

VARIABILIDADE GENÉTICA NOS SINTÉTICOS DE MILHO SIN 53 E SIN 61 PARA FINS DE MELHORAMENTO¹

**Elto Eugenio Gomes e Gama²
Cleso Antônio Patto Pacheco²
Sidney Neto Parentoni²
Walter Fernandes Meirelles²
Luíz André Correa²**

1. INTRODUÇÃO

No processo de seleção de milho, o melhorista deve escolher a população mais adequada aos seus propósitos. É conhecido que entre as populações de valor ao melhoramento existe grande variabilidade genética dos caracteres de expressão econômica. As propriedades intrínsecas de uma população, todavia, só podem ser avaliadas por meio de seus parâmetros genéticos.

Para a identificação precisa de uma população, é necessário que seus parâmetros sejam estimados adequadamente, de acordo com as facilidades disponíveis e com a variabilidade existente nas diferentes populações (7).

Vários estudos de estimativas de parâmetros genéticos já foram realizados com diferentes tipos de populações de milho (5, 8, 13, dentre outros).

O principal objetivo do melhorista de milho é conseguir selecionar genótipos superiores dentro de uma população. Assim, as técnicas experimentais de seleção a serem aplicadas devem permitir uma

¹ Aceito para publicação em 29.07.1999.

² Embrapa Milho e Sorgo. Cx. P. 151, 35701-970 Sete Lagoas, MG.

identificação e avaliação de genótipos em menores tempo e custo possíveis. DAVIS (2); JENNKIS e BRUNSON (4) e LINDSTRON (6) sugeriram que na avaliação de um elevado número de linhagens essas deveriam ser avaliadas em "topcross", que consiste no cruzamento de um grupo de linhagens com um ou mais testadores. Visa eliminar materiais que não tenham méritos consideráveis para que seja promovida a sua seleção, tornando, desta forma, mais racional e eficiente os trabalhos de desenvolvimento de híbridos.

Buscou-se neste trabalho, com a utilização de progênies de meios irmãos interpopulacionais, a determinação do potencial genético de dois sintéticos de milho de ciclo precoce, por meio das estimativas de parâmetros genéticos, bem como o grau de desempenho das progênies endogâmicas S_2 em combinações híbridas.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os sintéticos de milho Sin 53 e Sin 61 tiveram sua formação iniciada em 1993, na Embrapa Milho e Sorgo, por meio de recombinações de progênies S_3 extraídas de dois compostos CMS 53 e CMS 61. A CMS 53, germoplasma de origem caribenha, apresenta ciclo precoce e porte baixo de planta, possuindo grãos duros de coloração alaranjada; e a CMS 61, do germoplasma Tuxpeño, com introgressão de 25% de material de clima temperado, apresenta ciclo precoce e porte baixo de planta, de grãos dentados, com coloração amarela. Cada um dos sintéticos passou por três ciclos de recombinação com seleção, seguidos de mais dois ciclos de seleção visando tolerância ao acamamento e às principais doenças foliares.

Em 1996, os dois sintéticos foram plantados em lotes contíguos, na área experimental da Embrapa Milho e Sorgo, onde, por ocasião do florescimento, foram autofecundadas as 500 melhores plantas de cada um deles. Neste mesmo ano, avançou-se a endogamia para S_2 , com seleção das melhores 200 progênies de cada sintético. No início de 1997, foram plantados dois lotes isolados de despendoamento para obtenção das progênies "topcrosses" do Sintético 53 e do Sintético 61, utilizados como machos e tendo como fêmeas as progênies S_2 contrastantes. Assim, obtiveram-se 196 progênies de meios irmãos interpopulacionais de cada um dos Sintéticos 53 e 61.

No ano agrícola 1997/98, estas progênies foram avaliadas em três locais: Sete Lagoas (MG), Goiânia (GO) e Londrina (PR), utilizando-se delineamento estatístico de látice simples 14 x 14. A parcela constituiu-se de uma fileira de 5 m, com espaçamento de 0,90 e 0,20 m entre e dentro das fileiras, respectivamente. Por ocasião da colheita, foram tomados dados de produção de espigas despalhadas (PED) em kg/parcela.

Para se verificar a viabilidade desses sintéticos como fontes de extração de linhagens de alto potencial produtivo, quando avaliadas em cruzamentos, foram selecionados os 15 melhores "topcrosses" de cada sintético.

Os componentes da variância foram estimados de acordo com as esperanças matemáticas das análises de variância computadas, segundo o delineamento de látice ou blocos casualizados, de acordo com a eficiência, realizadas para cada um dos dois sintéticos estudados, conforme

O coeficiente de variação experimental (CVE) é utilizado na experimentação agrícola para indicar o nível de precisão com que características de plantas e espigas são estimadas. Os valores dos CVE (Quadros 1 e 2) encontrados neste estudo se situaram entre 9,37% e 14,46%, valores estes considerados de média magnitude por PIMENTEL GOMES (11) e, também, por SCAPIM *et al.* (12), que, em levantamento baseado em 66 teses na área de genética e melhoramento de milho, encontraram um valor médio de CVE de 16,2% para o caráter peso de espigas despalhadas.

Os valores médios da produção de espigas despalhadas (kg/ha) das 15 melhores progênies "topcrosses" selecionadas dos cruzamentos entre as populações CMS 53 e CMS 61, computados dos dados obtidos em Sete Lagoas (MG), Goiânia (GO), Londrina (PR) e a média desses três locais, encontram-se nos Quadros 1 e 2. Considerando as progênies selecionadas, observa-se, nas duas populações, maior número de progênies "topcrosses" coincidentes entre Londrina e Goiânia (oito) que entre Londrina e Sete Lagoas (quatro), indicando que, para aquelas condições de experimentação, as progênies "topcrosses" selecionadas em Londrina apresentaram comportamento similar em Goiânia ou, de outra forma, menor interação genótipos x ambientes nesses dois locais. Isso poderia ser explicado pela própria constituição do material genético avaliado, pela grande variabilidade genética que é esperada dentro dos "topcrosses" de progênies S_2 e, também, pela similaridade dos dois ambientes.

O desempenho médio das progênies "topcrosses" com os dois testadores populacionais foi semelhante entre si. As progênies "topcrosses" selecionadas, CMS 61(S_2) x CMS 53 e CMS 53(S_2) x CMS 61, foram, em média, respectivamente, 14,07% e 11,64% mais produtivas que a média geral dos ensaios, e a produção das progênies "topcrosses" selecionadas CMS 61 (S_2) x CMS 53 foi apenas 3,63% superior à das progênies "topcrosses" CMS 53 (S_2) x CMS 61 selecionadas. Observa-se, ainda, que

ocorreu ampla variabilidade na capacidade de combinação das progênies “topcrosses”, de acordo com as populações testadoras.

QUADRO 1 - Produtividades de espigas (PE) dos 15 melhores híbridos “topcrosses” entre progênies S2 da população CMS 53 e a população CMS 61, selecionados em Sete Lagoas (SL), Goiânia (GO), Londrina (LO) e da análise conjunta.

SL		GO		LO		Conjunta	
Progênies	PE (kg/ha)	Progênies	PE (kg/ha)	Progênies	PE (kg/ha)	Progênies	PE (kg/ha)
66	11277	87	11087	47	10250	87	10359
13	10927	3	10521	13	10247	13	10288
20	10649	27	10418	87	9565	66	9755
87	10425	43	10408	80	8988	74	9496
36	10359	48	10315	65	8882	27	9460
71	10322	74	10277	66	8843	47	9392
79	10096	89	10198	74	8742	3	9363
44	10080	18	10034	89	8717	80	9337
54	9995	14	9791	7	8653	54	9328
69	9974	80	9788	96	8607	43	9215
38	9899	22	9736	21	8525	65	9114
60	9873	65	9723	15	8462	89	9068
30	9868	41	9708	27	8423	18	9044
59	9848	88	9689	54	8358	30	8992
46	9793	13	9688	22	8346	71	8977
Média	10225	Média	10092	Média	8907,2	Média	9412
Média Geral	8753	Média Geral	8829	Média Geral	7363,74	Média Geral	8315
CV%	12,53	CV%	10,80	CV%	13,41	CV%	9,37

Na análise conjunta (Quadro 1), a maior produtividade de espigas foi encontrada na progênie endogâmica, de comportamento superior nos três ambientes, nº87 (10.359 kg/ha), da CMS 53, quando em cruzamento com a população CMS 61. Já para a população CMS 61, a maior média (Quadro 2) foi observada na progênie endogâmica nº89, com média de 10.712 kg/ha e comportamento superior nos três locais, da CMS 61 em cruzamento com a CMS 53.

Os resultados encontrados neste estudo vêm corroborar com HALLAUER e MIRANDA FILHO (3), que salientam a importância de ser usado como testador de famílias endogâmicas uma população que esteja sendo utilizada como fonte de linhagem, mas que seja de grupo heterótico diferente. Possivelmente, a aplicação desse resultado na utilização desses sintéticos para a produção de linhagens e de híbridos seria de grande valia no melhoramento. Assim, COMSTOCK (1) afirma que a performance de

um híbrido interpopulacional representa o comportamento médio de todos os tipos de híbridos possíveis oriundos de cruzamentos entre linhagens endogâmicas das populações parentais. Portanto, a presença de um híbrido interpopulacional ("topcross") muito produtivo mostra que se pode obter híbridos de cruzamentos entre linhagens endogâmicas de cada população que excedam em muito a produtividade do híbrido "topcross".

QUADRO 2 - Produtividades de espigas (PE) dos 15 melhores híbridos "topcrosses" entre progênies S₂ da população CMS 61 e a população CMS 53, selecionados em Sete Lagoas (SL), Goiânia (GO), Londrina (LO) e da análise conjunta.

SL		GO		LO		Conjunta	
Progênies	PE (kg/ha)	Progênies	PE (kg/ha)	Progênies	PE (kg/ha)	Progênies	PE (kg/ha)
89	14021	32	12423	21	9095	89	10712
36	12329	86	11368	31	8978	32	9985
37	11905	10	11257	20	9828	10	9907
93	11536	35	11093	93	8427	29	9888
74	11379	29	10915	54	8329	97	9843
81	11342	62	10869	89	8228	31	9762
49	11278	20	10781	84	8178	84	9730
97	11259	21	10516	72	8162	93	9732
28	11129	9	10503	69	8149	54	9710
85	11041	54	10432	97	8065	49	9709
62	10922	79	10395	25	8011	21	9651
41	10902	60	10335	10	8004	36	9581
32	10875	84	10308	61	7986	69	9498
4	10860	89	10235	58	7939	60	9444
29	10811	31	10218	29	7939	35	9372
Média	11439	Média	10776	Média	8354	Média	9768
Média Geral	9529	Média Geral	8944	Média Geral	6704	Média Geral	8393
CV%	12,85	CV%	14,46	CV%	13,89	CV%	10,96

Nos Quadros 3 e 4 são apresentados os parâmetros genéticos e fenotípicos das duas populações CMS 61 e CMS 53. Em se tratando da variância genética entre as famílias avaliadas ($\hat{\sigma}_p^2$), as estimativas envolvendo as S₂ e as populações contrastantes como testadoras são variâncias genéticas interpopulacionais, conforme VENCOSKY (16).

QUADRO 3 - Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos dos “topcrosses” formados pelos cruzamento de 196 S2 das populações CMS 53 com a população CMS 61 para peso de espigas despalhadas (kg/ha).

Parâmetro	SL	GO	LO	Conjunta
$\hat{\sigma}_p^2$	395765,50	265983,95	503154,05	295899,60
$\hat{\sigma}_F^2$	601714,80	454810,90	487980,43	498311,90
CVg	7,19	5,84	9,63	6,54
h^2 (%)	32,89	29,24	51,55	48,73

$\hat{\sigma}_p^2$ = Variância genética entre “topcrosses”
 $\hat{\sigma}_F^2$ = Variância fenotípica média entre “topcrosses”
 CVg = Coeficiente de variação genética entre as médias dos “topcrosses”
 h^2 (%) = Coeficiente de herdabilidade no sentido amplo.

QUADRO 4 - Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos dos “topcrosses” formados pelos cruzamentos de 196 S2 da população CMS 61 com a população CMS 53 para peso de espigas despalhadas (kg/ha).

Parâmetro	SL	GO	LO	Conjunta
$\hat{\sigma}_p^2$	762740,17	637602,95	480580,30	577924,56
$\hat{\sigma}_F^2$	749208,61	836339,50	433897,37	281810,04
CVg	9,16	8,93	10,34	9,06
h^2 (%)	50,90	38,12	55,38	68,36

$\hat{\sigma}_p^2$ = Variância genética entre “topcrosses”
 $\hat{\sigma}_F^2$ = Variância fenotípica média entre “topcrosses”
 CVg = Coeficiente de variação genética entre as médias dos “topcrosses”
 h^2 (%) = Coeficiente de herdabilidade no sentido amplo.

Quando se compara as estimativas da variância genética interpopulacional entre os dois grupos de "topcrosses", verifica-se que os valores resultantes de progênies de grãos dentados (CMS 61), cruzadas com o testador de grãos duros (CMS 53), foram bem superiores àqueles de grãos duros (CMS 53), com o testador de grãos dentados (CMS 61). Observa-se ainda que os valores de $\hat{\sigma}_p^2$ na média dos locais foram inferiores aos encontrados nos distintos locais, o que se explica pelo fato de as estimativas por local serem superestimadas pela presença do componente da interação progênies x locais.

A estimativa da variância fenotípica média entre "topcrosses" ($\hat{\sigma}_F^2$) foi superior na análise conjunta para as progênies "topcrosses" formadas pelas S₂ da CMS 53 de grãos duros com o testador CMS 61 de grãos dentados; indicando, portanto, a importância nestas progênies da contribuição de outras fontes de variação que não somente a $\hat{\sigma}_p^2$.

Segundo LAMKEY e HALLAUER (5), estimativas de herdabilidade permitem aos melhoristas calcular o progresso esperado, com seleção, relacionado com fontes de germoplasma, bem como o método de melhoramento usado para melhorar germoplasma e a quantidade de testes com este material genético. Coerentemente com as observações constatadas de $\hat{\sigma}_p^2$, os valores médios das estimativas da herdabilidade (h^2) foram maiores para os "topcrosses" da CMS 61 com o testador CMS 53 ($h^2=68,36\%$) que para os topcrosses da CMS 53 com o testador CMS 61 ($h^2=48,73\%$). Este resultado concorda com o relatado por PELICANO (9), em que as estimativas das h^2 em nível de médias de famílias para seleção interpopulacional foram de 42% para o cultivar BR 105, de grãos duros, e de 50% para o BR 106, de grãos dentados, indicando a possibilidade de sucesso com seleção recorrente interpopulacional.

Comparando-se as estimativas de $\hat{\sigma}_p^2$, usando as populações CMS 53 e CMS 61 como macho para obtenção das progênies "topcrosses", pode ser observado que os valores obtidos foram altos e diferentes em magnitudes, tendo o testador CMS 53 contribuído mais que o testador CMS 61 para liberação de variabilidade. Este resultado foi semelhante ao encontrado por TAVARES (14), o qual concluiu que a liberação da variabilidade utilizando-se testadores não relacionados é maior do que quando se utiliza a própria população.

Para as progênies "topcrosses" formadas por CMS 61(S2) x CMS53, o valor médio do coeficiente de variação experimental (CVE) foi praticamente igual ao valor do coeficiente de variação genético (CVG). Já para as progênies "topcrosses" oriundas dos cruzamentos CMS 53(S2) x CMS61, o valor médio do CVE foi pouco maior que o valor do CVG,

indicando uma situação pouco favorável para a seleção, de acordo com VENCovsky e BARRIGA (15).

Quanto às estimativas dos componentes da variância interpopulacional, os resultados encontrados na literatura são em menor número do que para a intrapopulacional envolvendo famílias de meios irmãos (15). Entretanto, como mostraram alguns resultados de trabalhos conduzidos no Brasil, mencionados por PELICANO (9) e PENA NETO (10), existe variabilidade aditiva interpopulacional, que é a variabilidade importante para se ter sucesso na seleção (3).

As elevadas produtividades dos híbridos "topcrosses", aliadas à alta magnitude da variabilidade genética, com a viabilidade de serem obtidos híbridos de linhagens de elevada produtividade, indicam o potencial desses dois sintéticos para serem utilizados em programas de seleção recorrente recíproca.

4. RESUMO

O objetivo deste estudo foi determinar o potencial genético de dois sintéticos de milho de ciclos precoces por meio das estimativas de parâmetros genéticos obtidos com progênies endogâmicas S_2 , bem como o grau de desempenho das progênies em combinações híbridas. Foram utilizadas 196 progênies endogâmicas S_2 de cada sintético, Sin 61 e Sin 53, utilizando-se cruzamentos "topcrosses" com o respectivos sintético heteroticamente contrastante. Estas progênies "topcrosses" foram avaliadas, utilizando-se o delineamento de látice simples 14 x 14, em três locais de teste. A produção média de espigas das progênies selecionadas variou de 9,4 a 9,7 t/ha nos cruzamentos Sin 53 (S_2) x Sin 61 e Sin 61 (S_2) x Sin 53, respectivamente, com uma produtividade média dos ensaios de 8,3 t/ha. Os valores das estimativas dos parâmetros estudados foram semelhantes aos encontrados em alguns estudos conduzidos nas condições tropicais. O grupo de progênies S_2 da Sin 61 conduziu a valores médios de $\hat{\sigma}_p^2$, CVG e h^2 maiores que os do grupo de progênies do Sin 53; entretanto, para $\hat{\sigma}_F^2$ o resultado foi inverso. Observa-se que esses dois sintéticos possuem suficiente variabilidade genética e potencial para extração de linhagens para formação de híbridos que serão utilizados como germoplasmas-fontes em programas de melhoramento.

5. SUMMARY

(GENETIC VARIABILITY IN THE SYNTHETIC MAIZE SIN 53 AND SIN 61 FOR BREEDING PURPOSE).

The objective of this study was to determine the genetic potential of two early cycle synthetic maize through the estimation of genetic

parameters obtained with progenies S_2 , as well as the progeny degree of performance in hybrid combinations. A total of 196 progenies S_2 of each synthetic, Sin 61 and Sin 53, were used. They were obtained by top crossing with the contrasting heterotic synthetic variety. These topcross progenies were tested using a lattice design 14×14 with two replications in each one of the three locations. Mean ear yield of the selected progenies were 9.4 and 9.7 t/ha for the crossings Sin 53 (S_2) x Sin 61 and Sin 61 (S_2) x Sin 53, respectively; the trials mean yield was 8.3 t/ha. The values of the estimated parameters were similar to those found in some studies conducted under tropical conditions. The Sin 61 S_2 progeny group resulted in larger mean values for $\hat{\sigma}_p^2$, CVg and h^2 than the group of Sin 53 progeny group; therefore, the result was inverse for $\hat{\sigma}_F^2$. It was observed that those two synthetics varieties possess enough genetic and potential variability for inbred line extraction to produce hybrids and to be used as germplasm sources in breeding programs.

6. LITERATURA CITADA

1. COMSTOCK, R.E. Selection procedures in corn improvement. In: ANNUAL CORN & SORGHUM INDUSTRY RESEARCH CONFERENCE, 19, Chicago, 1964. *Proceedings...* Washington, ASTA, 1964. p.12-23.
2. DAVIS, R.L. *Report of the plant breeder*. Puerto Rico, Agricultural Experiment Station, 1927. p. 14-15.
3. HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. *Quantitative genetics in maize breeding*. 2. ed. Ames, Iowa State University Press, 1988. 468p.
4. JENNKIS, M.T. & BRUNSON, A.M. Methods of testing inbred lines of corn in crossbreeding combinations. *J.Am.Soc.Agron.*, 14:523-530, 1932.
5. LAMKEY, K.R. & HALLAUER, A.R. Heritability estimated from recurrent selection experiment in maize. *Maydica*, 32: 61-78, 1987.
6. LINDSTRON, E.W. Prepotency of inbred lines on commercial varieties of maize. *J.Am.Soc.Agron.*, 23:652-661, 1931.
7. MARQUEZ-SANCHEZ, F. & HALLAUER, A.R. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize I. Grain yield. *Crop Sci.*, 10: 357-361, 1970.
8. PANDEY, S. & GARDNER, C.O. Recurrent selection for population variety in hybrid improvement in tropical maize. *Adv. in Agron.*, 48:81-87, 1992.
9. PELICANO, I. J. *Potencial da interpopulação de milho (Zea mays L.) Br 105 x Br 106 para o melhoramento genético*. Piracicaba, USP/ESALQ, 1990. 139p. (Tese M.S.).
10. PENA NETO, A.M. *Avaliação da capacidade de progênies S_2 obtidas de compostos de milho (Zea mays L.)*. Piracicaba, ESALQ, 1982. 62p. (Tese M.S.).
11. PIMENTEL-GOMES, F. *Curso de estatística experimental*. 5 ed. Piracicaba, Nobel, 1985. 466p.
12. SCAPIM, C.A.; CARVALHO, C.G.P. & CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. *Pesq.Agropec.Brasil.*, 30: 683-686, 1995.
13. SOUZA JUNIOR, C.L. *Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal*. Piracicaba, FEALQ, 1989. 159p.

14. TAVARES, H. E. *Comparação de testadores na avaliação de famílias S2 de milho (Zea mays L.)*. Lavras, Unversidade Federal de Lavras, 1997. 61p. (Tese M.S.).
15. VENCOVSKY, R. & BARRIGA, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto, SBG, 1992. 486p.
16. VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: Paterniani, E. & Viégas, G.P. (eds). *Melhoramento e produção de milho*. 2ed. Campinas, Fundação Cargill, 1987. p.137-274.