a general selection index obtained by pooling information from two or more experiments. *Genetics*, 42:421-432. 1957.
7. HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28: 476-490. 1943.
8. KEMPTHORNE, O. *An introduction to genetic statistics*. Ames, Iowa, The Iowa State University Press, 1957. 545 p.

9. MODE, C.J. & ROBINSON, H.F. Pleiotropism and the genetic variance and covariance. *Biometrics*, 15:518-537. 1959.
10. PESEK, J. & BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selection indices. *Can. J. Plant. Sci.*, 49:803-804. 1969.
11. REGAZZI, A.J. *Variâncias, covariâncias genéticas e índices de seleção num composto de milho (Zea mays L.)*. Viçosa, UFV, 1978. 57 p. (Tese de Mestrado).
12. ROBINSON, H.F. Resumé: statistical genetics and plant breeding. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.F. (eds.) *Statistical genetics and plant breeding*. EUA, National Research Council Publication, 1963. p. 429-438. (Public. 982).
13. ROBINSON, H.F. & COCKERHAM, C.C. Estimación y significado de los parametros genéticos. *Fitotecnia Latinamericana*, 2:23-38. 1965.
14. ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E. & HARVEY, P.H. Genetic variances in open pollinated varieties of corn. *Genetics*, 40:45-60, 1955.
15. SATTERTHWAITE, F.E. An approximate distribution of estimates of variance components. *Biometrics*, 2:110-114. 1946.
16. SUWANTARADON, K. *Simultaneous selection for several agronomic characters in the BSSS2 maize population by means of selection indices*. Ames, Iowa, Iowa State University, 1974. 159 p. (Ph. D. Thesis).
17. VIANNA, R.T. *Correlações genéticas e capacidade geral de combinação em linhagens endogâmicas de milho (Zea mays L.)*. Viçosa, UFV, 1977. 70 p. (Tese de Mestrado).
18. WILLIAMS, J.S. The evaluation of selection index. *Biometrics*, 18:375-393. 1962.