

# ANÁLISE DE QUALIDADE DE GRÃOS DE MILHO<sup>1</sup>

AFONSO CELSO CANDEIRA VALOIS<sup>2</sup>, GERALDO ANTONIO TOSELLO<sup>3</sup>,  
MAURÍCIO DUTRA ZONOTTO<sup>4</sup> e GILBERTO SILBER SCHMIDT<sup>5</sup>

**RESUMO** - Foram utilizadas seis populações de milho (*Zea mays* L.), sendo duas de grãos do tipo dente opaco (uma braquítica), duas de grãos do tipo duro de autofecundação e duas de grãos do tipo duro de meios irmãos. Foram realizadas análises de laboratório, de variância genética e de correlação fenotípica do peso de quinze grãos, percentagem de embrião, de óleo, de proteína e de triptofano. As populações de grãos dentados opacos foram superiores quanto aos conteúdos de óleo, triptofano e valor protéico, enquanto que aquelas com grãos duros de autofecundação mostraram maiores percentagens de proteína, ao passo que as de grãos duros de meios irmãos acusaram maiores valores para o peso de grãos. O conteúdo de triptofano mostrou as maiores possibilidades de incremento através do melhoramento genético, enquanto que a percentagem de proteína apresentou a menor viabilidade. Foram detectadas correlações positivas do conteúdo de óleo com tamanho de embrião e com percentagem de triptofano; e correlação negativa entre peso de grãos e percentagem de proteína.

**Termos para indexação:** melhoramento genético de plantas, valor nutricional de grãos de milho, análise genética, correlação fenotípica.

## ANALYSIS OF GRAIN QUALITY IN CORN

**ABSTRACT** - Six populations of corn (*Zea mays* L.), including two of dent grain opaque-2 (one braquitic), two self-fertilized flint grain and two half-sib flint grain types were used. Laboratory analyses were made of genetic variance and phenotypic correlations of the weight of 15 grains, percentage of embryo, oil, protein and tryptophan. The opaque-2 dent grain populations were higher in oil content, tryptophan and protein value, and the self-fertilized flint grain populations were higher in protein percentage while the half-sib flint grain populations showed higher grain weight values. Tryptophan content showed the greatest increase potential through genetic improvement while protein percentage showed the lowest. Positive phenotypic correlations of oil content with embryo size and with tryptophan percentage were detected and negative correlation was found between grain weight and protein percentage.

**Index terms:** plant genetic improvement, nutritional value of corn grains, genetic analysis, phenotypic correlation.

## INTRODUÇÃO

O milho, que tem sido uma das principais fontes de alimento do mundo, ultimamente, teve a sua importância aumentada em decorrência de descobertas científicas relacionadas com a qualidade do grão. Hoje, há grande interesse no desenvolvimento de programas de melhoramento genético, direcionados para o incremento da qualidade do grão de milho sem alterar sua quantidade, e relaciona-

dos com sabor, aspecto e melhores valores nutricionais. Para o caso da qualidade nutricional, têm sido levados em consideração o conteúdo do óleo, proteína e triptofano.

O óleo de milho, pelo fato de ser constituído, em grande parte, por ácidos graxos insaturados, torna de grande importância sua utilização na dieta humana, especialmente no que se refere à diminuição do nível de colesterol no sangue. Atualmente, a procura de óleo de milho e de sementes com maior teor em óleo tem atingido níveis superiores à oferta, tanto no mercado interno como no mercado internacional.

De uma maneira geral, cerca de 85% do total de óleo contido na semente de milho encontram-se no embrião (Leng 1967), existindo correlação positiva entre o teor de óleo e tamanho do embrião (Miller & Brimhall 1951 e Ruschel 1972), o que, muitas vezes, tem um fator indesejável para os produtores, em virtude da possibilidade de dimi-

<sup>1</sup> Aceito para publicação em 13 de julho de 1983.

<sup>2</sup> Eng<sup>o</sup> - Agr<sup>o</sup>, M.Sc. Dr., EMBRAPA - Diretoria Executiva, Supercenter Venâncio 2000, 9<sup>o</sup> andar, sala 944 - CEP 70333 - Brasília, DF.

<sup>3</sup> Eng<sup>o</sup> - Agr<sup>o</sup>, Ph.D., Professor Livre-Docente da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" ESALQ/USP, Caixa Postal 83, CEP 13400 - Piracicaba, SP.

<sup>4</sup> Eng<sup>o</sup> - Agr<sup>o</sup>, M.Sc., UNESP, Caixa Postal 102, CEP 18610 - Botucatu, SP.

<sup>5</sup> Zootecnista M.Sc., ESALQ/USP.

nuir a produtividade. No entanto, é possível aumentar o teor de óleo no grão com maior concentração no embrião, sem alterar a produção total de grãos.

O óleo de milho possui em sua constituição ácidos graxos, sendo os de maior importância o linoléico, oléico, palmítico, esteárico e linolênico. Desses, os que estão em maior percentagem (86%) são o ácido linoléico e o oléico, conforme Beadle et al. (1965).

Sprague & Brimhall (1949) iniciaram os estudos relacionados com a herança do conteúdo de óleo de milho, quando foi evidenciada a dominância do baixo sobre o alto teor, bem como o envolvimento de variância genética aditiva e não-aditiva e presença de cerca de 20 pares de genes. Das variâncias genéticas presentes, a mais importante é a aditiva (Moreno - Gonzalez et al. 1975), o que de certo modo auxilia no melhoramento genético, pois é a que se transmite de pai para filho.

Mesmo com a presença da variação genética, o ambiente provoca grandes variações no conteúdo do óleo em milho. Apesar de ser um caráter qualitativo, as cultivares que apresentam maiores teores em óleo estão sujeitas a maiores interações ambientais, conforme a citação de Batista (1980), referindo-se aos trabalhos de Genter et al. (1956) e Jellum & Marion (1966).

A proteína do endosperma do milho normal apresenta-se deficiente em dois aminoácidos essenciais: lisina e triptofano. Como o endosperma apresenta, aproximadamente, 85% da proteína do grão, a qualidade dessa proteína mostra um baixo valor nutricional. O milho, como fonte proteica para alimentação animal, apresenta-se deficiente, pois contém, em média, apenas 10% de proteína, e desta, 50% estão representados por zeína que, além de ser pobre em lisina e triptofano, é de baixa digestibilidade. No entanto, com a identificação de que o mutante opaco-2 apresenta alto teor de lisina (Nelson et al. 1965), foram colocadas à disposição de geneticistas e melhoristas novas possibilidades de desenvolvimento de estudos visando ao incremento da qualidade proteica do grão de milho.

No milho normal, a proteína do endosperma da semente está armazenada em pequenos corpúsculos da matriz citoplasmática. No milho opaco, os

corpúsculos de protefina são 1/20 menores que no milho normal e apresentam uma reduzida concentração de zeína (Wolf et al. 1967).

A seleção de cultivares de milho opaco-2 para altos teores de lisina acarreta, também, um aumento apreciável de arginina, ácido aspártico, glicina, tirosina e serina quando comparado com o milho normal. O milho opaco-2 apresenta mais albuminas e globulinas e um menor nível de glutelinas. O conteúdo total de aminoácidos livres tem uma grande importância no milho opaco-2, pois mais de 50% dos aminoácidos livres totais são constituídos de ácido aspártico, prolina e lisina.

A seleção para maiores produções no milho opaco-2 pode conduzir a uma redução da percentagem de proteína e lisina. Quando a seleção é aplicada unicamente para maiores níveis de proteína, é obtido aumento na percentagem de lisina e redução de, aproximadamente, 3% na produção por ciclo de seleção. Também, a seleção para maiores níveis de lisina acarreta um decréscimo na produção. O milho opaco-2 tem-se mostrado como excelente fonte de proteína, principalmente para animais monogástricos na fase jovem, na qual a lisina e o triptofano são fatores limitantes para o desempenho.

O presente trabalho foi desenvolvido no Laboratório de Protefina do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - ESALQ, como parte dos requisitos da disciplina Genética Fisiológica do Curso de Pós-Graduação. Foram realizadas determinações de laboratórios e efetuadas análises da variância e genética em seis populações de milho visando a efetuação de predições do ganho genético em relação ao peso de 15 grãos, tamanho do embrião, conteúdo do óleo, proteína, triptofano e suas correlações fenotípicas.

#### MATERIAL E MÉTODOS

Foram empregadas seis populações de milho obtidas no Departamento de Genética da ESALQ, Piracicaba, SP, com as seguintes características:

- ESALQ-VD-2-0<sub>2</sub> - MI - população de milho dente opaco de tamanho normal (P<sub>1</sub>).
- PIRANÃO-VD-2-0<sub>2</sub> - MI - população de milho dente opaco de tamanho braquítico (P<sub>2</sub>).

- ESALQ-VF-1-Orig-S<sub>1</sub> - população de milho duro original com autofecundação (P<sub>3</sub>).
- ESALQ-VF-1-Orig-MI - população de milho duro original advinda de meios irmãos (P<sub>4</sub>).
- ESALQ-VF-1-H.O.-S<sub>1</sub> - população de milho duro tomada como possuidora de alta percentagem de óleo, com autofecundação (P<sub>5</sub>).
- ESALQ-VF-1-H.O.-MI - população de milho duro tomada como possuidora de alta percentagem de óleo, advinda de meios irmãos (P<sub>6</sub>).

As populações foram estabelecidas no ano agrícola de 1979/80 nas condições de Piracicaba, SP. De cada população foram selecionadas quatro famílias perfazendo um total de 24 tratamentos. De cada família foram utilizadas duas repetições básicas do campo de onde foram obtidos todos os parâmetros que compõem o presente estudo.

Para o desenvolvimento do trabalho, foram considerados os caracteres de peso de 15 grãos, percentagem do embrião, óleo, proteína e triptofano. Para a percentagem do embrião foram usadas quatro repetições, ao passo que para os demais caracteres foram empregadas seis repetições amostradas de cada família. Após o conhecimento do peso seco de 15 grãos por tratamento dentro de cada repetição, de cada grão foi separado o embrião do endosperma e efetuada a pesagem deste último. Pela diferença de peso seco entre o grão e o endosperma foi obtida a percentagem de embrião no grão. Após o conhecimento da percentagem de embrião, as duas porções (endosperma e embrião), para cada tratamento, foram reunidas e utilizadas para as determinações de óleo, proteína e triptofano em condições de laboratório. Após a moagem de cada amostra separadamente, realizaram-se as análises de determinação de óleo, proteína e triptofano, de acordo com as descrições de Andrade et al. (1978) e Batista (1980). A qualidade protéica das populações foi estimada através do quociente entre a percentagem de triptofano e percentagem de proteína.

A análise da variância das médias dos caracteres foi feita de acordo com a decomposição do número de graus de liberdade indicada na Tabela 1. Os dados advindos de cálculo de percentagem foram transformados para arc. sen.  $\sqrt{P/100}$ , conforme Steel & Torrie (1960). Na comparação entre médias foi utilizado o teste Tukey, ao nível de 5% e 1% de probabilidade.

Na Tabela 1, encontra-se a representação da esperança dos quadrados médios que serviu de base para a realização das análises genéticas para os diversos caracteres utilizados no trabalho, através da variância genética ( $\sigma_G^2$ ), variância ambiental ( $\sigma^2$ ) e variância fenotípica ( $\sigma_F^2$ ).

Após o conhecimento dessas variâncias, foram calculados os coeficientes de determinação genotípicos ("h<sup>2</sup>") através da seguinte expressão:

$$"h^2" = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2}$$

Aqui, chama-se a atenção para o fato de que em virtude de os tratamentos terem sido fixos, o cálculo de "h<sup>2</sup>" não se refere à herdabilidade no sentido amplo e, sim, como já foi visto, ao coeficiente de determinação genotípico, método esse que deve ser aplicado para casos dessa natureza, conforme Fonseca (1978).

O ganho genético de seleção (G<sub>s</sub>) foi encontrado através da fórmula:

$$G_s = i \cdot \frac{\sigma_G^2}{\sqrt{\sigma_F^2}}$$

onde i (intensidade de seleção) foi de 25% para cada caráter. Devido ao fato de o número de tratamentos ter sido inferior a 50, no cálculo de i foram tomados os números correspondentes à tabela apresentada por Fisher & Yates (1971) e extraída a média.

A percentagem do ganho genético de seleção foi conhecida através da fórmula:

$$\%G_s = \frac{G_s}{\bar{x}} \times 100,$$

onde  $\bar{x}$  representa a média geral correspondente a cada caráter.

TABELA 1. Esquema de análise da variância para o cálculo das estimativas da variância genética ( $\sigma_G^2$ ), variância ambiental ( $\sigma^2$ ) e variância fenotípica ( $\sigma_F^2$ ), por caráter, relativo às análises de qualidade de grãos de milho.

FV	GL	SQ	QM	E (QM)
Blocos	r-1	S <sub>1</sub>	Q <sub>1</sub>	-
Tratamentos	s-1	S <sub>2</sub>	Q <sub>2</sub>	$\hat{\sigma}^2 + r \hat{\sigma}_G^2$
Populações	p-1	S <sub>3</sub>	Q <sub>3</sub>	-
Fam/popul.	p(f-1)	S <sub>4</sub>	Q <sub>4</sub>	-
Resíduo	(r-1)(s-1)	S <sub>5</sub>	Q <sub>5</sub>	$\hat{\sigma}^2$
Total	rs-1	S <sub>6</sub>		

$$\text{Variância genética: } \hat{\sigma}_G^2 = \frac{Q_2 \cdot Q_5}{r}$$

$$\text{Variância ambiental: } \hat{\sigma}^2 = \frac{Q_5}{r}$$

$$\text{Variância fenotípica: } \hat{\sigma}_F^2 = \sigma_G^2 + \sigma^2$$

r = número de repetições.

Foi calculado ainda o coeficiente de variação genético (CV<sub>g</sub>), pelo emprego da fórmula:

$$CV_g = \frac{\sigma_G^2}{\bar{x}} \times 100.$$

De posse desse valor para cada caráter e, também do coeficiente de variação experimental (CV<sub>e</sub>), indicado na Tabela 2, foi estimado o índice de variação (b), através da fórmula:

$$b = \frac{CV_g}{CV_e}$$

Foram calculados os coeficientes de correlação fenotípicos entre todos os caracteres utilizados no presente trabalho. Para o teste de significância dos coeficientes encontrados, foi aplicado o teste t, de acordo com Gomes (1966).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

De um modo geral, a análise da variância evidenciou que as populações empregadas são contrastantes para todos os caracteres, exceto para proteínas, pois, para este caráter, foi detectada diferença significativa apenas para famílias dentro de populações. Na Tabela 2 encontram-se os resultados condensados das análises.

A análise efetuada com as médias do caráter percentagem de embrião indicou a existência de diferenças estatísticas ao nível de 1% tanto entre populações, como entre famílias dentro de cada po-

pulação. As populações que se destacaram foram Piranão-VD-2-o<sub>2</sub> (14%) e ESALQ-VF-1H.O.-S<sub>1</sub> com 13,49% (Tabela 3). A população ESALQ-VF-1-Orig.-MI mostrou o menor valor calculado, que foi de 12,29%. As populações que apresentaram maiores embriões tendem a mostrar grãos com maior valor energético devido à correlação positiva entre tamanho de embrião e percentagem de óleo, como já citado, o que também foi encontrado no presente trabalho (Tabela 4). Nesses resultados, pelos menos, uma das populações tidas como de alto óleo (H.O.) mostrou ser possuidora de uma boa percentagem de embrião. O coeficiente de variação de 5,86% conferiu ao experimento boa precisão.

Com relação ao peso de 15 grãos, a análise de variância indicou a rejeição da hipótese de nulidade, tanto na comparação de médias entre populações como entre famílias dentro de populações, ao nível de 1% de probabilidade. A Tabela 3 mostra que as populações de meios irmãos (ESALQ-VF-1-Orig.-MI e ESALQ-VF-1-H.O.-MI) apresentaram os maiores valores (4,71 g e 4,66 g, respectivamente), enquanto que a população ESALQ-VF-1-Orig.-S<sub>1</sub> apresentou o menor valor, que foi 4,01 g. O coeficiente de variação de 7% mostrou que o experimento foi conduzido com boa precisão.

Para a percentagem de óleo, a análise da variância mostrou diferença estatística a 1% tanto para

TABELA 2. Análise da variância para os caracteres de percentagem de embrião (%E), peso de 15 grãos (Q), percentagem de óleo (%O), percentagem de proteína (%P) e percentagem de triptofano (%T).

FV	GL	QM <sub>%E</sub>	GL	QM <sub>Q</sub>	QM <sub>%O</sub>	QM <sub>%P</sub>	QM <sub>%T</sub>
Blocos	3		5				
Tratamentos	23	7,8290**	23	0,8373**	5,1422**	0,8530*	0,3015**
Populações	5	5,6398**	5	1,7840**	6,6670**	0,8260ns	1,3141**
Fam/popul.	18	8,4372**	18	0,5743**	4,7187**	0,8605*	0,0202 <sup>ns</sup>
Resíduo	69	1,5206	115	0,0965	0,4164	0,3999	0,0132
Total	95		143				
CV <sub>e</sub>		5,86%		7,00%	4,86%	3,44%	7,14%

\* significativo ao nível de 5% de probabilidade

\*\* significativo ao nível de 1% de probabilidade

ns = não-significativo.

TABELA 3. Resultados da análise genética referente ao coeficiente de determinação genótipo (" $h^2$ "), percentagem de ganho genético (% $G_g$ ), coeficiente de variação genético (CV $_g$  (%)), índice de variação (b) e médias das populações por carácter e qualidade protéica (relação percentagem de triptofano/percentagem de proteína).

Caracteres	" $h^2$ "	$G_g$ %	CV $_g$ %	b	Médias das populações					
					P $_1$	P $_2$	P $_3$	P $_4$	P $_5$	P $_6$
Peso de 15 grãos (g)	0,88	9,10	7,92	1,13	4,56	4,21	4,01	4,71	4,45	4,66
Embrião (%)	0,81	6,54	5,97	1,02	13,17	14,00	12,33	12,29	13,49	12,43
Óleo (%)	0,92	7,82	6,69	1,38	5,47	6,03	4,88	5,06	5,04	5,31
Proteína (%)	0,53	1,33	1,49	0,43	9,83	9,79	10,31	9,87	10,08	9,97
Triptofano (%)	0,96	16,22	13,59	1,90	0,1118	0,1105	0,0629	0,0671	0,0677	0,0634
Tript. (%) / prot. (%)					0,0114	0,0113	0,0061	0,0068	0,0067	0,0064

TABELA 4. Resultados das correlações fenotípicas entre os caracteres.

Caracteres	Peso de 15 grãos	Embrião %	Óleo %	Proteína %	Triptofano %
Peso de 15 grãos (g)	1,0000	-0,0289	0,0064	-0,5670**	-0,1051
Embrião (%)		1,0000	0,4661*	0,2004	0,3068
Óleo (%)			1,0000	0,0461	0,4605*
Proteína (%)				1,0000	-0,2217
Triptofano (%)					1,0000

\* significativo ao nível de 5% de probabilidade

\*\* significativo ao nível de 1% de probabilidade

população como para família dentro de população. Conforme mostra a Tabela 3, as populações que se sobressaíram foram aquelas com genótipo  $o_2o_2$  (fenótipo opaco), que apresentaram valores de 5,47% e 6,03%, correspondentes a ESALQ-VD-2- $o_2$ -MI e Piranão-VD-2- $o_2$ -MI, respectivamente. A população que apresentou o menor valor foi a ESALQ-VF-1-Orig.- $S_1$ , que mostrou valor de 4,88% de óleo no grão. Pode ser visto, assim, que as populações de milho opaco-2 suplantaram aquelas tidas como de alto óleo (ESALQ-VF-1-H.O.- $S_1$  e ESALQ-VF-1-H.O.-MI). Esses altos valores, apresentados pelos genótipos  $o_2o_2$ , estão de acordo com aqueles mostrados por Tosello (1978). O coeficiente de variação de 4,86% mostrou a boa precisão com que foi conduzido o experimento. Nas populações de milho duro, a superioridade observada em favor das famílias de meios-irmãos em relação aos caracteres de peso de 15 grãos e percentagem de óleo, observou-se a depressão

causada pela endogamia nas famílias de autofecundação ( $S_1$ ).

Para o caso da percentagem de proteína, a análise estatística não evidenciou diferença entre as populações, o que aliás já foi comentado. Houve rejeição da hipótese de nulidade entre as famílias dentro das populações. As populações ESALQ-VF-1-Orig.- $S_1$  (10,31%) e ESALQ-VF-1-H.O.- $S_1$  (10,08%) mostraram as maiores médias, conforme está mostrado na Tabela 3. O coeficiente de variação de 3,44% indicou que o experimento foi conduzido com boa precisão, para o carácter.

A análise de variância com os valores médios de percentagem de triptofano indicou a presença de diferença significativa ao nível de 1% de probabilidade entre populações, não mostrando, no entanto, diferença entre as famílias dentro de cada população. Como pode ser visto na Tabela 3, essas diferenças ficaram muito bem definidas pois, no primeiro grupo, estabeleceram-se as duas popula-

ções com fenótipo opaco e no segundo, as demais populações, sendo que a relação de um grupo para o outro foi de, aproximadamente, 2:1. Assim, as populações ESALQ-VD-2-o<sub>2</sub>-MI e Piranão-VD-2-o<sub>2</sub>-MI apresentaram valores de 0,1118% e 0,1105%, respectivamente, enquanto que a população ESALQ-VF-1-Orig.-S<sub>1</sub> mostrou o menor valor, 0,0629%. Esses resultados confirmam os dados da literatura e estão de acordo com os comentários efetuados por Andrade et al. (1978) sobre a vantagem da introdução do gene o<sub>2</sub> nas cultivares normais visando ao aumento do triptofano. O coeficiente de variação de 7,14% conferiu boa precisão ao experimento. O quociente entre a percentagem de triptofano e percentagem de proteína também indicou maior valor protéico para as populações com grão opaco (Tabela 3).

Foi calculado o coeficiente de determinação genotípico em vez do coeficiente de herdabilidade devido ao fato de os tratamentos terem sido selecionados preliminarmente, relacionando-se, assim, com o modelo fixo e não com o aleatório. Como pode ser visto na Tabela 3, a percentagem de triptofano foi o caráter que apresentou menor influência ambiental (0,96), mostrando ser aquele que mais facilmente poderá ser trabalhado em programas de melhoramento genético. Por outro lado, a percentagem de proteína, que mostrou um coeficiente de 0,53, apresentou-se como o caráter mais influenciado pelo meio ambiente e, por isso mesmo, mais difícil de ser trabalhado, tendo em vista o seu incremento. A percentagem de óleo mostrou um coeficiente de 0,92, indicando ser um caráter qualitativo, o que está de acordo com os trabalhos de Genter et al. (1956) e Jellum & Marion (1966).

Dos caracteres estudados, a percentagem de triptofano mostrou o maior progresso (16,22%), vindo, em seguida, o peso de 15 grãos (9,10%). A percentagem de proteína ficou com o menor ganho (1,33%), o que confirma os comentários efetuados para esse caráter no referente ao coeficiente de determinação genotípico. A percentagem de óleo apresentou um ganho razoável de 7,82%, enquanto que, para a percentagem de embrião, o progresso foi de 6,54% (Tabela 3).

O conhecimento do coeficiente de variação genética tem muita importância em programas de

seleção pelo fato de indicar a amplitude da variação genética tendo em vista determinar a possibilidade para o melhoramento. No presente estudo o caráter que apresentou o maior coeficiente foi o de percentagem de triptofano (13,59%), vindo, em seguida, o peso de 15 grãos com 7,92%, ao passo que a percentagem de proteína mostrou o menor coeficiente (1,49%), para em seguida se estabelecer a percentagem de embrião com 5,97%. A percentagem de óleo mostrou um razoável coeficiente de 6,69% (Tabela 3).

A determinação do índice de variação *b* apresenta-se como um fator de importância para o melhorista, pois permite conhecer a real grandeza da possibilidade do incremento genético do caráter dentro de um conjunto de indivíduos em estudo. Como já foi visto, esse coeficiente se constitui na relação entre CV<sub>g</sub> e CV<sub>e</sub>. Em milho, não é aconselhável a realização da predição de parâmetros genéticos em populações cujo caráter apresente um valor de *b* inferior a 1 (Vencovsky 1978). No presente caso, apenas o caráter de percentagem de proteína mostrou valor de *b* inferior a 1, indicando, assim, não ser útil para programas de seleção dentro das condições do presente trabalho. A percentagem de triptofano apresentou o maior valor para seleção (1,90), vindo, em seguida, a percentagem de óleo (1,38), ambos com boas possibilidades para o melhoramento genético, conforme está apresentado na Tabela 3. O peso de 15 grãos e a percentagem de embrião, com valores de 1,13 e 1,02, respectivamente, também se mostraram viáveis a programas de seleção.

Na Tabela 4, encontram-se os valores calculados do coeficiente de correlação fenotípica entre todos os caracteres utilizados. Nota-se a existência de uma correlação negativa e significativa ao nível de 1% entre peso de 15 grãos e percentagem de proteína. No referente aos três caracteres importantes para a qualidade do grão, só existe correlação entre o teor de óleo e de triptofano, o que de certo modo é útil ao melhoramento genético, pois ambos os caracteres se mostraram bem viáveis aos seus progressos de maneira significativa. No presente trabalho, as populações de milho opaco mostraram-se superiores para os dois caracteres. A percentagem de embrião também se correlacionou de maneira positiva e significativa, ao nível de 5%, com a per-

centagem de óleo, o que está de acordo com os trabalhos de Miller & Brimhall (1951) e Ruschel (1972).

#### CONCLUSÕES

1. De uma maneira geral, as populações apresentaram-se contrastantes em relação aos caracteres estudados. Aquelas com genótipo opaco (ESALQ-VD-2-o<sub>2</sub>-MI e Piranão-VD-2-o<sub>2</sub>-MI) mostraram superioridade em relação aos caracteres de percentagem de embrião, óleo e triptofano. A população ESALQ-VF-1-H.O.S<sub>1</sub> também demonstrou boa percentagem de embrião, além de apresentar a maior percentagem de proteína juntamente com a ESALQ-VF-1-Orig.-S<sub>1</sub>.

2. As populações originais de milho duro oriundas de meios-irmãos (ESALQ-VF-1-Orig.-MI e ESALQ-VF-1-H.O.-MI) mostraram superioridade quanto aos caracteres de peso de grãos e percentagem de óleo em face do efeito depressivo da endogamia para esses caracteres nas populações de autofecundação.

3. Entre os caracteres empregados, o conteúdo de triptofano foi aquele que acusou maiores possibilidades para o progresso através de programas de seleção. O conteúdo de óleo também demonstrou boas condições para o ganho genético, ao passo que a percentagem de proteína apresentou pouca facilidade para o melhoramento genético.

4. As melhores chances, para a obtenção de considerável progresso genético para o conteúdo de triptofano, poderão conduzir a uma resposta correlacionada ao ganho de seleção para percentagem de óleo em face do coeficiente de correlação positivo e significativo encontrado para os dois caracteres.

5. No presente trabalho foi confirmada a correlação negativa e significativa existente entre peso de grãos e percentagem de proteína, bem como a correlação positiva e significativa entre tamanho do embrião e conteúdo de óleo.

6. A condução de programas de seleção em milho para o incremento do tamanho do embrião, conteúdo de óleo e triptofano poderá levar à diminuição da produção de grãos e relativo aumento de proteína.

#### REFERÊNCIAS

ANDRADE, A.M.; OLIVEIRA, F.M.; ELISBÃO, T. &

AJUDARTE NETO, F. Determinação de proteína e triptofano em materiais de milho. Piracicaba, Departamento de Genética, ESALQ/USP, 1978. 38p. Mimeografado.

BATISTA, L.A.R. Seleção para tamanho do embrião relacionada com o teor de óleo do grão de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ, 1980. 72p. Tese Mestrado.

BEADLE, J.B.; JUST, D.E.; MORGAN, R.E. & REINERS, R.A. Composition of corn oil. J. Am. Oil Chem. Soc., Illinois, 42(1):90-95, 1965.

FISHER, R.A. & YATES, F. Tabelas estatísticas para pesquisa em biologia, medicina e agricultura. São Paulo, Polígono, 1971. 150p.

FONSECA, T.C. Estimativa de parâmetros visando a seleção de híbridos artificiais da amoreira (*Morus alba* L.). Piracicaba, ESALQ, 1978.

GENTER, C.F.; EHEART, J.F. & LINKOUS, W.N. Effects of location, hybrid, fertilizer and rate of planting on the oil and protein contents of corn grain. Agron. J., Madison, 48(1):63-67, 1956.

GOMES, F.P. Curso de Estatística experimental. 3. ed. São Paulo, Livraria Nobel, 1966. 404p.

JELLUM, M.D. & MARION, J.E. Factors affecting oil content and oil composition of corn (*Zea mays* L.) grain. Crop Sci., Madison, 6(1):41-42, 1966.

LENG, E.R. Changes in weight, germ ration and oil content during kernel development in high oil corn (*Zea mays* L.). Crop Sci., Madison, 7:333-4, 1967.

MILLER, P.A. & BRIMHALL, B. Factors influencing the oil and protein content of corn grain. Agron. J., Madison, 43(7):305-11, 1951.

MORENO-GONZALEZ, J.; DUDLEY, J.W. & LAMBERT, R.J. A design III study of linkage disequilibrium for percent oil in maize. Crop Sci., Madison, 15(6):840-3, 1975.

NELSON, O.E.; MERTZ, E.T. & BATES, L.S. Second mutant gene affecting the amino acid patterns of maize endosperm protein. Science, Washington, 150:1469-70, 1965.

RUSCHEL, R. Selection for oil and relationships among oil, protein and lysine in opaque-2 populations of maize (*Zea mays* L.). s.l., Purdue University, 1972. 92p. Tese Doutorado.

SPRAGUE, G.F. & BRIMHALL, B. Quantitative inheritance of oil in the corn kernel. Agron. J., Madison, 41(1):30-3, 1949.

STEEL, R.G.D. & TORRIE, J.H. Principles and procedures of statistics with special reference to the biological science. New York, McGraw-Hill, 1960. 481p.

TOSELLO, G.A. Milhos especiais e seu valor nutritivo. In: ————. Melhoramento e produção do milho no Brasil. São Paulo, Fundação Cargill, 1978. 650p.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: ————. Melhoramento e produção do milho no Brasil. São Paulo, Fundação Cargill, 1978. 650p.

WOLF, M.J.; KHO, V. & SECKINGER, H.L. Subcellular structure of endosperm protein in high lysine and normal corn. *Science*, Washington, 157:556-7, 1967.