



**DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE HÍBRIDOS SIMPLES  
E ALTERNATIVAS PARA A OBTENÇÃO DE  
HÍBRIDOS DUPLOS DE MILHO**

**FAUSTO DE SOUZA SOBRINHO**

**2001**

**FAUSTO DE SOUZA SOBRINHO**

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE HÍBRIDOS SIMPLES E  
ALTERNATIVAS PARA A OBTENÇÃO DE HÍBRIDOS DUPLOS DE  
MILHO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de "Doutor".

Orientador

Prof. Magno Antonio Patto Ramalho

LAVRAS  
MINAS GERAIS - BRASIL  
2001

**Ficha Catalográfica Preparada pela Divisão de Processos Técnicos da  
Biblioteca Central da UFLA**

Souza Sobrinho, Fausto

Divergência genética de híbridos simples e alternativas para a obtenção de híbridos duplos de milho / Fausto de Souza Sobrinho. -- Lavras : UFLA, 2001.  
96 p. : il.

Orientador: Magno Antonio Patto Ramalho.

Tese (Doutorado) – UFLA.

Bibliografia.

1. Genética quantitativa. 2. Milho. 3. Divergência genética. 4. Heterose. 5. ~~Híbrido duplo~~. I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD-633.153

**FAUSTO DE SOUZA SOBRINHO**

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE HÍBRIDOS SIMPLES E ALTERNATIVAS PARA A  
OBTENÇÃO DE HÍBRIDOS DUPLOS DE MILHO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de "Doutor".

**APROVADA em 3 de agosto de 2001**

**Prof. Cláudio Lopes de Souza Júnior**

**ESALQ/USP**

**Pesquisador Cleso Antonio Patto Pacheco**

**EMBRAPA**

**Prof. Renzo Garcia Von Pinho**

**UFLA**

**Prof. João Cândido de Souza**

**UFLA**



**Prof. Magno Antonio Patto Ramalho  
UFLA  
(Orientador)**

**LAVRAS  
MINAS GERAIS – BRASIL**

**“As circunstâncias unem e separam as pessoas, as circunstâncias passam e as pessoas ficam, e toda pessoa que fica deixa um pouco de si naquela que passa, e toda pessoa que passa deixa um pouco de si naquela que fica.”**

**Aos meus pais Maurício e Brígida.**

**Aos meus irmãos, cunhadas e sobrinha.**

**À minha noiva Adriana.**

**DEDICO**

## AGRADECIMENTOS

A Deus.

À Universidade Federal de Lavras e ao Departamento de Biologia pela oportunidade concedida.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo suporte financeiro concedido para a realização do curso.

Ao Professor Magno Antonio Patto Ramalho pelo seu exemplo de dedicação e persistência no trabalho, pela amizade, confiança e verdadeira orientação profissional durante minha formação como pesquisador. Obrigado por ter me concedido a honra de ser um de seus orientados.

Aos Professores João Bosco dos Santos, César Augusto B. P. Pinto, Elaine Aparecida de Souza, Lisete Chamma Davide e Daniel Furtado Ferreira pelos ensinamentos e convivência amigável.

Ao Professor João Cândido de Souza pela amizade e valiosas sugestões durante a condução dos trabalhos.

À Pesquisadora da Embrapa Ângela de Fátima Barbosa Abreu pela atenção, amizade e ensinamentos transmitidos.

A todos os colegas e amigos do Curso de Genética e Melhoramento de Plantas, pela enriquecedora convivência e auxílio nos trabalhos. Em especial aos amigos Maximilian, Flávia Avelar, José Eustáquio, Hélia, Marcos (Cabeça) e Adriano pela amizade, incentivo e solidariedade.

Aos meus irmãos, cunhadas, minha sobrinha Nathália e meus pais pelo apoio e confiança depositados.

A todos os funcionários do Departamento de Biologia pela dedicada atenção.

À minha noiva Adriana que sempre me acolheu e apoiou nos momentos mais difíceis com muito carinho e dedicação, meu sincero reconhecimento e agradecimento.

# SUMÁRIO

<b>RESUMO</b> .....	i
<b>ABSTRACT</b> .....	iii
<b>1 INTRODUÇÃO GERAL</b> .....	1
<b>2 REFERENCIAL TEÓRICO</b> .....	3
2.1 Estrutura genética das populações alógamas.....	3
2.2 Histórico e contribuição do milho híbrido .....	9
2.3 Obtenção de híbridos de linhagens .....	15
2.4 Obtenção de híbridos duplos.....	21
2.5 Diversidade genética .....	23
<b>3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	31
<b>CAPÍTULO 1 – DIVERGÊNCIA GENÉTICA E POTENCIAL DAS LINHAGENS DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO</b> .....	37
<b>RESUMO</b> .....	38
<b>ABSTRACT</b> .....	39
<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	40
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	41
<b>3 RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	43
<b>4 CONCLUSÕES</b> .....	49
<b>5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	50
<b>CAPÍTULO 2 – ALTERNATIVAS NA OBTENÇÃO DE HÍBRIDOS DUPLOS DE MILHO</b> .....	52
<b>RESUMO</b> .....	53
<b>ABSTRACT</b> .....	54

<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	<b>55</b>
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	<b>56</b>
2.1 Safra 1997/1998.....	56
2.2 Safra 2000/2001.....	58
2.3 Análise dos dados.....	60
<b>3 RESULTADOS</b> .....	<b>61</b>
3.1 Safra 1997/98 .....	61
3.2 Safra 2000/2001.....	66
<b>4 DISCUSSÃO</b> .....	<b>76</b>
<b>5 CONCLUSÕES</b> .....	<b>80</b>
<b>6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	<b>80</b>
<b>7 LISTA DE TABELAS DO APÊNDICE</b> .....	<b>82</b>



## RESUMO

SOUZA SOBRINHO, F. Divergência genética de híbridos simples e alternativas para a obtenção de híbridos duplos de milho Lavras: UFLA, 2001. 96p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).<sup>1</sup>

O presente trabalho teve como objetivos: avaliar a divergência genética de híbridos simples (HS) recomendados no Brasil utilizando a metodologia de Troyer, Openshaw e Knittle (1988); estimar a contribuição relativa da heterose e da média das linhagens parentais de alguns híbridos simples; e propor alternativas que possibilitem reduzir o custo de produção de híbridos duplos (HD). Para isso foram conduzidos dois trabalhos distintos. O primeiro foi conduzido em duas localidades do Sul de Minas Gerais, Lavras e Lambari, no ano agrícola de 1997/98. Utilizaram-se sete HS de diferentes empresas, os quais foram cruzados dois a dois gerando 21 HD. Esses híbridos foram avaliados em experimentos conduzidos no delineamento de blocos casualizados, com três repetições. De modo análogo, e situadas próximo, também foram avaliadas as gerações  $F_1$ ,  $F_2$  e  $F_3$  dos sete HS. Em todos eles foram anotados dados referentes ao peso de espigas despalhadas, corrigido para 13% de umidade. Os dados de divergência foram submetidos à análise de variância e foram obtidas estimativas de  $m + a'$  e  $d$  utilizando o método dos quadrados mínimos a partir da média das gerações  $F_1$ ,  $F_2$  e  $F_3$  dos respectivos híbridos. Concluiu-se que a metodologia utilizada foi eficiente em avaliar a divergência genética que, em média, foi de 0,65, indicando que os HS avaliados são divergentes e que o risco de vulnerabilidade genética no Brasil é pequeno. Os híbridos diferiram na contribuição de  $m + a'$  e  $d$  para o seu desempenho, sendo que, em média, a contribuição do  $m + a'$  foi de 29,4%, variando de 43,5% para o AG9012, a 20,7% para o P3069. No segundo trabalho, foram realizados experimentos distintos em duas safras agrícolas. Na primeira, conduzida em 1997/98, a partir de sete HS comerciais foram obtidos 21 HD utilizando as gerações  $F_1$  ou  $F_2$  dos respectivos HS. Esses híbridos foram avaliados em três locais, com dois experimentos em cada um deles, sendo um referente aos HD oriundos da geração  $F_1$  e o outro da geração  $F_2$ . Em cada experimento foram utilizados quatro HS como testemunhas. O delineamento foi em blocos ao acaso, com três repetições e parcelas de duas linhas de quatro metros de comprimento. A partir

---

<sup>1</sup> Orientador: Prof. Doutor Magno Antonio Patto Ramalho – Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras, MG, C.P. 37, CEP 37200-000.

de uma amostra de 10 plantas por parcela, estimou-se a variância fenotípica média da altura de plantas. Anotaram-se também os dados referentes ao peso de espigas despalhadas corrigido para 13% de umidade. Na safra 2000/01, foram avaliados 36 HD, sendo 15 oriundos da geração  $F_1$ , 15 da geração  $F_2$  dos mesmos HS e mais seis da geração  $F_2$  (intercruzamento da geração  $F_2$ ). Os 36 HD, juntamente com seis testemunhas, foram avaliados em dois locais, no delineamento alfa látice, com três repetições e parcelas de três linhas de quatro metros de comprimento. Utilizando amostras de 10 plantas por parcela, estimou-se a variância fenotípica da altura de plantas e de espigas e do peso de espiga. Anotaram-se também os dados do peso de grãos corrigido para 13% de umidade. Em ambos os anos, realizaram-se análises estatísticas dos dados de produtividade, comparando-se o contraste entre os HD e a origem das sementes. Observou-se que alguns HD foram tão produtivos quanto os melhores HS recomendados para a região. Constatou-se, também, que os HD das diferentes origens, ou seja, das gerações  $F_1$ ,  $F_2$  ou  $F_2$ , são semelhantes tanto em relação ao seu desempenho produtivo quanto à variabilidade existente dentro deles. Isso evidencia ser possível a redução no custo de produção das sementes dos HD utilizando as populações em equilíbrio derivadas dos HS, não necessitando, portanto, da multiplicação das linhagens e da obtenção da geração  $F_1$  dos HS todos os anos.

## ABSTRACT

**SOUZA SOBRINHO, F. Genetic divergence of maize simple hybrids and alternatives for obtaining double hybrids Lavras: UFLA, 2001. 96p. (Doctoral Thesis in Genetics and Plant Breeding)<sup>2</sup>.**

The objective of the present research were: to investigate the genetic divergence among maize single cross hybrids (SH) recommended for cropping in Brazil, using the Troyer, Openshaw and Knittle (1988) methodology; to estimate the contribution of heterosis and parental line mean to the performance of some single cross hybrids; and to suggest alternatives to reduce the cost of production of double cross hybrids (DH). Two independent sets of experiments were carried out for this purpose. The first set was conducted in two locations (Lavras and Lambari) in Southern Minas Gerais State in the 1997/1998 growing season. Seven SH from different commercial companies were pair wise crossed to generate 21 DH, which were evaluated in a randomized complete block design with three replications. Similarly, the  $F_1$ ,  $F_2$  and  $F_3$  generations of the seven individual single cross hybrids were also assessed in independent nearby experiments. Weight of de-husked ear data were recorded in each experiment and corrected to 13% moisture. The genetic divergence data were submitted to an analysis of variance, and seven sets of estimates of  $m + a'$  and  $d$  were obtained from the mean of the  $F_1$ ,  $F_2$  and  $F_3$  generations of the individual hybrids using the least square method. The methodology used was efficient in assessing genetic divergence that was, on average, 0.65 indicating that the single cross hybrids are divergent and that the risk of genetic vulnerability is small. The hybrids differed in the potential for inbred lines extraction based on the contribution of  $m + a'$  and  $d$  for their performance. The average  $m + a'$  contribution was 29.4% with a range of 43.5 (AG9012) to 20.7 (P3069). The second set of experiments involved trials in the 1997/98 and 2000/01 growing seasons. In 1997/98, starting with seven commercial SH, 21 DH were obtained from pair wise crossing of the  $F_1$  and  $F_2$  SH generations. These hybrids were evaluated in three sites, with two experiments per site, one related to DH obtained from the  $F_1$  generation and the other from the  $F_2$  generation. In each experiment, four SH were used as controls. Randomized complete block design were used with three replications and plots of two rows of four meters long. The phenotypic variance of the plant height was estimated from a sample of 10

---

<sup>2</sup> Guidance Committee: Magno Antonio Patto Ramalho (Major Professor) – UFLA, Lavras, MG, C.P. 37, CEP 37200-000.

plants per plot. The de-husked ear weight standardized to 13% moisture was also obtained. In 2000/01 season, 36 DH were evaluated including 15 from F<sub>1</sub> SH, 15 from F<sub>2</sub> SH and six from F<sub>2i</sub>, that is, each F<sub>2</sub> SH was intercrossed one generation, plus six controls. The trial was conducted in two locations using the alpha-lattice design with three replications. The plots had three rows of four meters long. The phenotypic variances of the plant height, ear height and ear weight were estimated from 10 plants/plot samples. The grain weight data standardized to 13% moisture was also obtained. For both seasons, statistical analyses of the yield trait were carried out using contrasts between DHs and seed origin. Some DH yield were as high as the best SH. DH from different origins, that is from the F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub> or F<sub>2i</sub>, showed similar yield performance and within population variability. This suggests that a reduction in the cost of DH seed can be achieved by crossing populations in equilibrium derived from the SH, since this procedure will not require line multiplication and F<sub>1</sub> SH production every year.

## 1 INTRODUÇÃO GERAL

Entre as contribuições da ciência para a sociedade, desde o aparecimento do homem até os dias atuais, o milho híbrido se destaca, tendo contribuído para expressivos aumentos na produtividade de grãos dessa importante gramínea em todo o mundo e com repercussão em todas as espécies cultivadas (Hallauer, 1990). Devido principalmente à sua maior uniformidade e produtividade em relação às populações (Patemiani e Miranda Filho, 1987), a área cultivada com milho híbrido atinge vários milhões de hectares em todo o mundo. No Brasil, o segundo país a adotar o milho híbrido, a sua contribuição para o desenvolvimento do agronegócio é inquestionável (Vencovsky e Ramalho, 2000).

A utilização de híbridos de milho concentra-se em determinadas regiões e normalmente em extensas áreas, o que pode aumentar o risco de vulnerabilidade genética. Esse risco pode ser atenuado desde que sejam utilizados, e/ou recomendados para o cultivo, cultivares não aparentadas. Nesse contexto, as informações são restritas, pois as empresas mantêm sigilo das linhagens utilizadas, bem como da(s) população(ões) que as originaram. Para se ter informações sobre o grau de relacionamento ou parentesco entre os híbridos cultivados, uma alternativa de fácil aplicação seria a utilização da metodologia proposta por Troyer, Openshaw e Knittle (1988). Esta metodologia tem como princípio a depressão por endogamia no cruzamento dos híbridos simples dois a dois, isto é, quanto maior a depressão, menos aparentados eles são. Esses autores, avaliando a divergência genética entre dez híbridos de duas empresas com grande participação no mercado americano de sementes, encontraram uma divergência média de 0,74, indicando que o risco de vulnerabilidade pela utilização dos híbridos simples é pequeno. Infelizmente não há relatos de sua

utilização em híbridos brasileiros, não se conhecendo o grau de parentesco dos principais híbridos simples utilizados.

Entre as etapas para a obtenção de híbridos destaca-se a escolha da população ou populações que serão fontes de linhagens. Vale salientar que podem ser utilizadas variedades de polinização livre ou até mesmo híbridos comerciais. Esse último caso é muito comum nos programas de melhoramento em várias partes do mundo, especialmente pelo fato de eles serem adaptados. No Brasil, embora esse fato não seja divulgado, ao que tudo indica é também uma prática freqüente. Nesse caso as linhagens obtidas são denominadas de linhagens de segundo ciclo (Wolf e Hallauer, 1997 e Troyer, 1999). Considerando que no mercado há inúmeros tipos de híbridos disponíveis e não é possível manusear todos eles, seria importante utilizar procedimentos que possam identificar os mais promissores para a extração de linhagens. Uma das opções é o emprego da estimativa de  $m + a'$ , como proposto por Vencovsky (1987), visando a identificação precoce de populações com maior média das linhagens nas gerações  $F_{\infty}$ . Embora esse procedimento venha sendo utilizado com freqüência na identificação de populações promissoras (Vianna et al., 1982 e Lima, Miranda Filho e Gallo, 1984), são escassos os relatos da sua aplicação em populações derivadas de híbridos simples comerciais. Essa informação, aliada à estimativa da depressão por endogamia, que permite inferir sobre a freqüência de locos em heterozigose, deverá auxiliar os melhoristas na identificação de híbridos simples com maior probabilidade de extração de linhagens superiores.

Até bem pouco tempo, no Brasil, eram utilizados quase que exclusivamente híbridos duplos, contudo, recentemente está havendo uma rápida substituição desse tipo de híbrido pelos simples e triplos. Em conseqüência, nota-se uma tendência acentuada de elevação no custo das sementes híbridas, inviabilizando a sua adoção por um grande contingente de agricultores. A maior vantagem dos híbridos simples é a sua uniformidade, a qual tem pouco reflexo

na maioria das condições em que o milho é cultivado no Brasil. Dessa forma, é necessário desenvolver novas estratégias visando a redução no custo das sementes híbridas para torná-las acessíveis até mesmo entre os agricultores de subsistência.

Pelo exposto, desenvolveu-se o presente trabalho com os objetivos de (a) avaliar a divergência genética utilizando a metodologia de Troyer, Openshaw e Knittle (1988), e também estimar a contribuição relativa da heterose e da média das linhagens parentais de alguns híbridos simples utilizados no Brasil; e (b) propor alternativas que possibilitem reduzir o custo de produção de híbridos duplos.

## **2 REFERENCIAL TEÓRICO**

### **2.1 Estrutura genética das populações alógamas**

O milho é uma espécie tipicamente alógama, pois a taxa de autofecundação é inferior a 5%. Uma população de plantas de milho se enquadra perfeitamente dentro do conceito biológico de populações, ou seja, grupo de indivíduos da mesma espécie, que ocupam o mesmo local, apresentam uma continuidade no tempo e possuem a capacidade de se interacasalar ao acaso, e, portanto, trocar alelos entre si (Ramalho, Santos e Pinto, 1989).

Essas populações são caracterizadas pelo seu conjunto alélico, ou seja, o somatório dos alelos de cada gene que tal população possui, os quais são passados de geração para geração, por meio dos gametas. As frequências alélicas dos locos que ocorrem no conjunto alélico é que determinam as diferentes propriedades genéticas das populações. Esses alelos podem ser favoráveis ou desfavoráveis para a expressão dos caracteres. Assim, uma população será considerada mais melhorada do que a outra se possuir maior frequência de alelos

favoráveis, como será mostrado mais detalhadamente a seguir. Do exposto, as frequências alélicas dos locos envolvidos na expressão de um dado caráter é que determinarão as diferenças entre as populações para o caráter em apreço.

Para exemplificar mais detalhadamente esse fato, será considerado um caráter controlado por apenas um gene (B), com dois alelos, sendo B<sup>1</sup> o alelo favorável, ou seja, o que contribui para a melhoria da expressão do caráter, e B<sup>2</sup> o alelo desfavorável. Na população, o alelo B<sup>1</sup> tem a frequência p, que pode variar de 0 a 1, e o B<sup>2</sup> a frequência q, sendo que p + q = 1,0. Em uma população grande, na ausência de seleção, mutação, migração e deriva, as frequências genóticas atingem o equilíbrio após uma geração de cruzamento ao acaso, com as seguintes frequências B<sup>1</sup>B<sup>1</sup> = p<sup>2</sup>; B<sup>1</sup>B<sup>2</sup> = 2pq e B<sup>2</sup>B<sup>2</sup> = q<sup>2</sup>. Nessa condição a média de uma população i qualquer será obtida pela expressão  $\bar{P}_i = m + (2p_i - 1)\alpha + 2p_i(1 - p_i)\delta$ , em que m é o ponto médio entre os dois genótipos homozigóticos,  $\alpha$  o desvio dos homozigotos em relação à média e  $\delta$  o desvio dos heterozigotos em relação à média. Fica fácil entender que como  $\alpha$  e  $\delta$  são propriedades do gene, e portanto assumem o mesmo valor para qualquer população, a média de uma população será tanto maior quanto maior for a sua frequência de alelos favoráveis (p), como já mencionado. Desta forma, para n locos, ignorando os efeitos epistáticos, tem-se  $\bar{P} = m + \sum (2p - 1)\alpha + \sum 2p(1 - p)\delta$ ; substituindo  $\sum (2p - 1)\alpha$  por a e  $\sum 2p(1 - p)\delta$  por d, tem-se  $\bar{P} = m + a + d$ , onde a é o somatório da contribuição dos locos em homozigose em relação à média e d é a contribuição dos locos em heterozigose em relação à média (Vencovsky, 1987).

Considerando novamente um caráter controlado por um gene, com dois alelos, B<sup>1</sup> e B<sup>2</sup>, em uma população em equilíbrio, após infinitas autofecundações serão obtidos apenas dois genótipos B<sup>1</sup>B<sup>1</sup>, com a frequência p, e B<sup>2</sup>B<sup>2</sup> com frequência q, cuja média será  $\bar{L} = m + (2p - 1)\alpha$ . Extrapolando para n genes,



tem-se  $\bar{L} = m + \sum (2p-1)\alpha$ , como  $\sum (2p-1)\alpha = a$ , tem-se  $\bar{L} = m + a$ .

Depreende-se, então, que a estimativa de  $m + a$  permite inferir sobre a média das linhagens na geração  $S_\infty$ . Veja também que as comparações das estimativas de  $m + a$  de populações possibilita classificar as mesmas com relação à frequência de alelos favoráveis (Lima, 1999).

Desse modo, pode-se inferir que o potencial de uma população em equilíbrio para a extração de linhagens depende apenas da contribuição dos locos em homozigose e não da média da população 'per se' (Vencovsky, 1987). Na escolha de populações para a extração de linhagens, a estimativa de  $m + a$  deve ser obtida o mais precocemente possível. Isso pode ser conseguido avaliando simultaneamente as gerações  $S_0$  e  $S_1$ , onde  $S_1$  é obtida após uma autofecundação de  $S_0$ . Isto porque a média de  $S_0$ , como já comentado, é fornecida por  $\bar{S}_0 = m + a + d$  e de  $\bar{S}_1 = m + a + (1/2)d$ . Desse modo, o contraste  $2\bar{S}_1 - \bar{S}_0$  fornece a estimativa de  $m + a$ .

Se existem várias opções de populações para a extração de linhagens, o procedimento é semelhante. Obtêm-se as gerações  $S_{0i}$  e  $S_{1i}$  das  $i$  populações, e estimam-se os contrastes  $(2\bar{S}_{1i} - \bar{S}_{0i}) - (2\bar{S}_{1j} - \bar{S}_{0j})$ ; quando o contraste é positivo, indica que a população  $i$  deverá ter média das linhagens, na geração  $S_\infty$ , superior à população  $j$  e vice-versa. Em realidade, como mostra Vencovsky (1987), estima-se o  $\sum (p_i - p_j)\alpha$ , isto é, a diferença nas frequências médias dos alelos favoráveis. O mesmo autor também mostra que equivale a comparar as duas populações, para a capacidade geral de combinação, utilizando um testador cuja frequência alélica é de 0,5 em todos os locos.

Embora o que foi considerado até agora se referia a populações em equilíbrio, o mesmo raciocínio pode ser empregado na avaliação do potencial de híbridos comerciais para a extração de linhagens. Nesse caso, a média da

geração  $F_1$ , de qualquer tipo de híbrido, é fornecida por  $m + a + d$ . A sua geração  $F_2$  será  $m + a + (1/2)d$ . Assim, o contraste  $2\bar{F}_2 - \bar{F}_1 = m + a$ . Considerando que nas linhagens parentais alguns locos em homozigose podem se cancelar, isto é, alguns locos contêm os alelos favoráveis, e outros, os desfavoráveis, nesse caso o que se obtém é a estimativa de  $m + a'$ .

Estimativas de  $m + a'$  para populações e híbridos de milho têm sido obtidas em várias oportunidades (Tabela 1). Veja que há ampla variação, em termos percentuais, da estimativa de  $m + a'$  em relação à média da população  $S_0$ . Considerando a média das 127 populações  $S_0$  relacionadas na literatura, o  $m + a'$  foi de 29,6% da média populacional. Veja, contudo, que são encontrados valores variando de 2,2 a 79,3% da média populacional. Isso indica que as populações utilizadas possuem ampla variação no que tange ao potencial para a extração de linhagens. No caso dos híbridos, o número de estimativas existentes é menor; contudo, a contribuição média de  $m + a'$  (30,5%) é semelhante ao observado para as populações em equilíbrio.

A alta correlação obtida entre as estimativas de  $m + a'$  e a média das famílias  $S_{0,1}$  de cada uma das populações de milho ( $r=0,81$ ) estudadas por Lima (1999) confirma o potencial desta estimativa em representar a média das possíveis linhagens na geração  $S_{\infty}$ . Na cultura do feijoeiro, observou-se valor ainda maior para a correlação entre o  $m + a'$  e a média das famílias  $F_{5,7}$  ( $r=0,97$ ), reforçando a afirmação anterior (Abreu, 1997).

Estimativas de  $m + a'$  também foram obtidas para outras culturas, com o propósito de identificar as melhores populações ou genitores para um programa de melhoramento. Em feijão, constatou-se coerência entre os resultados obtidos pela análise dialélica e pela estimativa de  $m + a'$  das populações. Nesse caso específico, a população originada do cruzamento entre as cultivares A-114 x Flor de Mayo foi a que apresentou a maior estimativa de  $m + a'$ , sendo, portanto, a que apresenta a maior frequência de alelos favoráveis em

homozigose. Contudo, foi ressaltado que os locos que estão segregando, isto é, aqueles em que uma cultivar complementa a outra, e que possibilitam os avanços com a seleção, não podem ser detectados pela estimativa de  $m + a'$ . Assim, é recomendável a associação dessa estimativa com a variância genética dentro da população (Oliveira, 1995).

[Em outro estudo com a cultura do feijoeiro, obtiveram-se valores de  $m + a'$  variando de 60 a 98%, com média de 81,2% da média da geração  $F_1$ . A população que apresentou a maior estimativa de  $m + a'$ , sendo, então, aquela com maior potencial para a extração de linhagens produtivas foi aquela oriunda do cruzamento entre Carioca e Flor de Mayo (Abreu, 1997).]

Assim, como comentado anteriormente para as estimativas de  $m + a'$ , para o  $d$  observa-se uma grande variação nas estimativas, em termos percentuais da média da geração  $S_0$ , nos diversos relatos encontrados. Para as 127 populações relacionadas na literatura, o valor médio para a estimativa de  $d$  foi de 70,4%, variando de 20,7 a 97,8% (Tabela 1). Para os híbridos, a estimativa média do  $d$  foi bastante semelhante (69,5%) ao observado para as populações em equilíbrio. Observa-se que, em média, os valores das estimativas de  $d$  são de maior magnitude do que os de  $m + a'$ , indicando que os locos em heterozigose têm uma maior contribuição para a produção das populações e dos híbridos.

Na literatura, é comum encontrar estudos sobre a depressão por endogamia, a qual representa a redução no valor fenotípico dos indivíduos em decorrência do aumento da homozigose e decréscimo da heterozigose. Esta depressão normalmente é calculada pelo contraste  $\bar{S}_0 - \bar{S}_1 = (1/2)d$ , ficando fácil compreender que a estimativa de  $d$  pode ser obtida multiplicando-se o valor da depressão por dois. Desta maneira, mesmo que no trabalho não esteja colocada a estimativa de  $d$ , e conseqüentemente a de  $m + a'$ , esta pode ser obtida desde que se tenham as médias das gerações  $S_0$  e  $S_1$ , ou de quaisquer duas gerações consecutivas.

TABELA 1 – Estimativas mínimas, médias e máximas de  $m + a'$  e  $d$ , em porcentagem da média da geração  $S_0$ , obtidas por diversos autores.

Autor	Ano	País	Nº de populações	$m + a'$ (% da $S_0$ )			D		
				LI	$\bar{X}$	LS	LI	$\bar{X}$	LS
<b>Variedades</b>									
Vianna et al.	1982	Brasil	14	2,6	21,4	38	59,8	78,6	97,4
Lima et al.	1984	Brasil	32	8,9	30,3	41,7	58,3	69,7	91,1
Meghji et al.	1984	EUA	3	27	41,9	51,1	48,9	58,1	73
Lamkey e Smith	1987	EUA	5	11,3	44,4	64,6	35,4	55,6	88,7
Nass	1992	Brasil	2	10,1	10,25	10,4	89,6	89,75	89,9
Ferreira	1993	Brasil	28	5,1	31,4	79,3	20,7	68,6	94,9
Teresawa Júnior	1993	Brasil	2	18	19,5	21	79	80,5	82
Pacheco et al.	1998	Brasil	28	2,2	13,7	30,8	69,2	86,3	97,8
Packer	1998	Brasil	4	25,3	46,5	78,8	21,2	53,5	74,7
Cardoso	1999	Brasil	8	14	27,6	54,3	45,7	72,4	86
Lima	1999	Brasil	1	38,6	38,6	38,6	61,4	61,4	61,4
<b>Média</b>				29,6			70,4		
<b>Híbridos</b>									
Lamkey e Smith	1987	EUA	6	24,6	29,6	34,2	65,8	70,4	75,4
Cardoso	1999	Brasil	12	6	24,2	41,7	58,3	75,8	94
Lima	1999	Brasil	3	32,5	37,8	47,7	52,3	62,2	67,5
<b>Média</b>				30,5			69,5		

Como a estimativa de  $d$  representa, como já mencionado, a contribuição dos locos em heterozigose, é de se esperar que populações que possuam maior número de locos em heterozigose, ou seja, maiores estimativas de  $d$ , apresentem maior variabilidade, constituindo-se, deste modo, o  $d$  como um estimador de variância da população. Entretanto, na cultura do milho, observou-se que esta associação não foi verdadeira, uma vez que a estimativa da correlação entre o  $d$  e a herdabilidade foi baixa ( $r=0,21$ ), indicando que o  $d$  não forneceu a mesma informação da herdabilidade e, portanto, não foi um bom estimador da variabilidade existente na população (Lima, 1999). Entretanto, em outro estudo, desta vez com a cultura do feijoeiro, observou-se que a correlação entre as estimativas de  $d$  e da herdabilidade foi positiva e elevada ( $r=0,97$ ), indicando que o  $d$  deve realmente estar associado à variância genética, como já mencionado. Esse resultado evidencia que, ocorrendo dominância, a estimativa do  $d$ , contribuição dos locos em heterozigose, poderá substituir a estimativa da variância genética, com a vantagem de se tratar de um componente de média e, portanto, estimável com maior precisão do que a variância e sem a necessidade de se obterem dados de plantas individuais (Abreu, 1997).

## 2.2 Histórico e contribuição do milho híbrido

O milho híbrido pode ser conceituado como a primeira geração do cruzamento entre linhagens endogâmicas ou de variedades. Dessa forma, é explorado o máximo da heterose do cruzamento. O termo heterose refere-se à superioridade da geração  $F_1$  em relação à média dos pais, isto é, 
$$h = \bar{F}_1 - (1/2)(\bar{P}_1 + \bar{P}_2) .$$

Na literatura, são encontrados alguns relatos da história do uso de híbridos (Wych, 1988 e Paterniani e Campos, 1999). Aqui será transcrito, na

íntegra, o que Paterniani e Campos (1999) escreveram a respeito. “Um detalhado e pessoal relato dos primeiros tempos do milho híbrido é dado por Hayes (1963). Uma extensa e curiosa revisão sobre como a heterose e a endogamia eram consideradas desde a Antigüidade até o início do século XX é apresentada por Zirkle (1952). Entre os inúmeros pesquisadores citados, destaca-se Charles Darwin, que, em 1876, publicou o livro *Cross and Self Fertilization in the Vegetable Kingdom*, onde estudou muitos gêneros vegetais. Embora seu estudo não tivesse voltado para qualidades agronômicas, mas para o estudo da endogamia e da heterose, o enorme prestígio de Darwin certamente influenciou os trabalhos de muitos cientistas que tinham o milho como objetivo, o que o coloca, indiretamente, como um dos responsáveis pelo milho híbrido.

Beal, em 1880, M. C. Cluer, em 1892, e Morrow e Gardner, em 1893, fizeram cruzamentos de variedades de milho, comparando o comportamento dos  $F_1$  e  $F_2$  com as variedades parentais. Os primeiros trabalhos diretamente associados ao milho são contemporâneos da redescoberta dos trabalhos de Mendel, e seus autores estavam bastante influenciados por este e outros grandes nomes da época.

Parece haver concordância de que a dois pesquisadores americanos deve se atribuir o advento do milho híbrido: George H. Shull, do Carnegie Institute of Washington, em Cold Spring Harbor, Estado de N. York, e Edward M. East, da Estação Experimental Agrícola do Estado de Connecticut. Trabalhando independentemente, mas em comunicação, ambos chegaram a conclusões semelhantes.

Shull (1908) publicou “A composição de um campo de milho”, onde reconheceu a natureza de cada planta como “um híbrido complexo”, o aumento da homozigose como fator da redução de vigor e a necessidade de se procurarem as linhagens de melhor comportamento em cruzamentos e não pelo comportamento per se. Num trabalho subsequente, “Um método de linha pura

para o melhoramento de milho”, Shull (1909) delineou o procedimento genérico para a obtenção de milho híbrido que, em essência, é usado até hoje: autofecundar o maior número possível de plantas para obter linhagens; cruzá-las para obter o maior número possível de híbridos; e experimentá-los para se determinar o par de linhagens com melhor comportamento. Após isso, a produção de sementes “é de fácil obtenção, embora algo dispendiosa”. East e Shull, em relação à validade teórica de seus estudos, expressaram dúvidas quanto a sua praticabilidade para a agricultura. Ambos manifestaram opiniões sobre a possibilidade de cruzamentos varietais serem mais interessantes. Isto se deveu provavelmente ao pequeno número de linhagens então disponível e à sua baixa qualidade agrônômica. É didático ressaltar que Shull tinha maior preocupação com os aspectos teóricos da endogamia e da heterose do que com a agricultura. O milho híbrido é, dessa maneira, um destacado exemplo da necessidade de pesquisas, mesmo quando não diretamente dirigidas à solução de problemas práticos.

Foi o trabalho de Jones (1918) que colocou em marcha acelerada a nova idéia, com a sugestão de se cruzarem os produtos do cruzamento de duas linhagens (híbridos simples) entre si, obtendo os híbridos duplos. A produção de sementes, agora obtida a partir de híbridos simples já com bom comportamento agrônômico, passou a viabilizar a sua comercialização, dando início à grande escalada de aceitação do milho híbrido nos EUA.

Mais recentemente, a realidade econômica da agricultura do milho, principalmente nos EUA, gerou a necessidade de se obter o máximo de produtividade por hectare, ainda que a custo de insumos em maior quantidade e qualidade. Isso fez com que as companhias de sementes abandonassem os híbridos duplos, passando aos híbridos triplos, aos híbridos simples modificados e, finalmente, aos híbridos simples. O grande volume de pesquisas com linhagens e o enorme avanço na tecnologia de produção viabilizaram o

aparecimento do tipo de híbrido preconizado há quase 90 anos, fechando um ciclo que encerra, talvez, o maior acontecimento na produção mundial de alimentos.

No Brasil, cabe ao Instituto Agronômico de Campinas a primazia dos trabalhos com milho híbrido, iniciados em 1932. Como fruto desse trabalho, Krug e colaboradores produziram, em 1939, o primeiro híbrido duplo brasileiro. Em 1935, na hoje Universidade Federal de Viçosa, Gladstone A. Drummond e Antonio Secundino São José iniciaram trabalhos de pesquisas em milho, produzindo, em 1938, o primeiro híbrido comercial, um cruzamento entre as variedades Cateto e Amarelão. Os trabalhos destes últimos tiveram continuidade com a fundação de uma companhia particular de sementes, a Sementes Agroceres S/A. Desde então, várias outras companhias de sementes passaram a pesquisar e produzir sementes híbridas de milho no Brasil.”

No relato apresentado por Paterniani e Campos (1999), não foi feito nenhum comentário a respeito dos primeiros campos de produção de sementes. A esse respeito, Wych (1988) comenta que o primeiro campo comercial de produção de sementes híbridas foi realizado em 1923 pela família de George Kurtzweil, que deu origem a primeira empresa de sementes de milho híbrido – Cooper Cross. O interessante dessa primeira produção é que o processo de despendoamento das linhagens maternas foi idealizado pela irmã do proprietário, a senhora Ruth Kurtzweil, a qual despendeu sozinha o campo de produção de sementes híbridas no estado de Iowa.

Entre as contribuições da ciência para a sociedade, desde o aparecimento do homem até os dias atuais, o milho híbrido se destaca, tendo contribuído para expressivos aumentos na produtividade de grãos dessa importante gramínea em todo o mundo e com repercussão em todas as espécies cultivadas (Hallauer, 1990).



A estimativa da contribuição do híbrido para a produção dessa gramínea tem sido objeto de várias pesquisas em todo o mundo. Nos Estados Unidos, onde existe o maior número de relatos a esse respeito, o aumento de produção e consequente utilização do milho foi extraordinário, passando de 25 milhões de toneladas, em 1870, para 75 milhões, em 1906, e alcançando cerca de 150 milhões de toneladas já em 1976. Hoje são produzidos mais de 220 milhões de toneladas de milho, gerando uma renda anual de 20 bilhões de dólares (Troyer e Mascia, 1999).

À medida que a produção do milho crescia, aumentavam as suas formas de utilização pelo homem; hoje existem centenas de produtos em que se verifica a participação total ou parcial do milho. Ele é utilizado desde a alimentação humana e animal até a produção de álcool, e possui inúmeras utilizações industriais (Troyer e Mascia, 1999).

O que chama mais atenção foi o aumento espetacular observado na produtividade ao longo do tempo. Nos EUA, a produtividade média do milho antes de 1930 era de aproximadamente 2000 kg/ha. Durante os 50 anos seguintes, observou-se um aumento acentuado nesta produtividade, atingindo mais de 6200 kg/ha. Cardwell (1982) quantificou quanto desse aumento em produtividade foi devido à introdução do milho híbrido, isto é, de natureza genética, e quanto foi devido a práticas de manejo, tais como o emprego de fertilizantes, o uso de herbicidas, o espaçamento e a época de semeadura, entre outros fatores. Constatou que 58% do aumento na produtividade, no estado de Minnesota, foram devidos ao melhoramento genético.

Ainda a esse respeito, Duvick (1994), utilizando híbridos comercializados nos EUA no período de 1934 a 1991 e a variedade Reid Yellow Dent, representando os materiais cultivados antes de 1930, estimou o progresso genético obtido. O estudo foi realizado em três densidades de semeadura diferentes, baixa, média e alta, e em três anos consecutivos. Observou-se que a

produtividade dos híbridos apresentou incremento médio de 1% ao ano, sem nenhuma perspectiva de estabilização ou patamar. Os híbridos mais modernos apresentaram-se superiores especialmente em maiores densidades, porém essa superioridade ocorreu em todas as condições. Com relação às outras características das plantas, observou-se que os novos híbridos não apresentaram alterações na altura e na maturação dos grãos, embora essas duas características apresentem grande influência na produção. Vários outros trabalhos foram realizados e todos eles atestam a contribuição do emprego do milho híbrido na agricultura americana (Russel, 1974; Russel, 1984).

No Brasil, os resultados a respeito da contribuição do melhoramento genético não são menos expressivos. Utilizando dados dos Ensaio Nacionais de milho ou outros experimentos de avaliação de cultivares, o progresso genético foi quantificado e mostrou que normalmente é superior a 1% ao ano (Fernandes e Franzon, 1997; e Arias e Ramalho, 1998).

Na região Centro-Sul do Brasil, Araújo (1995) comparou o desempenho de híbridos e variedades desenvolvidas nas décadas de 1970, 1980 e 1990. No caso dos híbridos, o ganho médio para o caráter produção de grãos foi de 50,9 kg/ha, ou 0,89% ao ano, e para as variedades, de 30,8 kg/ha ou 0,65% ao ano, ou seja, valores semelhantes aos obtidos em outros países.

Os concursos de produtividade realizados nas últimas décadas também realçam o sucesso obtido não só no melhoramento genético como também de outras tecnologias, evidenciando o potencial produtivo dessa gramínea. Tais concursos são promovidos e monitorados pela EMBRAPA (Milho e Sorgo) e EMATER e refletem o máximo da produtividade que os produtores podem conseguir em área de produção de grãos, nas quais eles empregam a melhor tecnologia disponível. Observa-se que no início, na safra de 1977/78, a média de produtividade de grãos de todos os participantes foi de 5,88 t/ha. Após 16 anos, na safra de 1993/94, essa média subiu para 6,35 t/ha, o que corresponde a um

acréscimo médio de 153,4 kg/ha/ano.) Considerando os produtores rurais campeões dos concursos, o rendimento inicial foi de 7,81 t/ha, e o último, de 15,99 t/ha, mostrando um acréscimo médio de produtividade de 418,1 kg/ha/ano (Vencovsky e Ramalho, 2000).

Todos estes resultados evidenciam o sucesso dos melhoristas de milho, tanto de instituições públicas como privadas, em selecionar, para condições tropicais, genótipos adaptados e cada vez mais produtivos.

### 2.3 Obtenção de híbridos de linhagens

Inicialmente é preciso enfatizar que numa população de plantas alógamas, como é o caso do milho, todos os indivíduos são híbridos simples, pois são oriundos da união ao acaso de dois gametas diferentes. Assim, se for medida a produção de cada planta, isto é, os diferentes híbridos simples, tem-se uma distribuição normal. A idéia é perpetuar as combinações que se situam na extremidade direita da distribuição. Para essa perpetuação, dever-se-ia identificar os gametas que deram origem às combinações boas, e mais do que isto, manter esses gametas de modo a repetir as boas combinações. Isto não é viável. A alternativa é isolar da população linhagens que, na realidade, são os gametas duplicados, possibilitando, assim, produzir indefinidamente a combinação desejada.

\*Entre as etapas para a obtenção de híbridos, a primeira delas é a escolha da população ou populações que serão fontes de linhagens. Detalhes sobre essa escolha já foram mencionados. No momento, é oportuno salientar que podem ser utilizadas variedades de polinização livre ou até mesmo híbridos comerciais. Esse último caso apresenta a vantagem de ser uma população já adaptada e as linhagens obtidas são, então, denominadas de linhagens de segundo ciclo (Lamkey, Schnicker e Melchinger, 1995; Wolf e Hallauer, 1997 e Troyer, 1999).

↳Uma vez identificadas as populações, o segundo passo é a obtenção das linhagens por meio de autofecundações sucessivas. Vale salientar que em qualquer população, o número possível de linhagens é muito grande, pois é fornecido pela expressão  $2^n$ , em que  $n$  é o número de locos segregando. Como esse número  $n$  é normalmente enorme, o número de linhagens possíveis é praticamente infinito. Assim, o número de autofecundações a serem realizadas deveria ser o maior possível de modo a aumentar as chances de se obterem, ao final, linhagens com o maior número possível de locos com alelos favoráveis. Nesse contexto, Comstock (1964) comenta que é preferível realizar o maior número possível de autofecundações, em uma população de uma só vez, a realizar várias amostragens da mesma população, utilizando um pequeno número de autofecundações de cada vez. Isto porque a probabilidade de se obterem valores extremos é a mesma em amostras sucessivas de mesmo tamanho, a menos que entre uma amostra e outra a população tenha sido melhorada.

\*Apesar de saberem que quanto maior o número de autofecundações realizado dentro de uma população, maiores as chances de sucesso, em função do número de populações trabalhadas e da disponibilidade de recursos e de área experimental, nem sempre os melhoristas conseguem seguir a recomendação, de modo que o número de autofecundações efetivamente realizadas nos diferentes programas de melhoramento é variável. Em um questionário aplicado entre os melhoristas de milho americanos, Bauman (1981) observou que, em média, são realizadas 500 autofecundações por população.

Para a obtenção das linhagens, são utilizados alguns métodos semelhantes aos utilizados na condução das famílias segregantes em plantas autóгамas (Fehr, 1987 e Borém, 1999), porém com denominações diferentes. O método denominado de padrão, que é semelhante ao genealógico, é o mais utilizado. Nesse caso, a partir da primeira autofecundação, os descendentes de

cada planta são semeados em linha; seleciona-se visualmente as melhores famílias e os melhores indivíduos dentro dessas famílias para serem autofecundados. O processo repete-se até atingir a homozigose completa em  $S_6$  ou em gerações mais avançadas. Normalmente há rápida perda de vigor com as primeiras autofecundações, estabilizando-se em seguida (Paterniani e Campos, 1999).

Como mencionado, há outras opções, como o método da cova única, semelhante ao do SSD (single seed descent), proposto por Golden em 1939 para a soja (Borém, 1999). O interessante é que, no caso do milho, este método foi sugerido por Jones e Singleton em 1934, portanto antes da proposição feita para a soja e que ficou na história. Na sua condução, uma amostra de três sementes de cada planta autofecundada é semeada em uma única cova, garantindo-se, assim, pelo menos um representante da planta original. Em cada cova, realiza-se a autofecundação das plantas, misturam-se as sementes geradas e toma-se uma amostra de três sementes para formar a próxima geração. Este processo se repete até que as progênies atinjam o nível de homozigose desejado. Por este método, todas as plantas originais da população segregante estarão sendo representadas, reduzindo os problemas com erros de amostragem. Além disso, ele permite a redução da área experimental, possibilitando trabalhar com um maior número de progênies, aumentando, assim, a possibilidade de sucesso com a seleção entre elas (Viégas e Miranda Filho, 1987).

Uma outra opção é a cultura de anteras. Essa alternativa, embora cientificamente viável, é de uso restrito. Mesmo tendo sido proposta há muitos anos e contar com as facilidades atuais da cultura de tecidos, o seu emprego é muito pequeno. Apesar do método possibilitar a obtenção de linhagens rapidamente, pois é o gameta duplicado, a desvantagem é a pequena frequência de regeneração das plantas (Petolino, 1989).

Ressalta-se também que é comum o melhoramento de linhagens já existentes e com boa performance comercial, porém com algum defeito. Nesse melhoramento, podem ser utilizadas várias alternativas, mas a mais utilizada é o retrocruzamento.

\*A última etapa na obtenção dos híbridos é a avaliação de linhagens. É preciso salientar que essa avaliação deve ser feita com base no desempenho “per se”, sobretudo em combinações híbridas. No caso do desempenho “per se” das linhagens, não há muita informação a respeito. No levantamento realizado por Bauman (1981) entre os melhoristas americanos, ficou evidenciado que a seleção das progênes é visual e que 64% delas eram descartadas logo após a primeira autofecundação, em  $S_1$ . Essa seleção visual repete-se nas gerações subsequentes de modo que, em  $S_4$ , apenas 8% das progênes são mantidas.

\*A avaliação para a capacidade de combinação é um tema muito polêmico, pois há controvérsias a respeito do momento de realizar a avaliação e de como efetuar-la. Como já mencionado, o número de linhagens obtidas, mesmo após a seleção visual, é grande, tomando inviável a avaliação de todas as linhagens por meio de cruzamento dialélico. A alternativa é o emprego de testador, ou seja, a obtenção de ‘topcross’! A escolha do testador é um aspecto controvertido, mas há informações teóricas que auxiliam na decisão (Vencovsky, 1987).

O momento de se realizar a avaliação da capacidade de combinação com o testador também é controvertido. Alguns optam por efetuar-la muito precocemente, em  $S_2$ , por exemplo, já outros melhoristas preferem avaliar após a maioria dos locos estarem em homozigose. A viabilidade da avaliação precoce das linhagens vem sendo questionada há algum tempo. Informações esclarecedoras a esse respeito foram apresentadas por Bernardo (1991), utilizando conhecimentos de Genética Quantitativa. Ele demonstrou que a correlação entre o fenótipo do indivíduo ou das famílias na geração  $F_n$  e do

correspondente genótipo na geração  $F_n$  ( $r_{F_n G_n}$ ) fornecida pela expressão  $r_{F_n G_n} = r_{G_n G_n} h_n$ , ou seja, a correlação é função da raiz quadrada da herdabilidade obtida na avaliação precoce das famílias e a correlação genética do desempenho das famílias nas gerações  $n$  e  $n'$ . O autor também demonstrou que essa última correlação é obtida pela expressão  $r_{G_n G_n} = [(1 + I_n)/(1 + I_{n'})]^{0.5}$ , em que  $I_n$  e  $I_{n'}$  correspondem ao coeficiente de endogamia na geração  $n$  e  $n'$ . Considerando, por exemplo, a avaliação de famílias  $S_2$  e o desempenho das mesmas na geração  $S_\infty$ , quando a homozigose completa foi atingida, tem-se  $r_{G_n G_n} = [(1 + I_2)/(1 + I_\infty)]^{0.5}$ . Como  $I_2 = 3/4$  e  $I_\infty = 1$ ,  $r_{G_n G_n} = [(1 + 3/4)/(1 + 1)]^{0.5} = 0,93$ . Como se observa, esse valor é bastante alto, mesmo para uma geração tão precoce como a  $S_2$ . Assim, a eficiência da seleção precoce é dependente da habilidade dos melhoristas em avaliar com a maior precisão possível as famílias, isto é, a obtenção de maior herdabilidade, pois nessa condição a correlação será alta.

Uma vez obtidas e identificadas as melhores linhagens, as possibilidades de cruzamentos envolvendo-as é grande. Daí a ampla diversidade de tipos de híbridos que podem ser obtidos com a cultura do milho. Uma descrição de alguns desses tipos é apresentada por Viégas e Miranda Filho (1987):

“1) “Topcross” – Resulta do cruzamento entre uma família com endogamia parcial e uma variedade de base genética ampla. Este tipo de híbrido não tem sido considerado de valor comercial, mas é amplamente utilizado nos programas de avaliação de linhagens.

2) Híbrido Simples – É obtido mediante o cruzamento de duas linhagens endogâmicas. Em geral é mais produtivo do que outros tipos de híbridos, apresentando grande uniformidade de plantas e de espigas. A semente tem um custo de produção mais elevado porque a fêmea de um híbrido simples é uma

linhagem que exibe produtividade mais baixa. Desde a metade da década de 60, os híbridos simples foram substituindo os duplos nos EUA, e atualmente, a quase totalidade dos híbridos cultivados são de cruzamentos simples, como já mencionado.

3) Híbrido Simples Modificado – Utiliza-se como genitor feminino o híbrido de duas linhagens muito próximas entre si, isto é,  $A \times A'$ , e como genitor masculino, uma linhagem B, isto é,  $(A \times A') \times B$ . Em qualquer caso, o custo da produção de sementes é reduzido, se comparado ao do híbrido simples, em função do maior vigor obtido no parental feminino, pois mesmo que as linhas A e A' sejam muito próximas, algum vigor será gerado.

4) Híbrido Triplo – É obtido pelo cruzamento de um híbrido simples ( $A \times B$ ) com uma terceira linhagem (C). A linhagem polinizadora deve ser suficientemente vigorosa para poder ser plantada intercaladamente ao híbrido simples e produzir quantidade de pólen suficiente para garantir uma boa produção de grãos nas linhagens femininas. O híbrido triplo também pode ser obtido na forma de híbrido modificado, isto é,  $(A \times B) \times (C \times C')$ , onde C e C' são duas progênes afins de uma mesma linhagem.

5) Híbrido Duplo – É o tipo mais largamente utilizado no Brasil, sendo obtido pelo cruzamento de dois híbridos simples ( $A \times B$ )  $\times$  ( $C \times D$ ), envolvendo, portanto, quatro linhagens endogâmicas.

6) Híbrido Múltiplo – É produzido mediante a utilização de seis ou mais linhagens. Tem sido pouco utilizado comercialmente e sua principal vantagem reside na maior variabilidade genética, que pode resultar em maior amplitude de adaptação.

7) Híbrido Intervarietal – Os híbridos intervarietais podem ser utilizados comercialmente, pois permitem a utilização da heterose sem a necessidade da obtenção de linhagens. Apresentam, portanto, a vantagem de fácil obtenção, além de exibirem uma maior capacidade de adaptação, devido à maior




variabilidade genética, do que os híbridos de linhagens. Apresentam grande desuniformidade quanto aos caracteres agronômicos, sendo, por isso, pouco utilizados.”

Deve-se enfatizar que atualmente, no mercado de sementes, ocorreram algumas mudanças em relação ao que foi descrito por Viégas e Miranda Filho (1987). A principal delas é a substituição gradativa dos híbridos duplos pelos híbridos simples.

#### 2.4 Obtenção de híbridos duplos

O Brasil é um dos maiores produtores mundiais de milho, com uma área cultivada estimada em mais de 13 milhões de hectares (Instituto..., 2001). Depreende-se, então, que a demanda por sementes híbridas é muito grande, pois o uso de híbridos é crescente no país. Entre os vários tipos de híbridos existentes, o híbrido duplo é o preferido pelos agricultores brasileiros principalmente porque possui um preço mais acessível. Embora não existam muitos relatos a esse respeito, estima-se que 34% da área cultivada com milho híbrido utilizem o híbrido duplo, apesar de se observar uma tendência de aumento do emprego dos híbridos simples, principalmente em áreas com maior tecnologia.

Como já comentado, na obtenção de um híbrido duplo estão envolvidas quatro linhagens, as quais são cruzadas aos pares, gerando dois híbridos simples, que posteriormente serão cruzados para a obtenção da geração  $F_1$  do híbrido duplo comercial. Apesar desse tipo de híbrido reduzir o custo da semente, uma vez que a fêmea que originará o híbrido duplo é um híbrido simples, tem-se o trabalho de manutenção das quatro linhagens e do cruzamento entre elas, duas a duas, para a obtenção dos híbridos simples. Esse processo de manutenção de linhagens e de obtenção dos híbridos simples é caro e realizado todos os anos.



Uma alternativa para evitar a etapa de multiplicação das linhagens e obtenção dos híbridos simples seria a utilização da geração  $F_2$  desses híbridos simples. Quando está envolvido um único loco a população atinge o equilíbrio de Hardy-Weinberg após uma geração de cruzamento ao acaso. Com vários locos, a população também atinge o equilíbrio, porém gastam-se mais de uma geração (Falconer e Mackay, 1996). Quando a frequência alélica é de 0,5, e na ausência de ligação, a população também atinge o equilíbrio, para múltiplos locos, com apenas uma geração de intercruzamento. Deve ser salientado que esse fato só é válido a partir de uma população em desequilíbrio cuja frequência dos diferentes gametas seja a mesma. Isso só ocorre no caso da geração  $F_1$  de um híbrido simples (Mettler e Gregg, 1973). Depreende-se, então, que a geração  $F_2$  de um híbrido simples deve ser uma população em equilíbrio e que, portanto, na ausência dos fatores que alteram o equilíbrio, as suas frequências alélicas e genotípicas se manterão inalteradas nas sucessivas gerações de intercruzamento.

O uso da geração  $F_2$  de híbridos simples para a obtenção de híbridos duplos foi preconizado por Kiesselback no início da década de 1930 (Sanchez, 1988). Embora pelo exposto o procedimento seja geneticamente correto, não se têm notícias do seu emprego na prática. Inclusive na literatura há escassez de informações a esse respeito. Os únicos dois relatos encontrados referem-se a trabalhos conduzidos no México, na década de 1960 (Vasques, 1969 e Manrique e Nevado, 1970, citados por Sánchez, 1988).

Em um desses trabalhos, foram comparados os híbridos duplos obtidos a partir da geração  $F_1$  e  $F_2$  de híbridos simples, durante dois anos, 1964 e 1967. Constatou-se que o rendimento médio, quando se utilizou a geração  $F_2$ , foi ligeiramente inferior ao obtido com a geração  $F_1$ , com uma redução de cerca de 5% (Vasques, 1969, citado por Sánchez, 1988). Não foi mencionado se esta diferença observada foi significativa ou não. Em outro experimento realizado em 1970, foram comparados três híbridos duplos provenientes das gerações  $F_1$  e  $F_2$

dos respectivos híbridos simples. Nesse caso, a redução foi menor ainda, de 3,5% (Manrique e Nevado, 1970, citados por Sánchez, 1988). Como a geração  $F_2$  de um híbrido simples apresenta grande variabilidade entre as plantas, o número de indivíduos amostrados para a realização dos cruzamentos deve ser grande, de modo a representar adequadamente cada um dos parentais do híbrido duplo formado. É provável que o tamanho amostral inadequado tenha sido o principal responsável pelas diferenças de rendimento observadas entre os híbridos duplos de  $F_1$  e  $F_2$  nos trabalhos citados acima.

## 2.5 Diversidade genética

De maneira geral diversidade pode ser conceituada como quaisquer diferenças entre espécies ou indivíduos dentro da espécie. Embora Hartl (2000) caracterize as diferenças genéticas entre indivíduos dentro da mesma espécie como polimorfismo genético e as diferenças genéticas entre espécies como divergência ou diversidade genética, este último termo será empregado nesse texto, por ser o mais utilizado na literatura.

Apesar da diversidade genética ser primordial para a continuidade da vida na terra, especialmente na agricultura, em função das exigências dos consumidores, acentua-se a tendência de uma uniformidade crescente. Os riscos decorrentes da uniformidade na agricultura, denominados de vulnerabilidade genética, já foram sentidos em algumas oportunidades. Uma das mais dramáticas foi o ocorrido com a batata na Europa. Em 1840, devido a uma forte incidência do fungo *Phytophthora infestans*, causador da requeima da batata, houve uma grande perda das lavouras devido ao uso generalizado de poucos clones, como consequência, a fome foi grande, provocando a morte de várias pessoas e acentuando a emigração de europeus para os Estados Unidos. Outro exemplo marcante ocorreu com a cultura do milho. Na década de 1970, praticamente todo

o milho híbrido dos Estados Unidos utilizava a macho-esterilidade citoplasmática, com uma única fonte de citoplasmas, o T. Nesse período ocorreu o ataque do fungo *Cochliobolus maydis* Nisik. & Miy., que ataca especificamente as plantas com esse tipo de citoplasma. Devido a uniformidade genética, a disseminação do patógeno foi facilitada e os danos causados à economia americana foram de grande monta (National Academic Science, 1972). Fato semelhante ocorreu no Brasil, quando algumas empresas de semente de milho híbrido, usando o mesmo tipo de citoplasma, não puderam comercializar suas sementes e tiveram enormes prejuízos, como consequência.

A diversidade também tem despertado a atenção dos melhoristas em função da necessidade de cruzar pais divergentes e obter o máximo de variabilidade nos cruzamentos. Assim, a identificação de genitores divergentes é uma busca constante. Embora a detecção da diversidade seja importante, como já comentado, ainda não há consenso sobre a metodologia mais eficiente para a sua quantificação. A literatura é bastante vasta a esse respeito, utilizando ferramentas de biometria, marcadores moleculares ou bioquímicos e estudo de genealogia.

No caso das ferramentas de biometria, elas se fundamentam no estudo da distância genética a partir, principalmente, de marcadores morfológicos. São utilizadas especialmente técnicas de análises multivariadas, pois permitem que a avaliação se dê sobre um conjunto de características de modo que seja possível selecionar materiais promissores, levando em consideração a contribuição e a importância relativa das características para o total da variância existente entre as populações (Oliveira, 1989). Dentre os métodos multivariados, os mais freqüentemente empregados são a análise por componentes principais, a análise por variáveis canônicas e, por último, os métodos de agrupamento (Johnson e Wichem, 1988).

O emprego de marcadores morfológicos para estimar a divergência genética é freqüente na literatura, inclusive no Brasil (Melo, 2000; Reis, 1998; e Ferreira, 1993). O inconveniente dessas metodologias é que muitas vezes os indivíduos são divergentes para vários caracteres morfológicos sem importância econômica, porém a divergência é restrita para o(s) caráter(es) de maior interesse.

Uma outra alternativa biométrica utilizada para a determinação da divergência genética seria a análise dialélica. O fundamento, nesse caso, é de que serão mais divergentes os pais que apresentarem maior capacidade específica de combinação ou heterose. Conforme Falconer e Mackay (1996) mostraram, a heterose é fornecida pela expressão  $h = (p - r)^2 \delta$ , em que o  $\delta$  é a contribuição dos locos em heterozigose em relação à média e  $p$  e  $r$  são as freqüências alélicas do alelo favorável em cada um dos parentais. Observe que a heterose será tanto maior quanto mais divergentes forem os genitores, ou seja, quanto maior a diferença nas suas freqüências alélicas. A limitação na utilização dessa metodologia é que se o número de genitores ( $n$ ) for grande, a obtenção de todas as  $n(n - 1)/2$  combinações híbridas, e sobretudo a sua avaliação, são inviáveis.

O uso de genealogia possibilita também avaliar a divergência. Essa metodologia tem sido empregada com uma certa freqüência entre os melhoristas; contudo, os resultados obtidos não são concordantes com os obtidos pelos outros procedimentos de avaliação da divergência (Reis, 1998). Isso ocorre, provavelmente, pelo fato de que apesar de dois ou mais indivíduos serem aparentados, eles podem apresentar constituições genéticas completamente diferentes.

Com o advento dos marcadores bioquímicos o estudo da divergência tomou um novo alento. Inicialmente a ênfase foi direcionada ao emprego de

isoenzimas. Essa técnica, embora factível, tem como inconveniente o pequeno número de marcadores em condições de serem manuseados.

Os marcadores moleculares desenvolvidos a partir da década de 1980 têm sido utilizados especialmente para avaliar a divergência. Como a informação é obtida diretamente do material genético – DNA, ela é muito mais precisa. Novamente é preciso salientar que é identificada divergência em todo o genoma e não apenas na(s) característica(s) de interesse; então, pode ser que os indivíduos sejam muito divergentes, porém em regiões do DNA sem interesse imediato do melhorista ou evolucionista. Mesmo com essa restrição seu emprego é generalizado (Ajmore Marsan et al., 1998; Duarte, 1998; e Machado, 1999).

Outra alternativa para quantificar a divergência genética entre os cultivares de milho foi proposta por Troyer, Openshaw e Knittle (1988) e tem como fundamento a depressão por endogamia. Essa metodologia estima a divergência genética baseando-se em caracteres específicos de interesse do melhorista, proporcionando informações mais úteis e confiáveis. A estimativa da divergência entre dois híbridos simples é obtida a partir dos dados do desempenho médio do caráter de interesse para a geração  $F_1$  e  $F_2$  dos respectivos híbridos e a média da geração  $F_1$  do híbrido duplo entre eles, isto é, a divergência genética é obtida pela expressão:

$$DG = 1 - \frac{H - C}{H - S}$$

onde:

DG – é a diversidade genética entre os híbridos;

H – a média da geração  $F_1$  dos híbridos simples parentais;

C – a média da geração  $F_1$  do híbrido duplo proveniente de dois híbridos simples parentais;

S – a média da geração  $F_2=S_0$  dos dois híbridos simples.

A relação entre os termos da expressão pode ser visualizada na figura 1. Nota-se que o termo  $H - S$  representa a depressão por endogamia observada para uma geração de autofecundação (coeficiente de endogamia de 0,5), e  $H - C$  a depressão observada no híbrido duplo resultante do cruzamento dos dois híbridos simples mencionados. Sendo  $F$  o coeficiente de endogamia do cruzamento e assumindo-se uma relação linear entre ele e a depressão por endogamia, então:  $(H - S)/0,5 = (H - C)/F$  e  $F = 0,5 \left[ \frac{H - C}{H - S} \right]$ , haja vista que o coeficiente de endogamia dos híbridos autofecundados será 0,5, como já mencionado.

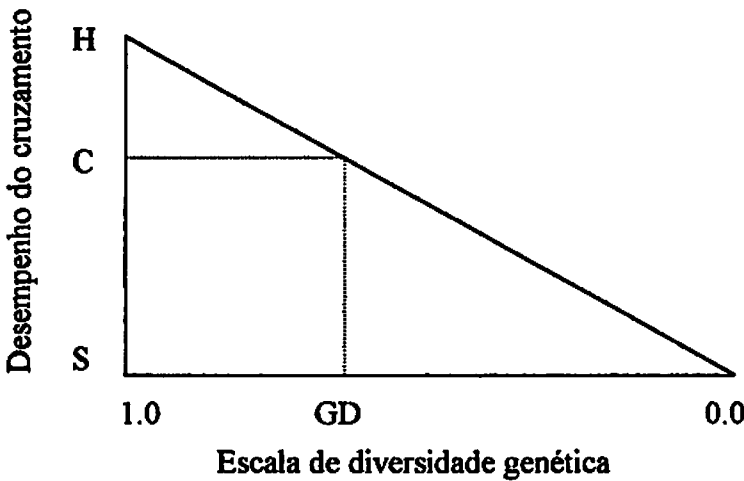


FIGURA 1 - Determinação da diversidade genética com interpretação geométrica.

No caso de dois híbridos idênticos, tanto o cruzamento entre eles como sua autofecundação resultam nos mesmos genótipos com as mesmas frequências e o coeficiente de endogamia será, em ambos os casos, de 0,5. Neste caso, a

divergência genética estimada pela expressão será de zero. Cruzando-se dois híbridos não relacionados, a depressão por endogamia será nula e, conseqüentemente, o coeficiente de endogamia também o será, de modo que a divergência assume o valor unitário ( $DG = 1,0$ ). Do exposto, a seguinte expressão pode ser obtida:  $DG = 1 - 2F$ . Assim,  $DG = 1 - \frac{H - C}{H - S}$ .

Para melhor entendimento dessa expressão os autores utilizaram um modelo considerando indivíduos diplóides e um loco com dois alelos,  $B^1$  e  $B^2$ . Nessa situação, são possíveis nove combinações genótípicas dos dois híbridos envolvidos, isto é:

Classe dos locos	Nº de locos por classe	Híbrido 1 (H1)	Híbrido 2 (H2)
I	i	$B^1B^1$	$B^1B^1$
J	j	$B^1B^1$	$B^1B^2$
K	k	$B^1B^1$	$B^2B^2$
L	l	$B^1B^2$	$B^1B^1$
M	m	$B^1B^2$	$B^1B^2$
N	n	$B^1B^2$	$B^2B^2$
O	o	$B^2B^2$	$B^1B^1$
P	p	$B^2B^2$	$B^1B^2$
Q	q	$B^2B^2$	$B^2B^2$

Assumindo os valores para os desvios em relação à média de  $\alpha$  para  $B^1B^1$ ,  $-\alpha$  para  $B^2B^2$  e  $\delta$  para  $B^1B^2$ , como já foi definido anteriormente, pode-se obter os seguintes valores genóticos, considerando um loco, para a geração  $F_1$  e  $F_2$  de cada híbrido simples e para o cruzamento dos dois híbridos sob consideração:



Classe dos locos	F <sub>1</sub> H <sub>1</sub>	F <sub>1</sub> H <sub>2</sub>	F <sub>2</sub> H <sub>1</sub>	F <sub>2</sub> H <sub>2</sub>	H <sub>1</sub> x H <sub>2</sub>
I	$\alpha$	$\alpha$	$\alpha$	$\alpha$	$\alpha$
J	$\alpha$	$\delta$	$\alpha$	$\delta/2$	$\alpha/2 + \delta/2$
K	$\alpha$	$-\alpha$	$\alpha$	$-\alpha$	$\delta$
L	$\delta$	$\alpha$	$\delta/2$	$\alpha$	$\alpha/2 + \delta/2$
M	$\delta$	$\delta$	$\delta/2$	$\delta/2$	$\delta/2$
N	$\delta$	$-\alpha$	$\delta/2$	$-\alpha$	$-\alpha/2 + \delta/2$
O	$-\alpha$	$\alpha$	$-\alpha$	$\alpha$	$\delta$
P	$-\alpha$	$\delta$	$-\alpha$	$\delta/2$	$-\alpha/2 + \delta/2$
Q	$-\alpha$	$-\alpha$	$-\alpha$	$-\alpha$	$-\alpha$

Assim, considerando todos os locos, as médias da geração F<sub>1</sub> (H) e F<sub>2</sub> (S) dos híbridos e do cruzamento (C) serão fornecidas pelas expressões:

$$H = I\alpha + (\frac{1}{2})J(\alpha + \delta) + (\frac{1}{2})L(\alpha + \delta) + M\delta - (\frac{1}{2})N(\alpha + \delta) - (\frac{1}{2})P(\alpha + \delta) - Q\alpha$$

$$S = I\alpha + (\frac{1}{2})J(\alpha + \delta/2) + (\frac{1}{2})L(\alpha + \delta/2) + (\frac{1}{2})M\delta + (\frac{1}{2})N(-\alpha + \delta/2) + (\frac{1}{2})P(-\alpha + \delta/2) - Q\alpha$$

$$C = I\alpha + \frac{1}{2}J(\alpha + \delta) + K\delta + \frac{1}{2}L(\alpha + \delta) + \frac{1}{2}M\delta + \frac{1}{2}N(-\alpha + \delta) + O\delta + \frac{1}{2}P(-\alpha + \delta) - Q\alpha$$

Resolvendo essas expressões em função dos contrastes H - C e H - S, tem-se:

$H - C = (\delta/2)(M - 2K - 2O)$  e  $H - S = (\delta/4)(J + L + 2M + N + P)$ , chegando, assim, à seguinte expressão geral para a divergência genética:

$$DG = 1 - \frac{H - C}{H - S} = 1 - \frac{(-K + M/2 - O)}{(J/4 + L/4 + M/2 + N/4 + P/4)} = \frac{(J + 4K + L + N + 4O + P)}{(J + L + 2M + N + P)}$$

Observa-se que o híbrido H<sub>1</sub> é heterozigoto nos locos l + m + n e o H<sub>2</sub> nos locos j + m + p, de modo que a contribuição dos locos em heterozigose para as médias será de  $(\frac{1}{2})(J + L + 2M + N + P) = T$ . Substituindo na expressão geral

tem-se que  $DG = \frac{(T - M + 2K + 2O)}{T}$ . Veja que M representa o número de

locos em que os dois híbridos são heterozigotos simultaneamente e K + O o número de locos em que eles são homozigóticos contrastantes. Assim, se os dois híbridos são idênticos, M=T, pois K + O=0, a divergência genética será nula. No

caso de dois híbridos com uma linhagem em comum, ou seja, apenas três linhagens distintas,  $K=O=0$ . Desse modo,  $DG = (T - M)/T$ . Se as três linhagens apresentarem o mesmo número de alelos favoráveis e estes estiverem dispersos aleatoriamente entre os locos de cada uma delas, então  $M = (J + L + N + P)/2$  e a divergência é de 0,5. Vale salientar que a divergência genética estimada por essa expressão poderá ser superior à unidade. Isto ocorrerá quando  $2K + 2O = M$ , indicando haver maior heterozigose nos híbridos duplos do que na média dos dois híbridos simples.

Para testar este método, Troyer, Openshaw e Knittle (1988) realizaram um experimento envolvendo cinco híbridos simples de duas empresas americanas de sementes de milho, Pioneer Hi-Breed International e Pfizer Genetics, visando identificar a diversidade genética presente entre os híbridos dentro de uma mesma firma e entre os híbridos de firmas diferentes. Entre as características avaliadas, a produção de grãos proporcionou estimativas de diversidade genética mais precisas, sendo que o valor médio encontrado entre todos os híbridos foi de 0,74, variando de 0,17 a 1,34 e de 0,28 a 1,12 entre os híbridos dentro de cada uma das firmas (Pioneer e Pfizer, respectivamente). Entre os híbridos testados estavam dois dos mais populares híbridos simples americanos para o ano de 1985, o 3732 da Pioneer e o T1100 da Pfizer, tendo sido encontrado o valor de 0,94 para a diversidade genética entre eles, indicando que os mesmos eram virtualmente não relacionados, ou seja, provenientes de materiais não aparentados.

Comparando a eficiência das metodologias de avaliação da divergência por meio de dados de isoenzimas, RFLP e a metodologia de Troyer, Openshaw e Knittle (1988), Smith e Smith (1992), utilizando híbridos americanos de genealogia conhecida, constataram que os valores obtidos pela metodologia de Troyer, Openshaw e Knittle (1988) apresentaram correlação alta (0,94) com os dados da genealogia e o uso de RFLP (0,91). Do exposto, constata-se que a

metodologia baseada na depressão por endogamia, proposta por Troyer, Openshaw e Knittle (1988), é eficiente na determinação da divergência genética entre híbridos de milho, associando, assim, as vantagens de eficiência, o custo relativamente baixo da sua aplicação e a utilização apenas do caráter de interesse dos melhoristas. Apesar disso tudo, não se têm relatos da sua utilização, especialmente no Brasil.

### 3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, A.F. B. **Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais.** Lavras: UFLA, 1997. 80p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- AJMONE MARSAN, P.; CASTIGLIONI, P.; FUSARI, F.; KUIPER, M.; MOTTO, M. Genetic diversity and its relationship to hybrid performance in maize as revealed by RFLP and AFLP markers. **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v.96, n.2, p.219-227, Feb. 1998.
- ARAÚJO, J.S. de. **Ganhos genéticos obtidos em híbridos e variedades de milho representativos de três décadas de melhoramento no Brasil.** Lavras: UFLA, 1995. 64p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- ARIAS, E.R.A.; RAMALHO, M.A.P. Maize genetic progress in the State of Mato Grosso do Sul, Brazil, from 1986/94. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.9, p.1549-1554, set. 1998.
- BAUMAN, L.F. Review of methods used by breeders to develop superior corn inbreds. In: CORN AND SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 36., 1981, Local. **Proceedings...** Local, 1981. p.199-208.
- BERNARDO, R. Correlation between tests cross performance of lines at early and last selfing generation. **Theoretical Applied Genetics**, Berlin, v.82, n.1, p.17-21, Jan. 1991.
- BOREM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas.** Viçosa: UFV, 1999. 817p.

- CARDOSO, R.G.** Depressão por endogamia dos componentes da produção em populações e híbridos de milho (*Zea mays* L.) Piracicaba: ESALQ, 1999. 134P. (Dissertação –Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- CARDWELL, V.B.** Fifty years of Minnesota corns production: sources of yield increase. *Agronomy Journal*, Madison, v.74, n.6, p.984-990, Nov. 1982.
- COMSTOCK, R.E.** Selection procedures in corn improvement. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRIAL RESEARCH CONFERENCE, 19., 1964, Local. Proceedings... Local, 1964. p.1-8.
- DUARTE, J.M.** Estudo da divergência genética em raças de feijão por meio de marcadores RAPD. Lavras: UFLA, 1998. 78p. (Dissertação – Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- DUVICK, D.N.** Maize breeding: past, present and future. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 20., 1994, Goiânia. Anais... Goiânia, 1994. p.1-19.
- FALCONER, D.S. MACKAY, T.F.C.** Introction to quantitative genetics. Malaysia: Longman, 1996. 463p.
- FEHR, W.R.** Principles of cultivar development: theory and technique. New York: MacMillan Publishing, 1987.
- FERREIRA, D.F.** Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos. Lavras: UFLA, 1993. 72p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- HALLAUER, A.R.** Methods used in developing maize inbreed lines. *Maydica*, Bergamo, v.35, n.1, p.1-16, 1990.
- HARTL, D.H.** A primer of population genetics. 3.ed. Sunderland: Sinauer Associates, 2000. 234p.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA** Levantamento sistemático da produção agrícola. São Paulo, IBGE, 2001. Disponível em: <<http://www1.ibge.gov.br/ibge/estatística/indicadores/agropecuária/lspa/default.shtm> Acesso em: 20 Jul. 2001.

- JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statical analysis.** New Jersey: Prendtice-Hall, 1988. 607p.
- LAMKEY, K.R.; SCHNICKER, B.J.; MELCHINGER, A.E. Epistasis in na elite maize hibrid and choice of generation for inbred line development. **Crop Science**, Madison, v.35, n.5, p.1272-1281, Sept./Oct. 1995.
- LAMKEY, K.R.; SMITH, O.S. Performance and inbreeding depression of populations representing seven eras of maize breeding. **Crop Science**, Madison, v.27, n.4, p.695-699, July/Aug. 1987.
- LIMA, M.; MIRANDA FILHO, J.B.; GALLO, P.B. Inbreeding depression in Brazilian populations of maize (*Zea mays* L.) **Maydica**, Bergamo, v.29, n.1, p.203-215, 1984.
- LIMA, M.W.P. **Alternativa de escolha de populações de milho para extração de linhagens.** Lavras: UFLA, 1999. 49p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- MACHADO, C.F. **Procedimentos para a escolha de genitores de feijão.** Lavras: UFLA, 1999. 118p.
- MEGHJI, M.R.; DUDLEY, J.W.; LAMBERT, R.J.; SPRAGUE, G.J. Inbreeding depression, inbred and hybrid grain yields and other traits of maize genotypes representing three eras. **Crop Science**, Madison, v.24, n.3, p.545-549, May/June 1984.
- MELO, W.M.C. **Divergência genética e capacidade de combinação entre híbridos de milho.** Lavras: UFLA, 2000. 74 p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- METTLER, L.E.; GREGG, T.G. **Genética de populações e evolução.** São Paulo: Polígono, 1973. 262p.
- NASS, L.L. **Variabilidade genética de populações semi-exóticas de milho (*Zea mays* L.)** Piracicaba: ESALQ/USP, 1992. 136p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- NATIONAL ACADEMIC SCIENCE. **Genetic vulnerability of major crops.** Washington: [s.n.], 1972. 307p.

- OLIVEIRA, E.J.** Análise multivariada no estudo da divergência genética entre cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). Viçosa: UFV, 1989. 91p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- OLIVEIRA, L.B.** Alternativas na escolha dos parentais em um programa de melhoramento de feijoeiro. Lavras: UFLA, 1995. 67p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X.; CRUZ, C.D.; GUIMARÃES, P.E.O.; PARENTONI, S.N.; GAMA, E.E.G.; CARVALHO, H.W.L.; VIEIRA, P.A.; SILVA, A.E.** Avaliação da depressão por endogamia em 28 populações elites de milho In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 22., 1998, Recife. Anais... Recife, 1998. CD-ROM
- PACKER, D.** Variabilidade genética e endogamia em quatro populações de milho (*Zea mays* L.) Piracicaba: ESALQ/USP, 1998. 102p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S.** Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (ed.). Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa: UFV, 1999.
- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B.** Melhoramento e produção de milho. 2 ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987.
- PETOLINO, J.F.** Use of anter culture and related procedures for corn improvement. In: CORN NA SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 44., 1989, Local. Proceedings... Local: 1989. p.63-75.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.B.P.** Genética na agropecuária. São Paulo: Globo, 1989. 359p.
- REIS, W.P.** Divergência genética entre cultivares brasileiros de trigo recomendados no Brasil. Piracicaba: ESALQ, 1998. 77p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- RUSSEL, W.A.** Agronomic performance of maize cultivars representing different eras of maize breeding. *Maydica*, Bergamo, v. 29, p.375-390, 1984.
- RUSSEL, W.A.** Comparative performance for maize hybrids representing different eras of maize breeding. *Proceedings Corn Sorghum Research Conference*, Bergamo, v.29, p.81-101, 1974.

- SÁNCHEZ, F.M. Genotecnia vegetal - métodos, teoria, resultados. México: AGT, 1988. Tomo II, p.357-380.
- SMITH, O.S.; SMITH, J.S.C. Measurement of genetic diversity among maize hybrids; a comparasion of isozymic, RFLP, pedigree, and heterosis data. *Maydica*, Bergamo, v.37, n.1, p.53-60, 1992.
- TERESAWA JÚNIOR, F. Seleção recorrente com endogamia em duas populações de milho: avaliação quantitativa e perspectivas para seleção de híbridos. Piracicaba: ESALQ/USP, 1993. 169p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- TROYER, A.F. Background of U.S. hybrid corn. *Crop Science*, Madison, v.39, n.3, p.601-626, May/June 1999.
- TROYER, A.F.; MASCIA, P.N. Key tecnologies impacting corn genetic improvement - past, present and future. *Maydica*, Bergamo, v.44, n.1, p.55-68, 1999.
- TROYER, A.F.; OPENSHAW, S.J.; KNITTLE, K.H. Measurement fo genetic diversity among popular commercial corn hybrids. *Crop Science*, Madison, v.28, n.3, p.481-485, May/June 1988.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. *Melhoramento e produção do milho*. Campinas: Fundação Cargill, 1987.
- VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M.A.P. Contribuição do melhoramento genético de plantas no Brasil. In: PATERNIANI, E. (ed.). *Agricultura brasileira e pesquisa agropecuária*. Brasília: Embrapa comunicação para transferência de tecnologia, 2000. p.57-89.
- VIANNA, R.T.; GAMA, E.E.G.; NASPOLINI FILHO, V.; MORO, J.R.; VENCOVSKY, R. Inbreeding depression of several introduced populations of maize. *Maydica*, Bergamo, v.27, n.1, p.151-157, 1982.
- VIÉGAS, G.P.; MIRANDA FILHO, J.B. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. (ed.). *Melhoramento e produção de milho*. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1, cap.7, p.275-340.

**WOLF, D.P.; HALLAUER, A.R.** Triple testcross analysis to detect epistasis in maize. **Crop Science, Madison, v.37, n.3, p.763-770, May/June 1997.**

**WYCH, R.D.** Production of hybrid seed corn. In: **SPRAGUE, G.F.; DUDLEY, J.W.** Corn and corn improvement. Madison: Wisconsin, 1988. p.565-638.



## **CAPÍTULO 1**

# **DIVERSIDADE GENÉTICA E POTENCIAL DAS LINHAGENS DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO**

## RESUMO

SOUZA SOBRINHO, F. **Diversidade genética e potencial das linhagens de híbridos simples de milho.** Lavras: UFLA, 2001. 96p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)<sup>3</sup>.

A adoção de híbridos simples de milho é crescente no país. Entre as questões que ocorrem constantemente estão o risco da vulnerabilidade genética devido ao uso generalizado de materiais mais uniformes e qual o potencial desses híbridos para a extração de linhagens. Para responder a estas questões foi realizado o presente trabalho com o objetivo de avaliar a divergência genética de alguns híbridos simples e o potencial desses híbridos na extração de linhagens. Foram conduzidos experimentos em duas localidades do Sul de Minas Gerais, Lavras e Lambari, no ano agrícola de 1997/98. Utilizaram-se sete híbridos simples de diferentes empresas, os quais foram cruzados dois a dois, gerando 21 híbridos duplos. Esses híbridos foram avaliados em experimentos conduzidos no delineamento de blocos casualizados, com três repetições. De modo análogo, e situadas próximo, também foram avaliadas as gerações  $F_1$ ,  $F_2$  e  $F_3$  dos sete híbridos simples. Em todos eles foram anotados dados referentes ao peso de espigas despalhadas, corrigido para 13% de umidade. Os dados de divergência foram submetidos à análise de variância e foram obtidas estimativas de  $m + a'$  e  $d$  utilizando o método dos quadrados mínimos a partir da média das gerações  $F_1$ ,  $F_2$  e  $F_3$  dos respectivos híbridos. Concluiu-se que a metodologia utilizada foi eficiente em avaliar a divergência genética que, em média, foi de 0,65, indicando que os híbridos simples avaliados são divergentes e que o risco de vulnerabilidade genética é pequeno. Os híbridos diferiram na contribuição de  $m + a'$  e  $d$  para o seu desempenho, sendo que, em média, a contribuição do  $m + a'$  foi de 29,4%, variando de 43,5%, para o AG9012, a 20,7%, para o P3069.

---

<sup>3</sup> Orientador: Prof. Doutor Magno Antonio Patto Ramalho – Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras, MG, C.P. 37, CEP 37200-000.

## ABSTRACT

SOUZA SOBRINHO, F. Genetic diversity and inbreeding potential of maize commercial hybrids. Lavras: UFLA, 2001. 96p. (Doctoral Thesis in Genetics and Plant Breeding)<sup>4</sup>

Among the questions frequently asked about single cross hybrids growing on Brazilian farms, two are depicted: a) what are the risks of genetic vulnerability caused by the generalized use of related materials; and, b) what is the potential of these materials for inbred line extraction. The present study was carried out to assess the genetic divergence of some single cross hybrids and to evaluate their potential for inbred line extraction. Seven SH from different commercial companies were pair wise crossed to generate 21 DH, which were evaluated in a randomized complete block design with three replications. Similarly, the F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub> and F<sub>3</sub> generations of the seven individual single cross hybrids were also assessed in independent nearby experiments. Weight of de-husked ear data were recorded in each experiment and corrected to 13% moisture. The genetic divergence data were submitted to an analysis of variance, and seven sets of estimates of  $m + a'$  and  $d$  were obtained from the mean of the F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub> and F<sub>3</sub> generations of the individual hybrids using the least square method. The methodology used was efficient in assessing genetic divergence that was, on average, 0.65 indicating that the single cross hybrids are divergent and that the risk of genetic vulnerability is small. The hybrids differed in the potential for inbred lines extraction based on the contribution of  $m + a'$  and  $d$  for their performance. The average  $m + a'$  contribution was 29.4% with a range of 43.5 (AG9012) to 20.7 (P3069).

---

<sup>4</sup> Guidance Committee: Magno Antonio Patto Ramalho (Major Professor) – UFLA, Lavras, MG, C.P. 37, CEP 37200-000.

## 1 INTRODUÇÃO

Os agricultores, e principalmente os consumidores, exigem cada vez maior uniformidade, o que, na maioria das situações, é conseguido utilizando cultivares geneticamente homogêneas, como clones, linhagens e híbridos simples. Na cultura do milho isso também ocorre. Nos Estados Unidos, já há alguns anos os híbridos simples predominam no mercado. No Brasil, especialmente entre os agricultores mais tecnificados, a tendência na adoção desse tipo de híbrido é crescente. Essa uniformidade genética evidentemente acarreta alguns riscos, cujos efeitos já foram observados em algumas espécies e em vários países (National Academic Science, 1972).

No Brasil, a utilização de híbridos simples de milho concentra-se em determinadas regiões, normalmente em extensas áreas, o que pode aumentar o risco de vulnerabilidade genética. Entretanto, esse risco pode ser reduzido desde que sejam utilizados, e/ou recomendados para o cultivo, híbridos simples não aparentados. Nesse contexto, as informações são restritas, pois as empresas mantêm sigilo das linhagens utilizadas, bem como da(s) população(ões) que as originaram. Para ter informações a esse respeito, há algumas metodologias que utilizam marcadores morfológicos ou moleculares (Dubreuil et al., 1996; Revilla e Tracy, 1997; e Ajmore Marsan et al., 1998). Uma outra alternativa de fácil aplicação foi proposta por Troyer, Openshaw e Knittle (1988) e tem como princípio a depressão por endogamia no cruzamento dos híbridos simples dois a dois, isto é, quanto maior a depressão, menos aparentado eles serão. Infelizmente, essa metodologia ainda não foi empregada com híbridos desenvolvidos no Brasil.

O desempenho de um híbrido depende da contribuição da heterose – dos locos em heterozigose, e da média das linhagens parentais, isto é, dos locos em que as linhagens não diferem. Foi constatado que a heterose aumentou

substancialmente quando se compararam híbridos representantes de sete eras do melhoramento de milho americano, sendo que a primeira foi representada por variedades de polinização aberta cultivadas antes de 1930, e a última, por híbridos da década de 1980. Porém, a heterose como porcentagem da média dos híbridos não se alterou nesse período, sendo similar para as diferentes eras. Isso indica que o aumento no potencial produtivo dos híbridos americanos foi decorrente principalmente do aumento da contribuição relativa do desempenho das linhagens parentais (Lamkey e Smith, 1987). A obtenção de informações semelhantes a essas para os híbridos brasileiros contribuirá para orientar os futuros trabalhos de melhoramento.

A utilização de híbridos para a extração de linhagens é uma prática comum nos programas de melhoramento, sobretudo por serem adaptados (Troyer, 1999). Como há inúmeras opções, é necessário identificar os híbridos mais promissores. Uma das alternativas é a estimativa de  $m + a'$ , ou seja, a média das linhagens parentais, que fornece o potencial de uma população para a extração de linhagens (Lima, 1999 e Vencovsky, 1987). Para a maioria dos híbridos utilizados no Brasil, não se dispõe dessas informações.

Do exposto, foi realizado o presente trabalho visando avaliar a divergência genética utilizando a metodologia de Troyer, Openshaw e Knittle (1988), e também estimar a contribuição relativa da heterose e da média das linhagens parentais de alguns híbridos simples utilizados no Brasil.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos em duas localidades do Sul do Estado de Minas Gerais, Lavras e Lambari, estando situadas, respectivamente, à 21° 14' de latitude sul e 45° 00' de longitude oeste, e 21° 58' de latitude sul e 45° 22' de longitude oeste.

Foram utilizados sete híbridos simples, sendo P3069, da empresa Pioneer; C901, C909 e C333, da Cargill; AG9012, da Agroceres; e Z8452 e Z8392, da Zeneca. De posse da geração  $F_1$  desses híbridos, adquiridas no comércio local, foram obtidas as gerações  $F_2=S_0$  e  $F_3=S_1$  de cada híbrido, por meio de autofecundações. Foram obtidos, também, 21 híbridos duplos provenientes do cruzamento dois a dois dos sete híbridos simples.

Os 21 híbridos duplos e as gerações  $F_1$ ,  $F_2$  e  $F_3$  dos híbridos simples foram avaliados, separadamente, em experimentos contíguos, conduzidos no delineamento de blocos casualizados, com três repetições, sendo cada parcela constituída por duas linhas de 4 metros de comprimento. A adubação de plantio foi de 600 kg/ha de 4-14-8 com zinco, e em cobertura foram aplicados 200 kg/ha de sulfato de amônio.

Em todos os experimentos foram anotados os dados referentes ao peso de espiga despalhada, corrigido para 13% de umidade.

Foi realizada uma análise de variância por local e, posteriormente, a análise conjunta. Com os dados médios de cada local, foi estimada a divergência genética pela expressão proposta por Troyer, Openshaw e Knittle (1988), ou seja:

$$DG = 1 - \frac{H - C}{H - S}$$

onde:

DG – é a diversidade genética entre os híbridos;

H – a média da geração  $F_1$  dos híbridos simples parentais;

C – a média da geração  $F_1$  do híbrido duplo proveniente do cruzamento de dois híbridos simples parentais;

S – a média da geração  $F_2=S_0$  dos dois híbridos simples.

Posteriormente, com as divergências estimadas em cada local, procedeu-se a uma análise de variância, considerando cada local como se fosse uma

repetição, tornando possível, assim, detectar se as diferenças entre as divergências genéticas estimadas foram significativas ou não.

A contribuição relativa da heterose em relação à média das linhagens foi obtida utilizando metodologia semelhante à proposta por Vencovsky (1987). Nesse caso, foram utilizados dados das gerações  $F_1$ ,  $F_2$  e  $F_3$ .

Utilizando os dados médios dos dois locais, foram obtidas as estimativas dos componentes de média,  $m+a'$  e  $d$ , em que  $m$  é a média fenotípica de todas as linhagens possíveis na geração  $F_{\infty}$ , do cruzamento de pais completamente contrastantes;  $a'$  é o somatório dos efeitos dos locos fixados nos genitores, ou seja, dos locos em que eles não são contrastantes; e  $d$  é o desvio dos heterozigotos em relação à média. Para isso foi utilizado o método dos quadrados mínimos, ou seja, o estimador dos parâmetros do modelo obtido pela expressão  $\hat{B} = (X'X)^{-1}X'Y$ , em que  $B$  é o vetor dos parâmetros  $m + a'$  e  $d$ , e  $X$  é a matriz do modelo. No presente caso, como  $\bar{F}_{1j} = (m+a')_j + d_j$ ,  $\bar{F}_{2j} = (m+a')_j + (1/2)d_j$  e  $\bar{F}_{3j} = (m+a')_j + (1/4)d_j$ , a matriz  $X$  será:


$$X = \begin{vmatrix} 1 & 1 \\ 1 & 1/2 \\ 1 & 1/4 \end{vmatrix} \quad Y = \begin{vmatrix} \bar{F}_{1j} \\ \bar{F}_{2j} \\ \bar{F}_{3j} \end{vmatrix}$$

Y corresponde ao vetor dos resultados, ou seja:

onde  $\bar{F}_{1j}$ ,  $\bar{F}_{2j}$  e  $\bar{F}_{3j}$  são as médias das gerações  $F_1$ ,  $F_2$  e  $F_3$ , respectivamente, do híbrido  $j$ ,

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Em ambos os locais, a precisão experimental da avaliação das diferentes gerações foi boa e o coeficiente de variação foi, em todos os casos, inferior a



14%. A produtividade média de espigas despalhadas também foi alta, acima de 12 t/ha para a geração F<sub>1</sub> dos híbridos simples, de 7,7 t/ha para a geração F<sub>2</sub> e de 5,6 t/ha para a geração F<sub>3</sub>. Em todos os casos, foi detectada diferença significativa entre os híbridos, evidenciando a existência de variabilidade entre eles nas diversas gerações avaliadas.

As estimativas de divergência genética entre os híbridos são apresentadas na Tabela 2. Inicialmente, é preciso enfatizar que no procedimento adotado por Troyer, Openshaw e Knittle (1988), para estimar a divergência, a principal limitação é a impossibilidade de determinar se as diferenças entre as estimativas são significativas ou não. No presente trabalho, como foram obtidos valores em experimentos conduzidos em dois locais, por meio de uma análise de variância, considerando cada local como uma repetição, foi possível verificar se as diferenças entre as mesmas foram significativas. Constatou-se, assim, diferença ( $P \leq 0,01$ ) entre os tratamentos, indicando que há variação no grau de parentesco dos híbridos envolvidos.

Pela metodologia é esperado que a estimativa de divergência genética entre dois híbridos idênticos seja 0. Valores de divergência próximos de 0,5 são previstos no caso de dois híbridos com uma linhagem em comum e outra não relacionada, embora esses valores possam ser alterados de acordo com a capacidade específica de combinação das duas linhagens diferentes dos dois híbridos envolvidos. Desse modo, quanto menor a associação entre as linhagens dos híbridos, maior o valor de divergência genética (Troyer, Openshaw e Knittle, 1988).



TABELA 2 – Valores de diversidade genética para cada par de híbridos, para a média de cada híbrido e para a média geral, baseados no peso de espigas despalhadas (t/ha), obtidos pela análise conjunta dos dados dos experimentos de Lavras e Lambari, na safra de 1997/98.

	P3069	C901	C909	C333	Z8392	Z8452	Médias
AG9012	0.26 <sup>1*</sup>	0.75 <sup>2</sup>	1.03 <sup>3</sup>	0.91 <sup>3</sup>	0.63 <sup>2</sup>	0.73 <sup>2</sup>	0.72
P3069		0.4 <sup>1</sup>	0.86 <sup>3</sup>	0.4 <sup>1</sup>	0.48 <sup>1</sup>	0.44 <sup>1</sup>	0.47
C901			0.28 <sup>1</sup>	0.94 <sup>3</sup>	0.62 <sup>2</sup>	0.74 <sup>2</sup>	0.62
C909				0.8 <sup>2</sup>	0.72 <sup>2</sup>	0.76 <sup>2</sup>	0.74
C333					0.63 <sup>2</sup>	0.71 <sup>2</sup>	0.73
Z8392						0.54 <sup>1</sup>	0.6
Z8452							0.65
Média							0.65
CV (%)							14.8

CV – coeficiente de variação da análise de variância dos valores de diversidade genética estimados para cada híbrido duplo.

\* – Agrupamento pelo teste de Scott e Knott (1974).

Nesse trabalho a estimativa da divergência genética média foi de 0,65 (Tabela 2). Troyer, Openshaw e Knittle (1988), avaliando a divergência genética entre dez híbridos de duas empresas com grande participação no mercado americano, encontraram uma divergência média de 0,74. Já Smith e Smith (1992), estudando a divergência de 10 híbridos simples americanos, encontraram valor médio de 0,59. Depreende-se que o risco de vulnerabilidade genética, na utilização de híbridos simples, tanto no Brasil como nos EUA, é pequeno.

Observa-se, contudo, que ocorreu acentuada diferença nas estimativas das divergências entre os pares de híbridos. O menor valor (0,26) foi do par AG9012 e P3069, e o maior, 1,03, do par AG9012 e C909. Vale salientar que não são esperadas estimativas maiores que a unidade. Isso ocorre devido ao erro

amostral ou como Troyer, Openshaw e Knittle (1988) comentaram, devido à maior divergência entre do que dentro dos híbridos.

Quando se consideram os híbridos dentro de uma mesma empresa, é esperado que os mesmos apresentem um maior grau de parentesco, em virtude da possibilidade de participação de uma mesma linhagem em duas ou mais combinações híbridas, ou da maior semelhança alélica entre as linhagens envolvidas nos híbridos, uma vez que a população de origem pode ser a mesma. Isso ocorreu, por exemplo, entre os híbridos C901 e C909, com 0,28 de divergência, sendo que, nesse caso, tais híbridos devem apresentar linhagens comuns no seu pedigree, e também para o par Z8392 e Z8452, com diversidade genética de 0,54.

Para híbridos de empresas diferentes, a expectativa é de que a divergência seja maior, fato confirmado em alguns casos, como para os pares C909 x AG9012 e AG9012 x C333, que apresentaram valores de divergência genética superiores a 0,9. Entretanto, em muitas outras situações obtiveram-se baixos valores de divergência para híbridos de empresas diferentes, o que evidencia uma possível origem comum para os mesmos, pelo menos em uma das linhagens. Como exemplo, observa-se o valor de 0,26 para divergência entre AG9012 e P3069 e de 0,40 para P3069 e C901 (Tabela 2).

É comum os melhoristas utilizarem híbridos comerciais com bom desempenho para a extração de novas linhagens. Esse fato ocorre também em outros países. O processo é denominado de melhoramento de linhagens de segundo ciclo (Troyer, 1999; Wolf e Hallauer, 1997 e Lamkey, Schnicker e Melchinger, 1995). Talvez seja essa a razão pela qual alguns híbridos simples de empresas diferentes sejam pouco divergentes. Entretanto, eles podem também ser pouco divergentes se as empresas envolvidas utilizarem uma mesma população como fonte de linhagens.

O híbrido P3069 foi o que mostrou maior grau de parentesco com os demais, por apresentar menor valor médio de divergência genética. Por outro lado, o híbrido C909, que apresentou o maior valor foi o mais divergente. Resultados obtidos por Melo (2000), estudando a divergência genética dos mesmos híbridos comerciais com base em caracteres morfológicos e marcadores moleculares, identificaram o híbrido C909 como um dos mais divergentes e o híbrido P3069 pertencente ao grupo dos menos divergentes. Comparando a eficiência das metodologias de avaliação da divergência por meio de dados de isoenzimas, RFLP e a metodologia de Troyer, Openshaw e Knittle (1988), Smith e Smith (1992), utilizando híbridos de genealogia conhecida, constataram que os valores obtidos pela metodologia de Troyer, Openshaw e Knittle (1988) apresentaram correlação alta (0,94) com os dados da genealogia e o uso de RFLP (0,91). Do exposto, constata-se que a metodologia utilizada no trabalho associa as vantagens de eficiência, o custo relativamente baixo da sua aplicação e a utilização apenas do caráter de maior interesse dos melhoristas.

A produtividade média de espigas despalhadas, considerando os dados de Lavras e Lambari, variou de 11,05 t/ha, para o híbrido AG9012, a 12,6 t/ha para o híbrido P3069, evidenciando, como já mencionado, o alto potencial produtivo dos híbridos estudados (Tabela 3). A produtividade média de cada híbrido foi decomposta em contribuição dos locos em homozigose, estimativa de  $m + a'$ , e contribuição dos locos em heterozigose ( $d$ ). A estimativa de  $m + a'$  foi significativa e diferente de zero, em todos os casos, pelo teste de  $t$ . Os valores das estimativas variaram de 2,61 t/ha (P3069) a 4,81 t/ha (AG9012), correspondentes a 20,7% da média da geração  $F_1$  do híbrido P3069 a 43,5% da média do AG9012.

TABELA 3 – Médias de produção de espigas despalhadas, em kg/ha, das gerações  $F_1$ ,  $F_2$  e  $F_3$  de sete híbridos simples testados em Lavras e Lambari, na safra de 1997/98, e as estimativas de  $m+a'$  e depressão por endogamia (d), e respectivas porcentagens em relação à média da  $F_1$ .

	$\bar{F}_1$	$\bar{F}_2$	$\bar{F}_3$	$m+a$	$m+a(\%)$	d	$d(\%)$
AG9012	11,06	8,28	6,19	4,81**	43,47	6,35**	57,44
P3069	12,60	7,34	5,25	2,61**	20,74	9,91**	78,65
C901	12,01	7,63	5,72	3,53**	29,40	8,44**	70,27
C909	11,93	7,63	5,18	3,03**	25,40	8,94**	74,95
C333	12,04	7,48	5,73	3,45**	28,64	8,51**	70,73
Z8392	12,28	7,93	5,57	3,39**	27,65	8,91**	72,56
Z8452	12,58	7,90	6,17	3,83**	30,46	8,66**	68,85
Média	12,07	7,74	5,69	3,52	29,4	8,53	70,4

\*\* - Valor significativo a 1%, pelo teste t.

Constatou-se que a estimativa média de  $m + a'$  foi de 3,52 t/ha, ou seja, 29,4% da média da geração  $F_1$  dos híbridos. Isso indica que, em média, o desempenho das linhagens parentais foi responsável por 29,4% da produtividade dos híbridos e, também, que se esses híbridos forem autofecundados, a produtividade média das linhagens deles derivadas, nas mesmas condições de cultivo, deverá ser de 3,52 t/ha.

Na literatura, há vários relatos da estimativa de  $m + a'$ , especialmente envolvendo populações em equilíbrio (Cardoso, 1999; Packer, 1998; e Pacheco et al., 1998). No caso de híbridos comerciais utilizados no Brasil, os resultados são mais restritos. Lima (1999) observou que a contribuição de  $m + a'$  para o desempenho do híbrido C333B foi de 28,6% e 27,6% para o Z8392, ou seja, valores muito semelhantes aos relatados nesse trabalho.

A maior estimativa de  $m + a'$  foi, como já mencionado, obtida para o híbrido AG9012, evidencia que, entre os híbridos avaliados, ele é o que tem

maior potencial para a extração de linhagens com maior produtividade de grãos; e que o de menor potencial é o híbrido P3069.

A estimativa da contribuição dos locos em heterozigose ( $d$ ), foi mais expressiva do que a de  $m + a'$ . Em média, o valor de  $d$  correspondeu a 70,4% da geração  $F_1$  dos híbridos (Tabela 3). Depreende-se, então, que o desempenho dos híbridos foi função principalmente da contribuição da heterose. Trabalhos conduzidos nos EUA, comparando o desempenho das linhagens de diferentes décadas, mostrou que a heterose aumentou com o decorrer dos anos, porém, proporcionalmente à média dos híbridos, ela permaneceu relativamente estável, em torno de 70% (Lamkey e Smith, 1987).

Esses resultados evidenciam que uma das alternativas para se continuar tendo incremento na produtividade dos híbridos obtidos é por meio do melhoramento do desempenho das linhagens "per se". Entre outras vantagens, isso poderia contribuir para reduzir o custo de produção das sementes híbridas, haja vista que, com linhagens mais produtivas, a produção de sementes por área seria maior. Essa melhoria no desempenho das linhagens pode ser conseguida por meio do melhoramento de populações ou por meio da eliminação de defeitos das melhores linhagens existentes. Esse último procedimento, ao que tudo indica, é o mais utilizado (Troyer, 1999).

#### 4 CONCLUSÕES

- A metodologia utilizada foi eficiente em avaliar a divergência genética dos híbridos simples e mostrou que, de modo geral, os híbridos avaliados são divergentes;
- A heterose contribuiu, em média, com mais de 70% para o desempenho dos híbridos simples avaliados.

## 5 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AJMONE MARSAN, P.; CASTIGLIONI, P.; FUSARI, F.; KUIPER, M.; MOTTO, M. Genetic diversity and its relationship to hybrid performance in maize as revealed by RFLP and AFLP markers. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, v.96, n.2, p.219-227, Feb. 1998.
- CARDOSO, R.G. Depressão por endogamia dos componentes da produção em populações e híbridos de milho (*Zea mays* L.) Piracicaba: ESALQ, 1999. 134P. (Dissertação –Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- DUBREUIL, P.; DUFOUR, P.; KREJCI, E.; CAUSSE, M.; VIENNE, D.; GALLAIS, A.; CHARCOSSET, A. Organization of RELP diversity among inbred lines of maize representing the most significant heterotic group. *Crop Science*, Madison, v.36, n.3, p.790-799, May/June 1996.
- LAMKEY, K.R.; SCHNICKER, B.J.; MELCHINGER, A.E. Epistasis in an elite maize hybrid and choice of generation for inbred line development. *Crop Science*, Madison, v.35, n.5, p.1272-1281, Sept./Oct. 1995.
- LAMKEY, K.R.; SMITH, O.S. Performance and inbreeding depression of populations representing seven eras of maize breeding. *Crop Science*, Madison, v.27, n.4, p.695-699, July/Aug. 1987.
- LIMA, M.W.P. Alternativa de escolha de populações de milho para extração de linhagens. Lavras: UFLA, 1999. 49p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- MELO, W.M.C. Divergência genética e capacidade de combinação entre híbridos de milho. Lavras: UFLA, 2000. 74 p. (Dissertação - Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- NATIONAL ACADEMIC SCIENCE. Genetic vulnerability of major crops. Washington: [s.n.], 1972. 307p.
- PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X.; CRUZ, C.D.; GUIMARÃES, P.E.O.; PARENTONI, S.N.; GAMA, E.E.G.; CARVALHO, H.W.L.; VIEIRA, P.A.; SILVA, A.E. Avaliação da depressão por endogamia em 28 populações

elites de milho In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 22., 1998, Recife. Anais... Recife, 1998. CD-ROM

PACKER, D. Variabilidade genética e endogamia em quatro populações de milho (*Zea mays* L.) Piracicaba: ESALQ/USP, 1998. 102p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

REVILLA, P.; TRACY, W.F. Heterotic patterns among open-pollinated sweet corn cultivars. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, Alexandria, v.122, n.3, p.319-324, May 1997.

SMITH, O.S.; SMITH, J.S.C. Measurement of genetic diversity among maize hybrids; a comparison of isozymic, RFLP, pedigree, and heterosis data. *Maydica*, Bergamo, v.37, n.1, p.53-60, 1992.

TROYER, A.F. Background of U.S. hybrid corn. *Crop Science*, Madison, v.39, n.3, p.601-626, May/June 1999.

TROYER, A.F.; OPENSHAW, S.J.; KNITTLE, K.H. Measurement of genetic diversity among popular commercial corn hybrids. *Crop Science*, Madison, v.28, n.3, p.481-485, May/June 1988.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. *Melhoramento e produção do milho*. Campinas: Fundação Cargill, 1987.

WOLF, D.P.; HALLAUER, A.R. Triple testcross analysis to detect epistasis in maize. *Crop Science*, Madison, v.37, n.3, p.763-770, May/June 1997.

## **CAPÍTULO 2**

# **ALTERNATIVAS PARA A OBTENÇÃO DE HÍBRIDOS DUPLOS DE MILHO**



## RESUMO

SOUZA SOBRINHO, F. Alternativas para a obtenção de híbridos duplos de milho. Lavras: UFLA, 2001. 96p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)<sup>5</sup>.

Na busca de alternativas para a redução do preço das sementes híbridas de milho, foi conduzido o presente trabalho com o objetivo de comparar o desempenho e a variabilidade existente dentro dos híbridos duplos (HD) oriundos das gerações  $F_1$ ,  $F_2$  e da população em equilíbrio ( $F_{2i}$ ) de alguns híbridos simples (HS). Foram realizados experimentos distintos, em duas safras agrícolas. Na primeira, conduzida em 1997/98, a partir de sete HS comerciais, foram obtidos 21 HD utilizando as gerações  $F_1$  ou  $F_2$  dos respectivos HS. Esses híbridos foram avaliados em três locais, com dois experimentos em cada um deles, sendo um referente aos HD oriundos da geração  $F_1$  e o outro da geração  $F_2$ . Em cada experimento foram utilizados quatro HS como testemunhas. O delineamento foi em blocos ao acaso, com três repetições e parcelas de duas linhas de quatro metros de comprimento. A partir de uma amostra de 10 plantas por parcela, estimou-se a variância fenotípica média da altura de plantas. Anotaram-se também os dados referentes ao peso de espigas despalhadas corrigido para 13% de umidade. Na safra 2000/01, foram avaliados 36 HD, sendo 15 oriundos da geração  $F_1$ , 15 da geração  $F_2$  dos mesmos HS e mais seis da geração  $F_{2i}$ . Os 36 HD juntamente com seis testemunhas foram avaliados em dois locais, no delineamento alfa látice, com três repetições e parcelas de três linhas de quatro metros de comprimento. Utilizando amostras de 10 plantas por parcela, estimou-se a variância fenotípica da altura de plantas e de espigas e do peso de espiga. Anotaram-se também os dados do peso de grãos corrigido para 13% de umidade. Em ambos os anos realizaram-se análises estatísticas dos dados de produtividade, comparando-se o contraste entre os HD e a origem das sementes. Observou-se que alguns híbridos duplos foram tão produtivos quanto os melhores híbridos simples recomendados para a região. Constatou-se, também, que os HD das diferentes origens, ou seja, das gerações  $F_1$ ,  $F_2$  ou  $F_{2i}$ , são semelhantes tanto em relação ao seu desempenho produtivo quanto à variabilidade existente dentro deles. Isso evidencia ser possível a redução no custo de produção das sementes dos HD utilizando as populações em equilíbrio derivadas dos HS, não necessitando, portanto, da multiplicação das linhagens e da obtenção da geração  $F_1$  dos HS todos os anos.

<sup>5</sup> Orientador: Prof. Doutor Magno Antonio Patto Ramalho – Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras, MG, C.P. 37, CEP 37200-000.

diferença foi significativa, mas realçaram que ela poderia ser devida a problemas de amostragem, uma vez que o número de indivíduos da geração  $F_2$  envolvidos na obtenção dos híbridos duplos era pequeno.

Se a utilização da geração  $F_2$  for viável, há possibilidade de tornar o processo de obtenção de híbridos duplos menos oneroso ainda. Sabe-se que a geração  $F_2$  de um híbrido simples está em equilíbrio de Hardy-Weinberg (Mettler e Gregg, 1973). Desse modo, uma vez obtida a geração  $F_2$ , essa poderia ser mantida indefinidamente em lotes isolados e ser utilizada todos os anos para a obtenção da geração  $F_1$  dos híbridos duplos.

Visando a comprovação dessa hipótese, foram conduzidos experimentos comparando o desempenho de híbridos duplos derivados das gerações  $F_1$ ,  $F_2$  e das populações em equilíbrio ( $F_{2i}$ ) dos respectivos híbridos simples.

## **2 MATERIAL E MÉTODOS**

Os experimentos foram realizados em duas safras agrícolas distintas, 1997/98 e 2000/2001, que serão comentadas separadamente.

### **2.1 Safra 1997/1998**

Os experimentos foram conduzidos em três locais do sul do Estado de Minas Gerais: Lavras, Ijaci e Lambari. As características geográficas dos locais utilizados estão apresentadas na Tabela 4.

TABELA 4 – Características geográficas das áreas utilizadas nos experimentos de campo.

	Lavras	Lambari	Ijaci
Latitude	21°14' S	21°58'10" S	21°17' S
Longitude	45°00' O	45°22' O	44°15' O
Altitude	918 m	896 m	950 m
Precipitação média	1529,7 mm	1568,9 mm	1530 mm
Temperatura média	19,4 °C	19,1 °C	19,4 °C
Topografia	Suavemente ondulada	Plana	Suavemente ondulada

Foram utilizados sete híbridos simples sendo P3069, da empresa Pioneer; C901, C909 e C333, da Cargill; AG9012, da Agrocere; e Z8452 e Z8392, da Zeneca. A partir da geração  $F_1$  desses híbridos, adquiridos no comércio, foi obtida a geração  $F_2=S_0$  de cada um deles por meio de autofecundações. Realizaram-se cruzamentos controlados para a obtenção dos 42 híbridos duplos possíveis, sendo 21 híbridos duplos oriundos do cruzamento da geração  $F_1$  dos híbridos simples e 21 originários da geração  $F_2$ . Para isso, cada híbrido simples foi semeado em 5 linhas de 10 m de comprimento, sendo, no florescimento, coletados os pendões de aproximadamente 100 plantas; e extraído o pólen, o qual foi utilizado para a realização das polinizações controladas.

Em cada um dos locais, foram conduzidos dois experimentos contíguos, sendo um para os 21 híbridos duplos da geração  $F_1$  e o outro para os 21 híbridos duplos da geração  $F_2$ . Em ambos os experimentos, utilizaram-se os híbridos simples C909, C333, AG9012 e Z8392 como testemunhas. Cada experimento

foi instalado em blocos casualizados, com três repetições e parcelas de duas linhas de 4m de comprimento. A adubação de plantio foi de 600 kg/ha de 4-14-8 com zinco; em cobertura, foram aplicados 200 kg/ha de sulfato de amônio.

Nos experimentos realizados em Lavras, foram anotados os dados referentes à altura de 10 plantas de cada parcela, ao estande, ao número de espigas, ao peso de espigas despalhadas e ao peso de grãos, corrigido para 13 % de umidade. A partir dos dados de altura de plantas, obteve-se a variância fenotípica média dentro de cada híbrido. O índice de espigas foi obtido pela divisão do número de espigas pelo estande. Utilizando os dados de peso de espigas e de grãos, obteve-se a porcentagem de sabugo pela expressão:

$$\% \text{ sabugo} = \left( \frac{\text{PE} - \text{PG}}{\text{PE}} \right) * 100.$$

Nos demais experimentos foram anotados os dados referentes ao estande, ao número de espigas e ao peso de espigas despalhadas corrigido para 13 % de umidade.

## 2.2 Safra 2000/2001

Os experimentos foram conduzidos em dois locais do sul do Estado de Minas Gerais, Lavras e Ijaci, cujos dados geográficos estão mostrados na Tabela 4.

Foram utilizados seis híbridos simples, sendo C901, C909, C333 e C333B, da empresa Cargill; AG9012, da Agrocere; e Z8392, da Zeneca. As sementes híbridas foram adquiridas no comércio. Para a obtenção da geração F<sub>2</sub>, as sementes F<sub>1</sub> dos diferentes híbridos foram semeadas e procedeu-se à autofecundação de aproximadamente 20 plantas. Posteriormente, dos híbridos C901, C909, C333 e AG9012, as plantas F<sub>2</sub> foram inter cruzadas para a obtenção da geração denominada de F<sub>2i</sub>. Nesse caso, de cada F<sub>2</sub>, foram semeadas 400

sementes. Por ocasião do florescimento, coletaram-se aproximadamente 200 pendões, sendo os polens obtidos misturados para a polinização, por meio de um saleiro, de aproximadamente 150 plantas por híbrido. As espigas foram colhidas, debulhadas e misturadas para formar, então, a geração  $F_{2i}$ .

Na obtenção dos híbridos duplos, também se utilizou hibridação artificial, segundo o esquema dialélico. Como se dispunha de sementes  $F_1$  de seis híbridos simples, foram obtidos 15 híbridos duplos. O mesmo foi efetuado no caso da geração  $F_2$ . Como se dispunha de sementes  $F_{2i}$  de apenas quatro cultivares, foram sintetizados seis híbridos duplos. Para a realização dos cruzamentos, cada cultivar (gerações  $F_1$ ,  $F_2$  ou  $F_{2i}$ ) foi semeado em 5 linhas de 10 m de comprimento, e por ocasião do florescimento, o pólen de 100 plantas foi extraído, misturado e utilizado para as polinizações controladas. Posteriormente, na colheita das sementes híbridas, os recíprocos foram misturados para se alcançar a quantidade necessária de sementes para a instalação dos experimentos.

Os 36 híbridos duplos, 15 da geração  $F_1$ , 15 da  $F_2$  e 6 da  $F_{2i}$ , juntamente com os híbridos simples parentais, C901, C909, C333, C333B, AG9012, além do híbrido triplo C747, utilizados como testemunhas, foram testados em experimentos conduzidos em dois locais, Lavras e Ijaci. O delineamento empregado foi o alfa látice, com três repetições e parcelas de três linhas de 4 m de comprimento. A adubação de plantio foi de 400 kg/ha de 08-28-16 com zinco; em cobertura, foram aplicados 200 kg/ha de sulfato de amônio.

Anotaram-se dados referentes à altura de plantas e de espigas, tomando-se uma amostra aleatória de 10 plantas por parcela, o peso individual de 10 espigas por parcela, além do número de plantas por parcela (estande), do número de espigas, do peso de espigas despalhadas (PE) e do peso de grãos (PG), corrigidos para 13% de umidade. Utilizando os dados de altura e do peso individual de espiga, obteve-se a variância fenotípica média de cada tratamento

para altura de plantas e espigas e do peso de espiga. Com base nos dados de peso de espigas e de grãos, obteve-se a porcentagem de sabugo pela expressão:

$$\% \text{ sabugo} = \left( \frac{\text{PE} - \text{PG}}{\text{PE}} \right) * 100. \text{ O índice de espigas (IE) foi obtido pela divisão}$$

do número de espigas pelo estande da parcela.

### 2.3 Análise dos dados

Em ambos os anos, os dados de produtividade, transformados para t/ha, foram submetidos à análise de covariância para o ajuste com base no estande ideal (Ramalho, Ferreira e Oliveira, 2000). Vale salientar que, como o delineamento de alfa látice utilizado em 2000/01 mostrou-se não eficiente, as análises foram realizadas seguindo o esquema de blocos casualizados. Realizaram-se análises de variância individuais para cada local e, posteriormente, a análise conjunta envolvendo os híbridos duplos e as testemunhas nas diferentes gerações e locais testados.

Visando a comparação da variabilidade dentro dos híbridos de acordo com a origem da semente, foi estimada a variância fenotípica média, isto é, obteve-se a média dos variâncias estimadas por parcela para cada tipo de híbrido e geração. Essas variâncias médias foram comparadas por meio do teste F máximo (Ramalho, Ferreira e Oliveira, 2000). Nesse caso, as variâncias de cada híbrido, nas diferentes gerações, foram ordenadas, dividindo-se o maior valor pelo menor. Para aqueles híbridos avaliados em duas gerações, ou seja, oriundos de sementes  $F_1$  e  $F_2$  dos híbridos simples, o resultado obtido foi comparado ao valor tabelado do  $F_{\max}$ , com 2 gerações e 27 graus de liberdade ( $F_{\max} = 2,18$ ). Para os híbridos avaliados em três gerações diferentes, o  $F_{\max}$  tabelado foi obtido para 3 gerações e 27 graus de liberdade ( $F_{\max} = 2,56$ ).

### 3 RESULTADOS

Considerando que os híbridos avaliados nas duas safras não foram iguais, os resultados serão apresentados por safra. No apêndice estão apresentados os resumos das análises de variância e as médias por local e safra, para os caracteres produtividade de espigas ou de grãos (Tabelas 1A, 2A, 9A e 10A), índice de espiga (Tabelas 3A, 4A, 5A, 6A, 11A e 12A) e porcentagem de sabugo (Tabelas 7A, 8A, 12A e 13A), por meio dos quais se verificou diferença significativa entre os híbridos para todos os caracteres avaliados. Vale salientar que em nenhum caso ocorreu diferença significativa entre os efeitos da origem das sementes, ou seja, se da geração  $F_1$  ou  $F_2$ .

#### 3.1 Safra 1997/98

O resumo da análise da variância conjunta da produtividade de espigas (Tabela 5) evidencia, inicialmente, que a precisão experimental, avaliada por meio do coeficiente de variação, pode ser considerada boa ( $CV = 12,9\%$ ). Veja que ocorreu diferença significativa ( $P \leq 0,01$ ) para a fonte de variação locais. Observe, contudo, que a diferença na produtividade média dos locais não foi expressiva (Tabela 6). Em Lavras, a média foi 9,6% acima da obtida em Ijaci e Lambari.

Com relação aos híbridos duplos, foi detectada diferença significativa ( $P \leq 0,01$ ), porém a interação híbridos duplos x locais foi não significativa, indicando que o comportamento dos híbridos foi consistente nos três locais. A produtividade média de espiga dos híbridos duplos variou de 9,1 t/ha, para o C901xC909, a 11,6 t/ha, para o AG9012xC333 (Tabela 7). Chama a atenção o contraste testemunha versus híbridos duplos, que foi significativo ( $P \leq 0,064$ ) (Tabela 5). Observe, contudo, que a média das 4 testemunhas, híbridos simples,

TABELA 5 – Análise de variância conjunta para a característica produtividade de espiga (t/ha). Lavras, Lambari e Ijaci, safra 1997/98.

FV	GL	QM	Prob
Rep/Local/Exp.	12	6,33	0,000
Local (L)	2	43,37	0,000
Entre Exp.	1	10,75	0,018
Exp. x L	2	4,08	0,082
Híbridos duplos (HD)	20	7,78	0,000
Origem (O)	1	10,61	0,019
HD x O	20	2,46	0,192
Entre Test (T)	3	1,04	0,655
T x Exp	3	1,41	0,528
T vs HD	1	6,58	0,064
T vs HD x Exp	1	0,39	0,648
Trat x Local	98	1,73	0,716
HD x L	40	1,36	0,905
L x O	2	4,44	0,100
L x HD x O	40	2,17	0,237
T x L	6	1,66	0,517
T x Exp x L	6	1,24	0,690
T vs HD x L	2	0,35	0,835
T vs HD x Exp x L	2	0,65	0,712
Erro	298	1,91	
CV (%)	12,9		
Média geral (t/ha)	10,7		

foi apenas 2,8% acima da média dos híbridos duplos. Ressalta-se, entretanto, que alguns híbridos duplos apresentaram produtividade equivalente ou até mesmo superior ao melhor híbrido simples avaliado (Tabela 7).



Tabela 6 – Médias dos tratamentos para a característica de produtividade de espigas (t/ha) em Lavras, Ijaci e Lambari, na safra de 1997/98.

Tratamento	Médias		
	Lavras	Ijaci	Lambari
AG9012xP3069	10,8 <sup>a</sup>	10,1 <sup>b</sup>	9,2 <sup>b</sup>
AG9012xC901	11,8 <sup>a</sup>	10,1 <sup>b</sup>	10,0 <sup>b</sup>
AG9012xC909	11,3 <sup>a</sup>	10,9 <sup>a</sup>	10,8 <sup>a</sup>
AG9012xC333	12,2 <sup>a</sup>	11,6 <sup>a</sup>	10,9 <sup>a</sup>
AG9012xZ8392	10,9 <sup>a</sup>	9,8 <sup>b</sup>	9,7 <sup>b</sup>
AG9012xZ8452	11,8 <sup>a</sup>	11,5 <sup>a</sup>	10,8 <sup>a</sup>
P3069xC901	10,6 <sup>a</sup>	9,1 <sup>b</sup>	9,1 <sup>b</sup>
P3069xC909	11,2 <sup>a</sup>	9,9 <sup>b</sup>	10,7 <sup>a</sup>
P3069xC333	10,8 <sup>a</sup>	11,2 <sup>a</sup>	9,9 <sup>b</sup>
P3069xZ8392	11,0 <sup>a</sup>	9,4 <sup>b</sup>	9,3 <sup>b</sup>
P3069xZ8452	11,3 <sup>a</sup>	12,0 <sup>a</sup>	9,6 <sup>b</sup>
C901xC909	9,5 <sup>a</sup>	9,0 <sup>b</sup>	8,8 <sup>b</sup>
C901xC333	12,0 <sup>a</sup>	10,6 <sup>a</sup>	11,5 <sup>a</sup>
C901xZ8392	11,5 <sup>a</sup>	9,7 <sup>b</sup>	9,8 <sup>b</sup>
C901xZ8452	12,3 <sup>a</sup>	10,6 <sup>a</sup>	11,4 <sup>a</sup>
C909xC333	11,5 <sup>a</sup>	10,7 <sup>a</sup>	10,5 <sup>a</sup>
C909xZ8392	10,5 <sup>a</sup>	9,9 <sup>b</sup>	10,2 <sup>b</sup>
C909xZ8452	11,3 <sup>a</sup>	11,6 <sup>a</sup>	10,9 <sup>a</sup>
C333xZ8392	11,8 <sup>a</sup>	10,7 <sup>a</sup>	11,1 <sup>a</sup>
C333xZ8452	11,3 <sup>a</sup>	10,9 <sup>a</sup>	10,4 <sup>a</sup>
Z8392xZ8452	10,8 <sup>a</sup>	10,5 <sup>a</sup>	10,1 <sup>b</sup>
<b>Média</b>	<b>11,2</b>	<b>10,4</b>	<b>10,2</b>
<b>C909</b>	<b>11,6<sup>a</sup></b>	<b>11,5<sup>a</sup></b>	<b>10,6<sup>a</sup></b>
<b>C333</b>	<b>11,6<sup>a</sup></b>	<b>10,0<sup>a</sup></b>	<b>11,0<sup>a</sup></b>
<b>AG9012</b>	<b>11,4<sup>a</sup></b>	<b>10,0<sup>a</sup></b>	<b>10,6<sup>a</sup></b>
<b>Z8392</b>	<b>11,8<sup>a</sup></b>	<b>11,0<sup>a</sup></b>	<b>10,3<sup>a</sup></b>
<b>Média</b>	<b>11,6</b>	<b>10,6</b>	<b>10,6</b>
<b>Média geral</b>	<b>11,4</b>	<b>10,5</b>	<b>10,3</b>

\* Médias seguidas de letras diferentes indicam diferenças significativas entre os híbridos pelo teste de Scott Knott (5% de probabilidade).

Tabela 7 – Médias gerais dos tratamentos, nas diferentes gerações avaliadas, para a característica produtividade de espigas (t/ha) em Lavras, Ijaci e Lambari, na safra de 1997/98.

Tratamento	Conjunta		
	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	Médias
AG9012xP3069	9,6	10,5	10,0 <sup>b</sup>
AG9012xC901	11,0	10,3	10,7 <sup>a</sup>
AG9012xC909	10,7	11,3	11,0 <sup>a</sup>
AG9012xC333	10,9	12,2	11,6 <sup>a</sup>
AG9012xZ8392	9,9	10,4	10,1 <sup>b</sup>
AG9012xZ8452	11,1	11,7	11,4 <sup>a</sup>
P3069xC901	10,0	9,2	9,6 <sup>b</sup>
P3069xC909	11,1	10,1	10,6 <sup>a</sup>
P3069xC333	9,9	11,3	10,6 <sup>a</sup>
P3069xZ8392	9,8	9,9	9,9 <sup>b</sup>
P3069xZ8452	10,2	11,7	10,9 <sup>a</sup>
C901xC909	8,9	9,2	9,1 <sup>b</sup>
C901xC333	11,4	11,4	11,4 <sup>a</sup>
C901xZ8392	10,2	10,4	10,3 <sup>b</sup>
C901xZ8452	10,8	12,0	11,4 <sup>a</sup>
C909xC333	11,1	10,7	10,9 <sup>a</sup>
C909xZ8392	9,9	10,6	10,2 <sup>b</sup>
C909xZ8452	11,3	11,3	11,3 <sup>a</sup>
C333xZ8392	11,0	11,4	11,2 <sup>a</sup>
C333xZ8452	10,5	11,2	10,9 <sup>a</sup>
Z8392xZ8452	10,8	10,2	10,5 <sup>b</sup>
<b>Média</b>	<b>10,5<sup>b</sup></b>	<b>10,8<sup>A</sup></b>	<b>10,7</b>
C909	11,2	11,3	11,2 <sup>a</sup>
C333	11,1	10,7	10,9 <sup>a</sup>
AG9012	10,2	11,1	10,7 <sup>a</sup>
Z8392	11,0	11,2	11,1 <sup>a</sup>
<b>Média</b>	<b>10,9<sup>A</sup></b>	<b>11,1<sup>A</sup></b>	<b>11,0</b>

\* Médias seguidas de letras diferentes indicam diferenças significativas entre os híbridos pelo teste de Scott Knott (5% de probabilidade).



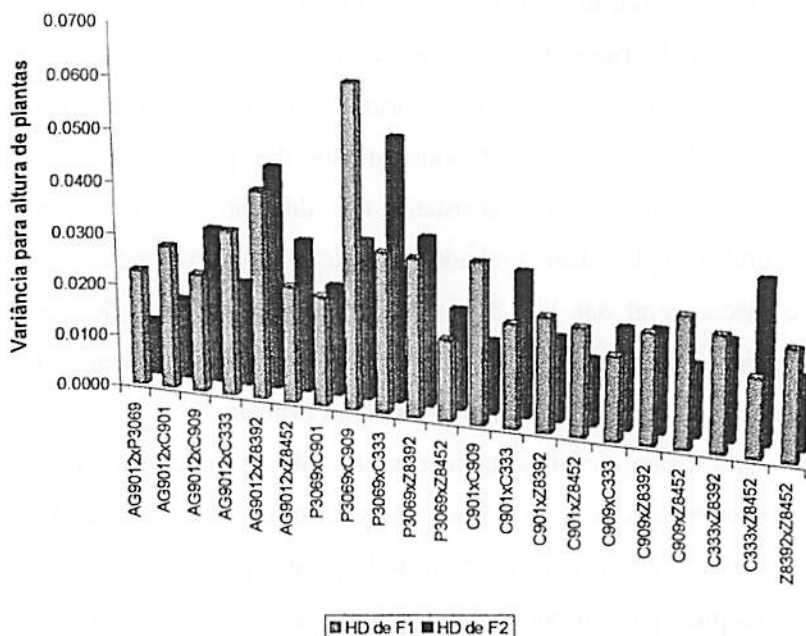


FIGURA 2 – Média da variância para altura de plantas dos híbridos duplos das gerações F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub>. Lavras, safra 1997/98.

### 3.2 Safra 2000/2001

O resumo da análise de variância conjunta para a característica produtividade de grãos (Tabela 8) evidencia, inicialmente, que a precisão experimental, avaliada pelo coeficiente de variação, pode ser considerada boa (CV = 9,9%). Observa-se que ocorreu diferença significativa ( $P \leq 0,01$ ) para a fonte de variação locais, sendo a média obtida em Lavras 96% superior àquela obtida em Ijaci (Tabela 9).

TABELA 8 – Análise de variância conjunta para a característica peso de grãos (t/ha). Lavras e Ijaci, MG, safra 2000/01.

FV	GL	QM	Prob
Repetição	2	4,438	0,000
Local (L)	1	1498,307	0,000
Tratamentos (T)	41	1,790	0,000
HD	35	1,670	0,000
Test	5	1,914	0,007
HD vs Test	1	0,894	0,214
Grupo de HD de 2 gerações	17	1,003	0,039
Entre origens (O <sub>1</sub> )	1	1,396	0,121
Entre híbridos (H <sub>1</sub> )	8	1,585	0,007
O <sub>1</sub> x H <sub>1</sub>	8	0,372	0,737
AG9012xC333B/O	1	0,326	0,453
AG9012xZ8392/O	1	0,086	0,698
C333xC333B/O	1	0,053	0,762
C333xZ8392/O	1	1,009	0,188
C333BxC901/O	1	0,612	0,304
C333BxC909/O	1	0,006	0,913
C333BxZ8392/O	1	0,878	0,220
C901xZ8392/O	1	0,480	0,363
C909xZ8392/O	1	0,920	0,209
Grupo de HD de 3 gerações	17	1,559	0,000
Entre origens (O <sub>2</sub> )	2	2,561	0,013
Entre híbridos (H <sub>2</sub> )	5	3,288	0,000
O <sub>2</sub> x H <sub>2</sub>	10	0,494	0,572
AG9012xC333/O	2	0,092	0,852
AG9012xC901/O	2	0,057	0,905
AG9012xC909/O	2	2,645	0,012
C333xC901/O	2	1,285	0,113
C333xC909/O	2	0,794	0,256
C901xC909/O	2	0,153	0,767
Entre grupos	1	14,883	0,000
L x T	41	0,475	0,762
HD x L	35	0,402	0,901
Test x L	5	0,612	0,384
HD vs T x L	1	2,35	0,045
Grupo de HD de 2 gerações	17	0,414	0,779
O <sub>1</sub> x L	1	1,526	0,105
H <sub>1</sub> x L	8	0,338	0,793
O <sub>1</sub> x H <sub>1</sub> x L	8	0,351	0,768
Grupo de HD de 3 gerações	17	0,412	0,781
O <sub>2</sub> x L	2	0,057	0,914
H <sub>2</sub> x L	5	1,087	0,098
O <sub>2</sub> x H <sub>2</sub> x L	10	0,147	0,990
Entre grupos x Local	1	0,051	0,767
Erro	166	0,575	
CV (%)		9,9	
Média geral (t/ha)		7,6	

TABELA 9 – Médias dos diferentes tratamentos para a produtividade de espigas (t/ha) em Lavras e em Ijaci, na safra 2000/01.

Tratamentos	Produtividade de grãos (t/ha)	
	Lavras	Ijaci
AG9012x C333B	10,1 <sup>a</sup>	5,3 <sup>a</sup>
AG9012x Z8392	9,7 <sup>a</sup>	5,2 <sup>a</sup>
C333x C333B	10,0 <sup>a</sup>	5,4 <sup>a</sup>
C333x Z8392	10,3 <sup>a</sup>	5,3 <sup>a</sup>
C333Bx C901	10,0 <sup>a</sup>	5,5 <sup>a</sup>
C333Bx C909	10,8 <sup>a</sup>	5,7 <sup>a</sup>
C333Bx Z8392	11,1 <sup>a</sup>	5,8 <sup>a</sup>
C901x Z8392	10,0 <sup>a</sup>	5,7 <sup>a</sup>
C909x Z8392	9,8 <sup>a</sup>	4,7 <sup>a</sup>
<b>Média</b>	<b>10,2</b>	<b>5,4</b>
AG9012x C333	10,2 <sup>a</sup>	5,6 <sup>a</sup>
AG9012x C901	9,6 <sup>a</sup>	5,2 <sup>a</sup>
AG9012x C909	10,0 <sup>a</sup>	4,7 <sup>a</sup>
C333x C901	9,3 <sup>a</sup>	4,8 <sup>a</sup>
C333x C909	10,1 <sup>a</sup>	4,6 <sup>a</sup>
C901x C909	8,9 <sup>a</sup>	4,4 <sup>a</sup>
<b>Média</b>	<b>9,7</b>	<b>4,9</b>
AG9012	10,0 <sup>a</sup>	5,7 <sup>b</sup>
C333	11,1 <sup>b</sup>	5,7 <sup>b</sup>
C333B	11,2 <sup>b</sup>	6,2 <sup>b</sup>
C901	9,9 <sup>a</sup>	4,3 <sup>a</sup>
C909	11,2 <sup>b</sup>	4,9 <sup>a</sup>
C747	10,4 <sup>a</sup>	4,9 <sup>a</sup>
<b>Média</b>	<b>10,6</b>	<b>5,3</b>
<b>Média geral</b>	<b>10,2</b>	<b>5,2</b>

\* Médias seguidas de letras diferentes indicam diferenças significativas entre os híbridos pelo teste de Scott Knott (0,05% de probabilidade).

Detectaram-se diferenças significativas ( $P \leq 0,01$ ) entre os tratamentos. No desdobramento dessa fonte de variação, constataram-se diferenças significativas ( $P \leq 0,01$ ) entre os híbridos duplos e entre as testemunhas. Já o

contraste híbridos duplos versus testemunhas mostrou-se não significativo, evidenciando a semelhança, na média, entre o grupo dos híbridos duplos e o grupo das testemunhas.

Para o grupo de híbridos duplos de duas gerações, detectaram-se diferenças significativas ( $P \leq 0,01$ ) entre híbridos. A produtividade média de grãos variou de 7,3 t/ha, para o híbrido C909xZ8392, a 8,4 t/ha, para o C333BxZ8392, ou seja, uma amplitude de variação de 1,2 t/ha, equivalente a 15% da média do grupo (Tabela 10). Contudo, os efeitos de origem e da interação híbridos duplos x origem foram não significativos. Esse resultado é semelhante ao constatado na safra 1997/98, indicando que o desempenho dos híbridos duplos das gerações  $F_1$  e  $F_2$  foi semelhante e que o seu comportamento nas duas gerações foi consistente. Essa semelhança de desempenho é realçada pelas médias de produtividade apresentadas nas diferentes gerações. Observa-se que a geração  $F_1$  produziu, em média, apenas 0,2 t/ha (2,6%) a mais que a geração  $F_2$ .

Quando se compararam os híbridos duplos advindos das gerações  $F_1$ ,  $F_2$  ou  $F_{2i}$ , novamente foram constatadas diferenças significativas ( $P \leq 0,01$ ) entre os mesmos. A amplitude de variação (1,3 t/ha) no desempenho dos híbridos foi de 17,8% em torno da média do grupo (7,3 t/ha), sendo o híbrido AG9012xC333 o mais produtivo, e o C901xC909, o menos produtivo (Tabela 11). Ao contrário do observado no caso anterior, a fonte de variação origem foi significativa ( $P \leq 0,01$ ), evidenciando que o desempenho médio dos híbridos duplos oriundos das gerações  $F_1$ ,  $F_2$  e  $F_{2i}$  não foi semelhante.

Considerando todos os híbridos duplos, em média, observou-se uma superioridade de 6% dos híbridos da geração  $F_1$  em relação àqueles das gerações  $F_2$  e  $F_{2i}$  (Tabela 11). Embora a interação híbridos duplos x origem tenha sido não significativa, somente para o híbrido AG9012xC909 detectou-se diferença entre o desempenho médio dos híbridos duplos da geração  $F_1$  em relação aos das

TABELA 10 – Médias dos híbridos duplos nas gerações F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub>, para o peso de grãos (t/ha). Dados médios dos experimentos de Lavras e de Ijaci na safra 2000/01.

Tratamento	Produtividade média de grãos (t/ha)		Média
	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	
AG9012xC333B	7,9 <sup>A</sup>	7,5 <sup>A</sup>	7,7 <sup>b</sup>
AG9012xZ8392	7,4 <sup>A</sup>	7,4 <sup>A</sup>	7,5 <sup>b</sup>
C333xC333B	7,6 <sup>A</sup>	7,8 <sup>A</sup>	7,7 <sup>b</sup>
C333xZ8392	8,1 <sup>A</sup>	7,5 <sup>A</sup>	7,8 <sup>b</sup>
C333BxC901	8,0 <sup>A</sup>	7,5 <sup>A</sup>	7,8 <sup>b</sup>
C333BxC909	8,3 <sup>A</sup>	8,3 <sup>A</sup>	8,3 <sup>a</sup>
C333BxZ8392	8,7 <sup>A</sup>	8,2 <sup>A</sup>	8,4 <sup>a</sup>
C901xZ8392	7,7 <sup>A</sup>	8,1 <sup>A</sup>	7,9 <sup>b</sup>
C909xZ8392	7,5 <sup>A</sup>	7,0 <sup>A</sup>	7,3 <sup>b</sup>
Média	7,9 <sup>A</sup>	7,7 <sup>A</sup>	7,8

\* Médias seguidas de letras diferentes indicam diferenças significativas entre os híbridos pelo teste de Scott Knott (5% de probabilidade).

TABELA 11 – Médias dos híbridos duplos nas gerações F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub> e F<sub>21</sub>, para o peso de grãos (t/ha). Dados médios dos experimentos de Lavras e de Ijaci, na safra 2000/01.

Tratamento	Produtividade média de grãos (t/ha)			Média
	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	F <sub>21</sub>	
AG9012xC333	8,1 <sup>A</sup>	7,9 <sup>A</sup>	7,8 <sup>A</sup>	8,0 <sup>a</sup>
AG9012xC901	7,4 <sup>A</sup>	7,5 <sup>A</sup>	7,3 <sup>A</sup>	7,4 <sup>b</sup>
AG9012xC909	8,0 <sup>A</sup>	6,7 <sup>B</sup>	7,2 <sup>B</sup>	7,3 <sup>b</sup>
C333xC901	7,4 <sup>A</sup>	6,5 <sup>A</sup>	7,2 <sup>A</sup>	7,0 <sup>c</sup>
C333xC909	7,8 <sup>A</sup>	7,3 <sup>A</sup>	7,1 <sup>A</sup>	7,4 <sup>b</sup>
C901xC909	6,8 <sup>A</sup>	6,6 <sup>A</sup>	6,5 <sup>A</sup>	6,7 <sup>c</sup>
Média	7,6 <sup>A</sup>	7,1 <sup>B</sup>	7,2 <sup>B</sup>	7,3

\* Médias seguidas de letras diferentes indicam diferenças significativas entre os híbridos pelo teste de Scott Knott (5% de probabilidade).



gerações  $F_2$  e  $F_{2i}$  (Tabela 8). Nesse caso específico, a geração  $F_1$  foi 15% superior à média das gerações  $F_2$  e  $F_{2i}$  (Tabela 11).

A fonte de variação entre grupos foi significativa ( $P \leq 0,01$ ), indicando que os grupos de híbridos duplos de duas e três gerações são diferentes (Tabela 8), sendo que os híbridos de duas gerações foram 7% superiores, em média, àqueles de três gerações (Tabelas 10 e 11). As interações local x tratamentos, híbridos duplos x locais e testemunhas x locais foram não significativas, indicando que o comportamento dos híbridos duplos e testemunhas avaliadas foi consistente nos dois locais. Além disso, a interação origem x locais, tanto no grupo de híbridos duplos de duas como de três gerações, também foi não significativa, evidenciando que o desempenho dos híbridos duplos oriundos das gerações  $F_1$ ,  $F_2$  e  $F_{2i}$  dos híbridos simples foi consistente nos dois locais.

Para comparar a variação existente dentro dos híbridos duplos das diferentes gerações, foram tomadas amostras de 10 plantas e 10 espigas por parcela e estimadas as variâncias fenotípicas para a altura de plantas e de espigas e também para o peso de espiga. Nota-se, nas Figuras 4 e 6, que apesar das diferenças observadas entre as variâncias do grupo de híbridos duplos de três gerações, quando se comparou a variância fenotípica para a altura de plantas e de espigas proveniente das gerações  $F_1$ ,  $F_2$  e  $F_{2i}$ , para nenhum dos seis híbridos testados constataram-se diferenças significativas. Para o grupo de híbridos duplos de duas gerações, os resultados foram semelhantes àqueles dos híbridos de três gerações para a variância fenotípica da altura de plantas e de espigas (Figura 3 e 5). Esses resultados são semelhantes àqueles obtidos na safra 1997/98, evidenciando que a variabilidade no campo foi semelhante para os híbridos duplos das diferentes gerações avaliadas.

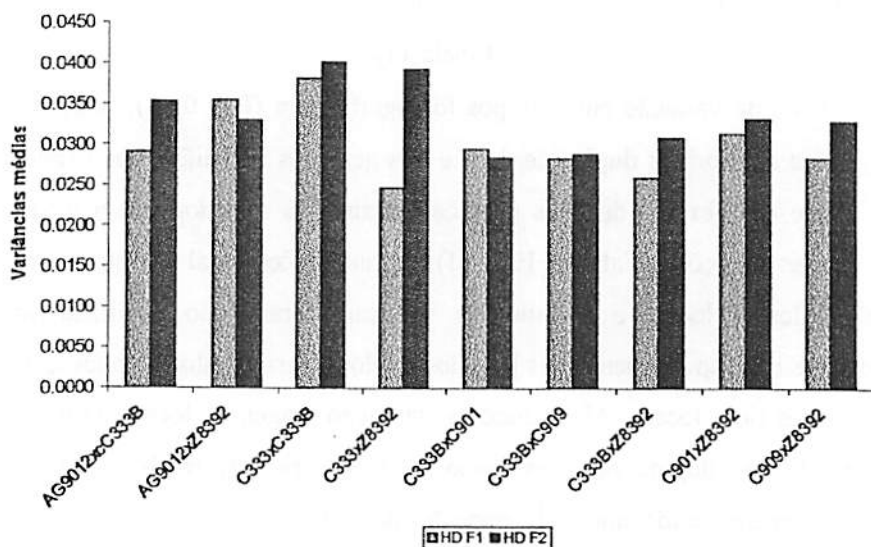


FIGURA 3 – Média das variâncias para a altura de plantas de híbridos duplos das gerações F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub>. Lavras, safra 2000/01.

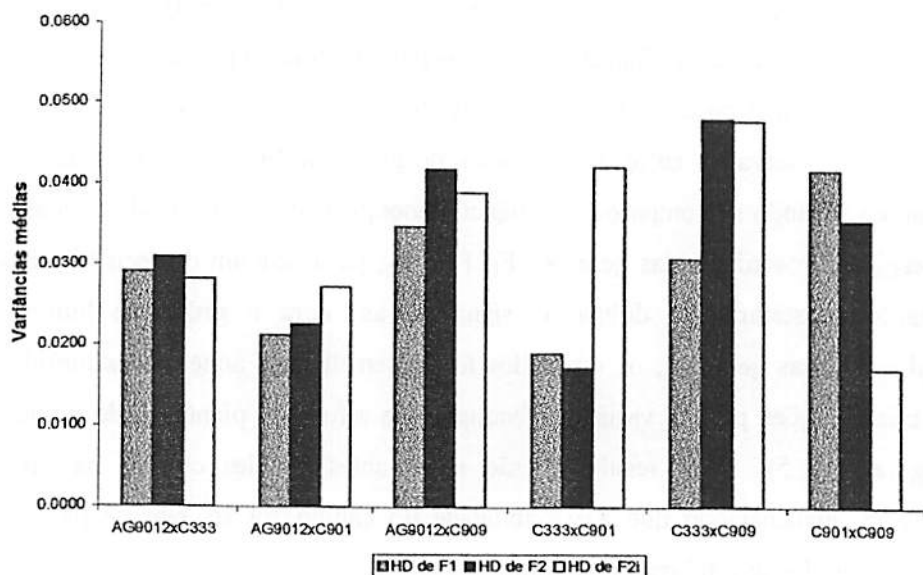


FIGURA 4 – Média das variâncias para a altura de plantas de híbridos duplos das gerações F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub> e F<sub>2i</sub>. Lavras, safra 2000/01.

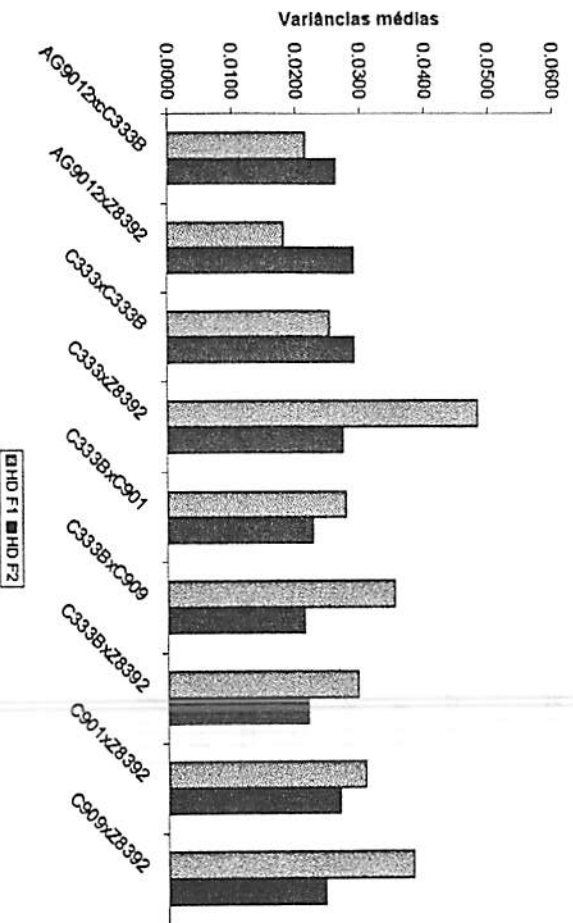


Figura 5 – Média das variâncias para a altura de espigas de híbridos duplos das gerações F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub>. Lavras, safra 2000/01.

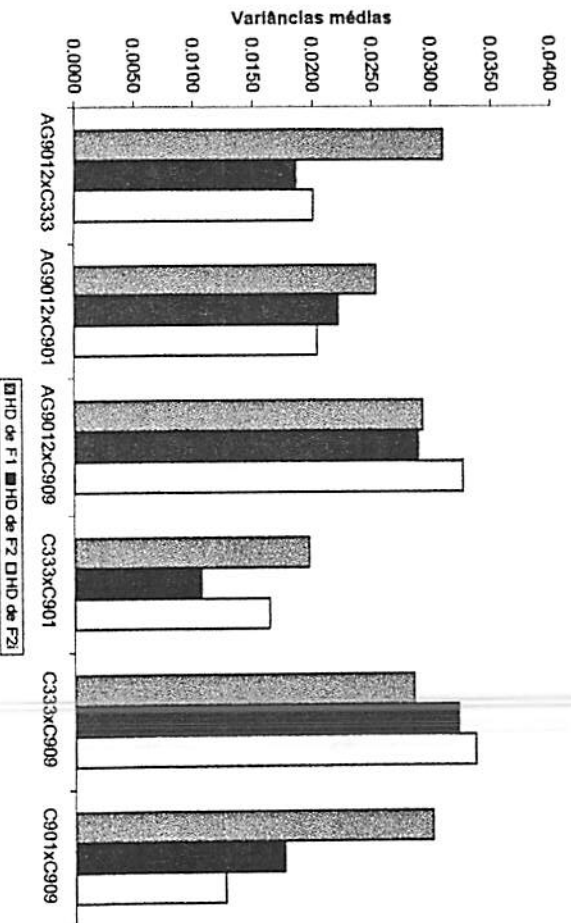


Figura 6 – Média das variâncias para a altura de espigas de híbridos duplos das gerações F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub> e F<sub>2</sub>. Lavras, safra 2000/01.

Os dados para a variância média do peso de espigas dos híbridos duplos em Lavras estão apresentados nas Figuras 7 e 8, e em Ijaci, nas Figuras 9 e 10. Observou-se que, em ambos os locais, a variância média para o peso de espigas foi semelhante para cada híbrido em suas diferentes gerações, tanto para o grupo de duas quanto para o de três gerações. Em alguns casos foram observadas discrepâncias maiores entre as variâncias das diferentes gerações, como no caso do híbrido C333xC909 (Figura 10), entretanto, nenhuma delas mostrou-se significativa, indicando que os híbridos duplos oriundos de sementes  $F_2$  ou  $F_{2i}$  dos híbridos simples são tão homogêneos para o peso de espigas quanto aqueles oriundos de sementes  $F_1$ .

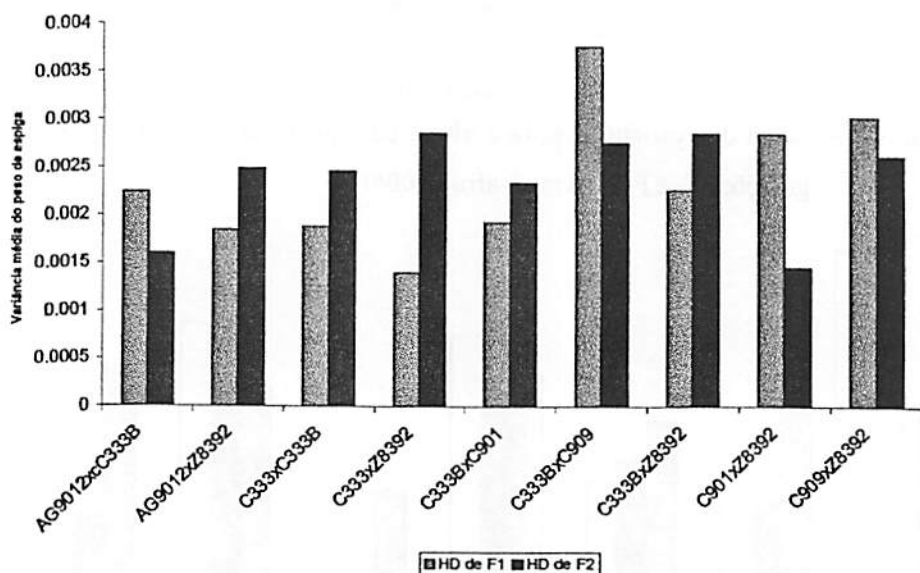


Figura 7 – Média das variâncias para o peso de espigas dos híbridos duplos das gerações  $F_1$  e  $F_2$ . Lavras, safra 2000/01.

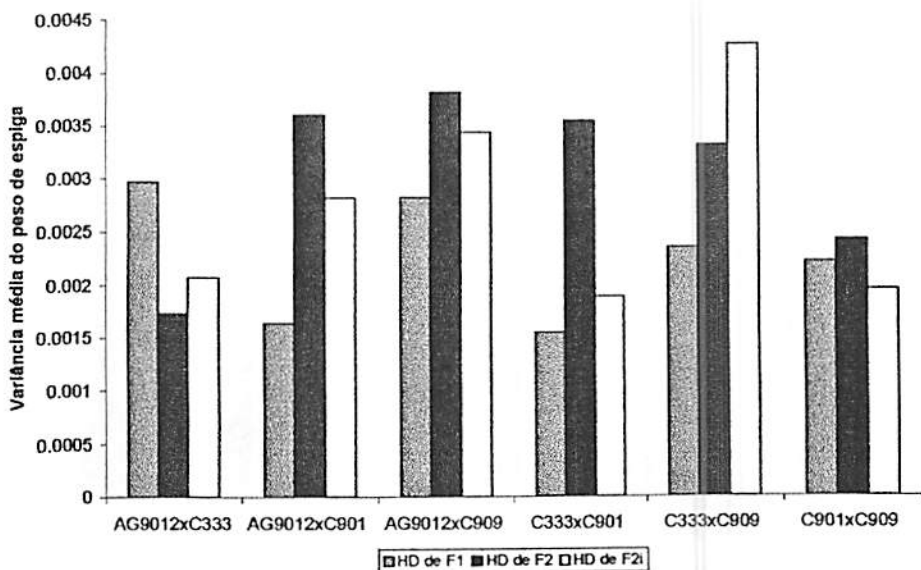


Figura 8 – Média das variâncias para o peso de espigas dos híbridos duplos das gerações F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub> e F<sub>2i</sub>. Lavras, safra 2000/01.

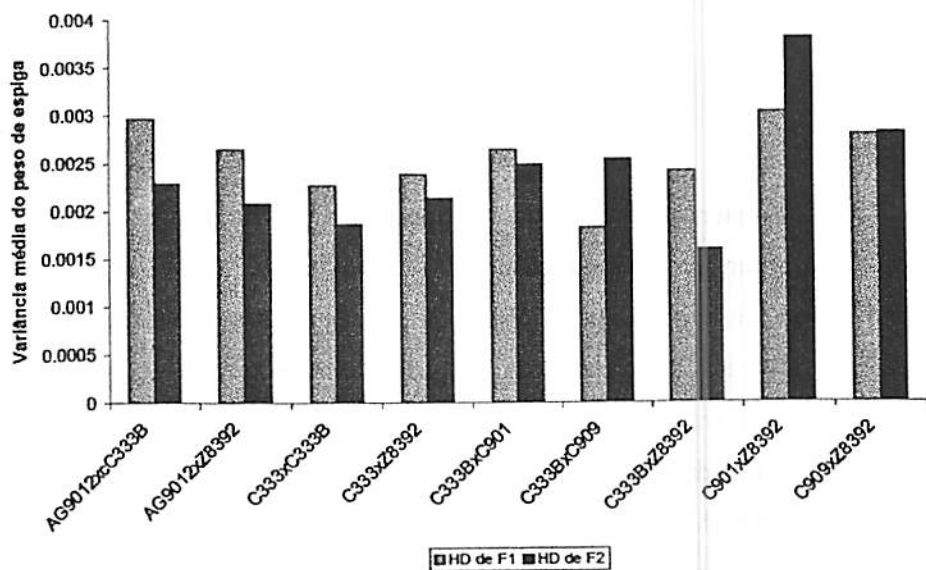


FIGURA 9 – Média das variâncias para o peso de espigas dos híbridos duplos das gerações F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub>. Ijaci, safra 2000/01.

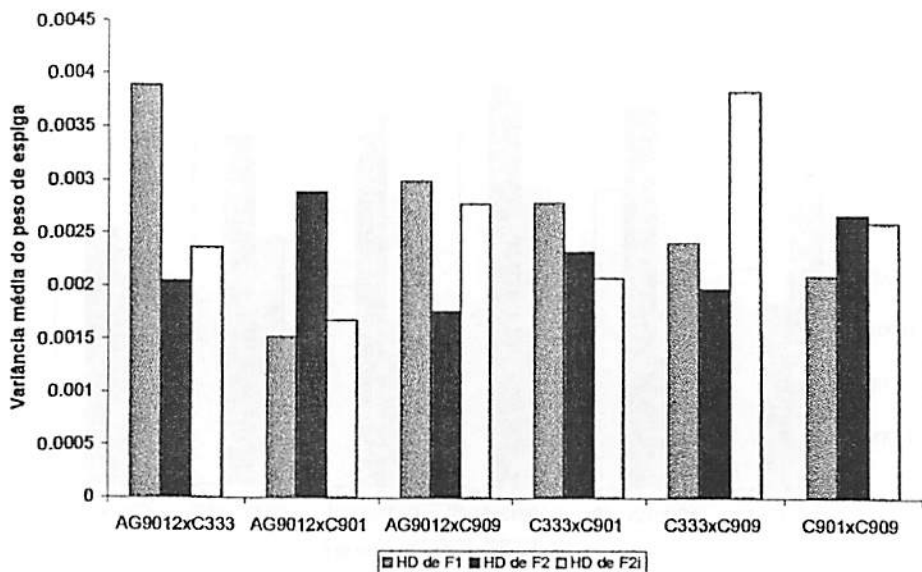


FIGURA 10 – Média das variâncias para o peso de espigas dos híbridos duplos das gerações  $F_1$ ,  $F_2$  e  $F_{2i}$ . Ijaci, safra 2000/01.

#### 4 DISCUSSÃO

Em qualquer programa de melhoramento, é fundamental que os experimentos sejam muito bem conduzidos para que se possa obter maior precisão e, por conseguinte, maior confiança nas decisões a serem tomadas. A medida mais utilizada como indicativo de precisão experimental é o coeficiente de variação. Nesse trabalho, os coeficientes de variação obtidos para todas as características avaliadas, principalmente para a produtividade de espigas e de grãos, foram semelhantes ou inferiores àqueles comumente relatados na literatura para a avaliação de híbridos de milho (Scapim, Carvalho e Cruz, 1995; Gonçalves et al., 1999), permitindo inferir que os experimentos apresentaram boa precisão.

As médias de produtividade de milho obtidas nas duas safras agrícolas foram elevadas. Em 1997/98, a média geral foi de 10,7 t/ha de espigas despalhadas. Considerando que a média da porcentagem de sabugo de todos os híbridos avaliados foi de 19,25% (Tabela 7A), a produtividade de grãos foi de 8,6 t/ha. Já em 2000/01, a média foi de 7,6 t/ha. Essa redução ocorreu devido às condições ambientais, especialmente a má distribuição das chuvas, durante o último ano agrícola.

★Comparando o desempenho médio dos híbridos duplos com o dos simples, utilizados como testemunhas, constata-se que a superioridade dos híbridos simples foi de apenas 2,8% na safra 1997/98 e 4,7% na safra 2000/01. Esses resultados estão de acordo com estudos teóricos de probabilidades que indicam que o melhor híbrido simples obtido será, no máximo, 5% superior ao melhor híbrido duplo (Wricke e Weber, 1986). Além disso, detectou-se a existência de híbridos duplos tão ou mais produtivos que o melhor híbrido simples utilizado como testemunha. Como esses híbridos simples estão entre as melhores cultivares comerciais recomendadas para a região (Ribeiro, 1998), a semelhança de desempenho desses dois tipos de híbridos permite inferir que os híbridos duplos avaliados possuem alto potencial produtivo.

Depreende-se que a crescente utilização de híbridos simples na região sudeste não se justifica plenamente. Porque, pelos resultados obtidos e outros relatados na literatura (Ribeiro, 1998), é possível recomendar híbridos duplos com produtividade média comparável à dos melhores híbridos simples. A vantagem adicional de maior uniformidade dos híbridos simples também é questionada em função da maioria dos agricultores que adotam esse tipo de milho não utilizarem tecnologias que lhes permitam beneficiar dessa maior uniformidade.

Uma das hipóteses desse trabalho era que os híbridos duplos derivados da geração  $F_1$  dos híbridos simples são os mesmos das gerações  $F_2$  dos

respectivos híbridos. Em ambos os anos, essa hipótese foi confirmada, haja vista que, na média dos dois anos, os híbridos duplos derivados da geração  $F_1$  apresentaram média de 8,18 t/há, de grãos e da  $F_2$ , de 8,19 t/ha (Tabelas 7, 10 e 11), ou seja, praticamente a mesma média. Esse resultado torna-se mais expressivo quando se considera que no primeiro ano estiveram envolvidos 21 híbridos, três locais, com três repetições; e no segundo, 15 híbridos, dois locais, com três repetições, ou seja, média de 279 observações. Na literatura não há muitos trabalhos a esse respeito. Os únicos dois relatos encontrados foram os trabalhos de Vasques (1969) e Manrique e Nevado (1970), citados por Sanchez (1988). Naquelas oportunidades, os autores encontraram que os híbridos duplos derivados da  $F_1$  foram cerca de 5% mais produtivos que aqueles derivados da geração  $F_2$ . Os autores relataram que isso provavelmente ocorreu devido à amostragem deficiente na obtenção da geração  $F_2$  dos híbridos simples.

É conhecido que quando se considera apenas um loco, a população atinge o equilíbrio após uma geração de cruzamentos ao acaso. Com muitos locos, ela também atinge o equilíbrio, porém gastam-se mais gerações (Falconer e Mackay, 1996). Contudo, quando se tem a geração  $F_1$  de híbridos simples, como os gametas em atração têm a mesma frequência daqueles em repulsão, mesmo com múltiplos locos independentes a população atinge o equilíbrio com uma geração de cruzamento ao acaso (Mettler e Gregg, 1973). Portanto, a geração  $F_2$  de um híbrido simples, desconsiderando-se a ligação, está em equilíbrio de Hardy-Weinberg. Para comprovar experimentalmente esse fato, a geração  $F_2$  foi inter cruzada manualmente, obtendo-se a geração  $F_{2i}$ . Posteriormente, foram sintetizados os híbridos duplos, considerando os cruzamentos da  $F_1$ ,  $F_2$  e  $F_{2i}$  dos respectivos híbridos simples. Desconsiderando a ocorrência de efeitos epistáticos, mesmo que ocorra desequilíbrio de ligação a média das populações  $F_2$  não se altera com os sucessivos inter cruzamentos. Lima Neto (1998), revisando os trabalhos a respeito da necessidade do



intercruzamento da geração  $F_2$  em programas de seleção recorrente, concluiu que a prática corrente de amostragem nas populações  $F_2$ , sem a recombinação genética adicional por meio de cruzamento ao acaso, tem sido empregada com sucesso. Assim, populações derivadas do intercruzamento de plantas da geração  $F_2$  devem ter o mesmo comportamento também em cruzamento, o que foi confirmado nesse trabalho.

Poder-se-ia argumentar que quando fossem obtidos os híbridos duplos por meio das gerações  $F_2$  ou  $F_{2i}$  a variabilidade dentro desses híbridos seria maior devido à recombinação ocorrida. Entretanto, para todos os caracteres avaliados, a variância dentro de cada híbrido duplo foi muito semelhante, independente de sua origem, ou seja, se derivado da  $F_1$ , da  $F_2$  ou da  $F_{2i}$  (Figuras 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 e 10). Depreende-se, assim, que não há restrições quanto à obtenção de híbridos duplos utilizando as populações em equilíbrio dos respectivos híbridos simples.

A grande vantagem do emprego dos híbridos duplos é o custo de suas sementes, haja vista que, no campo de produção de sementes, a fêmea é um híbrido simples, evidentemente com maior produtividade do que as linhagens (Patemiani e Miranda Filho, 1987). Deve ser mencionado, contudo, que na obtenção dos híbridos duplos estão envolvidas a manutenção das quatro linhagens parentais e a obtenção dos dois híbridos simples, e o posterior cruzamento dos dois híbridos simples para obter as sementes  $F_1$  dos híbridos duplos.

Nesse trabalho ficou evidente a possibilidade de obter sementes  $F_1$  de híbridos duplos em apenas uma etapa, sem a necessidade de manter as linhagens e obter as sementes da geração  $F_1$  dos híbridos simples parentais todos os anos. Isso implica ser possível obter, todos os anos, o mesmo híbrido duplo a partir das populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg dos respectivos híbridos simples, com sensível economia de tempo e de recursos financeiros. Desse

modo, será possível produzir bons híbridos duplos, por preços muito mais acessíveis do que os atualmente praticados no mercado.

## 5 CONCLUSÕES

- Alguns dos híbridos duplos avaliados são tão produtivos quanto os melhores híbridos simples recomendados para a região Sul de Minas Gerais;
- Sob o ponto de vista de genética, é possível reduzir o custo de produção das sementes dos híbridos duplos pela utilização da geração  $F_2$  ou das populações em equilíbrio dos híbridos simples envolvidos.

## 6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics.** Longman Malaysia, 1996. 463p.
- GONÇALVES, F.M.A.; CARVALHO, S.P.; RAMALHO, M.A.P., CORRÊA, L.A. **Importância das interações cultivares x locais e cultivares x anos na avaliação de milho na safrinha. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.34, n.7, p.1175-1181, Jul. 1999.**
- METTLER, L.E.; GREGG, T.G. **Genética de populações e evolução.** São Paulo: Polígono, 1973. 262p.
- LIMA NETO, F.P. **Efeito de uma geração adicional de recombinação sobre a resposta à seleção recorrente em milho (*Zea mays* L.)** Piracicaba: ESALQ/USP, 1998. 150p. (Tese – Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).
- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. **Melhoramento e produção de milho.** 2 ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987.

**RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C.** Experimentação em genética e melhoramento de plantas. Lavras: UFLA, 2000. 326p.

**RIBEIRO, P.H.E.** Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho em diferentes épocas de semeadura, níveis de adubação e locais do Estado de Minas Gerais. Lavras: UFLA, 1998. 126p. (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas).

**SÁNCHEZ, F.M.** Genotecnia vegetal - métodos, teoria, resultados. Tomo II. AGT, México, 1988. p.357-380.

**SCAPIM, C.A.; CARVALHO, C.G.P.; CRUZ, C.D.** Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.30, n.5, p.683-686, maio 1995.

**WRICKE, G.; WEBER, W.E.** Quantitative genetics and selection in plant breeding. New York: Walter de Gruyter, 1986. 406p.

## 7 LISTA DE TABELAS DO APÊNDICE

<b>Tabela</b>		<b>Página</b>
1A	Resumo das análises de variância para a característica peso de espiga (t/ha). Lavras, Ijaci e Lambari, safra 1997/98.....	84
2A	Médias para a produtividade de espigas despalhadas (t/ha) dos diferentes híbridos nas diferentes gerações. Lavras, Ijaci e Lambari, safra 1997/98.....	85
3A	Resumo da análise de variância conjunta para a característica índice de espiga (%). Lavras e Ijaci, safra 1997/98.....	86
4A	Resumo da análise de variância individual para a característica índice de espigas. Lavras e Ijaci, safra 1997/98.....	87
5A	Médias dos tratamentos nas diferentes gerações avaliadas, para a característica índice de espigas. Lavras e Ijaci, safra 1997/98.....	88
6A	Médias para a característica índice de espigas dos tratamentos nas diferentes gerações avaliadas. Dados médios dos experimentos de Lavras e Ijaci, safra 1997/98.....	89
7A	Resumo da análise de variância conjunta para a característica porcentagem de sabugo (%). Lavras, safra 1997/98.....	90
8A	Médias dos tratamentos nas diferentes gerações avaliadas, para a característica porcentagem de sabugo (%). Lavras, safra de 1997/98.....	91
9A	Resumo da análise de variância para a característica peso de grãos (t/ha). Lavras e Ijaci, safra 2000/01.....	92

10A	Médias dos tratamentos nas diferentes gerações avaliadas, da produtividade de espigas (t/ha). Lavras e Ijaci, safra 2000/01.....	93
11A	Resumo da análise de variância para a característica índice de espigas (%). Ijaci, MG, safra 2000/01.....	94
12A	Médias dos tratamentos nas diferentes gerações avaliadas, da porcentagem de sabugo (%) em Lavras e do índice de espigas em Ijaci, na safra 2000/01.....	95
13A	Resumo da análise de variância para a característica porcentagem de sabugo (%). Ijaci, MG, safra 2000/01.....	96

TABELA 1A – Resumo das análises de variância para a característica peso de espiga (t/ha). Lavras, Ijaci e Lambari, safra 1997/98.

FV	GL	QM		
		Lavras	Ijaci	Lambari
Rep/Exp	4	4,29*	2,41 <sup>NS</sup>	12,38**
Trat	49	1,55 <sup>NS</sup>	3,68**	2,90*
Híbridos	42	1,73 <sup>NS</sup>	3,93**	3,23**
Híbridos duplos (HD)	20	2,65*	4,30**	3,54**
Origem (O)	1	2,41 <sup>NS</sup>	0,01 <sup>NS</sup>	17,09**
HD x O	20	0,79 <sup>NS</sup>	3,76*	2,23 <sup>NS</sup>
Entre Test (T)	3	0,23 <sup>NS</sup>	3,66 <sup>NS</sup>	0,52 <sup>NS</sup>
T x Exp	3	0,38 <sup>NS</sup>	2,42 <sup>NS</sup>	1,06 <sup>NS</sup>
T vs HD	1	3,20*	0,65 <sup>NS</sup>	1,18 <sup>NS</sup>
T vs HD x Exp	1	0,18 <sup>NS</sup>	0,01 <sup>NS</sup>	0,35 <sup>NS</sup>
Erro	98	1,52		1,80
CV (%)		10,9	14,01	13,03
Média geral		11,3	10,5	10,3

TABELA 2A – Médias para a produtividade de espigas despalhadas (t/ha) dos diferentes híbridos nas diferentes gerações. Lavras, Ijaci e Lambari, safra 1997/98.

Tratamento	Lavras		Ijaci		Lambari	
	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>
AG9012xP3069	10,1	11,5	10,3	9,9	8,3	10,0
AG9012xC901	11,5	12,1	11,9	8,4	9,6	10,5
AG9012xC909	11,7	10,8	10,0	11,7	10,2	11,4
AG9012xC333	11,8	12,7	11,3	11,8	9,6	12,1
AG9012xZ8392	11,1	10,7	9,1	10,4	9,4	9,9
AG9012xZ8452	12,2	11,4	11,6	11,5	9,4	12,2
P3069xC901	10,6	10,5	10,5	7,7	8,9	9,2
P3069xC909	11,3	11,2	11,1	8,7	11,0	10,4
P3069xC333	10,3	11,2	11,1	11,1	8,3	11,5
P3069xZ8392	10,8	11,2	9,5	9,1	9,1	9,5
P3069xZ8452	10,8	11,7	10,9	13,1	9,0	10,1
C901xC909	9,1	9,8	8,9	9,0	8,8	8,8
C901xC333	12,0	12,0	10,6	10,5	11,5	11,4
C901xZ8392	11,9	11,1	9,8	9,5	8,9	10,6
C901xZ8452	12,2	12,4	9,6	11,6	10,7	12,0
C909xC333	11,7	11,2	10,3	11,0	11,2	10,0
C909xZ8392	10,0	11,0	9,0	10,8	10,5	9,9
C909xZ8452	10,9	11,6	11,8	11,4	11,0	10,8
C333xZ8392	11,0	12,5	11,3	10,1	10,6	11,5
C333xZ8452	11,5	11,2	9,8	11,9	10,1	10,6
Z8392xZ8452	10,7	10,8	11,0	10,0	10,6	9,6
Média	11,1 <sup>A</sup>	11,4 <sup>A</sup>	10,5 <sup>A</sup>	10,4 <sup>A</sup>	9,8 <sup>B</sup>	10,6 <sup>A</sup>
C909	11,9	11,3	10,9	12,1	10,7	10,5
C333	11,4	11,8	10,8	9,1	11,1	11,0
AG9012	11,3	11,6	9,6	10,4	9,8	11,4
Z8392	11,7	12,0	11,3	10,8	10,0	10,6
Média	11,6 <sup>A</sup>	11,7 <sup>A</sup>	10,7 <sup>A</sup>	10,6 <sup>A</sup>	10,4 <sup>A</sup>	10,9 <sup>A</sup>

\* Médias seguidas de letras diferentes indicam diferenças significativas entre os híbridos pelo teste de Scott Knott (5% de probabilidade).

TABELA 3A – Resumo da análise de variância conjunta para a característica índice de espiga (%). Lavras e Ijaci, safra 1997/98.

FV	GL	QM	Prob
Rep/Local/Exp	8	0,009	0,348
Local (L)	1	0,003	0,541
Experimento (Exp)	1	0,007	0,350
L x Exp	1	0,002	0,617
Híbridos duplos (HD)	20	0,026	0,000
Origem (O)	1	0,001	0,724
HD x O	20	0,019	0,001
Entre Test (T)	3	0,020	0,061
T x Exp	3	0,002	0,861
T vs HD	1	0,018	0,158
T vs HD x Exp	1	0,010	0,265
Trat x Local	49	0,023	0,000
HD x L	20	0,009	0,373
L x O	1	0,016	0,161
L x HD x O	20	0,017	0,003
T x L	3	0,010	0,307
T x Exp x L	3	0,009	0,318
T vs HD x L	1	0,036	0,034
T vs HD x Exp x L	1	0,492	0,000
Erro	198	0,008	
CV (%)		8,76	
Média geral		1,02	



TABELA 4A – Resumo da análise de variância individual para a característica índice de espigas. Lavras e Ijaci, safra 1997/98.

FV	GL	QM	
		Lavras	Ijaci
Rep/Exp	4	0,016 <sup>NS</sup>	0,002 <sup>NS</sup>
Trat	49	0,039**	0,004 <sup>NS</sup>
Híbridos	41	0,043**	0,004 <sup>NS</sup>
Híbridos duplos (HD)	20	0,046**	0,004 <sup>NS</sup>
Origem (O)	1	0,004 <sup>NS</sup>	0,000 <sup>NS</sup>
HD x O	20	0,041**	0,005 <sup>NS</sup>
Entre Test (T)	3	0,028 <sup>NS</sup>	0,002 <sup>NS</sup>
T x Exp	3	0,014 <sup>NS</sup>	0,002 <sup>NS</sup>
T vs HD	1	0,051*	0,002 <sup>NS</sup>
T vs HD x Exp	1	0,003 <sup>NS</sup>	0,007 <sup>NS</sup>
Erro	98	0,012	
CV (%)		10,88	5,88
Média geral		1,02	1,01

TABELA 5A – Médias dos tratamentos, nas diferentes gerações avaliadas, para a característica índice de espigas. Lavras e Ijaci, safra 1997/98.

Tratamento	Lavras			Ijaci		
	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	Médias	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	Médias
AG9012xP3069	0,94	1,02	0,98 <sup>a</sup>	1,08	1,01	1,04 <sup>a</sup>
AG9012xC901	0,94	1,14	1,04 <sup>a</sup>	1,00	0,98	0,99 <sup>a</sup>
AG9012xC909	0,99	0,95	0,97 <sup>a</sup>	0,98	1,03	1,00 <sup>a</sup>
AG9012xC333	1,04	1,08	1,06 <sup>a</sup>	1,02	1,03	1,03 <sup>a</sup>
AG9012xZ8392	1,03	1,03	1,03 <sup>a</sup>	0,98	1,00	0,99 <sup>a</sup>
AG9012xZ8452	1,01	1,01	1,01 <sup>a</sup>	0,99	1,07	1,03 <sup>a</sup>
P3069xC901	1,05	1,04	1,05 <sup>a</sup>	1,00	0,98	0,99 <sup>a</sup>
P3069xC909	1,06	1,05	1,05 <sup>a</sup>	1,00	0,96	0,98 <sup>a</sup>
P3069xC333	1,04	1,06	1,05 <sup>a</sup>	1,06	1,04	1,05 <sup>a</sup>
P3069xZ8392	1,04	1,02	1,03 <sup>a</sup>	0,96	0,95	0,96 <sup>a</sup>
P3069xZ8452	1,02	1,07	1,05 <sup>a</sup>	1,05	1,04	1,04 <sup>a</sup>
C901xC909	0,94	1,04	0,99 <sup>a</sup>	0,99	1,02	1,01 <sup>a</sup>
C901xC333	0,87	1,07	0,97 <sup>a</sup>	1,02	0,99	1,01 <sup>a</sup>
C901xZ8392	1,11	1,08	1,10 <sup>a</sup>	1,03	1,08	1,06 <sup>a</sup>
C901xZ8452	0,98	0,53	0,75 <sup>b</sup>	0,97	0,99	0,98 <sup>a</sup>
C909xC333	1,08	1,04	1,06 <sup>a</sup>	0,97	1,06	1,01 <sup>a</sup>
C909xZ8392	0,99	1,03	1,01 <sup>a</sup>	0,99	1,08	1,03 <sup>a</sup>
C909xZ8452	1,03	0,55	0,79 <sup>b</sup>	1,03	1,05	1,04 <sup>a</sup>
C333xZ8392	1,07	1,15	1,11 <sup>a</sup>	1,07	0,96	1,02 <sup>a</sup>
C333xZ8452	1,07	1,03	1,05 <sup>a</sup>	1,00	1,03	1,02 <sup>a</sup>
Z8392xZ8452	1,02	1,06	1,04 <sup>a</sup>	1,06	0,95	1,01 <sup>a</sup>
<b>Média</b>	<b>1,01<sup>A</sup></b>	<b>1,00<sup>A</sup></b>	<b>1,01</b>	<b>1,01<sup>A</sup></b>	<b>1,01<sup>A</sup></b>	<b>1,01</b>
C909	1,11	1,017	1,07 <sup>a</sup>	1,01	1,02	1,02 <sup>a</sup>
C333	1,10	1,20	1,15 <sup>a</sup>	1,02	0,99	1,01 <sup>a</sup>
AG9012	1,05	0,93	0,99 <sup>a</sup>	1,01	0,95	0,98 <sup>a</sup>
Z8392	1,04	1,01	1,03 <sup>a</sup>	1,01	0,95	0,98 <sup>a</sup>
<b>Média</b>	<b>1,08<sup>A</sup></b>	<b>1,04<sup>A</sup></b>	<b>1,06</b>	<b>1,01<sup>A</sup></b>	<b>0,98<sup>B</sup></b>	<b>1,00</b>

<sup>a</sup> Médias seguidas de letras diferentes indicam diferenças significativas entre os híbridos pelo teste de Scott Knott (5% de probabilidade).

TABELA 6A – Médias para a característica índice de espigas dos tratamentos nas diferentes gerações avaliadas. Dados médios dos experimentos de Lavras e Ijaci, safra 1997/98.

Tratamento	Lavras		
	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	Médias
AG9012xP3069	1,01	1,01	1,01 <sup>a</sup>
AG9012xC901	0,97	1,06	1,01 <sup>a</sup>
AG9012xC909	0,98	0,99	0,98 <sup>a</sup>
AG9012xC333	1,03	1,05	1,04 <sup>a</sup>
AG9012xZ8392	1,00	1,02	1,01 <sup>a</sup>
AG9012xZ8452	1,00	1,04	1,02 <sup>a</sup>
P3069xC901	1,02	1,01	1,02 <sup>a</sup>
P3069xC909	1,02	1,00	1,01 <sup>a</sup>
P3069xC333	1,05	1,05	1,05 <sup>a</sup>
P3069xZ8392	1,00	0,98	0,99 <sup>a</sup>
P3069xZ8452	1,03	1,05	1,04 <sup>a</sup>
C901xC909	0,97	1,03	1,00 <sup>a</sup>
C901xC333	0,95	1,03	0,99 <sup>a</sup>
C901xZ8392	1,07	1,08	1,08 <sup>a</sup>
C901xZ8452	0,98	0,76	0,87 <sup>b</sup>
C909xC333	1,02	1,05	1,03 <sup>a</sup>
C909xZ8392	0,99	1,05	1,02 <sup>a</sup>
C909xZ8452	1,03	0,80	0,91 <sup>b</sup>
C333xZ8392	1,07	1,05	1,06 <sup>a</sup>
C333xZ8452	1,04	1,03	1,03 <sup>a</sup>
Z8392xZ8452	1,04	1,01	1,02 <sup>a</sup>
Média	1,01 <sup>A</sup>	1,01 <sup>A</sup>	1,01
C909	1,06	1,02	1,04 <sup>a</sup>
C333	1,06	1,09	1,08 <sup>a</sup>
AG9012	1,03	0,94	0,99 <sup>b</sup>
Z8392	1,03	0,98	1,00 <sup>b</sup>
Média	1,05 <sup>A</sup>	1,01 <sup>A</sup>	1,03

\* Médias seguidas de letras diferentes indicam diferenças significativas entre os híbridos pelo teste de Scott Knott (5% de probabilidade).

**TABELA 7A – Resumo da análise de variância conjunta para a característica  
porcentagem de sabugo (%). Lavras, safra 1997/98.**

<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>QM</b>	<b>Prob</b>
Rep/Exp	4	1,46	0,678
Trat	49	4,89	0,002
Híbridos	41	3,89	0,040
Híbridos duplos (HD)	20	6,02	0,002
Origem (O)	1	3,72	0,227
HD x O	20	1,75	0,817
Entre Test (T)	3	11,54	0,005
T x Exp	3	10,31	0,008
T vs HD	1	14,55	0,017
T vs HD x Exp	1	0,53	0,641
Erro	98	2,506	
CV (%)		8,22	
Média geral		19,25	

TABELA 8A – Médias dos tratamentos, nas diferentes gerações avaliadas, para a característica porcentagem de sabugo (%).Lavras, safra de 1997/98.

Tratamento	Lavras		
	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	Médias
AG9012xP3069	21,59	20,75	21,17 <sup>b</sup>
AG9012xC901	22,07	20,05	21,06 <sup>b</sup>
AG9012xC909	20,43	20,23	20,33 <sup>b</sup>
AG9012xC333	19,48	20,83	20,16 <sup>b</sup>
AG9012xZ8392	19,85	20,59	20,22 <sup>b</sup>
AG9012xZ8452	18,64	16,86	17,75 <sup>a</sup>
P3069xC901	18,93	19,27	19,10 <sup>a</sup>
P3069xC909	20,07	19,12	19,59 <sup>b</sup>
P3069xC333	19,05	18,62	18,84 <sup>a</sup>
P3069xZ8392	18,45	18,19	18,32 <sup>a</sup>
P3069xZ8452	18,02	18,48	18,25 <sup>a</sup>
C901xC909	19,63	17,79	18,71 <sup>a</sup>
C901xC333	17,86	18,30	18,08 <sup>a</sup>
C901xZ8392	20,02	18,60	19,31 <sup>a</sup>
C901xZ8452	19,72	17,99	18,85 <sup>a</sup>
C909xC333	19,96	18,85	19,40 <sup>a</sup>
C909xZ8392	19,32	18,78	19,05 <sup>a</sup>
C909xZ8452	17,58	17,75	17,66 <sup>a</sup>
C333xZ8392	17,98	19,05	18,52 <sup>a</sup>
C333xZ8452	18,97	18,71	18,84 <sup>a</sup>
Z8392xZ8452	17,45	19,06	18,26 <sup>a</sup>
Média	19,29 <sup>A</sup>	18,95 <sup>A</sup>	19,12
C909	21,15	18,91	20,03 <sup>a</sup>
C333	20,49	20,80	20,64 <sup>a</sup>
AG9012	19,42	22,97	21,19 <sup>a</sup>
Z8392	18,86	17,17	18,02 <sup>b</sup>
Média	19,98 <sup>A</sup>	19,96 <sup>A</sup>	19,97

<sup>a</sup> Médias seguidas de letras diferentes indicam diferenças significativas entre os híbridos pelo teste de Scott Knott (5% de probabilidade).

TABELA 9A – Resumo da análise de variância para a característica peso de grãos (t/ha). Lavras e Ijaci, safra 2000/01.

FV	GL	QM	
		Lavras	Ijaci
Blocos	2	8,06 **	1,34 **
Trat	41	1,30 **	0,96 **
HD	35	1,15 **	0,92 **
Test	5	1,11 **	1,41 *
HD x Test	1	2,47 *	0,31 **
Grupo de HD de 2 gerações	17	0,85 **	0,56 **
Entre origens (O <sub>1</sub> )	1	2,94 *	0,006 **
Entre híbridos (H <sub>1</sub> )	8	1,21 *	0,71 **
O <sub>1</sub> x H <sub>1</sub>	8	0,24 **	0,47 **
AG9012xC333B/O	1	0,33 **	0,05 **
AG9012xZ8392/O	1	0,86 **	0,26 **
C333xC333B/O	1	0,15 **	0,52 **
C333xZ8392/O	1	0,06 **	1,35 **
C333BxC901/O	1	1,35 **	0,003 **
C333BxC909/O	1	0,12 **	0,05 **
C333BxZ8392/O	1	1,08 **	0,08 **
C901xZ8392/O	1	0,003 **	1,31 **
C909xZ8392/O	1	0,86 **	0,17 **
Grupo de HD de 3 gerações	17	1,07 *	0,94 *
Entre origens (O <sub>2</sub> )	2	1,68 **	0,75 **
Entre híbridos (H <sub>2</sub> )	5	2,55 **	1,81 **
O <sub>2</sub> x H <sub>2</sub>	10	0,21 **	0,55 **
AG9012xC333/O	2	0,17 **	0,28 **
AG9012xC901/O	2	0,14 **	0,80 **
AG9012xC909/O	2	1,14 **	0,88 **
C333xC901/O	2	0,35 **	0,56 **
C333xC909/O	2	0,63 **	0,003 **
C901xC909/O	2	0,26 **	0,97 **
Entre grupos	1	1,12 **	7,33 **
Erro	82	0,58	0,46
CV (%)		7,57	13,09
Média geral (t/ha)		10,07	5,19

TABELA 10A – Médias dos tratamentos, nas diferentes gerações avaliadas, da produtividade de espigas (t/ha). Lavras e Ijaci, safra 2000/01.

Tratamentos	Produtividade de grãos (t/ha)					
	Lavras			Ijaci		
	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	F <sub>3</sub>	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	F <sub>3</sub>
AG9012xC333	10,5	10,2	10,0	5,3	5,6	5,9
AG9012xC901	9,8	9,6	9,4	5,8	4,8	5,1
AG9012xC909	10,6	9,4	9,9	5,0	4,0	5,0
C333xC901	9,4	8,9	9,5	4,4	4,7	5,2
C333xC909	10,7	10,0	9,8	4,6	4,6	4,6
C901xC909	9,2	8,6	8,8	5,1	4,1	4,1
<b>Média</b>	<b>10,1<sup>B</sup></b>	<b>9,5<sup>A</sup></b>	<b>9,6<sup>A</sup></b>	<b>5,0<sup>A</sup></b>	<b>4,7<sup>A</sup></b>	<b>5,0<sup>A</sup></b>
AG9012xC333B	10,3	9,9		5,4	5,2	
AG9012xZ8392	10,1	9,4		5,0	5,4	
C333xC333B	10,2	9,8		5,1	5,7	
C333xZ8392	10,4	10,2		5,8	4,8	
C333BxC901	10,5	9,5		5,5	5,5	
C333BxC909	10,7	11,0		5,8	5,6	
C333BxZ8392	11,5	10,6		5,9	5,7	
C901xZ8392	10,0	9,9		5,3	6,2	
C909xZ8392	10,2	9,5		4,9	4,5	
<b>Média</b>	<b>10,5<sup>B</sup></b>	<b>10,0<sup>A</sup></b>		<b>5,4<sup>A</sup></b>	<b>5,4<sup>A</sup></b>	
AG9012	10,0 <sup>a</sup>			5,7 <sup>b</sup>		
C333	11,1 <sup>b</sup>			5,7 <sup>b</sup>		
C333B	11,2 <sup>b</sup>			6,2 <sup>b</sup>		
C901	9,9 <sup>a</sup>			4,3 <sup>a</sup>		
C909	11,2 <sup>b</sup>			4,9 <sup>a</sup>		
C747	10,4 <sup>a</sup>			4,9 <sup>a</sup>		
<b>Média</b>	<b>10,6</b>			<b>5,3</b>		

\* Médias seguidas de letras diferentes indicam diferenças significativas entre os híbridos pelo teste de Scott Knott (5% de probabilidade).

TABELA 11A – Resumo da análise de variância para a característica índice de espigas (%). Ijaci, MG, safra 2000/01.

FV	GL	QM	Prob
Repetição	2	0,0015	0,813
Tratamentos (T)	41	0,0072	0,535
HD	35	0,0077	0,429
Test	5	0,0049	0,653
HD x Test	1	0,0013	0,676
Grupo de HD de 2 gerações	17	0,0095	0,223
Entre origens (O <sub>1</sub> )	1	0,0319	0,041
Entre híbridos (H <sub>1</sub> )	8	0,0078	0,403
O <sub>1</sub> x H <sub>1</sub>	8	0,0084	0,349
Grupo de HD de 3 gerações	17	0,0063	0,631
Entre origens (O <sub>2</sub> )	2	0,0013	0,839
Entre híbridos (H <sub>2</sub> )	5	0,0069	0,464
O <sub>2</sub> x H <sub>2</sub>	10	0,0071	0,485
Entre grupos	1	0,0002	0,869
Erro	82		
CV (%)		8,53	
Média geral		1,01	



TABELA 12A – Médias dos tratamentos, nas diferentes gerações avaliadas, da porcentagem de sabugo (%) em Lavras e do índice de espigas em Ijaci, na safra 2000/01.

Tratamentos	% de sabugo				Índice de espigas			
	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	F <sub>3</sub>	Média	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	F <sub>3</sub>	Média
AG9012xC333	18,35	18,62	18,67	18,55 <sup>a</sup>	1,02	1,04	1,05	1,04 <sup>a</sup>
AG9012xC901	20,09	17,99	18,28	18,79 <sup>a</sup>	1,04	0,96	0,97	0,99 <sup>a</sup>
AG9012xC909	18,50	19,37	19,53	19,13 <sup>a</sup>	1,04	0,92	0,99	0,99 <sup>a</sup>
C333xC901	19,63	17,88	17,14	18,22 <sup>a</sup>	1,02	0,95	1,00	0,99 <sup>a</sup>
C333xC909	17,24	17,72	18,42	17,79 <sup>a</sup>	0,96	1,03	1,01	1,00 <sup>a</sup>
C901xC909	18,76	19,01	17,57	18,45 <sup>a</sup>	1,03	1,13	0,99	1,05 <sup>a</sup>
Média	18,76 <sup>A</sup>	18,43 <sup>A</sup>	18,27 <sup>A</sup>	18,49	1,02 <sup>A</sup>	1,01 <sup>A</sup>	1,00 <sup>A</sup>	1,01
AG9012xC333B	19,20	20,08		19,64 <sup>a</sup>	1,00	1,00		1,00 <sup>a</sup>
AG9012xZ8392	16,89	19,17		18,03 <sup>a</sup>	0,99	0,93		0,96 <sup>a</sup>
C333xC333B	17,20	17,52		17,36 <sup>a</sup>	1,07	1,03		1,05 <sup>a</sup>
C333xZ8392	18,10	17,10		17,60 <sup>a</sup>	1,03	0,89		0,96 <sup>a</sup>
C333BxC901	18,43	18,19		18,31 <sup>a</sup>	1,10	0,93		1,01 <sup>a</sup>
C333BxC909	18,40	18,44		18,42 <sup>a</sup>	1,02	1,03		1,03 <sup>a</sup>
C333BxZ8392	18,39	17,10		17,75 <sup>a</sup>	0,98	1,05		1,02 <sup>a</sup>
C901xZ8392	16,94	17,05		16,99 <sup>a</sup>	1,07	1,06		1,07 <sup>a</sup>
C909xZ8392	17,86	16,76		17,31 <sup>a</sup>	1,06	0,98		1,02 <sup>a</sup>
Média	17,94 <sup>A</sup>	17,93 <sup>A</sup>		17,94	1,04 <sup>A</sup>	0,99 <sup>A</sup>		1,01
AG9012	19,87			19,87 <sup>b</sup>	0,99			0,99 <sup>a</sup>
C333	16,05			16,05 <sup>a</sup>	0,99			0,99 <sup>a</sup>
C333B	17,85			17,85 <sup>a</sup>	1,03			1,03 <sup>a</sup>
C901	17,84			17,84 <sup>a</sup>	1,09			1,09 <sup>a</sup>
C909	18,50			18,50 <sup>a</sup>	1,03			1,03 <sup>a</sup>
C747	20,80			20,80 <sup>b</sup>	1,00			1,00 <sup>a</sup>
Média	18,48			18,48	1,02			1,02

\* Médias seguidas de letras diferentes indicam diferenças significativas entre os híbridos pelo teste de Scott Knott (5% de probabilidade).

TABELA 13A – Resumo da análise de variância para a característica porcentagem de sabugo (%). Ijaci, MG, safra 2000/01.

FV	GL	QM	Prob
Repetição	2	8,635	0,002
Tratamentos (T)	41	3,207	0,000
HD	35	2,523	0,012
Test	5	8,416	0,000
HD x Test	1	1,125	0,595
Grupo de HD de 2 gerações	17	2,667	0,024
Entre origem (O <sub>1</sub> )	1	0,0001	0,993
Entre híbridos (H <sub>1</sub> )	8	3,791	0,009
O <sub>1</sub> x H <sub>1</sub>	8	1,877	0,219
Grupo de HD de 3 gerações	17	2,045	0,114
Entre origens (O <sub>2</sub> )	2	1,140	0,437
Entre híbridos (H <sub>2</sub> )	5	1,917	0,231
O <sub>2</sub> x H <sub>2</sub>	10	2,289	0,099
Entre grupos	1	8,197	0,016
Erro	82	1,364	
CV (%)		6,40	
Média geral		18,25	