



**SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA
EM POPULAÇÕES DERIVADAS DE
HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO**

FRANCISLEI VITTI RAPOSO

2002

FRANCISLEI VITTI RAPOSO

**SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA
EM POPULAÇÕES DERIVADAS DE
HÍBRIDOS SIMPLES 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 a obtenção do título
de "Doutor".

Orientador

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL
2002



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

Raposo, Francislei Vitti

Seleção recorrente recíproca em populações derivadas de híbridos simples de milho / Francislei Vitti Raposo. -- Lavras : UFLA, 2002.

106 p. : il.

Orientador: Magno Antônio Patto Ramalho.

Tese (Doutorado) – UFLA.

Bibliografia.

1. *Zea mays* L. 2. Seleção recorrente recíproca. 3. Melhoramento. 4. Heterose. 5. Genética quantitativa. 6. Progresso realizado 7. Milho 8. Híbrido I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD-633.1523

FRANCISLEI VITTI RAPOSO

**SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA
EM POPULAÇÕES DERIVADAS DE
HÍBRIDOS SIMPLES 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 a obtenção do título
de "Doutor".

APROVADA em 12 de novembro de 2002

Dr. Elto Eugênio Gomes e Gama	Embrapa Milho e Sorgo
Dr. Júlio Sílvio de Souza Bueno Filho	UFLA
Dra. Maria Elisa Ayres Guidetti Zagatto Paterniani	IAC
Dr. João Cândido de Souza	UFLA



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

LAVRAS
MINAS GERAIS - BRASIL

**“A diferença entre o que nós fazemos e aquilo que somos capazes de fazer
seria suficiente para resolver a maioria dos problemas do mundo.”**

(GANDHI)

Aos meus pais, Francisco e Onorina.

Aos meus irmãos, Fabiana, Fabrício e Flaviane.

À minha sobrinha Mariana.

Aos meus avós, tios e primos.

À minha noiva, Nayara.

A vocês, um simples obrigado é pouco.

**Saibam que as alegrias de hoje são de vocês,
pois foram o seu amor, o estímulo e o carinho
as armas para mais esta conquista.**

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela vida, proteção e por ter permitido mais esta vitória.

À Universidade Federal de Lavras (UFLA) e ao Departamento de Biologia, pela oportunidade de realização do curso de Doutorado.

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 incentivo, estímulo, apoio, paciência e pelos grandes ensinamentos transmitidos. Sinto-me premiado, orgulhoso e honrado por ter sido seu orientado. Minha gratidão e o meu profundo respeito pelo muito que a mim foi oferecido.

Aos professores do Departamento de Biologia, pelos ensinamentos transmitidos e amigável convivência.

Aos Doutores Elto Eugênio Gomes e Gama, Júlio Sílvio de Souza Bueno Filho, Maria Elisa Ayres Guidetti Zagatto Paterniani e João Cândido de Souza, pela disponibilidade em participarem da banca de defesa e pelas contribuições apresentadas.

Aos colegas do curso de Genética e Melhoramento de Plantas, pelo convívio e amizade. Em especial aos amigos Odair, Giovani (Quati), Maximilian, Fausto, Ângela, José Eustáquio, Flávia Avelar, Marcos (Cabeça), Isabela e Nara, pela amizade e incentivo.

A minha noiva Nayara, aos seus pais Arne e Ana Maria, seus irmãos Breno e Pablo, seus avós, tios e primos, que sempre me acolheram com muito carinho.

Aos funcionários do Departamento de Biologia, que souberam dar a sua contribuição neste trabalho, minha gratidão.

Aos pesquisadores e funcionários do Centro de Pesquisa Agroflorestal de Roraima, pelo auxílio na condução do experimento.

A todos que não foram citados, mas nem por isso esquecidos, e que contribuíram de alguma maneira para o êxito desse trabalho.

“O tempo passa as pessoas mudam.

É a ordem natural das coisas.

**Mas existem momentos e pessoas
que por mais que modificações ocorram,
serão sempre lembrados com muito carinho,
porque fizeram parte de nossa vida,
dando a ela uma nova cor.**

**E são esses momentos e essas pessoas
que fazem mais bonita a arte de viver.”**

SUMÁRIO

	Página
— RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	iii
1 INTRODUÇÃO GERAL.....	1
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	3
2.1 O milho híbrido	3
2.2 Obtenção de sementes híbridas	10
2.3 Componentes de variância e covariância genética	16
2.4 Progresso esperado com a seleção recorrente interpopulacional	23
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	29
CAPÍTULO 1 – ESTIMATIVAS DOS COMPONENTES DE VARIÂNCIA GENÉTICA INTRA E INTERPOPULACIONAIS RELACIONADOS À SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM POPULAÇÕES DERIVADAS DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO	
RESUMO.....	38
ABSTRACT.....	40
1 INTRODUÇÃO	42
2 MATERIAL E MÉTODOS	44
2.1 Material genético	44
2.2 Obtenção e avaliação dos diferentes tipos de progênes	44
2.3 Manejo da cultura	45
2.4 Características avaliadas	45
2.5 Análise dos dados	46
2.6 Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos	47
2.7 Estimativas dos componentes da variância e covariância genética intrapopulacionais	50
2.8 Estimativas dos componentes da variância e covariância genética interpopulacionais	52
2.9. Estimativa do ganho com a seleção	53
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	55
4 CONCLUSÕES	75

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	76
CAPÍTULO 2 - ALTERAÇÕES NA HETEROSE APÓS À SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM POPULAÇÕES DERIVADAS DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO	81
RESUMO	82
ABSTRACT	83
1 INTRODUÇÃO	84
2 MATERIAL E MÉTODOS	86
2.1 Obtenção e avaliação das progênes de meios-irmãos interpopulacionais	86
2.1.1 Manejo da cultura	87
2.1.2 Características avaliadas	87
2.1.3 Análises estatísticas e obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos	87
2.2 Obtenção das populações melhoradas e da combinação híbrida entre elas	88
2.3 Condução dos experimentos de avaliação do progresso realizado com a seleção recorrente recíproca	89
2.3.1 Manejo da cultura	89
2.3.2 Características avaliadas	89
2.3.3 Análises estatísticas	90
2.3.4 Obtenção das estimativas de heterose	91
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	92
4 CONCLUSÕES	102
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	103
ANEXO	105

RESUMO

RAPOSO, Francislei Vitti. Seleção recorrente recíproca em populações derivadas de híbridos simples de milho. Lavras: UFLA, 2002. 106p (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)^{II}

Com o intuito de avaliar o potencial de populações derivadas de híbridos simples comerciais para a seleção recorrente intra e interpoblacional, foi realizado o presente trabalho, conduzido em duas etapas. Utilizou-se as populações S_0 originárias de dois híbridos simples comerciais, o AG9012 e C333. Na primeira etapa, foram estimados os componentes de variância genética intra e interpoblacionais. Para isso, foram obtidos inicialmente três tipos de progênies de cada população: progênies endogâmicas S_1 , progênies de meios-irmãos intra e interpoblacionais. Cada tipo de progênie foi avaliada em um χ látice simples 13×13 , sendo as parcelas constituídas por uma linha de três metros. Os caracteres avaliados foram a prolificidade, altura de plantas e a produtividade de espigas despalhadas. Já na segunda etapa, que teve por objetivo a obtenção do progresso realizado com a seleção recorrente recíproca (SRR), utilizou-se uma nova amostra de progênies híbridas, de cada população S_0 . Essas foram avaliadas em dois χ látices simples 13×13 , na área experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA). A partir dos dados médios da produtividade de espigas despalhadas foram identificadas as 15 progênies com melhor desempenho produtivo, em cada um dos experimentos. Utilizando-se as sementes S_1 remanescentes, realizou-se a recombinação, obtendo-se as populações melhoradas $S_0^*AG9012$, S_0^*C333 e, simultaneamente, a combinação híbrida entre elas. No ano agrícola 2000/01 instalou-se, em três locais do Sul do estado de Minas Gerais: Lavras, Ijaci e Lambari, os experimentos visando avaliar a eficiência do programa de SRR. Nestes experimentos foram comparados os seguintes tratamentos: a geração F_1 dos híbridos simples comerciais AG9012 e C333, o híbrido duplo resultante do cruzamento entre eles ($F_1AG9012 \times F_1C333$); as populações $S_0AG9012$ e S_0C333 , o híbrido interpoblacional ($S_0AG9012 \times S_0C333$), as populações melhoradas $S_0^*AG9012$ e S_0^*C333 e a sua combinação híbrida ($S_0^*AG9012 \times S_0^*C333$). O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso, com nove repetições sendo as parcelas representadas por duas linhas de cinco metros. Constatou-se que as estimativas das variâncias aditivas (σ_A^2), tanto intra como interpoblacional, em ambas as populações, foram de grande magnitude evidenciando a predominância do efeito aditivo no controle dos caracteres

^{II} Orientador: Magno Antônio Patto Ramalho - Universidade Federal de Lavras (UFLA).

avaliados. Estas estimativas, associadas ao desempenho médio das progênes avaliadas, possibilitam inferir que as duas populações derivadas de híbridos simples comerciais são promissoras para programas de seleção recorrente, tanto intra como interpopulacionais. Constatou-se também que o progresso realizado com um ciclo de seleção recorrente recíproca foi de 5,7% para a produção de espigas despalhadas. Este ganho deve-se, principalmente ao incremento na heterose, haja vista que o desempenho de ambas as populações *per se* foram semelhantes considerando as populações S_0 e S_0^* . É importante mencionar que o desempenho do híbrido interpopulacional melhorado superou a geração F_1 dos híbridos simples AG9012 e C333 em 7,2% e 6,5%, respectivamente, evidenciando o potencial da referida combinação híbrida.

ABSTRACT

-RAPOSO, Francislei Vitti. Reciprocal recurrent selection in populations derived from single cross maize hybrids. 2002. 106p. Thesis (Doctoral Genetics and Plant Breeding) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.^{IV}

A two-stage study was carried out to assess the potential of single cross hybrids derived populations for intra and interpopulational recurrent selection programs. The S_0 populations derived from the AG9012 and C333 single cross commercial hybrids were used. In the first stage, the intra and interpopulational components of genetic variance were estimated using inbred S_1 and intra and interpopulational half-sib progenies from each population. Each progeny type was assessed in a 13×13 simple lattice with plots formed by one three-meter row. The assessed traits were prolificacy, plant height and de-hulled ear yield. In the second stage, which aimed at obtaining the progress from reciprocal recurrent selection (SRR), a new sample of hybrid progenies from each S_0 population was assessed in two 13×13 lattices in the experimental area of the Department of Biology at the Federal University of Lavras (UFLA). Using the mean data of de-hulled ears yield, the 15 best yield progenies were identified in each one of the experiments. Remnant S_1 seeds were used to sow a recombination experiment and obtain the improved $S_0^*AG9012$ and S_0^*C333 populations and, simultaneously, their hybrid combination. In the agricultural year 2000/01, the experiments to assess the efficiency of the SRR program were set up in Lavras, Ijaci and Lambari in Southern Minas Gerais state. The following treatments were evaluated: The F_1 generation of the AG9012 and C333 single cross commercial hybrids; their double cross hybrid ($F_1AG9012 \times F_1C333$); the $S_0AG9012$ and S_0C333 populations; the interpopulational hybrid (AG9012 \times C333); the improved $S_0^*AG9012$ and S_0^*C333 populations; and their hybrid combinations ($S_0^*AG9012 \times S_0^*C333$). A randomized complete block design experiment with nine replications and plots formed by two five-meter rows was used. The intra and interpopulational additive variance estimates ($\hat{\sigma}_A^2$) of both populations was of large magnitude, showing the predominance of the additive effect in the control of the traits assessed. These estimates associated with the mean performance of the assessed progeny also allowed to infer that the two populations derived from single cross commercial hybrids are

^{IV} Guidance Committee: Magno Antônio Patto Ramalho – UFLA (Major Professor).

promising for use in intra and interpopulational recurrent selection programs. A 5.7% progress was obtained in one cycle of reciprocal recurrent selection for hulled ear yield. This progress was mainly attributed to increased heterosis, as the "*per-se*" performance of the S_0 and S_0^* populations was similar. It is important to mention that the yield of the improved hybrid outperformed the F_1 generations of the AG9012 and C333 single cross hybrids by 7.2% and 6.5%, respectively, showing the potential of the referred hybrid combination.

1 INTRODUÇÃO GERAL

O desenvolvimento do milho híbrido foi um dos maiores benefícios da ciência para a sociedade, proporcionando aumentos significativos no potencial produtivo da cultura do milho e, indiretamente, contribuindo para a preservação dos recursos ambientais. Estima-se que aproximadamente 65% da área cultivada no mundo com a cultura do milho seja semeada com cultivares híbridas (Duvick, 1999).

Embora este percentual de utilização de sementes híbridas seja alto, constata-se que ainda é grande a área cultivada sem o uso desta “tecnologia”. Especificamente no Brasil, estima-se que cerca de cinco milhões de hectares sejam semeados com sementes de variedades e de “paiol”. De maneira geral, os agricultores que cultivam estas áreas são pequenos produtores, na sua grande maioria descapitalizados.

Um dos reflexos da não utilização de sementes híbridas é a baixa produtividade observada no país. Portanto, um dos modos do Brasil aumentar a sua produtividade média é facilitar o acesso destes agricultores às cultivares que possam explorar de maneira mais eficiente a heterose. Para isto, é necessária a redução do custo das sementes híbridas. Entre as alternativas possíveis para este propósito, destaca-se a utilização da geração S_0 de populações oriundas de híbridos simples, para gerarem híbridos duplos. Já foi constatado que os híbridos duplos assim obtidos têm desempenho muito semelhante àqueles derivados da geração F_1 de híbridos simples (Souza Sobrinho et al., 2002). Isto porque, na geração S_0 , os gametas produzidos, bem como suas frequências, são as mesmas da geração F_1 . Como as populações S_0 estão em equilíbrio, elas podem ser mantidas indefinidamente, sem a necessidade de manter as quatro linhagens parentais e obter anualmente os dois híbridos simples que irão gerar o híbrido duplo.

No Brasil, não é frequente o relato da utilização de populações derivadas de híbridos simples comerciais. Contudo, considerando que essas populações apresentam estabilidade produtiva, média alta e grande variabilidade, espera-se que estas sejam propícias para serem utilizadas em programas de melhoramento. Há inúmeras estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, tanto para o melhoramento intra como interpopulacional (Takeda, 1997; Alves, 2002). Contudo, não foi encontrado nenhum relato desses parâmetros em populações derivadas de híbridos simples que possam auxiliar os melhoristas na decisão de se utilizar ou não esse tipo de população.

Considerando que na obtenção de híbridos duplos a partir de populações S_0 , as duas populações podem ser melhoradas por meio da seleção recorrente recíproca (SRR), ampliando a heterose entre elas é possível a obtenção de um híbrido interpopulacional a cada ciclo seletivo, com o desempenho superior ao da geração anterior (Souza Júnior, 1993; Hallauer, 1999). Embora esta estratégia seja teoricamente factível ela não tem sido explorada.

Do exposto, foi realizado o presente trabalho, com o objetivo de estimar os componentes de variância intra e interpopulacionais em populações S_0 derivadas de dois híbridos simples comerciais e também avaliar o progresso realizado após um ciclo de SRR.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 O milho híbrido

A obtenção do milho híbrido foi, sem dúvida alguma, uma das principais contribuições da ciência para a sociedade pois, não só permitiu expressivos aumentos em produtividade dessa gramínea como possibilitou que o fenômeno da heterose fosse extensivamente utilizado em outras espécies. Estima-se que, atualmente, mais de 65% da área mundial plantada com a cultura do milho seja ocupada por cultivares híbridas, proporcionando um acréscimo de aproximadamente 55 milhões de toneladas de grãos, se comparado à sementeira de variedades (Duvick, 1999).

De todas as regiões tropicais e subtropicais onde o milho híbrido tem sido utilizado, é o Brasil o país onde pode-se constatar efetivamente a sua contribuição mais significativa para a agricultura (Paterniani, 1993). Entre as vantagens do uso de sementes híbridas estão a possibilidade de: (1) associar características de distintos genitores no menor espaço de tempo possível; (2) obter genótipos superiores em um prazo relativamente curto; (3) utilizar interações gênicas na geração híbrida; (4) produzir genótipos uniformes; (5) conseguir menor interação com o ambiente (maior homeostase) na geração F_1 e (6) produzir sementes de milho híbrido em escala comercial, com reflexos gerais favoráveis sobre a economia da região (Paterniani, 1974).

É importante ressaltar que os níveis de produtividade obtidos, até o momento, só têm sido possíveis graças ao eficiente trabalho desenvolvido pelos melhoristas ao longo dos anos. Na literatura são encontrados inúmeros trabalhos mostrando que o progresso genético com a cultura do milho tem sido expressivo

(Russell, 1984; Duvick, 1994; Troyer, 1999). A produtividade média dos híbridos utilizados nos EUA passou de 1,3 t/ha, em 1930 a 8,3 t/ha, em 1999. Sendo que o aumento da produtividade de grãos foi de 63,1 kg/ha/ano no período de 1930 a 1960 e de 110,4 kg/ha/ano, no período de 1960 a 1999 (Troyer, 1999). No Brasil o incremento em produtividade também foi expressivo, mostrando-se superior a 1% ao ano (Tabela 1).

Os tipos de híbridos que podem ser sintetizados foram relacionados por Miranda Filho & Viegas (1987) e são descritos a seguir.

1) *Top-cross* – é o resultado do cruzamento entre progênies parcialmente endogâmicas com um testador, o qual pode ser uma variedade de base genética ampla, um híbrido simples ou linhagens elites. Esse tipo de híbrido não tem sido considerado de valor comercial; entretanto, apresenta grande importância nos programas de melhoramento, sendo amplamente utilizado na avaliação da capacidade combinatória das progênies.

2) Híbrido simples – é obtido mediante o cruzamento de duas linhagens. Em geral, é mais produtivo do que outros tipos de híbridos, apresentando grande uniformidade de plantas e de espigas. A semente tem custo de produção mais elevado, porque a fêmea de um híbrido simples é uma linhagem que exibe produtividade mais baixa. Atualmente, representam 100% das cultivares plantadas nos EUA. No Brasil, o plantio deste tipo de híbrido tem aumentado a cada ano.

3) Híbrido simples modificado – utiliza-se como genitor feminino o híbrido entre duas linhagens muito próximas entre si ($A \times A'$) e, como genitor masculino, uma linhagem B, isto é $[(A \times A') \times B]$. Em qualquer caso, o custo de 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.

TABELA 1. Estimativas do progresso genético com a cultura do milho no Brasil.

Anos	Aumento de produtividade (kg/ha/ano)	Referências
1964-1983	72-109 (PE) ^{1/2}	Vencovsky et al., (1986)
1946-1986	60 (PG)	Paterniani (1990)
1970-1990	31-51 (PG)	Araujo (1995)
1964-1993	123 (PE)	Fernandes e Franzon (1997)

^{1/2}PE – Peso de espigas; PG – Peso de grãos

4) Híbrido triplo – é obtido pelo cruzamento de um híbrido simples (A x B) com uma terceira linhagem (C). A linhagem polinizadora deve ser suficientemente vigorosa para poder ser intercalada ao híbrido simples e produzir quantidade de pólen suficiente para garantir uma boa produção de grãos no híbrido simples. O híbrido triplo também pode ser obtido na forma de híbrido modificado, isto é (A x B) x (C x C'), em que C e C' são duas linhagens relacionadas de uma mesma progênie.

5) Híbrido duplo – é o tipo atualmente mais utilizado no Brasil, sendo obtido pelo cruzamento de dois híbridos simples (A x B) x (C x D) envolvendo, portanto, quatro linhagens. Apesar deste híbrido ter tomado economicamente viável a produção comercial de sementes híbridas no início do século passado, apresenta o trabalho de manutenção das quatro linhagens e do cruzamento entre elas, para a obtenção dos híbridos simples, que posteriormente serão cruzados, para a obtenção do híbrido duplo.

6) Híbrido múltiplo – é produzido mediante a utilização de seis ou mais linhagens elites. Não tem sido utilizado comercialmente, embora apresente como principal vantagem a maior variabilidade genética, o que pode resultar em maior amplitude de adaptação.

7) Híbrido intervarietal – apresenta a vantagem de fácil obtenção, além de exibir uma maior capacidade de adaptação, devido à maior variabilidade

genética em relação aos híbridos de linhagens. Apresenta grande desuniformidade quanto aos caracteres agronômicos sendo, por isso, pouco utilizado. Por permitir o aproveitamento da heterose, sem a necessidade de obtenção de linhagens, suas gerações avançadas podem ser utilizadas como populações base para o melhoramento interpopulacional.

Com relação à perspectiva da produção de sementes híbridas de milho no Brasil, é necessário enfatizar que o mercado é caracterizado segundo a opinião das principais empresas do setor, pela existência de quatro grandes segmentos: 1) segmento de altíssima tecnologia; 2) segmento de alta tecnologia; 3) segmento de média tecnologia e 4) segmento de baixa tecnologia. Os três primeiros segmentos compreendem todos os agricultores que utilizam híbridos nos seus plantios. O quarto segmento que, na maioria das vezes, sequer é mencionado pelas empresas, constitui-se de agricultores que utilizam as variedades de polinização aberta. Além destes, há ainda os agricultores que utilizam suas próprias sementes (sementes de "paiol") para o plantio de suas áreas e que, por não adquirirem sementes, nem são considerados como segmento de mercado (Rosinha, 2000).

Os agricultores pertencentes ao segmento 1 são aqueles que têm sob seu controle um número de detalhes muito grande dentro da fazenda e utilizam intensamente os mais modernos insumos e práticas agrícolas (plantio direto, herbicidas, inseticidas, irrigação, colheita mecanizada, etc...). Além disso, têm grandes preocupações com a qualidade e normalmente estão capitalizados. Representam 20% do mercado e tratam-se de agricultores profissionais, "milhocultores". Estes exigem das empresas híbridos simples e triplos que melhor atendam às suas expectativas de performance e qualidade ao longo das safras.

O segmento 2, de alta tecnologia, abrange 32% do mercado, compreendendo agricultores que se diferenciam daqueles do segmento 1 por serem menos capitalizados. Conseqüentemente, tendem a reduzir o nível de

tecnologia empregado na lavoura. Mesmo assim, utilizam-se de híbridos triplos e duplos de altíssima produtividade, visando sempre um equilíbrio entre performance no campo e custo de semente. O maior dos segmentos é o terceiro, responsável por 48% do mercado, sendo constituído por agricultores que, em sua grande maioria, adotam sistemas precários de controle de suas atividades. Em função do seu menor grau de capitalização, utilizam majoritariamente os híbridos duplos.

Segundo Rosinha (2000), as perspectivas de evolução do mercado sementeiro brasileiro, assim como o ocorrido no restante do mundo, a médio e longo prazos, devem evoluir da utilização de híbridos duplos, triplos e simples para somente a semeadura de híbridos simples.

Sabe-se que entre as variáveis que compõem o custo da semente de milho híbrido o processo de difusão é o mais oneroso. Como este custo é praticamente o mesmo para um híbrido duplo ou um híbrido simples, por exemplo, é mais vantajoso para as empresas a comercialização de híbridos simples, que são vendidos a um preço maior, proporcionando um lucro mais significativo se comparado aos outros tipos de híbridos. Deve ser salientado aqui o comentário feito por Troyer & Rocheford (2002), a respeito das razões da maciça utilização de híbridos simples nos EUA. Segundo os autores, em média, os híbridos simples produzem 5% a mais do que os híbridos duplos. Aparentemente essa diferença é muito pequena. Contudo, se for considerada que a produção de milho naquele país corresponde a 20 bilhões de dólares, isto representa 1 bilhão de dólares anuais a mais, considerando o preço do kg de milho a 0,0078 dólares.

Os mesmos autores argumentam que a produção de sementes híbridas envolve uma série de operações, tais como o cultivo propriamente dito da lavoura, o despendoamento, a colheita, a secagem, o beneficiamento e o empacotamento. Estima-se que o custo aproximado envolvido nestes processos gire em torno de

500 milhões de dólares. Embora alguns custos não se alterem, outros são maiores na produção de sementes de híbridos simples. Nos EUA este acréscimo é, aproximadamente, de 200 milhões de dólares, se comparados ao custo de um campo de produção de sementes de híbrido duplo. Isto porque, no primeiro caso, a fêmea é uma linhagem e, portanto, necessita do dobro da área plantada para produzir a mesma quantidade de sementes. Em síntese, a vantagem de utilizar sementes de híbridos simples é nítida, pois gastam-se 200 milhões de dólares anuais a mais na produção das sementes e tem-se um lucro líquido de praticamente quatro vezes este valor. Ou seja, são 800 milhões de dólares adicionais, anualmente, simplesmente por aproveitar-se dos 5% de produtividade conseguidos com a melhor exploração do fenômeno da heterose.

No Brasil, pelo menos no momento com as produtividades atuais obtidas nas lavouras, a vantagem não deve ser tão expressiva. Contudo, para os segmentos 1 e 2 mencionados anteriormente, o emprego de híbridos simples pode ser vantajoso e essa vantagem tende a ser acentuada no futuro. O grande problema é o contingente de agricultores, mais de 50%, que não têm condições de adquirirem sementes de híbridos simples. Esses produtores não podem e não devem ficar sem aproveitar um dos maiores avanços do conhecimento científico que é a produção do milho híbrido. Deve-se, portanto, procurar alternativas para tornar as sementes híbridas mais acessíveis a este grande contingente.

Uma das alternativas é utilizar o conhecimento que uma população $F_2=S_0$ de um híbrido simples está em equilíbrio de Hardy Weinberg, para múltiplos locos, ou seja, a partir da geração S_0 , se ela for cruzada ao acaso, as frequências alélicas e genotípicas mantêm-se inalteradas (Wrike & Weber 1986, Kearsey & Pooni, 1998). Merece destaque o fato de que a frequência gamética é a mesma da geração F_1 . Desse modo, o híbrido duplo obtido a partir do cruzamento das

gerações S_0 , de dois híbridos simples deve ter comportamento idêntico ao oriundo do cruzamento das gerações F_1 dos respectivos híbridos simples.

Nos poucos trabalhos em que foram obtidos híbridos duplos a partir da geração S_0 dos híbridos simples, o desempenho foi semelhante ao obtido quando foram utilizadas as gerações F_1 , como teoricamente era previsto (Sánchez, 1988; Souza Sobrinho et al., 2002). Souza Sobrinho et al., (2002) concluíram que o desempenho dos híbridos duplos obtidos pelas diferentes estratégias, $F_1 \times F_1$ ou $S_0 \times S_0$, não diferiram estatisticamente entre si (Tabela 2). Conforme salientam os autores, na média de dois anos de avaliação, os híbridos duplos derivados do cruzamento da geração $F_1 \times F_1$ apresentaram média de 8,18 t/ha de grãos e os resultantes do cruzamento $S_0 \times S_0$ de 8,19 t/ha, 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.

TABELA 2. Médias dos híbridos duplos obtidos por diferentes estratégias, para o peso de grãos (t/ha). Dados médio de 279 observações. Adaptado de Souza Sobrinho et al., (2002).

Safras	N ^o locais	N ^o repetições	N ^o Híbridos	Produtividade de grãos (t/ha)	
				$F_1 \times F_1$	$S_0 \times S_0$
1997/98	3	3	21	8,5 ^{B*}	8,7 ^A
2000/01	2	3	15	7,9 ^A	7,7 ^A
2000/01	2	3	6	7,6 ^A	7,1 ^B
Média ponderada				8,18^A	8,19^A

* Na mesma linha, as médias seguidas da mesma letra não diferem pelo teste Scott e Knott ($P \leq 0,01$)

Do exposto, a obtenção de híbridos duplos a partir das populações S_0 dos respectivos híbridos simples tem, entre as suas vantagens, não ser necessário a multiplicação das linhagens e a obtenção dos respectivos híbridos simples anualmente. Desse modo, é esperado que o custo do híbrido duplo assim derivado possa ser menor que o tradicionalmente idealizado.

2.2 Obtenção de sementes híbridas

Inicialmente, é preciso enfatizar que quando se obtém um novo híbrido, espera-se que ele possua a maior média possível. Essa média é função do desempenho *per se* das linhagens parentais e da heterose entre elas. O desempenho *per se* é estimado por $m+a'$, que corresponde à média de todas as linhagens que podem ser obtidas do referido híbrido na geração S_{∞} . O m é o ponto médio da contribuição dos locos favoráveis e desfavoráveis e a' é o somatório da contribuição dos locos em homozigose que estão fixados em ambos os pais que originaram o híbrido (Vencovsky, 1987).

A heterose (h) é, por definição, a superioridade da geração F_1 em relação à média dos pais. Ela é função da diferença das frequências alélicas entre os genitores e da contribuição dos locos em heterozigose em relação à média dos homozigotos, ou seja $h = d^2$ (Falconer & Mackay, 1996). Assim, se os genitores não diferirem em frequências alélicas e/ou se não houver dominância, não ocorrerá heterose. Do exposto, na obtenção de bons híbridos, dois aspectos devem ser observados: o primeiro é que as linhagens parentais devam possuir bom desempenho *per se*, maior $m+a'$ e que expressem maior heterose possível quando cruzadas, dizendo de outro modo, que elas sejam divergentes, isto é, se complementem bem.

Há algumas etapas a serem vencidas em um programa de melhoramento visando à obtenção de híbridos. A primeira é a escolha das populações para a extração de linhagens; a segunda, a obtenção e avaliação das linhagens; a terceira, a síntese das combinações híbridas; a quarta, a avaliação intensiva das melhores combinações e a quinta, a difusão para a comercialização.

Na escolha destas populações, o melhorista tem à sua disposição algumas estratégias. Entre estas, a estimativa de $m+a'$, proposta por Vencovsky (1987). Essa estimativa pode ser facilmente obtida, desde que se avaliem as gerações S_0 e S_1 , simultaneamente, pelo contraste $2S_1-S_0$. Esse procedimento tem sido amplamente empregado na comparação de populações, tanto em equilíbrio de Hardy-Weinberg (Packer, 1998; Pacheco et al., 1998; Cardoso, 1999), como para populações provenientes de híbridos comerciais (Lima et al., 2000; Souza Sobrinho et al., 2001).

O outro critério de escolha é identificar duas ou mais populações que sejam divergentes. Há vários procedimentos para se avaliar a divergência, que vão desde o emprego de marcas morfológicas (Fuzzato, 1999; Reis, 1998 e Ferreira et al., 1995), moleculares (Melo, 2000) e até a utilização de cruzamentos dialélicos (Williams & Hallauer, 2000; Souza Sobrinho, et al., 2001). Por meio dos cruzamentos dialélicos, dependendo da metodologia, têm-se as estimativas de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) (Griffing 1956) ou estudo mais detalhado da heterose (Gardner & Eberhart, 1966).

Ainda neste contexto, um questionamento frequentemente realizado é qual a melhor estratégia a ser utilizada: trabalhar com um grande número de populações obtendo um pequeno número de linhagens de cada uma ou obter um maior número de linhagens de poucas populações. Não há muita informação a esse respeito. Entretanto, Comstock (1966) argumenta que é preciso concentrar

os esforços na extração de um maior número de linhagens de uma população promissora, pois a chance de sucesso aumenta com o número de linhagens extraídas. Os dados da Tabela 3, evidenciam este fato. É fácil observar que se forem amostrados apenas 20 indivíduos da população, a amplitude de variação será de 3,7 desvios padrões. Já com 500 indivíduos, por exemplo, esse número passa para 6,1, ou seja, uma diferença considerável. Em um questionário aplicado entre 130 melhoristas nos EUA, foi constatado que a maioria utiliza 500 autofecundações por população (Bauman, 1981). Infelizmente, no Brasil não há relatos a esse respeito.

Inúmeras são as populações que podem ser utilizadas na cultura do milho, variando desde as variedades de polinização livre até aquelas derivadas de híbridos comerciais. Neste último caso, destacam-se as populações provenientes de híbridos simples comerciais que, por possuírem grande produtividade, é de se esperar que possuam maior proporção de locos favoráveis fixados. Além do mais, naqueles que estão segregando, a frequência alélica é de 0,5, condição essa favorável para a seleção.

TABELA 3. Valores da amplitude de variação em relação ao desvio padrão da população, para diferentes tamanhos amostrais.

Nº de amostras	Amplitude	Nº de amostras	Amplitude
20	3,7	200	5,5
30	4,1	300	5,8
50	4,5	400	5,9
70	4,8	500	6,1
100	5,0	700	6,3
150	5,3	1000	6,5

Fonte: Steel et al., (1997)

Embora o emprego de populações provenientes de híbridos seja promissor, no Brasil, esta é uma estratégia, pelo menos na literatura, pouco divulgada. Contudo, especialmente no Estados Unidos, esta é uma prática comum, sendo os materiais oriundos deste processo denominados linhagens de segundo ciclo (Lamkey et al., 1995; Wolf & Hallauer, 1997; Troyer, 1999).

Identificadas às populações promissoras, o próximo passo é a obtenção de linhagens superiores. Segundo estimativas de Hallauer & Miranda Filho (1988), apenas 0,001% das linhagens obtidas dentro de um programa de melhoramento são utilizadas na produção de híbridos comerciais. Dentre os métodos utilizados para o avanço da homozigose, destaca-se como o mais utilizado o método padrão, que é semelhante ao método genealógico empregado em plantas autógamas (Fehr, 1987). Neste método, sucessivas autofecundações são efetuadas em centenas de plantas selecionadas na população, com posterior semeadura dos descendentes de cada espiga autofecundada, em fileiras de cinco metros de comprimento, nas quais são efetuadas seleção entre e dentro seguida de autofecundação das plantas selecionadas dentro das progênes. Este processo é repetido por cinco a sete gerações, fazendo sempre a seleção entre e dentro (Paterniani & Campos, 1999).

Entre as outras opções que possibilitam avaliar um maior número de progênes, aparece o método da cova única proposto por Jones & Singleton (1934) citados por Hallauer (1990). Este método é similar ao do SSD (single seed descent) e difere do método padrão pelo fato de cada progênie (S_0 , S_1 , etc...) ser representada por uma única cova com três plantas, em vez de uma linha com várias plantas. Tem como vantagem uma melhor amostragem e uma redução na área experimental, facilitando a avaliação de um maior número de progênes (Paterniani & Campos, 1999).

Embora cientificamente viável, porém de uso restrito a cultura de anteras é uma das opções mais rápidas para a obtenção de linhagens. Mesmo tendo sido proposta há muitos anos e contar com as facilidades atuais da cultura de tecidos, o seu emprego é muito pequeno, devido à baixa frequência de regeneração das plantas (Petolino, 1989).

Uma vez que o melhorista dispõe de linhagens elites em seu programa de melhoramento, este pode promover a reciclagem destes genótipos. A eliminação dos defeitos encontrados em determinadas linhagens tem sido uma alternativa bastante empregada nos programas de melhoramento (Troyer & Rocheford, 2002). Neste sentido, um dos métodos mais utilizados é o retrocruzamento. Ou seja, o cruzamento de uma linhagem, genitor recorrente, com outra que apresenta fenótipo desejado para o caráter em questão. A geração F_1 é retrocruzada novamente com o genitor recorrente, selecionando-se o fenótipo desejado. O processo é repetido até que se recupere praticamente toda a constituição da linhagem, exceto no loco em que ela era deficiente (Paterniani & Campos, 1999).

Como se pode constatar, há várias alternativas na obtenção das linhagens e a maioria delas é de fácil execução. Contudo, a identificação das linhagens com melhor performance em combinações híbridas é uma etapa bem mais trabalhosa. Aqui também existem algumas opções que auxiliam o melhorista. Entre elas, a mais utilizada é o cruzamento das n linhagens com um testador. Esse procedimento é denominado de *top-cross* e foi proposto no início do século por Davis (1927). A utilização desta metodologia é generalizada entre os melhoristas de milho, sobretudo pela facilidade de obtenção das combinações híbridas e redução do número de híbridos avaliados.

No emprego do *top-cross* há alguns questionamentos. O primeiro é qual testador utilizar e o segundo é quando iniciar a avaliação das linhagens. Os melhoristas são unânimes em afirmar que um bom testador a ser utilizado é

aquele que discrimina bem as linhagens avaliadas, com o máximo de simplicidade no uso e forneça informação que classifique corretamente o mérito relativo das linhagens, maximizando o ganho genético (Hallauer et al., 1988; Castelhanos, Hallauer & Cordova, 1998). Comentando a respeito da escolha do testador, Souza Júnior (1999) reporta o trabalho de Smith (1986) e salienta que o tipo ideal de testador é aquele que vai ser utilizado para a produção de híbridos. Assim, o ideal é sempre utilizar linhagens elites ou híbridos simples superiores.

O segundo questionamento pode ser facilmente equacionado a partir das informações apresentadas por Bernardo (1991). Segundo o autor, a correlação entre o desempenho fenotípico de um indivíduo em gerações iniciais de avaliação (n) e do seu correspondente genótipo em gerações avançadas (n') ($r_{F_n G_{n'}}$) é fornecida pela expressão $r_{F_n G_{n'}} = r_{G_n G_{n'}} h_n$. Ou seja, esta correlação é função da raiz quadrada da herdabilidade obtida na avaliação precoce das progênes e a correlação genética do desempenho das progênes nas gerações n e n' . Por essa informação, infere-se que o teste para a Capacidade de Combinação (CC), pode ser iniciado em gerações bem precoces, como S_2 ou S_3 .

O *top-cross* elimina a maioria das linhagens com menor potencial de gerar bons híbridos. As linhagens que restam devem ser mais intensivamente avaliadas, para comprovarem a superioridade anteriormente demonstrada. Para isso, são gerados híbridos simples entre elas, normalmente por meio de cruzamentos dialélicos (Hallauer & Miranda Filho, 1988). A partir dos híbridos gerados são identificados os melhores híbridos simples.

Finalmente, esses híbridos devem comprovar sua superioridade em uma ampla gama de condições ambientais antes de serem submetidos ao processo intensivo de divulgação. Essa etapa é a mais trabalhosa e onerosa do programa. Troyer (1999) comenta que um híbrido, para ser colocado em condições de ir

para o mercado, deve ser submetido à avaliação em, pelo menos, 200 repetições, envolvendo aí repetições propriamente ditas, locais e anos. Para se ter uma idéia da magnitude do trabalho, é oportuno salientar que, nos EUA são avaliadas mais de três milhões de parcelas por ano em aproximadamente 1000 locais (Duvick & Cassman, 1999).

No Brasil, esses dados não são disponíveis. Mas, dada a maior heterogeneidade ambiental, provavelmente, o número de parcelas experimentais de todas as empresas que atuam no país deve ser próximo ou até mesmo superior ao relatado nos EUA.

2.3 Componentes de variância e covariância genética

No século passado, inúmeras foram as informações obtidas a respeito dos componentes genéticos, e estas informações contribuíram decisivamente para o sucesso alcançado pelos melhoristas nos dias atuais. O esclarecimento destes componentes permitiu que se tomassem decisões com bases científicas sobre como melhorar a eficiência dos processos seletivos existentes.

Foi Fischer (1918), quem primeiro propôs a decomposição da variância genética. Posteriormente, vários trabalhos foram realizados ampliando essas informações. Entre estes, Souza Júnior (1989) apresentou a decomposição da variância genética (σ_G^2), considerando qualquer nível de endogamia (I) e na ausência de epistásia, pela expressão:

$$\sigma_G^2 = (1+I)\sigma_A^2 + (1-I)\sigma_D^2 + 4ID_1 + ID_2 + I(1-I)\tilde{H}$$

em que:

σ_A^2 é a variância genética aditiva, associada ao efeito médio dos genes. Sua magnitude depende da frequência alélica da população e do tipo de interação alélica, ou seja, para um loco tem-se: $\sigma_A^2 = 2p(1-p)[\alpha + (1-2p)\delta]^2$. Nesta expressão, p corresponde à frequência do alelo favorável, α é a contribuição dos locos em homozigose, ou seja, a metade da diferença dos valores dos homozigotos e δ representa o valor genotípico do heterozigoto.

σ_D^2 é a variância genética dominante, associada aos efeitos das interações intra-alélicas. $\sigma_D^2 = [2p(1-p)\delta]^2$

D_1 é a covariância genética entre os efeitos aditivos dos alelos e os efeitos de dominância dos homozigotos. $D_1 = -2p(1-p)(1-2p)[\alpha + (1-2p)\delta]\delta$.

D_2 é a variância genética dos efeitos de dominância dos homozigotos. $D_2 = 4p(1-p)[(1-2p)\delta]^2$.

\check{H} é a depressão por endogamia elevada ao quadrado. $\check{H} = [2p(1-p)\delta]^2$.

Constata-se, pela expressão apresentada, que os componentes genéticos D_1 , D_2 e \check{H} só ocorrem quando há endogamia ($I \neq 0$) e se as frequências alélicas forem diferentes ($p \neq q \neq 0,5$). Na Tabela 4 é mostrado o que ocorre, com uma população submetida a sucessivas gerações de autofecundações. Observa-se que os coeficientes de σ_A^2 , D_1 , D_2 aumentam com a endogamia; já σ_D^2 e \check{H} decrescem, dessa maneira, na geração F_∞ , quando só ocorrem indivíduos homozigotos, a variância genética conterá $\sigma_G^2 = 2\sigma_A^2 + 4D_1 + D_2$.

Existem várias alternativas para se obter as estimativas desses componentes de variância e são detalhadas em algumas publicações (Hallauer &

Miranda Filho, 1988; Wricke & Weber, 1986). Essas metodologias têm sido utilizadas em inúmeras ocasiões. Um levantamento dos principais resultados foi apresentado por Hallauer & Miranda Filho (1988). Nesse trabalho foram relacionados 99 estimativas, envolvendo várias populações de milho em equilíbrio ou com frequência alélica 0,5. Os autores constataram que, para a produtividade de grãos, a variância genética aditiva média $\hat{\sigma}_A^2 = 469,1 \pm 174,3$ (g/planta²) foi superior à estimativa média da variância de dominância $\hat{\sigma}_D^2 = 286,8 \pm 210$ (g/planta²). Concluíram também que, desconsiderando a ligação e a epistásia, a variância aditiva foi responsável por 61,2% da variação genética presente nas populações de milho e que, embora, fosse detectada dominância em várias oportunidades, o grau médio de dominância foi de 0,6, indicando a presença de dominância parcial no controle desse caráter.

TABELA 4. Coeficiente dos componentes da variância genética para diferentes gerações provenientes de autofecundação.

Gerações		Coeficientes dos componentes da variância						
p=q ¹	p≠q	I	σ_A^2	(%) ²	σ_D^2 ²	D ₁	D ₂	\tilde{H}
F ₂	S ₀	0	1,00	100,00	1,00	0,00	0,00	0,00
F ₃	S ₁	1/2	1,50	150,00	0,50	2,00	0,50	0,25
F ₄	S ₂	3/4	1,75	175,00	0,25	3,00	0,75	0,19
F ₅	S ₃	7/8	1,88	187,50	0,13	3,50	0,88	0,11
F ₆	S ₄	15/16	1,94	193,75	0,06	3,75	0,94	0,06
F ₇	S ₅	31/32	1,97	196,76	0,03	3,88	0,97	0,03
F ₈	S ₆	63/64	1,98	198,43	0,02	3,98	0,98	0,02
...
F _∞	S _∞	1	2,00	200,00	0,00	4,00	1,00	0,00

Adaptado de Souza Júnior, 1989. ¹ frequência alélica da população, ² Porcentagem de incremento no coeficiente de σ_A^2 . ² Quando p=q=0,5 ao coeficiente de σ_D^2 é somado de \tilde{H} .

As estimativas dos componentes da variância genética também foram obtidas no Brasil. Contudo, na maioria dos casos, envolveram a avaliação de progênies de meios-irmãos, permitindo assim obter apenas a estimativa da variância genética aditiva σ_A^2 . Observa-se, na Tabela 5 que, muito embora fosse detectada ampla variação nas estimativas, os valores obtidos permitem inferir que as populações brasileiras possuem ampla variabilidade genética aditiva, condição essa favorável para a seleção.

Infelizmente, não existem muitas estimativas dos componentes da variância genética em populações endogâmicas com frequências alélicas diferentes de 0,5. Como já foi visto, nessa situação, além de σ_A^2 e σ_D^2 ocorrem também os componentes D_1 , D_2 e \check{H} . Entretanto, há algumas estimativas disponíveis de D_1 , mostrando que elas foram sempre negativas e de valores expressivos (Morais, 1992; Souza et al., 1993; Takeda, 1997; Alves, 2002). A partir da expressão, anteriormente comentada, que mostra o que está contido

TABELA 5 . Estimativas da variância genética aditiva, (g/planta)² relativas à média de progênies, para produtividade de espigas e de grãos, utilizando progênies de meios-irmãos de milho no Brasil.

Valores de $\hat{\sigma}_A^2$	Amplitude ($\hat{\sigma}_A^2$)	Estimativas	Referências
320	51-758	30	Ramalho (1977)
309	41-753	58	Vencovsky et al., (1988)
448	285-594	3	Packer (1991)
409	376-442	2	Arias (1995); Takeda (1997)
246	103-322	3	Carvalho et al., (1999)

nesse parâmetro, é possível inferir que as populações envolvidas nos estudos devem apresentar frequências alélicas inferiores a 0,5.

Tudo o que foi anteriormente mencionado tem significado para o melhoramento intrapopulacional. Entretanto, o melhoramento interpopulacional vem recebendo atenção até mesmo superior ao intrapopulacional. Por essa razão, alguns trabalhos foram realizados visando o conhecimento dos componentes da variância genética interpopulacional (Vencovsky et al., 1988). Em um desses trabalhos Souza Júnior (1989), mostra que a variância genética que se expressa quando do cruzamento de duas populações 1 e 2 ($\sigma_{G_{12}}^2$) é fornecida pela expressão:

$$\sigma_{G_{12}}^2 = 1/2(\sigma_{A_{12}}^2 + \sigma_{A_{21}}^2) + \sigma_{D_{(12)}}^2$$

em que:

$\sigma_{A_{12}}^2$ e $\sigma_{A_{21}}^2$, são as variâncias genéticas aditivas interpopulacionais liberadas no melhoramento da população 1 quando cruzada com a 2 e vice-versa;

$\sigma_{D_{(12)}}^2$ é a variância genética dominante interpopulacional.

Os componentes interpopulacionais também podem ser expressos em função da magnitude das frequências alélicas das duas populações envolvidas e do tipo de interação alélica.

Considerando apenas um loco com dois alelos, tem-se:

$$\sigma_{A_{12}}^2 = 2pq[\alpha + (s-r)\delta]^2;$$

$$\sigma_{A_{21}}^2 = 2sr[\alpha + (q-p)\delta]^2$$

$$\sigma_{D_{(12)}}^2 = 4pqrs\delta^2$$

Nessas expressões p e r referem-se às frequências dos alelos favoráveis nas populações 1 e 2, respectivamente e q e s à frequência dos alelos desfavoráveis nas mesmas condições.

As variâncias genéticas aditivas interpopulacionais foram posteriormente decompostas por Sousa Júnior (1993) em:

$$\sigma_{A_{12}}^2 = \sigma_{A_{11}}^2 + \sigma_{r_{12}}^2 + 4Cov_{(A_1r_{12})}$$

$$\sigma_{A_{21}}^2 = \sigma_{A_{22}}^2 + \sigma_{r_{21}}^2 + 4Cov_{(A_2r_{21})}$$

em que:

$\sigma_{A_{11}}^2$ e $\sigma_{A_{22}}^2$ são as variâncias genéticas aditivas intrapopulacionais das populações 1 e 2, respectivamente;

$\sigma_{r_{12}}^2$ e $\sigma_{r_{21}}^2$ são as variâncias genéticas dos desvios dos efeitos aditivos inter e intrapopulacionais utilizando as populações 1 e 2 como parental feminino, respectivamente;

$Cov_{(A_1r_{12})}$ e $Cov_{(A_2r_{21})}$ são as covariâncias genéticas dos efeitos aditivos intrapopulacionais com os desvios dos efeitos aditivos inter e intrapopulacionais, tendo as populações 1 e 2 como parental feminino, respectivamente;

Esses componentes também podem ser expressos em função das frequências e interações dos alelos das duas populações envolvidas, ou seja:

$$\sigma_{A_{11}}^2 = 2pq[\alpha + (q-p)\delta]^2; \quad \sigma_{A_{22}}^2 = 2rs[\alpha + (s-r)\delta]^2$$

$$\sigma_{r_{12}}^2 = 8pq(p-r)^2\delta^2; \quad \sigma_{r_{21}}^2 = 8rs(p-r)^2\delta^2$$

$$Cov_{(A_1r_{12})} = 2pq(p-r)[\alpha + (q-p)\delta]\delta; \quad Cov_{(A_2r_{21})} = 2rs(r-p)[\alpha + (s-r)\delta]\delta$$

Veja que $\sigma_{A_{11}}^2$ e $\sigma_{A_{22}}^2$, por serem variâncias genéticas aditivas intrapopulacionais, são obtidas pela mesma expressão apresentada anteriormente. Observe também que os componentes $\sigma_{r_{12}}^2$, $\sigma_{r_{21}}^2$, $Cov_{(A_1r_{12})}$ e $Cov_{(A_2r_{21})}$ dependem da diversidade genética, ou seja, diferença nas freqüências alélicas ($p-r$) das populações utilizadas e do nível de dominância (δ) dos caracteres e, portanto, estão relacionados com a heterose (Falconer & Mackay, 1996). Dessa forma, para $p > r$, tem-se $Cov_{(A_1r_{12})} > 0$ e $Cov_{(A_2r_{21})} < 0$ e vice-versa para $p < r$. Portanto, estas covariâncias serão positivas para a população com maior freqüência média de alelos favoráveis e negativas para a de menor freqüência. Se eventualmente, as duas populações não forem divergentes $p=r$, tem-se:

$$\sigma_{r_{12}}^2 = \sigma_{r_{21}}^2 = Cov_{(A_1r_{12})} = Cov_{(A_2r_{21})} = 0$$

Algumas estimativas das variâncias aditivas ao nível interpopulacional, obtidas com populações de milho brasileiras estão apresentadas na Tabela 6. Verifica-se a existência de variabilidade genética aditiva em nível interpopulacional equivalente à existente em nível intrapopulacional, conforme apresentado na Tabela 5. Contudo, foi encontrado apenas um relato das estimativas $\sigma_{r_{12}}^2$ e $\sigma_{r_{21}}^2$ e das covariâncias relacionadas anteriormente. Arias (1995), obteve as seguintes estimativas $\hat{\sigma}_{r_{12}}^2 = 69,63$, $\hat{\sigma}_{r_{21}}^2 = 433,67$, $\hat{Cov}_{(A_1r_{12})} = -41,08$ e $\hat{Cov}_{(A_2r_{21})} = -88,41$. Esses resultados evidenciam de modo preliminar que esses componentes podem afetar, de forma negativa, as respostas diretas e indiretas à seleção recorrente recíproca.

TABELA 6. Estimativas das variâncias genéticas aditivas ao nível interpopulacional, para a produtividade de grãos e de espigas (g/planta)² em populações de milho.

Populações	$\hat{\sigma}_{A_{12}}^2$	$\hat{\sigma}_{A_{21}}^2$	$\hat{\sigma}_{A(12)}^2$ *	Referências
Esalq-VF1 x Esalq-VD2	258,5	205,1	231,3	Paterniani & Vencovsky, 1978
Piramex x Cateto	236,1	79,9	158,0	Miranda F ² & Paterniani, 1983
Piranão VD2 x Piranão VF1	358,4	126,1	242,2	Martins, 1986
Esalq PB1 x Br-105	370,4	150,5	260,5	Souza Jr. & Miranda F ² , 1989
Br-106 x Br-105	507,2	368,1	437,6	Pellicano, 1990
Br-106 x Br-105	145,6	136,6	141,1	Souza Jr. et al., 1993
Br-106 x Br-105	281,4	522,3	401,8	Arias, 1995; Takeda, 1997

$$* \hat{\sigma}_{A(12)}^2 = 1/2(\hat{\sigma}_{A_{12}}^2 + \hat{\sigma}_{A_{21}}^2)$$

2.4 Progresso esperado com a seleção recorrente interpopulacional

Com o avanço dos conhecimentos na área da genética quantitativa, as comparações da eficiência dos vários métodos de melhoramento se tornaram possíveis e viáveis teoricamente. Entretanto, principalmente para a seleção recorrente recíproca, os resultados obtidos têm apresentado discrepâncias acentuadas entre a resposta observada e a esperada.

Entre os esquemas que podem ser utilizados nos programas de seleção recorrente recíproca, os mais utilizados são aqueles envolvendo progênies de meios-irmãos ou irmãos germanos interpopulacionais, como unidades de seleção e progênies S₁, como unidade de recombinação. Observa-se, pela Tabela 7 que comparativamente, em relação às quantidades de variância genética aditiva interpopulacionais ($\sigma_{A_{12}}^2$ e $\sigma_{A_{21}}^2$) exploradas, os dois esquemas são semelhantes. Contudo, o desvio padrão fenotípico de médias de progênies de irmãos germanos

é superior àqueles de meios-irmãos, $\sigma_{F_{1O}} > \sigma_{F_{MI}}$ (Souza Júnior, 1998). Portanto, é esperado que a resposta a seleção com o esquema de meios-irmãos seja superior ao de irmãos germanos.

A expressão do ganho esperado, no híbrido interpopulacional, com a seleção de progênes de meios irmãos interpopulacionais e a recombinação de progênes S_1 é (Souza Júnior, 1993):

$$GS_{(híbrido)} = i_1 \frac{\sigma_{A_{12}}^2}{4\sigma_{F_{12}}} + i_2 \frac{\sigma_{A_{21}}^2}{4\sigma_{F_{21}}}$$

em que:

i_1 e i_2 são os diferenciais de seleção estandardizados (intensidade de seleção) aplicados nas populações 1 e 2;

$\sigma_{F_{12}}$ e $\sigma_{F_{21}}$ são os desvios padrões fenotípicos das unidades de seleção referentes às populações 1 e 2, respectivamente. Estes componentes são dependentes do tipo de progênie avaliada.

TABELA 7. Quantidade de variância genética aditiva explorada nos diferentes esquemas de seleção recorrente recíproca (Souza Júnior, 1997).

Esquemas	US	UR	$\sigma_{A_{12}}^2$	$\sigma_{A_{21}}^2$
Meios-irmãos (MI)	MI	S_1	1/4	1/4
Irmãos-germanos (IG)	IG	S_1	1/4	1/4
Meios-irmãos modificado	MI	MI	1/8	1/8
Testcrosses de meios-irmãos (TMI)	TMI	MI	1/16	1/16

US- unidade de seleção; UR - unidade de recombinação.

Diversos são os trabalhos encontrados, na literatura, mostrando a eficiência dos programas de melhoramento que utilizam a seleção recorrente recíproca. Hallauer (1999), apresenta resultados obtidos ao longo das últimas décadas nos EUA (Tabela 8). Entre estes destaca-se o programa iniciado em 1949 com as variedades sintéticas "Iowa Stiff Stalk Synthetic" (BSSS) e "Iowa Corn Borer Synthetic Nº 1" (BSCB1). BSSS e BSCB1 foram obtidas a partir do cruzamento entre 16 e 12 linhagens, respectivamente. Embora, o programa tenha sofrido algumas mudanças ao longo das décadas, adequando-se principalmente ao desenvolvimento da própria cultura, o caráter principal utilizado para a seleção foi a produção de grãos. Na maioria das vezes, 100 progênies de meios irmãos foram testadas para cada população e as progênies S₁, das dez melhores progênies avaliadas nos ensaios, recombinadas para formar a população do ciclo seguinte. Observa-se que após 11 ciclos de seleção o ganho médio por ciclo é considerado elevado, 7,0%. O reflexo da eficiência do programa fica mais evidente ainda ao observar-se que a heterose do cruzamento interpopulacional, em relação à média dos genitores, aumentou no decorrer dos ciclos seletivos, passando de 25,4% no ciclo 0 para 76,0% no último ciclo de seleção.

De maneira geral, observa-se a mesma tendência para os demais programas, ou seja, incrementos em produtividade proporcionados em grande parte pela elevação dos valores de heterose. Em outro levantamento, realizado por Coors (1999) utilizando dados de 14 programas de seleção recorrente recíproca com mais de quatro ciclos de seleção concluídos, o autor observou que o ganho médio em produtividade foi superior a 116 kg/ha/ano, sendo que quatro destes programas apresentaram respostas anuais acima de 140 kg/ha.

TABELA 8. Resposta dos programas de seleção recorrente recíproca, conduzidos em populações milho, com ênfase no aumento da produção de grãos (Hallauer, 1999).

Populações	Ref.*	Tipos de progênies	Nº ciclos	Ganho por ciclo		Heretose	
				direto	indireto	$C_0 \times C_0$	$C_n \times C_n$
				-----(%)-----		-----(%)-----	
BSSS e BSCB1	1	MI	11	7,0	0,0	25,4	76,0
Jarvis e Indian Chief	2	MI	10	2,7	3,1 -0,7	6,6	28,9
BS21 e BS22	3	MI	6	4,5	-1,0 1,6	1,0	25,4
BS10 e BS11	4	IG	8	6,5	3,0 1,6	2,5	39,6
Média			8,8	5,2	1,2	8,9	42,5

* Referências, 1-Keeratimijakal e Lamkey (1993); 2-Moll e Hanson (1984); 3-Menz (1997); 4-Eyherabide e Hallauer (1991).

É importante ressaltar que, embora tenha sido observada grande eficiência nos programas de melhoramento que utilizaram a seleção recorrente recíproca algumas dúvidas permanecem. Uma delas seria qual a eficiência deste esquema de melhoramento, se forem utilizadas populações originadas de híbridos simples. O único relato encontrado na literatura utilizando este tipo de população foi apresentado por Coors (1999). Segundo esse autor, na Universidade de Wisconsin, já se completaram cinco ciclos de SRR, para o melhoramento de dois híbridos duplo, o W577 e o W03545 (Figura 1). Cada programa utilizou como genitor as populações $F_2 = S_0$ dos dois híbridos simples que deram origem a cada híbrido duplo, sendo W03545A = S_0 do HS (W64A x B46) e W03545B = S_0 do HS (OH43 x A635), enquanto que W577A = S_0 do HS (W64A x A295) e W577B = S_0 do HS (OH43 x W374R). A metodologia utilizada foi similar a

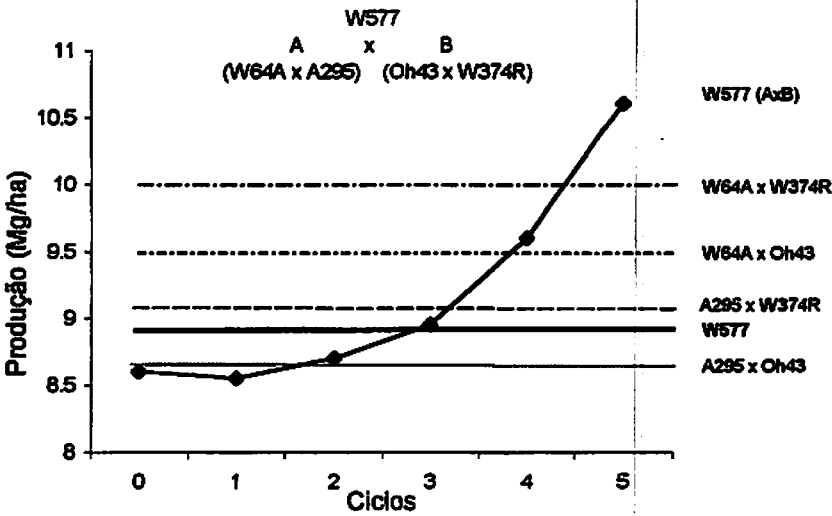
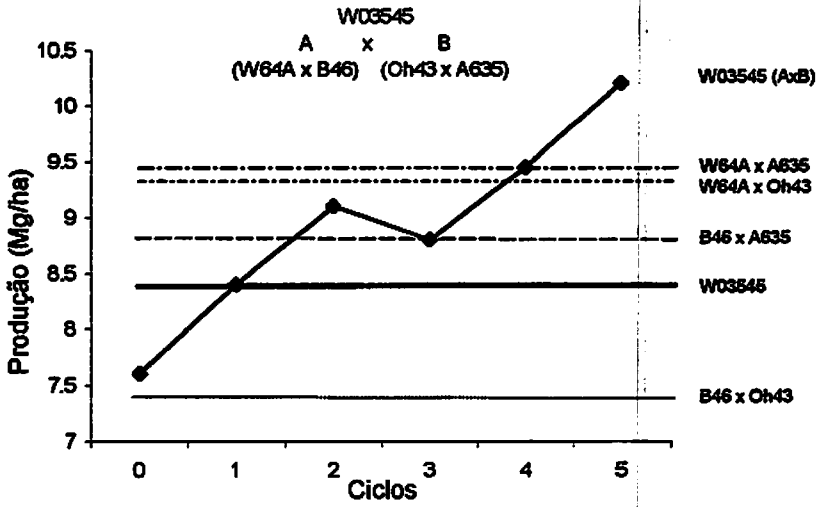


FIGURA 1. Seleção recorrente recíproca utilizando populações originárias de híbridos simples. Dados médios de cinco locais e dois anos agrícolas, 1996 e 1997. Wisconsin, EUA (Coors, 1999).

descrita para o programa de SRR da população Golden Glow, ou seja, inicialmente foram obtidas progênies S_1 das populações base. Parte das sementes foi armazenada e o restante utilizado para a obtenção de progênies híbridas ($S_{1(A)}$ x $S_{1(B)}$). Estas progênies foram avaliadas em experimentos e, utilizando-se sementes remanescentes das melhores progênies, promoveu-se a recombinação. A intensidade de seleção adotada foi de 20% para W577 e 17% para W03545. Após cinco ciclos, a resposta anual direta para a SRR (AxB), utilizando W577 e W03545, foram 158 kg/ha/ano (6,2% por ciclo) e 130 kg/ha/ano (4,5% por ciclo), respectivamente.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALVES, G.F. Alterações nas propriedades genéticas de uma população submetida à seleção massal para prolificidade. 2002. 69p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.
- ARAUJO, J.S. de Ganhos genéticos obtidos em híbridos e variedades de milho representativos de três décadas de melhoramento no Brasil. 1995. 64p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.
- ARIAS, C.A.A. Componentes de variância e covariância genética relacionados à seleção recorrente intra e interpopulacional no milho (*Zea mays* L.). 1995. 139p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / USP, Piracicaba.
- BAUMAN, L.F. Review of methods used by breeders to develop superior corn inbreeds. 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 and Applied Genetics*, Berlin, v.82; n.1, p.17-21, Feb. 1991.
- CARDOSO, RG. Depressão por endogamia dos componentes da produção em populações e híbridos de milho (*Zea mays* L.) 1999. 134p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / USP, Piracicaba.
- CARVALHO, H.W.L. de; LEAL, M. de L. da S.; SANTOS, M.X. dos; CARVALHO, P.C.L. de. Estimativas de parâmetros genéticos em três ciclos de seleção entre e dentro de progênies de meios-irmãos na variedade de milho BR 5028-São Francisco. In: REUNIÓN LATINO AMERICANA DEL MAÍZ, 18., 1999, Sete Lagoas. Memórias... Sete Lagoas: EMBRAPA-CNPMS/CIMMYT, 1999. p.233-237.
- CASTELHANOS, A.R.; HALLAUER, A.R.; CORDOVA. H.S. Relative performance of testers to identify elite lines of corn (*Zea mays* L.) *Maydica*; Bergamo, v.43, n.3, p.217-226, 1998.

- COMSTOCK, R.E. Selection procedures in corn improvement. In: ANNUAL HYBRID CORN INDUSTRIAL RESEARCH CONFERENCE, 19., 1964, Local. Proceedings... Local, 1966. p.1-8.
- COORS, J.G. Selection methodologies and heterosis. In: COORS, J.G.; PANDEY, S. (ed.). Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops. Madison: American Society of Agronomy, 1999. 524 p.
- DAVIS, R.L. Report of the plant breeder. Puerto Rico: Agricultural Experiment Station, 1927, p.14-15 (Annual Report).
- DUVICK, D.N. Maize breeding: past, present and future. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 20., 1994, Goiânia. Anais... Goiânia: ABMS/EMGOPA/EMBRAPA-CNPMS/UFG/EMATER-GO, 1994. p.1-19.
- DUVICK, D.N. Heterosis: feeding people and protecting natural research. In: COORS, J.G.; PANDEY, S. (ed.). Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops. Madison: American Society of Agronomy, 1999. 524 p.
- DUVICK, D.N.; CASSMAN, K.G. Post-green revolution trends in yield potential of temperate maize in the North-Central United States. Crop Science, Madison, v.39, n.6, p.1622-1630, Nov./Dec. 1999.
- EYHERABIDE, G.H.; HALLAUER, A.R. Reciprocal full-sib selection in maize: I.Direct and indirect responses. Crop Science, Madison, v.31, n.4, p.952-959, July/Aug. 1991.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. Introduction to quantitative genetics. London: Longman Malaysia, 1996. 463p.
- FEHR, W.R. Principles of cultivar development: theory and technique. New York: Macmillan Publishing Company, 1987. v.1, 536p.
- FERNANDES, F.T.; FRANZON, J.F. Third years of genetic progress in maize (*Zea mays* L.) in a tropical environment. Maydica, Bergamo, v.42, n.1, p.21-27, 1997.
- FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. de; SANTOS, M.X. dos; RAMALHO, M.A.P. Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.30, n.9, p.1189-1194, set. 1995.

FISHER, R.A. The correlation between relatives on the supposition of mendelian inheritance. *Transaction of the Royal Society of Edinburg*, London, v.52, p.399-433, 1918.

FUZATTO, S.R. **Divergência genética e sua relação com os cruzamentos dialélicos na cultura do milho.** 1999. 65p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

GARDNER, C.O.; EBERHART, S.A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related population. *Biometrics*, Raleigh, v.22, n.3, p.439-52. Sept.1966.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, Melbourne, v.9, n.3, p.463-93, 1956.

HALLAUER, A.R. Methods used in developing maize inbred lines. *Maydica*, Bergamo, v.35, n.1, p.1-16, 1990.

HALLAUER, A.R. Temperate maize and heterosis. In: COORS, J.G.; PANDEY, S. (ed.). **Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops.** Madison: American Society of Agronomy, 1999. 524 p.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding.** 2.ed. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468p.


HALLAUER, A.R.; RUSSEL, W.A.; LAMKEY, K.R. Corn breeding. In: SPRAGUE, G.F.; DUDLEY, J.W (eds.) **Corn and corn improvement.** 3 ed. Madison: ASA/CSSA/SSSA, 1988. p.469-554.

KEARSEY M.J.; POONI, H.S., **The genetical analysis of quantitative traits.** Birmingham: University of Birmingham, 1998. 381p.

KEERATINJAKAL, V.; LAMKEY, K.R. Responses to reciprocal selection in BSSS and BSCB1 maize populations. *Crop Science*, Madison, v.33, n.1, p.73-77, Jan/Feb. 1993.

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.

- LIMA, M.W.P.; SOUZA, E.A.; RAMALHO, M.A.P. Procedimentos para a escolha de populações de milho para extração de linhagens. *Bragantia*, Campinas, v.59, n.2, p. 153-158, 2000.
- MARTINS, C.S. Potencial genético de linhagens e híbridos de duas populações de milho (*Zea mays* L.) braquítico. 1986. 143p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / USP, Piracicaba.
- MELO, W.M.C. Divergência genética e capacidade de combinação entre híbridos de milho. 2000. 73p Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.
- MENZ, M.A. Comparative response to selection of two reciprocal recurrent selection procedures in BS21 and BS22 maize populations. Ph.D. diss. Iowa State Univ., Ames. 1997
- MIRANDA FILHO, J.B.; PATERNIANI, E. Intra e interpopulation genetic parameter estimates and implications in selection. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.6, n.1, p.15-27, Mar. 1983
- MIRANDA FILHO, J.B.; VIÉGAS, G.P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P.(eds.) *Melhoramento e produção de milho*. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1, n.6, p.275-340, Nov/Dez.
- MOLL, R.H.; HANSON, W.D. Comparisons of effects of intrapopulation vs. Interpopulation selection in maize. *Crop Science*, Madison, v.24, p. 1047-1052, 1984.
- MORAIS, O.P. de Análise multivariada da divergência de progenitores, índice de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercruzamentos usando macho esterilidade. 1992. 251p Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X.; CRUZ, C.D.; GUIMARÃES, P.E.O.; PARENTONI, SN.; 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. Seleção ente e dentro de famílias de meios-irmãos em milho (*Zea mays* L.) na população ESALQ VD₂ Waxy. 1991. 88p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / USP, Piracicaba.

PACKER, D. Variabilidade genética e endogamia em quatro populações de milho (*Zea mays* L.) 1998. 102p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / USP, Piracicaba.

PATERNIANI, E. Estudos recentes sobre heterose. Campinas: Fundação Cargill, 1974. 35p. (Boletim técnico n.1).

PATERNIANI, E. Maize breeding in the tropics. In: **Critical Review in Plant Sciences**, v.9, n.2, p.125-154, 1990.

PATERNIANI, E. Métodos tradicionais de melhoramento do milho. In: BULL, L.T.; CANTARELLA, H. **Cultura do milho: fatores que afetam a produtividade**. Piracicaba: POTAFÓS, 1993, p.23-43.1993.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (ed). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. p.429-485.

PATERNIANI, E.; VENCOVSKY, R. Reciprocal recurrent selection based on half sib progênies and prolific plants in maize (*Zea mays* L.). **Maydica**. Bergamo, v.23, n.4, p.209-219, 1978.

PELICANO, I.J. Potencial da interpopulação de milho (*Zea mays* L.) Br-105 x Br-106 para o melhoramento genético. 1990. 139p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / USP, Piracicaba.

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. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. 1977. 122p Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / USP, Piracicaba.

- REIS, W.P. **Divergência genética entre cultivares brasileiros de trigo recomendados no Brasil**. 1998. 77p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / USP, Piracicaba.
- ROSINHA, R.O. **Estratégias competitivas e reestruturação da indústria de sementes no Brasil: a análise do segmento do milho**. 2000. 143p. dissertação (Mestrado em Mercadologia e Administração Estratégica) – Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.
- RUSSELL, W.A. Agronomic performance of maize cultivars representing different eras of maize breeding. *Maydica*, Bergamo, v.29, n.4, p.375-390, 1984.
- SÁNCHEZ, F.M. **Genotecnia Vegetal: métodos-teoria-resultados**. AGT Editor, S.A. México. p.357-359, 1988.
- SOUZA E.A.; FERREIRA, D.F.; RAMALHO, M.A.P. Samples-size for estimating the within plot variance in experiments designed to evaluate common bean progênies. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.16, n.4, p.977-982, dez. 1993.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. de. **Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba: FEALQ. 1989. 134p.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Comparisons of intra-interpopulation and modified recurrent selection methods. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.16, n.1 p.91-105, 1993.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. de. **Seleção recorrente e desenvolvimento de híbrido**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"- Departamento de Genética, 1997. 22p.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Seleção recorrente e desenvolvimento de híbridos. In: REUNIÓN LATINO-AMERICANA, 4.; REUNIÓN DE LA ZONA ANDINA DE INVESTIGADORES EN MAÍZ, 17., Cartagena de Indias, 1997. *Memórias...* Cali: Corpoica; CIMMYT, 1998. p.37-58.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Genética quantitativa e melhoramento de milho: realizações e tendências futuras. In: REUNIÓN LATINO AMERICANA DEL MAÍZ, 18; 1999, Sete Lagoas. *Memórias...* Sete Lagoas: EMBRAPA-CNPMS/México: CIMMYT, 1999. p.119-128.

SOUZA JÚNIOR, C.L. de.; MIRANDA FILHO, J.B. Genetics variability in two maize (*Zea mays* L.) populations and its relationship with intra e interpopulation recurrent selection. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.12, n.2 p.271-285, jun. 1989.

SOUZA JÚNIOR, C.L. de.; SANTOS, M.X.dos.; MAGNAVACA, R.; GAMA, E.E.G. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho Br-105 x Br-106 e suas implicações no melhoramento. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.28, n.4, p.473-479, abr. 1993.

SOUZA SOBRINHO, F. de; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA J.C. de Genetic vulnerability and potencial for inbred lines extration for maize single cross hybrids. *Maydica*, Bergamo, v.46, n.3, p.171-175, 2001.

SOUZA SOBRINHO, F. de; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA J.C. de Alternatives for obtaining double cross maize hybrids. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, Sete Lagoas, v.1, n.1, p. 70-76, jan/abr. 2002.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H.; DICKEY, D.A. *Principles and procedures of statistics: a Biometrical Approach*. 3. Ed. New York: Mc Graw Hill, 1997. 666p.

TAKEDA, C. Estimativas dos efeitos da seleção recorrente intra e interpopulacional em linhagens de milho (*Zea mays* L.). 1997. 133p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / USP, Piracicaba.

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.; ROCHEFORD, T.R. Germplasm ownership: related corn inbreds. *Crop Science*, Madison, v. 42, n.1, p. 3-9, Jan/Feb. 2002.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G. *Melhoramento e produção do milho*. 2.ed. rev. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 135-214.

VENCOVSKY, R.; MORAIS, A.R.; GARCIA, J.C.; TEIXEIRA, N.M. Avaliação do progresso genético devido ao melhoramento de milho no Brasil. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 16., 1986, Belo Horizonte. *Anais...* Sete Lagoas: EMBRAPA-CNPMS; 1988.

WILLIAMS, T.R., HALLAUER, A.R. Genetic diversity among maize hybrids. *Maydica*, Bergamo, v.45, n.3, p. 163-171, 2000.

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

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 1

ESTIMATIVAS DOS COMPONENTES DE VARIÂNCIA GENÉTICA INTRA E INTERPOPULACIONAIS RELACIONADOS À SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM POPULAÇÕES DERIVADAS DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO

RESUMO

RAPOSO, Francislei Vitti. Estimativas dos componentes de variância genética intra e interpopulacionais relacionados à seleção recorrente recíproca em populações derivadas de híbridos simples de milho. Lavras: UFLA, 2002. 106p (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)^{II}

A obtenção de estimativas dos componentes de variância genética intra e interpopulacionais é de fundamental importância no trabalho dos melhoristas, pois auxiliam na decisão sobre a melhor estratégia a ser utilizada na condução dos programas de melhoramento. Dessa forma, foi realizado o presente trabalho, com o objetivo de estimar os componentes da variância genética intra e interpopulacionais de duas populações S_0 derivadas dos híbridos simples comerciais AG9012 e C333, com o intuito de avaliar o seu potencial para programas de seleção recorrente intra ou interpopulacionais. Para isso, foram aleatoriamente autofecundadas 169 plantas S_0 , obtendo-se as progêneses S_1 . Uma parte das sementes de cada progênie foi armazenada e o restante utilizado para gerar progêneses de meios-irmãos intra e interpopulacionais. Obteve-se, portanto, três tipos de progêneses de cada população: progêneses endogâmicas S_1 , progêneses de meios-irmãos intra e interpopulacionais. Esses diferentes tipos de progêneses, de ambas as populações, foram avaliados na safra 2000/01, no município de Ijaci, MG. Foi utilizado o delineamento de látice simples 13x13, com as parcelas constituídas por uma linha de três metros. Em todos os experimentos foram anotados dados referentes ao peso de espigas despalhadas, altura de plantas e prolificidade. A partir das esperanças dos quadrados médios foram estimados os componentes da variância genética. Constatou-se que a estimativa da variância aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), em ambas as populações, foi de grande magnitude evidenciando a predominância do efeito aditivo no controle dos caracteres avaliados. Embora as populações apresentassem variabilidade e depressão por endogamia, condições necessárias para a ocorrência de altas estimativas de variância de dominância, estas foram negativas para as duas populações. Isso ocorreu, provavelmente, devido à utilização simultânea de progêneses endogâmicas e não endogâmicas na obtenção destas estimativas, uma vez que a diferença no desempenho, devido à endogamia, dificulta a obtenção de estimativas fidedignas. Com relação à estimativa da variância genética aditiva interpopulacional, esta foi de grande magnitude. Porém, a sua decomposição na variância dos desvios dos efeitos

^{II} Orientador: Magno Antônio Patto Ramalho - Universidade Federal de Lavras (UFLA).

aditivos inter e intrapopulacionais ($\sigma_{r_w}^2$) e também na covariância entre esses desvios e seus efeitos aditivos $COV_{(A_w r_w)}$, não permitiu inferências conclusivas sobre as propriedades genéticas das duas populações. Contudo, as estimativas obtidas especialmente de herdabilidade para a seleção intra e interpopulacional, associadas ao desempenho médio das progênes avaliadas, possibilitam inferir que as duas populações derivadas de híbridos simples comerciais são promissoras para programas de seleção recorrente intra ou interpopulacionais.

ABSTRACT

RAPOSO, Francislei Vitti. Estimates of intra and interpopulational variance components in reciprocal recurrent selection applied to populations derived from single cross maize hybrids. 2002. 106p. Thesis (Doctoral Genetics and Plant Breeding) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.^{IV}

Obtaining intra and interpopulational components of genetic variance is important to decide the best selection strategy to use in breeding programs. This study was carried out to estimate the intra and interpopulational components of genetic variance of two S_0 maize populations derived from the AG9012 and C333 single cross commercial hybrids to assess their potential in intra and interpopulational recurrent selection programs. For this purpose, 169 random S_0 plants were self-pollinated to obtain the S_1 progenies. Seeds of each S_1 progeny were used to generate intra and interpopulational half sib progenies and the remnant seed was stored. Therefore, S_1 progenies and intra and interpopulational half sib progenies from each population were available. These three different progeny types from both populations were assessed at Ijaci-MG in the 2000/01 growing season, in a 13 x 13 simple lattice design with plots formed by one three-meter row. In all experiments, data on de-hulled corn ear weight, plant height and prolificacy were obtained and the genetic variance components estimated from the expected mean squares of the analyses of variance. The magnitude of the estimate of additive genetic variance ($\hat{\sigma}_A^2$) was large in both populations, showing the predominance of the additive effect in the control of the assessed traits. Although the populations presented variability and inbreeding depression, which are necessary conditions for dominance assessment, the estimates of dominance variance were negative in both cases. This probably occurred because the differential performance of the inbred and crossbred progenies simultaneously used in the assessment precluded the calculation of reliable estimates. On the other hand, the estimate of interpopulational additive genetic variance was of large magnitude. However, its partitioning in variance of the deviation of the intra and interpopulational additive effects ($\sigma_{r_w}^2$) and, also, in the covariance between these deviations and its additive effects ($Cov_{(A_w, r_w)}$), did not allow conclusive inferences on the

^{IV} Guidance Committee: Magno Antônio Patto Ramalho – UFLA (Major Professor).

genetic properties of the two populations. The obtained estimates, especially those of heritability for intra and interpopulational selection and progeny mean performance, allowed to infer that the two single cross commercial hybrids derived populations are promising for use in intra and interpopulational recurrent selection programs.

1 INTRODUÇÃO

O conhecimento das estimativas dos componentes da variância genética é de fundamental importância no trabalho dos melhoristas, pois permitem a estes a utilização de estratégias apropriadas para se obter sucesso nos programas de melhoramento.

Para a obtenção destas estimativas podem ser utilizados alguns procedimentos, como os delineamentos especiais propostos por Comstock & Robinson (1948), os cruzamentos dialélicos e o uso de experimentos de seleção. Utilizando estes procedimentos, várias estimativas já foram obtidas. Um levantamento destas estimativas para a cultura do milho foi apresentado por Hallauer & Miranda Filho (1988), os quais constataram que, na média de 99 experimentos, para a produtividade de grãos, a estimativa da variância aditiva ($\hat{\sigma}_A^2 = 469,1 \pm 174,3$ (g/planta)²) foi superior à da variância de dominância ($\hat{\sigma}_D^2 = 286,8 \pm 210,0$ (g/planta)²). Os autores comentam que, desconsiderando a ligação e a epistasia, a variância aditiva foi responsável por 61,2% da variância genética presente nas populações de milho e a variância de dominância por 38,8%. Para outros caracteres, apesar do número de experimentos ser menor, observou-se que a participação da σ_D^2 é ainda menos expressiva. Esses resultados foram importantes para os melhoristas de milho, pois mostraram que há possibilidade de incremento na média populacional das populações por meio da seleção e que a presença de dominância, apesar de ser em menor proporção, é suficiente para explicar o vigor híbrido que tem sido observado.

Grande parte das populações utilizadas nos programas de melhoramento conduzidos no Brasil, são de ampla base genética. Levantamentos das estimativas da variância genética aditiva destas populações, obtidas principalmente pela avaliação de progênies de meios-irmãos, são apresentados por Ramalho (1977), Vencovsky et al., (1988) e Alves (2002). Como comentam

estes autores, embora as comparações das estimativas da variância genética aditiva sejam difíceis devido às diferenças nas populações estudadas, no número de progênies avaliadas e na precisão experimental, pode-se inferir que existe suficiente variabilidade genética nas populações utilizadas pelos melhoristas brasileiros.

Um outro tipo de população, com grande potencial e que tem sido pouco utilizado, é a derivada de híbridos simples comerciais. Este tipo de população tem algumas vantagens, tais como o fato de serem adaptadas, pois elas só são recomendadas se os híbridos tiverem um bom desempenho. Além do mais, é provável que possuam um grande número de locos em heterozigose, devido ao vigor que manifestam. Portanto, é esperado que apresentem grande variabilidade. Desse modo, associam os dois aspectos que qualquer melhorista utiliza na escolha de uma população, isto é, média alta e grande variação.

Estimativas dos componentes de variância genética em populações provenientes de híbridos simples são restritas na literatura. Portanto, é necessária a obtenção de um maior número destas estimativas para que se possa realizar inferências precisas sobre a utilização deste tipo de população nos programas de melhoramento. Além do mais, seria importante avaliar também o potencial destas populações, quando em cruzamentos. Neste contexto, o presente trabalho foi realizado, visando à obtenção das estimativas dos componentes de variância intra e interpopulacionais em populações derivadas de híbridos simples comerciais.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Material genético

Para a condução do programa de seleção recorrente recíproca foram utilizadas populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg, denominadas 1 e 2, originárias dos híbridos simples comerciais AG9012 e C333, respectivamente. Estes híbridos comerciais apresentam alta divergência genética, complementando-se bem, sendo o híbrido duplo originário deste cruzamento muito produtivo conforme relata Souza Sobrinho et al., (2001).

O híbrido simples AG9012 foi desenvolvido pela empresa Agroceres, é um material recomendado para a semeadura “no cedo”, por ser altamente susceptível a *Phaeosphaeria maydis*. Apresenta alto potencial produtivo sendo seus grãos do tipo duro avermelhado. As plantas apresentam porte baixo, com um bom empalhamento das espigas, além de uma grande proporção de espigas dobradas. Já o híbrido C333, desenvolvido pela Cargill, é um híbrido de ciclo normal, de grãos semiduros amarelo-alaranjados e com alto potencial produtivo. Uma das suas principais características é a alta sanidade, sendo tolerante às principais moléstias que atacam a cultura do milho, destacando-se também pela alta estabilidade produtiva e prolificidade.

2.2 Obtenção e avaliação dos diferentes tipos de progênes

Foram autofecundadas 169 plantas S_0 das populações 1 e 2. Parte das sementes de cada planta autofecundada foi guardada e o restante utilizado na obtenção das progênes de meios-irmãos intrapopulacionais (MI intra) e interpopulacionais (MI inter). Para a obtenção destes dois tipos de progênes

utilizou-se dois campos isolados. No primeiro, a linha macho foi constituída por sementes S_0 da população 1, e as linhas fêmeas que foram evidentemente despendoadas, foram constituídas pelas 169 progênies S_1 da população 1 e 169 da população 2, totalizando 338 progênies por campo isolado. Cada progênie foi representada por uma linha de três metros, sendo semeadas quatro linhas fêmeas para uma de macho. O segundo campo foi idêntico ao anterior, exceto que a linha macho foi semeada com sementes da população 2.

Além das progênies de MI intra e MI/inter de ambas as populações, também foram avaliadas as progênies S_1 . No total, foram avaliados três tipos de progênies originárias de 169 genótipos de cada população. Os experimentos foram instalados no município de Ijaci, localizado na região Sul do Estado de Minas Gerais, a 950 metros de altitude, $21^{\circ} 14'$ S de latitude e $45^{\circ} 00'$ W de longitude. Para esta avaliação, o delineamento utilizado foi o de látice simples 13×13 . A parcela foi constituída por uma linha de três metros, com cinco plantas por metro após o desbaste e o espaçamento entre linhas foi de 90 centímetros.

2.3 Manejo da cultura

Para todos os tipos de progênies foi realizada, adubação equivalente a 550 kg/ha de fertilizante da fórmula 8-28-16 + Zn de N, P_2O_5 , K_2O na semeadura e, em cobertura, 100 kg/ha de sulfato de amônio, 25 dias após a emergência. Os demais tratos culturais foram os normalmente recomendados para a cultura na região.

2.4 Características avaliadas

Em todos os experimentos foram avaliados os caracteres:

- \ - altura de plantas (Apl_t): altura média, amostrada no interior da parcela (m);
- \ - prolificidade (Prolif): determinada pela razão entre o número total de espigas e o estande final por parcela;
- \ - peso de espigas despalhadas (Pesp): produtividade total da parcela em quilogramas. Os dados referentes a este caráter foram corrigidos para umidade padrão de 13%, utilizando-se a seguinte expressão:

$$P_{13} = \frac{PC(100 - U)}{87}$$

em que:

P_{13} : é o peso de espigas despalhadas corrigido para a umidade padrão de 13%;

PC : é o peso de espigas sem correção;

U : é a umidade dos grãos na ocasião da pesagem das espigas, em porcentagem, amostrados de 10% das parcelas.

Posteriormente, efetuou-se uma análise de variância para o estande final de cada experimento. Como não foram detectadas diferenças significativas, os dados referentes ao peso de espigas despalhadas (kg/parcela) foram corrigidos para o estande ideal de 15 plantas por parcela, pelo emprego da covariância (Vencovsky & Barriga, 1992).

2.5 Análises dos dados

Procedeu-se, inicialmente, à análise de cada experimento (diferentes tipos de progênies). Em seguida, foram estimados os parâmetros genéticos e fenotípicos. Utilizou-se o modelo estatístico proposto por Ramalho et al., (2000) considerando todos os efeitos, exceto a média, como aleatórios:

$$Y_{ijk} = m + t_i + q_k + b_{j(k)} + \bar{e}_{j(ik)}$$

em que:

- Y_{ijk} : valor observado na parcela que recebeu o tratamento i , no bloco j , dentro da repetição k ;
 m : média geral;
 t_i : efeito do tratamento i ($i = 1, 2, 3, \dots, 169$)
 q_k : efeito da repetição k , sendo ($k= 1$ e 2)
 $b_{j(k)}$: efeito do bloco j , dentro da repetição k ($j = 1, 2, \dots, 13$)
 $\bar{e}_{j(ik)}$: erro experimental associado a observação Y_{ijk}

Na Tabela 9 é apresentado o modelo da análise e as respectivas esperanças matemáticas dos quadrados médios.

2.6 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

A partir das esperanças dos quadrados médios foram obtidas as estimativas dos componentes de variância e alguns parâmetros genéticos e fenotípicos, pelos seguintes estimadores:

TABELA 9. Esquema de análise de variância individual com as respectivas esperanças dos quadrados médios E(QM).

Fontes de variação	GL	QM	E(QM)
Tratamentos	gl_1	Q_{1wz}	$\sigma_e^2 + r\sigma_{Gwz}^2$ ¹¹
Erro efetivo	gl_2	Q_{2wz}	σ_e^2

¹¹ r: número de repetições (neste caso, 2); w: populações (w=1-AG9012 e 2-C333); z: tipos de progênies (z= 1-S₁, 2-Mlintra, 3-Mlinter).

Variância genética entre progênes ($\sigma_{G_{wz}}^2$)

$$\sigma_{G_{wz}}^2 = \frac{(Q_{1wz} - Q_{2wz})}{r}$$

Utilizando-se as expressões apresentadas por Barbin (1993) e Ramalho et al., (2000), foram estimados os limites inferiores e superiores dos intervalos de confiança (IC) associados às estimativas das variâncias genéticas entre progênes:

$$IC = P \left[\frac{gl_3 \sigma_{G_{wz}}^2}{\chi_{\alpha/2}^2} < \sigma_{G_{wz}}^2 < \frac{gl_3 \sigma_{G_{wz}}^2}{\chi_{1-(\alpha/2)}^2} \right] = (1 - \alpha)100\%$$

em que:

α : nível de significância (no caso, 0,05);

gl_3 : número de graus de liberdade associados ao componente da variância genética, obtido segundo Sattertwhaite (1946):

$$gl_3 = \frac{(Q_{1wz} - Q_{2wz})^2}{\frac{(Q_{1wz})^2}{gl_1} + \frac{(Q_{2wz})^2}{gl_2}}$$

em que:

Q_{1wz} : quadrado médio da fonte de variação referente à população w e ao tipo de progênie z ;

Q_{2wz} : quadrado médio do erro;

gl_1 e gl_2 : graus de liberdade associados aos quadrados médios respectivos;

$\chi_{\alpha/2}^2$ e $\chi_{1-(\alpha/2)}^2$: valores da distribuição teórica de χ^2 (qui-quadrado) com gl_3 graus de liberdade.

Variância fenotípica entre as médias de progênes ($\sigma_{F_{wz}}^2$)

$$\sigma_{F_{wz}}^2 = \frac{Q_{1_{wz}}}{r}$$

Posteriormente, estimou-se a herdabilidade entre média de progênes no sentido amplo (h_m^2), utilizando a metodologia apresentada por Vencovsky & Barriga (1992):

$$h_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_{G_{wz}}^2}{\hat{\sigma}_{F_{wz}}^2} \times 100$$

De modo análogo foram estimados os limites inferiores (LI) e superiores (LS) das estimativas da (h_m^2), pelo seguinte estimador, $\alpha=0,05$ (Knapp et al., 1985):

$$LI = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{Q_{1_{wz}}}{Q_{2_{wz}}} \right) F_{1-\alpha/2; g_2, g_1} \right]^{-1} \right\}$$

em que: o valor da tabela de F é determinado pelo coeficiente de confiança ($1-\alpha/2$) e pelos graus de liberdade g_2 e g_1 .

$$LS = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{Q_{1_{wz}}}{Q_{2_{wz}}} \right) F_{\alpha/2; g_2, g_1} \right]^{-1} \right\}$$

2.7 Estimativas dos componentes da variância e covariância genética intrapopulacional

Considerando que as duas populações são derivadas de um híbrido biparental, em que os locos que estão segregando estão com frequências alélicas de 0,5, têm-se os seguintes componentes da variância e covariância genética (Souza Júnior, 1989):

Variância genética entre progênies S_1 da população w ($\sigma_{G_{w1}}^2$):

$$\sigma_{G_{w1}}^2 = 1\sigma_{A_w}^2 + 1/4\sigma_{D_w}^2 ;$$

em que:

$\sigma_{A_w}^2$ e $\sigma_{D_w}^2$ são as variâncias genética aditiva e de dominância na população de referência.

Variância genética entre progênies de meios-irmãos ($\sigma_{G_{w2}}^2$):

$$\sigma_{G_{w2}}^2 = 1/4\sigma_{A_w}^2 ;$$

Covariância entre as progênies endogâmicas S_1 e meios-irmãos ($Cov_{G(w1;w2)}$)

$$Cov_{G(w1;w2)} = 1\sigma_{A_w}^2 + 1/2\sigma_{D_w}^2$$

Estas estimativas de covariância foram obtidas com o desempenho médio das progênies endogâmicas e meios-irmãos de cada população. Considerando, portanto, que se dispunha de três equações, foi possível estimar estes componentes, utilizando o método dos quadrados mínimos ponderados, conforme metodologia aplicada por Alves (2002):

Ou seja:

$$\hat{B} = (C' NS^{-1} C) C' NS^{-1} Y$$

em que:

\hat{B} é a matriz dos parâmetros estimados pelo método dos quadrados mínimos.

$${}_2\hat{B}_1 = \begin{bmatrix} \sigma_A^2 \\ \sigma_D^2 \end{bmatrix}$$

N é a matriz diagonal dos graus de liberdade (gl). Neste caso específico, o gl , em todas as situações, foi 168;

S é a matriz diagonal de ponderação ou de pesos, em que os elementos da diagonal foram compostos pelas estimativas da variância de uma variância (Baker, 1986) e da variância de uma covariância (Mode & Robison, 1959):

$$\hat{\sigma}_{(\sigma_{G_{wz}}^2)}^2 = \frac{2}{r^2} \left(\frac{Q_{1wz}^2}{gl_1 + 2} + \frac{Q_{2wz}^2}{gl_2 + 2} \right)$$
$$\sigma_{(Cov_{G(w1;w2)})}^2 = \frac{(Cov_{G(w1;w2)})^2 + (\sigma_{G_{w1}}^2 \times \sigma_{G_{w2}}^2)}{(gl_4 + 2)}$$

em que:

gl_4 : refere-se aos graus de liberdade associados às covariâncias.

Dessa forma, tem-se a matriz:

$${}_3S_3 = \begin{bmatrix} \sigma_{(\sigma_{G_{w1}}^2)}^2 & & \\ & \sigma_{(\sigma_{G_{w2}}^2)}^2 & \\ & & \sigma_{(Cov_{G(w1;w2)})}^2 \end{bmatrix}$$

Y é um vetor coluna com as variâncias e covariâncias observadas;

$${}_3Y_1 = \begin{bmatrix} \sigma_{G_{w1}}^2 \\ \sigma_{G_{w2}}^2 \\ Cov_{G_{(w1;w2)}} \end{bmatrix}$$

C é a matriz dependente do modelo, ou seja:

$${}_3C_2 = \begin{bmatrix} 1 & 0,25 \\ 0,25 & 0 \\ 1 & 0,5 \end{bmatrix}$$

2.8 Estimativas dos componentes da variância e covariância genética interpopulacionais

Estimou-se, de forma algébrica, os componentes interpopulacionais, por duas metodologias. Na primeira, para a obtenção destes componentes de variância interpopulacional utilizou-se a variância aditiva obtida pelo método dos quadrados mínimos ponderados, item 2.7. Posteriormente, como se dispunha também de progênies de meios-irmãos intra e interpopulacionais originários do mesmo genótipo de cada população, utilizou-se procedimento semelhante ao apresentado por Arias (1995):

Variância genética entre progênies de meios-irmãos intrapopulacionais na população de referência ($\sigma_{G_{w2}}^2$):

$$\sigma_{G_{w2}}^2 = 1/4\sigma_{A_w}^2;$$

Variância genética entre progênies de meios-irmãos interpopulacionais na população de referência ($\sigma_{G_{w3}}^2$):

$$\hat{\sigma}_{Gw3}^2 = 1/4\sigma_{A_w}^2 + 1/4\sigma_{\tau_w}^2 + 4Cov_{(A_w\tau_w)};$$

em que: $\sigma_{\tau_w}^2$ e $Cov_{(A_w\tau_w)}$ são as variâncias genéticas dos desvios dos efeitos aditivos inter e intrapopulacionais e as covariâncias entre os efeitos aditivos e seus desvios intra e interpopulacionais, na população de referência (Souza Júnior, 1993).

Covariância entre as progênies de meios-irmãos intra por interpopulacionais ($Cov_{G(w2;w3)}$):

$$Cov_{G(w2;w3)} = 1/4\sigma_{A_w}^2 + 1/2Cov_{(A_w\tau_w)}.$$

2.9 Estimativa do ganho com a seleção

Foram obtidas as estimativas do ganho esperado no híbrido interpopulacional, considerando a seleção recorrente recíproca (SRR), avaliando-se progênies de meios-irmãos interpopulacionais e recombinando progênies S₁. O ganho foi estimado pela expressão (Souza Júnior, 1993):

$$GS_{Híbrido} = i_1 \frac{\sigma_{A_1}^2 *}{4\sigma_{F_1}^2 *} + i_2 \frac{\sigma_{A_2}^2 *}{4\sigma_{F_2}^2 *};$$

em que:

$\sigma_{A_1}^2 *$ e $\sigma_{A_2}^2 *$ são as variâncias genéticas aditivas interpopulacionais das populações 1 e 2 respectivamente, quando utilizadas como fêmea,

$\sigma_{F_1}^2 *$ e $\sigma_{F_2}^2 *$ são os desvios padrões fenotípicos interpopulacionais, tendo as populações 1 e 2 como fêmea, respectivamente.

O diferencial de seleção estandardizado (i), utilizado nos cálculos foi o equivalente à seleção de 15 progênes (8,8%).

Também foi estimado o ganho com a seleção no híbrido interpopulacional da seguinte forma: $GS_{híbrido} = (h_m^2 x ds_x)_1 + (h_m^2 x ds_x)_2$. Em que: ds_x é o diferencial de seleção, ou seja, a média das 15 progênes de meios-irmãos interpopulacionais mais produtivas de cada população, menos a média original da população de referência, representada pelas 169 progênes de meios-irmãos interpopulacionais das populações 1 e 2 quando utilizadas como fêmea; h_m^2 é a herdabilidade ao nível de médias das progênes híbridas de ambas as populações.

Posteriormente, estimou-se o ganho com a seleção nas populações, ganho indireto (GS_I) e direto (GS_D), pela seguinte expressão: $GS_x = h_m^2 x ds_x$. Em que o diferencial de seleção no (GS_I) é a média das 15 progênes intrapopulacionais, cujas respectivas progênes interpopulacionais foram as mais produtivas em cada população, menos a média original da população de referência. Já no (GS_D), o diferencial de seleção é a média das 15 progênes intrapopulacionais mais produtivas em cada população, menos a média original da população.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Inicialmente, é necessário ressaltar que, para a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos confiáveis, a precisão com que os experimentos são conduzidos é de fundamental importância. Entre os fatores que afetam esta precisão experimental, a escolha do delineamento apropriado deve receber grande atenção (Vencovsky & Barriga, 1992). Neste trabalho, optou-se pelo emprego do delineamento em látice. Constatou-se, pelas tabelas 10, 11 e 12, que aproximadamente 90% das análises realizadas apresentaram eficiência do látice em relação ao delineamento de blocos casualizados. Nos casos em que se observou eficiência, esta variou de 0,33% para a prolificidade nas progênies S_1 à 31,63% para o caráter altura de plantas, nas progênies de meios-irmãos interpopulacionais, sendo ambos os valores obtidos na população 1, derivada do híbrido AG9012. Constatou-se também que a altura de plantas foi o caráter que mais se beneficiou das vantagens do delineamento utilizado. Como salienta Marques Júnior (1997), a utilização deste delineamento funciona como um "seguro" para possíveis ocorrências de heterogeneidade dentro das repetições.

A medida mais utilizada como indicativo de precisão experimental é o coeficiente de variação (CV%). No caso da produtividade de espigas despalhadas, as estimativas obtidas podem ser consideradas boas, uma vez que variaram de 14,7% no experimento com progênies de meios-irmãos intrapopulacionais a 19,5% ao se avaliar progênies endogâmicas, valores estes semelhantes aos relatados na literatura para experimentos com a cultura do milho (Scapin et al., 1995; Palomino, 1998; Gonçalves et al., 1999; Pinto, et al., 2000; Souza Sobrinho et al., 2002).

TABELA 10. Resumo das análises de variância, do caráter peso de espigas despalhadas - Pesp (kg/parcela), dos diferentes tipos de progênieis provenientes das populações 1 e 2. Safra 2000/01. Ijaci-MG.

FV	GL	QM					
		População 1			População 2		
		S ₁	MI _{intra}	MI _{inter}	S ₁	MI _{intra}	MI _{inter}
Repetição	1	0,010	1,933	4,495	2,253	1,709	1,331
Trat. Ajustados	168	0,134**	0,192**	0,219*	0,090*	0,133**	0,177*
Erro efetivo	144	0,057	0,096	0,171	0,066	0,086	0,125
Ef. do látice (%)		3,89	18,00	12,31	6,91	13,19	31,48
Média		1,23	1,77	2,45	1,34	2,00	2,41
CV (%)		19,46	17,49	16,88	19,19	14,67	14,64

*, **: teste de F significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

TABELA 11. Resumo das análises de variância, do caráter prolificidade - Prolif. (espigas/planta), dos diferentes tipos de progênieis provenientes das populações 1 e 2. Safra 2000/01. Ijaci-MG.

FV	GL	QM					
		População 1			População 2		
		S ₁	MI _{intra}	MI _{inter}	S ₁	MI _{intra}	MI _{inter}
Repetição	1	0,020	0,024	0,019	0,109	0,020	0,034
Trat. Ajustados	168	0,016**	0,008 ^{ns}	0,010*	0,019**	0,014*	0,012**
Erro efetivo	144	0,011	0,007	0,007	0,012	0,010	0,008
Ef. do látice (%)		0,33	0	0	0,53	11,62	7,34
Média		1,03	1,03	1,05	1,08	1,10	1,07
CV (%)		10,09	8,04	8,02	10,26	9,28	8,31

*, **: teste de F significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

TABELA 12. Resumo das análises de variância do caráter altura de plantas - Aplt (metros/planta), dos diferentes tipos de progênies provenientes das populações 1 e 2. Safra 2000/01. Ijaci-MG.

FV	GL	QM					
		População 1			População 2		
		S ₁	MI _{intra}	MI _{inter}	S ₁	MI _{intra}	MI _{inter}
Repetição	1	0,063	0,050	1,102	0,110	0,017	0,047
Trat. Ajustados	168	0,056**	0,036*	0,029*	0,045**	0,035**	0,026*
Erro efetivo	144	0,026	0,027	0,023	0,023	0,022	0,019
Ef. do látice (%)		8,47	19,30	31,63	17,87	14,72	17,14
Média		1,57	1,83	2,12	1,66	1,99	2,04
CV (%)		10,21	8,92	7,17	9,05	7,49	6,73

*, **: teste de F significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Ainda com relação à precisão experimental, constatou-se que, para as progênies endogâmicas, o CV% foi sempre superior, independentemente do caráter analisado. Esse fato também foi constatado por Alves (2002), com a população CMS39. O autor comenta que isto pode ter ocorrido por algumas razões. Uma delas é que, devido à endogamia, a média geral é menor e, como se sabe, a estimativa do coeficiente de variação é afetada por este parâmetro. Uma outra razão é atribuída à grande variabilidade dentro da parcela observada, mesmo com progênies endogâmicas, quando submetidas à avaliação experimental principalmente se comparada à avaliação de progênies com um certo vigor heterótico, contribuindo desta forma para o aumento da variância (Janick, 1999).

Observou-se também que, as estimativas de CV% obtidas ao se avaliar as progênies de meios-irmãos interpopulacionais, foram sempre de menores magnitudes. Acredita-se que, nestes casos, o vigor híbrido tenha atuado como um "efeito tamponante", diminuindo as diferenças observadas, entre as plantas da mesma progênie.

Esta precisão experimental obtida permitiu que detecta-se diferenças significativas ($P \leq 0,05$) para quase todos os caracteres avaliados, nos diferentes tipos de progênies de ambas as populações (Tabelas 10, 11 e 12). Isto, em princípio, evidencia como era esperado, ampla variação em populações derivadas de híbridos simples comerciais, confirmando o fato de que estes materiais devem possuir grande número de locos em heterozigose.

Observou-se que, para todos os tipos de progênies e caracteres, a média da população originária do híbrido C333 foi superior à obtida na população proveniente do híbrido AG9012. O bom desempenho do híbrido C333, já foi relatado em outros experimentos conduzidos na região (Souza Sobrinho et al., 2002). Um outro resultado que chama a atenção é o desempenho das progênies endogâmicas S_1 em relação às progênies de meios-irmãos intrapopulacionais. Tomando como referência o peso de espigas despalhadas, verifica-se que a depressão média por endogamia foi de 30,5% e 33,0% nas populações 1 e 2, respectivamente. Esses valores são semelhantes aos obtidos por Souza Sobrinho et al., (2001), ao relatarem que a contribuição dos locos em heterozigose (d) para a produção de espigas despalhadas, tomando como referência a população S_0 em relação a S_1 , foi de 28,72% para o AG9012 e de 35,36% para o C333.

Como era esperado, o efeito da endogamia variou entre as progênies. Isto ocorre porque a frequência de locos em heterozigose nas plantas S_0 , que originaram as progênies S_1 evidentemente são diferentes. Em ocorrendo depressão por endogamia, pode-se inferir, como já mencionado, que há locos em heterozigose nas populações e que há também dominância no controle do caráter (Falconer & Mackay, 1996).

Uma outra comparação importante é entre o desempenho médio das progênies de meios-irmãos intra e interpopulacionais. Nesse caso, a superioridade das progênies híbridas em relação aos meios-irmãos intrapopulacionais foi de

38,0% para a população 1 e 20,5% para a população 2, originária do C333. Esse resultado, coerentemente com aqueles relatados para a depressão por endogamia, evidencia a ocorrência de dominância no controle do caráter produtividade, concordando com o que vem sendo relatado na literatura em vários trabalhos com a cultura do milho (Ferreira et al., 1995; Pacheco et al., 1998; Lima et al., 2000). Permite também inferir que, as duas populações envolvidas neste trabalho são divergentes. Esta divergência já foi anteriormente demonstrada por Souza Sobrinho et al., (2001) utilizando a metodologia de Troyer et al., (1988), sendo que estas populações apresentaram um dos maiores índices de divergência entre 21 combinações consideradas. Esses resultados possibilitam inferir que as populações, são apropriadas para a condução de programas de seleção recorrente recíproca (Hallaner, 1999; Souza Júnior, 2001).

É oportuno comentar que o desempenho produtivo médio das progênies interpopulacionais de ambas as populações foi muito semelhante. Isso mostra que o sistema utilizado para gerar as progênies e, sobretudo, a amostra foi eficaz, ou seja 169 progênies pode ser considerada uma amostra representativa da população.

Com relação à existência de variação nos diferentes tipos de progênies, esta é realçada pela amplitude das médias apresentadas na Tabela 13 e pelas distribuições de freqüências apresentadas nas Figuras 2, 3 e 4. Chama a atenção, especialmente a variabilidade dos diferentes tipos de progênies interpopulacionais, mostrando como já salientado, o potencial de se utilizar essas populações na seleção recorrente recíproca. E mais ainda, de se obter a curto prazo combinações híbridas superiores aos genitores que originaram as populações S_0 .

Esta variabilidade genética também pode ser comprovada pela estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos intra e interpopulacionais (Tabela 14). Verifica-se que as estimativas de variâncias genéticas entre os diferentes tipos de

progênies ($\sigma_{G_{wz}}^2$) foram altas e com valores do limite inferior sempre positivos, possibilitando inferir, com 95% de probabilidade, que estes componentes são diferentes de zero.

Considerando que, entre progênies S_1 , é liberado $1\sigma_A^2 + 1/4\sigma_D^2$ e entre progênies de meios-irmãos intrapopulacionais, $1/4\sigma_A^2$, era esperado que a variância entre progênies S_1 fosse superior a de meios-irmãos (Souza Júnior, 1989). Veja contudo, que isso não ocorreu. A provável explicação é que as progênies S_1 , por serem endogâmicas, têm menor produtividade de espigas despalhadas e, por conseguinte, a variância entre elas é de menor magnitude. O mesmo fato foi constatado por Alves (2002), com a população CMS39. Porém, Takeda (1997), com as populações BR105 e BR106, observou que a variância genética entre progênies S_1 foi maior que a de meios-irmãos intrapopulacional. É preciso enfatizar, contudo, que no presente trabalho o erro associado às estimativas de σ_G^2 foram elevados e que as variâncias nas duas populações estiveram dentro do intervalo de confiança das estimativas.

A comparação de estimativas de variância genética liberadas entre as progênies com as obtidas em outras situações é dificultada, sobretudo, pela unidade utilizada e pelo fato de que, em muitos casos, é obtido o dado em peso de grãos e não o peso de espigas, como foi no presente trabalho. Contudo, estimando-se para as progênies de meios-irmãos intrapopulacionais, por exemplo, a variância ao nível de plantas individuais os valores observados foram de 214,32 e 103,76 (g/planta)² para as populações 1 e 2, respectivamente. Esses valores são de magnitude semelhante aos observados na literatura (Souza Júnior et al., 1993; Takeda, 1997 e Alves, 2002). Infere-se, portanto, que a população derivada de híbridos simples libera variabilidade equivalente às populações que são normalmente submetidas à seleção recorrente no Brasil.

TABELA 13. Desempenho médio e amplitude de variação para os caracteres peso de espigas despalhadas (kg/parcela); prolificidade (espigas/planta); altura de plantas (metros/planta) nos diferentes tipos de progênies obtidas das populações 1 e 2. Safra 2000/01. Ijaci-MG.

Caracteres	População 1			População 2		
	S _i	MI _{intra}	MI _{inter}	S _i	MI _{intra}	MI _{inter}
Pesp	1,23	1,77	2,45	1,34	2,00	2,41
	0,57-1,88 ¹	1,08-2,64	1,63-3,72	0,68-1,86	1,31-2,96	1,46-3,23
AV(%) ²	106,5	88,1	85,3	88,0	82,5	73,44
Prolif.	1,03	1,03	1,05	1,08	1,10	1,07
	0,76-1,38	0,87-1,23	0,93-1,55	0,83-1,37	0,94-1,44	0,93-1,49
AV(%)	60,2	34,95	59,0	50,0	45,4	52,33
Aplt	1,57	1,83	2,12	1,66	1,99	2,04
	1,14-2,12	1,48-2,19	1,77-2,39	1,23-2,03	1,66-2,47	1,58-2,34
AV(%)	62,4	38,8	29,2	48,2	40,7	37,2

¹ Limite inferior e superior.

² Amplitude de variação em porcentagem da média.

Comparando-se a variabilidade genética entre as progênies intra e interpopulacionais de uma mesma população verifica-se que estas foram semelhantes e que os valores estiveram dentro do intervalo de confiança. A mesma observação é válida quando se comparam as estimativas entre as duas populações. Constata-se que os valores obtidos foram semelhantes aos relatados na literatura para populações brasileiras avaliadas em outras condições (Pellicano, 1990; Souza Júnior, 1993; Takeda, 1997).

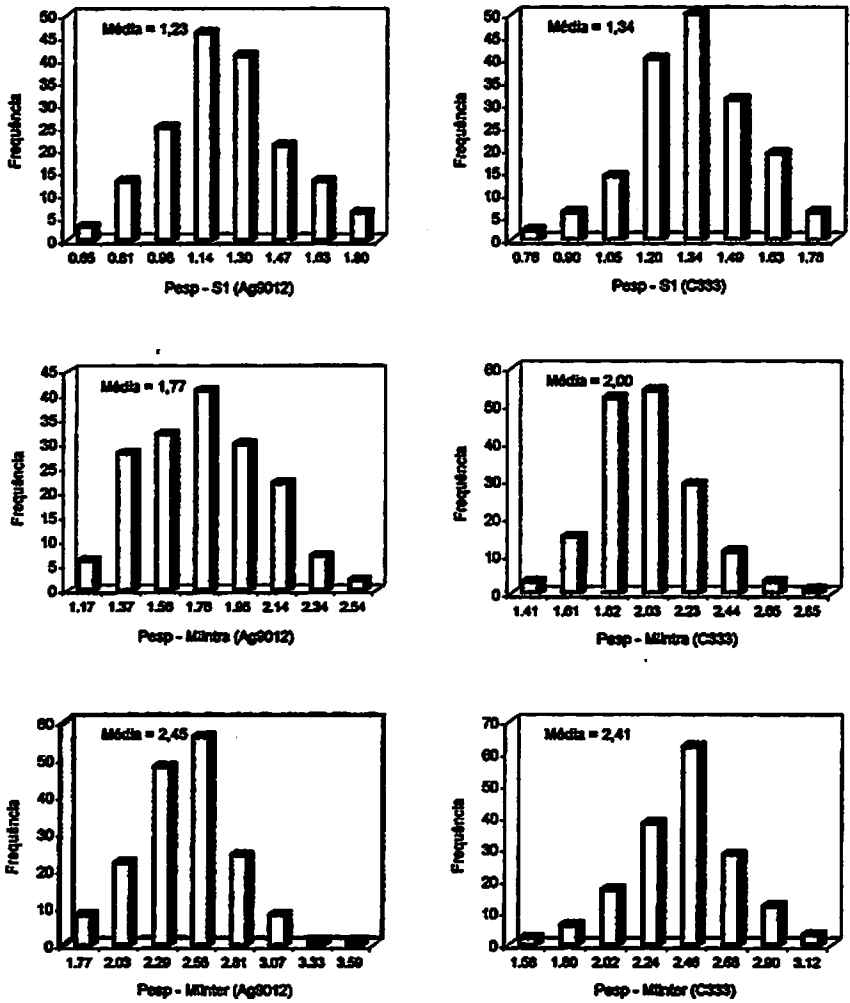


FIGURA 2. Distribuição de frequência do caráter peso de espigas despalhadas - Pesp (kg/parcela), para as progênies endogâmicas (S₁), meios-irmãos intra (MIntra) e meios-irmãos interpopulacionais (MInter), nas populações 1 (AG9012) e 2 (C333). Ijaci-MG. Safra 1999/00.

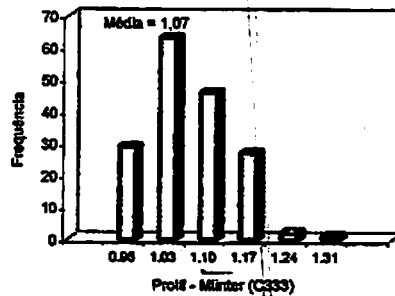
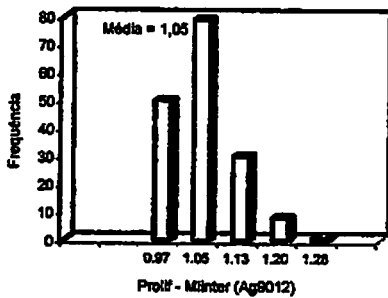
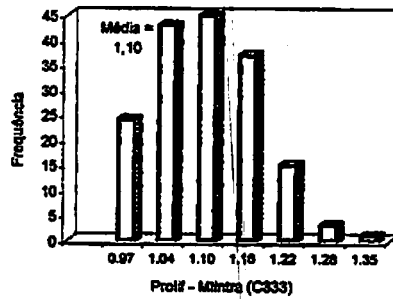
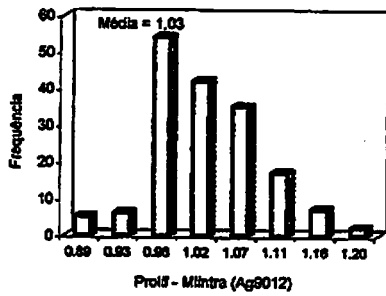
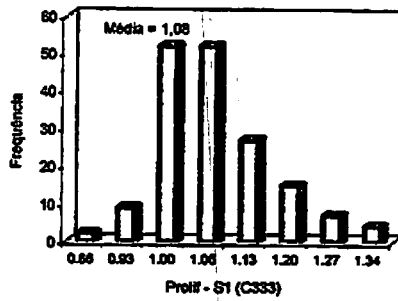
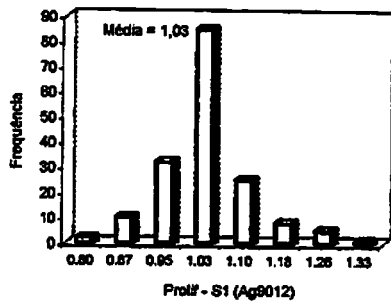


FIGURA 3. Distribuição de frequência do caráter prolificidade - Prolif (espigas/planta), para as progênes endogâmicas (S_1), meios-irmãos intra (MIntra) e meios-irmãos interpopulacionais (MInter), nas populações 1 (AG9012) e 2 (C333). Ijaci-MG. Safra 1999/00.

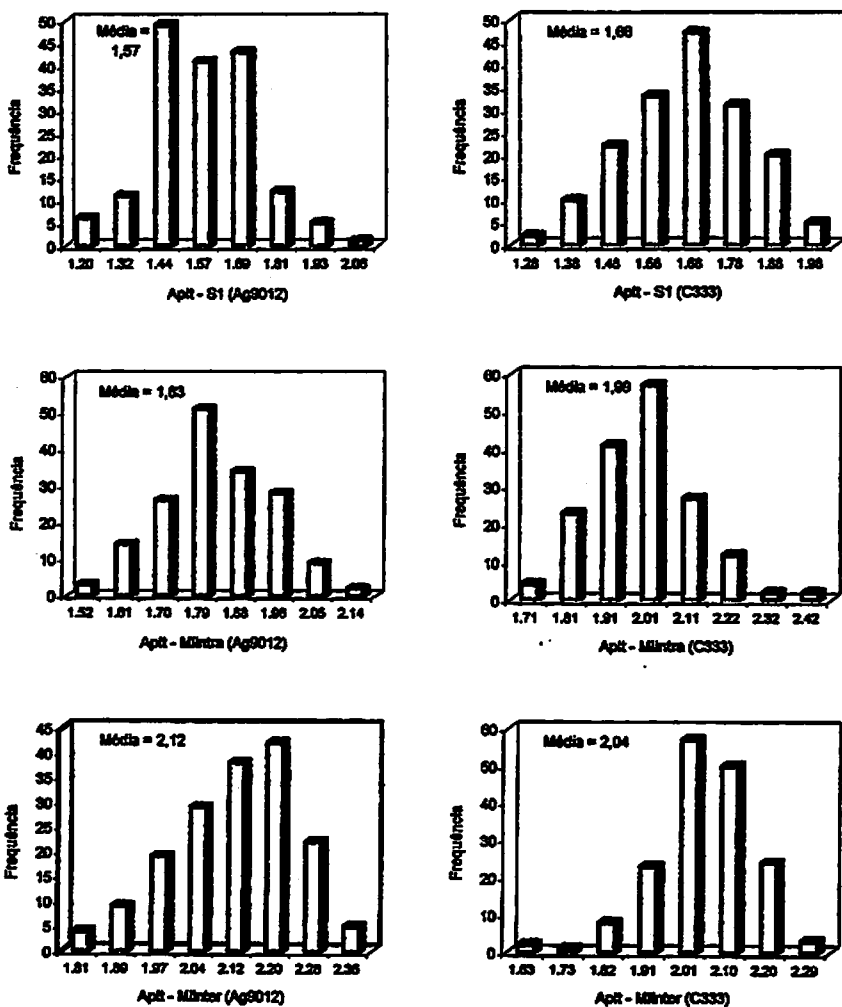


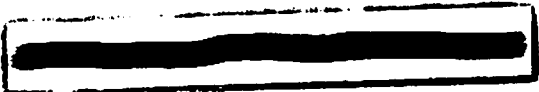
FIGURA 4. Distribuição de frequência do caráter altura de plantas - Aplh (metros/planta), para as progêies endogâmicas (S₁), meios-irmãos intra (M_{intra}) e meios-irmãos interpopulacionais (M_{inter}), nas populações 1 (AG9012) e 2 (C333). Ijaci-MG. Safra 1999/00.

TABELA 14. Estimativas da variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$) e herdabilidade (\hat{h}_m^2), obtidas a partir da análise do caráter peso de espigas despalhadas - Pesp (kg/parcela), dos diferentes tipos de progênies.

Estimativas	População 1			População 2		
	S ₁	MI _{Intra}	MI _{Inter}	S ₁	MI _{Intra}	MI _{Inter}
$\hat{\sigma}_F^2 \times 10^4$	668,52	960,49	1097,63	449,57	664,43	887,47
$\hat{\sigma}_G^2 \times 10^4$	382,12	482,21	243,66	119,73	233,47	263,22
LI ¹ (%)	263,79	310,89	92,92	85,20	125,34	125,13
LS ² (%)	603,73	839,14	1566,36	180,49	578,11	863,76
\hat{h}_m^2 (%)	57,17	50,20	22,17	26,64	35,14	29,64
LI (%)	41,77	31,55	-6,88	-0,38	11,48	3,32
LS (%)	69,04	63,61	43,18	46,63	52,94	48,60

¹Limite inferior e ²superior das estimativas de variância genética e da herdabilidade.

Ressalta-se o fato de que, como as estimativas de depressão por endogamia foram similares, isto permite inferir que considerado locos com efeitos iguais na manifestação do caráter, o número de locos segregantes em ambas as populações devem ser semelhantes. Portanto, o mesmo ocorrendo com a variância genética liberada em ambas as populações. A estimativa do valor de d tem sido avaliada como indicativo da variabilidade genética das populações. Em alguns casos, os resultados são concordantes com esta hipótese (Abreu, 1997) e em outros, a concordância da estimativa de d e σ_G^2 da população não tem sido boa (Lima et al., 2000). Seria importante obter mais informações a esse respeito, pois, se for confirmado que a estimativa de d pode ser utilizada como um indicador do potencial da população em liberar variabilidade esta é uma situação bastante favorável, haja vista que estimativa de d é um componente de média, portanto de fácil obtenção e mais preciso.



Constata-se também que os valores de herdabilidade obtidos da população 1, originária do AG9012, principalmente quando se avaliaram as progênes endogâmicas S_1 e de meios-irmãos intrapopulacionais foram de grande magnitudes. Vale ressaltar que, a h_m^2 das progênes S_1 é no sentido amplo, pois contém, além de σ_A^2 , também σ_D^2 . Mesmo assim, a sua magnitude não foi superior à obtida com meios-irmãos intrapopulacionais em ambas as populações. Esse fato tem sido observado em outras ocasiões, principalmente para a produtividade de espigas, ao comparar estimativas de h_m^2 envolvendo progênes S_1 , meios-irmãos ou irmãos germanos (Alves, 2002). A baixa precisão experimental normalmente obtida nas avaliações com progênes endogâmicas associada a menor estimativa da variância genética liberada entre as progênes, pelas razões já apontadas, deve ter contribuído para este fato.

Na literatura há inúmeros relatos de estimativas de herdabilidade para a seleção entre diferentes tipos de progênes intrapopulacionais para o peso de grãos ou de espigas despalhadas. Em um levantamento realizado por Lamkey & Hallauer (1987), a estimativa de h_m^2 com progênes de meios-irmãos foi de 58,5% e com S_1 de 79,8%. Comparando-se as estimativas da h_m^2 entre progênes de meios-irmãos intra e interpopulacionais, observa-se que estas foram semelhantes, tanto na mesma população como entre populações. E os valores obtidos são também semelhantes aos relatados na literatura para progênes interpopulacionais (Takeda, 1997). De modo geral, as mesmas inferências podem ser realizadas para os caracteres prolificidade e altura de plantas (Tabelas 15 e 16).

TABELA 15. Estimativas da variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$) e herdabilidade (h_m^2), obtidas a partir da análise do caráter prolificidade - Prolif. (espigas/planta), dos diferentes tipos de progênies.

Estimativas	População 1			População 2		
	S ₁	MI _{intra}	MI _{inter}	S ₁	MI _{intra}	MI _{inter}
$\hat{\sigma}_F^2 \times 10^4$	80,00	39,57	49,49	92,90	70,78	58,88
$\hat{\sigma}_G^2 \times 10^4$	25,60	4,70	13,70	31,90	18,90	19,00
LI ¹ (%)	12,70	1,09	6,61	17,57	8,81	9,67
LS ² (%)	75,74	323,08	43,36	74,93	65,24	50,98
h_m^2 (%)	31,97	11,99	27,85	34,37	26,80	32,29
LI (%)	5,88	-19,77	4,17	13,54	2,22	8,74
LS (%)	49,97	36,32	49,06	54,04	48,02	51,48

¹Limite inferior e ²superior das estimativas de variância genética e da herdabilidade.

TABELA 16. Estimativas da variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$) e herdabilidade (h_m^2), obtidas a partir da análise do caráter altura de plantas (metros/planta), dos diferentes tipos de progênies.

Estimativas	População 1			População 2		
	S ₁	MI _{intra}	MI _{inter}	S ₁	MI _{intra}	MI _{inter}
$\hat{\sigma}_F^2 \times 10^4$	279,29	182,17	146,95	225,45	176,11	128,30
$\hat{\sigma}_G^2 \times 10^4$	150,40	48,82	31,57	112,71	64,22	33,07
LI ¹ (%)	100,70	20,65	11,46	72,33	35,53	15,20
LS ² (%)	248,82	222,44	243,93	199,66	149,33	131,73
h_m^2 (%)	53,85	26,79	21,48	50,00	36,46	26,49
LI (%)	36,44	-2,66	-8,56	30,03	13,95	-0,03
LS (%)	66,21	45,42	42,28	62,80	54,25	46,82

¹Limite inferior e ²superior das estimativas de variância genética e da herdabilidade.

As estimativas dos componentes da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_{A_w}^2$) intrapopulacionais são apresentadas na Tabela 17. Tomando como referência o caráter produtividade de espigas, constata-se que os valores estimados, 229,94 e 49,44 (g/planta)² para as populações 1 e 2, respectivamente, são de magnitudes expressivas e também semelhantes aos relatados em levantamentos na literatura (Ramalho, 1977; Vencovsky et al., 1988). Evidenciando, como já comentado o alto potencial de populações provenientes híbridos simples para o melhoramento.

Contudo, ao contrário do esperado, as estimativas de variância genética de dominância (σ_D^2) foram negativas para quase todos os caracteres. A provável razão para este fato talvez seja a baixa magnitude da variância genética entre progênies S_1 em relação a de meios-irmãos intrapopulacional. Na literatura, são comuns relatos da ocorrência de componentes σ_D^2 negativo. Alves (2002), com a população CMS39 e utilizando progênies S_1 , de meios-irmãos e irmãos germanos, também obteve estimativas de σ_D^2 negativas para os mesmos caracteres avaliados nesse experimento. Já Hallauer & Miranda Filho (1988), em um levantamento de 99 estimativas envolvendo populações F_2 , sintéticos e compostos, mencionaram a ocorrência de estimativas negativas e que a relação entre σ_D^2/σ_A^2 foi de 0,6343. Vale salientar que, nesse levantamento, a maioria das estimativas foi obtida utilizando-se os delineamentos de Comstock & Robinson (1948), portanto, sem utilizar progênies endogâmicas. O mesmo fato também tem sido observado para alguns caracteres, em trabalhos conduzidos com plantas autógamias (Souza et al., 1993; Morais, 1992). O que permite inferir que o emprego de progênies endogâmicas associadas a progênies não endogâmicas, para a obtenção de estimativas dos componentes de variância genética, deve ser evitado.

TABELA 17. Estimativas intrapopulacionais das variâncias genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) e de dominância ($\hat{\sigma}_D^2$), para os caracteres peso de espigas despalhadas - Pesp. (kg/parcela); prolificidade - Prolif. (espigas/planta); altura de planta - Aplt (metros/planta) oriundas das populações 1 e 2.

Estimativas x 10 ⁴	População 1			População 2		
	Pesp	Prolif	Aplt	Pesp	Prolif	Aplt
$\hat{\sigma}_A^2$	517,37 (496,17) ^L	35,96 (15,63)	203,32 (5,45)	111,25 (295,36)	52,11 (14,89)	189,74 (40,70)
$\hat{\sigma}_D^2$	-219,04 (1104,87)	-69,88 (31,42)	-218,94 (11,28)	239,57 (618,26)	-62,15 (30,28)	-259,77 (84,13)
R ² *	91,86	86,44	99,99	94,99	99,39	99,11

^L Erros associados às estimativas das variâncias aditivas e dominância; * Coeficiente de determinação.

De modo geral, as mesmas observações realizadas para o componente de variância genética aditiva intrapopulacional ($\hat{\sigma}_{A_w}^2$) também podem ser formuladas para as estimativas interpopulacionais ($\hat{\sigma}_{A_w}^2$ *). Vale ressaltar que, para todos os caracteres, estas estimativas, obtidas em ambas populações, foram bastante similares (Tabela 18). Quando estas são comparadas com os valores encontrados na literatura, principalmente, às estimativas obtidas para o caráter produtividade de espigas despalhadas (433,17 e 467,96 (g/planta)² para as populações 1 e 2, respectivamente), constata-se grande semelhança nestes valores (Pellicano, 1990; Takeda, 1997).

Como já mencionado, a variância genética aditiva interpopulacional pode ser decomposta na variância dos desvios dos efeitos aditivos inter e intrapopulacionais ($\sigma_{i_w}^2$) e também na covariância entre esses desvios e seus

efeitos aditivos $Cov_{(A_w r_w)}$. No presente trabalho, estes componentes foram obtidos de forma algébrica por duas metodologias. Na primeira delas utilizou-se, nos cálculos, a variância aditiva intrapopulacional obtida pelo método dos quadrados mínimos ponderados, considerando as variâncias genética de progênies endogâmicas, progênies de meios-irmãos intrapopulacionais e a covariância entre estas progênies. Já no segundo procedimento, utilizou-se as progênies de meios-irmãos intra e interpopulacionais e a sua covariância. Os valores obtidos pelas distintas metodologias são apresentados na Tabela 18.

TABELA 18. Estimativas das variâncias genéticas aditivas ao nível intra ($\hat{\sigma}_{A_w}^2$) e interpopulacional ($\hat{\sigma}_{A_w}^2 *$) das variâncias genéticas dos desvios dos efeitos aditivos intra por interpopulacionais ($\hat{\sigma}_{r_w}^2$) e das covariâncias dos efeitos aditivos com seus desvios intra por interpopulacionais $\hat{Cov}_{(A_w r_w)}$, para diferentes caracteres avaliados nas populações 1 e 2.

Estimativas x 10 ⁴	População 1			População 2		
	Pesp	Prolif	Aplt	Pesp	Prolif	Aplt
Método 1						
$\hat{\sigma}_{A_w}^2 *$	974,64	55,12	126,30	1052,91	76,04	135,91
$\hat{\sigma}_{A_w}^2$	517,37	35,96	203,32	111,25	52,11	189,74
$\hat{\sigma}_{r_w}^2$	-1533,28	8,04	-191,36	-674,60	78,27	39,36
$\hat{Cov}_{(A_w r_w)}$	497,64	2,70	28,58	404,06	-13,59	-24,20
Método 2						
$\hat{\sigma}_{A_w}^2$	1928,88	19,00	195,29	933,91	75,88	256,89
$\hat{\sigma}_{r_w}^2$	-121,85	48,40	-199,37	148,08	102,08	110,11
$\hat{Cov}_{(A_w r_w)}$	-208,08	-17,32	32,59	-7,27	-25,48	-57,77

Considerando-se a produtividade de espigas despalhadas, a estimativa de $\hat{\sigma}_{r_w}^2$ foi sempre negativa, exceto quando não foram envolvidas na sua obtenção as estimativas de $\hat{\sigma}_A^2$ com as progênies endogâmicas (Tabela 18). Esses resultados negativos, por se tratar de uma variância, não eram esperados. Como foi demonstrado por Souza Júnior (1993), essas variâncias são funções das frequências alélicas das populações envolvidas e da presença de dominância, ou seja, $\sigma_{r_{12}}^2 = 8pq(p-r)^2\delta^2$ e $\sigma_{r_{21}}^2 = 8rs(p-r)^2\delta^2$. Assim este parâmetro depende da divergência genética e de efeitos de dominância, o que foi constatado pela heterose identificada no desempenho médio das progênies híbridas (Tabela 13). Não existem muitas estimativas de $\hat{\sigma}_{r_w}^2$ na literatura. Arias (1995), utilizando as populações BR105 e BR106 obteve valores positivos para o caráter produtividade de espigas. Porém, para outros caracteres estas estimativas também foram negativas.

Já com relação às estimativas de covariância entre os efeitos aditivos e seus desvios intra e interpopulacionais $C\hat{o}v_{(A_w r_w)}$, constata-se que esta variou em magnitudes e sinal de acordo com o procedimento utilizado para a sua obtenção. Quando ela envolveu a variância aditiva intrapopulacional estimada com as variâncias e covariâncias genética entre progênies endogâmicas e de meios-irmãos intrapopulacionais, ela foi positiva para ambas as populações. Em realidade, por ser uma covariância, ela pode assumir valores positivos e negativos e a inferência a ser realizada depende evidentemente da sua magnitude e sinal. Novamente fica realçada a dificuldade de se estimar componentes da variância genética.

O que está contido dentro dessa covariância foi também demonstrado por Souza Júnior (1993), ou seja: $Cov_{(A_{12} r_{12})} = 2pq(p-r)[\alpha + (q-p)\delta]\delta$ e $Cov_{(A_{21} r_{21})} = 2rs(r-p)[\alpha + (s-r)\delta]\delta$. No caso de populações derivadas de

híbridos simples, nos locos que estão segregando em ambas as populações $p = q = r = s = 1/2$ e, portanto, eles não contribuem para a covariância. Já nos locos que estão segregando em uma população e não na outra, tem-se $(p = q = 1/2)$ e $(r = 1,0$ ou $0,0)$ e, assim, contribuem para a estimativa. Nesse caso será, positivo para uma população e negativo para outra. Contudo, como são inúmeros locos, eles podem se cancelar. Podem ocorrer casos em que os locos estejam fixados nas duas populações. Assim ambas as populações serão *BB* não havendo divergência ou, então, $(p = 1,0$ e $r = 0,0)$. Portanto, *BB* em uma delas e na outra *bb*, onde a divergência seria máxima. Como se depreende, é difícil pela magnitude e sinal da covariância, inferir sobre a composição genética das duas populações.

A estimativa do ganho com a seleção, para a produtividade de espigas, no híbrido interpopulacional, foi obtida utilizando-se a intensidade de seleção padronizada (*i*) (Falconer & Mackay, 1996) e também o diferencial de seleção (*ds*) (Tabela 19). Constatou-se que os resultados apresentaram valores muito semelhantes. Isto ocorre quando as médias das progênies se ajustam bem à distribuição normal, corroborando com o bom ajuste à distribuição normal observado na Figura 2.

Verifica-se que os ganhos interpopulacionais, para cada população, foram muito semelhantes e propiciaram, em relação à média, um ganho estimado no híbrido interpopulacional de aproximadamente 12,0%. A comparação entre estimativas de ganho de seleção, nem sempre são muito fáceis, pois existem diferenças entre as populações utilizadas, precisão experimental das avaliações e a intensidade de seleção realizada. Contudo, alguma inferência a respeito pode ser formulada. Por exemplo, esses ganhos são semelhantes aos relatados com o híbrido interpopulacional Br-105 x Br-106 (Arias, 1995; Rezende, 2000). No

exterior, existem relatos de ganho realizado a longo prazo, com mais de oito ciclos seletivos. Nesses casos, o ganho médio foi de aproximadamente 5,0% (Menz, 1997; Rademacher et al., 1999; Hallauer, 1999) portanto, inferior ao relatado no presente trabalho. Esses resultados evidenciam que é possível ter progressos substanciais com a seleção nas populações híbridas derivadas de dois híbridos simples comerciais.

Estudos teóricos demonstram que, quando é realizada a seleção recorrente recíproca, há ganhos expressivos no desempenho do híbrido, como já mencionado. Entretanto, especialmente para uma das populações, não há ganho ou este ganho é até mesmo negativo (Souza Júnior, 1993). Existem inclusive vários resultados na literatura que atestam essa observação (Souza Júnior, 1999). Para comparar esses resultados foi estimado, no presente trabalho, qual seria o ganho intrapopulacional em ambas as populações, considerando como unidade seletiva as 15 progênies de meios-irmãos interpopulacionais com melhor desempenho (Tabela 20). Veja que a estimativa do ganho indireto com a seleção variou entre as populações, ele foi maior na população de AG9012 (5,8%); já na população do C333 o progresso foi de apenas 3,2%. Como termo de comparação foi estimado o ganho direto esperado tomando como referência as progênies de meios-irmãos intra com melhor desempenho *per se*, verifica-se que o ganho esperado com a seleção foi bem superior, 15,8% para o AG9012 e 9,0% para o C333. O que até certo ponto comprova o que foi comentado anteriormente.

É importante mencionar que a utilização de populações derivadas de híbridos simples, para gerar híbridos comerciais, exige que a população utilizada como genitor feminino tenha boa produtividade *per se* e maior uniformidade no florescimento para reduzir o custo das sementes híbridas. Nessa situação uma boa alternativa seria utilizar o método proposto por Souza Júnior (1987), ou seja, efetuar a seleção intrapopulacional para a população que será utilizada como

genitor feminino e como testadora na outra população. Com essa estratégia será possível melhorar a heterose entre elas e o desempenho *per se* da população produtora de sementes.

TABELA 19. Estimativas do ganho esperado (G_s) na produtividade de espigas despalhadas (kg/parcela) do híbrido interpopulacional, obtidas utilizando o diferencial de seleção (ds) e também a intensidade de seleção estandardizada ($i = 1,811$).

Progênes	Diferencial de seleção (ds)				Intensidade de seleção (i)		
	X_0^1	X_s^2	h_m^2 (%)	G_s	$\hat{\sigma}_A^2 * \times 10^4$	$\hat{\sigma}_F^2 * \times 10^4$	G_s
AG9012	2,45	3,08	22,17	0,139	974,64	1097,63	0,133
C333	2,41	2,95	29,64	0,157	1052,91	887,47	0,160
				0,296 (12,2%)			0,293 (12,0%)

¹ Média das progênes na população original; ² Média dos selecionados; * Variância aditiva e fenotípica interpopulacionais

TABELA 20. Estimativas do ganho esperado *per se* das populações, tendo como unidade seletiva as progênes de meios-irmãos interpopulacionais (ganho indireto) e intra (ganho direto), para a produtividade de espigas despalhadas, utilizando-se o diferencial de seleção (ds).

Populações	Ganho indireto				Ganho direto		
	X_0^*	X_s^{**}	h_m^2 (%)	G_{sI}	X_s^{**}	h_m^2 (%)	G_{sD}
AG9012	1,77	1,97	50,20	0,102 (5,76%)	2,32	50,20	0,280 (15,84%)
C333	2,00	2,18	35,14	0,063 (3,15%)	2,51	35,14	0,179 (8,96%)

* Média da população original; ** Média dos selecionados.

4 CONCLUSÕES

A estimativa da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), em ambas as populações, foi de grande magnitude, evidenciando a predominância do efeito aditivo no controle dos caracteres produção de espigas despalhadas, altura de plantas e prolificidade.

Embora as populações apresentassem variabilidade e depressão por endogamia, condições essas necessárias para a ocorrência de altas estimativas de variância de dominância, estas foram negativas para as duas populações. Isso ocorreu, provavelmente, devido ao emprego simultâneo de progênies endogâmicas com progênies não endogâmicas na obtenção destes componentes. Pois, a diferença no desempenho, devido a endogamia, dificulta a obtenção de estimativas fidedignas.

O desempenho das progênies interpopulacionais confirmou a heterose no cruzamento das duas populações envolvidas.

A estimativa da variância genética aditiva interpopulacional foi de grande magnitude. Contudo, a sua decomposição na variância dos desvios dos efeitos aditivos inter e intrapopulacionais ($\hat{\sigma}_{\tau_w}^2$) e também na covariância entre esses desvios e seus efeitos aditivos $Cov_{(A_w, \tau_w)}$, não permitiram inferências conclusivas sobre as propriedades genéticas das duas populações.

As estimativas obtidas, especialmente da herdabilidade para a seleção intra e interpopulacional, associadas ao desempenho médio das progênies avaliadas possibilitam inferir que as duas populações derivadas de híbridos simples comerciais são promissoras para programas de seleção recorrente, sejam eles intra ou interpopulacionais.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABREU, A. de F.B. Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais. 1997. 80p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

ALVES, G.F. Alterações nas propriedades genéticas de uma população submetida à seleção massal para prolificidade. 2002. 69p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

ARIAS, C.A.A. Componentes de variância e covariância genética relacionados à seleção recorrente intra e interpopulacional no milho (*Zea mays* L.). 1995. 139p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / USP, Piracicaba.

BARBIN, D. Componentes de variância. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz/Departamento de Matemática, 1993. 108p.

BAKER, R.J. Selection index in plant breeding. Boca Raton: CRC Press, 1986. 218p.

COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations. *Biometrics*, Washington, v.4, n.4, p.254-266, Dec. 1948.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. Introduction to quantitative genetics. London: Longman Malaysia, 1996. 463p.

FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. de; SANTOS, M.X. dos; RAMALHO, M.A.P. Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.30, n.9, p.1189-1194, set. 1995.

GONÇALVES, F.M.A.; CARVALHO, S.P. de; 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.

- HALLAUER, A.R. Temperate maize and heterosis. In: COORS, J.G.; PANDEY, S. (ed.). **Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops**. Madison: American Society of Agronomy, 1999. 524 p.
- HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2.ed. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468p.
- JANICK, J. Exploitation of heterosis: Uniformity and Stability. In: COORS, J.G.; PANDEY, S. (ed.). **Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops**. Madison: American Society of Agronomy, 1999. 524 p.
- KNAPP, S.J.; STROUP, W.W.; ROSS, W.M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. **Crop Science**, Madison, v.25, n.1, p.192-194, Jan./Feb. 1985.
- LAMKEY, K.R.; HALLAUER, A.R. Heritability estimated from recurrent selection experiments in maize. **Maydica**, Bergamo, v.32, n.1, p.61-78, 1987.
- LIMA, M.W.P.; SOUZA, E.A.; RAMALHO, M.A.P. Procedimentos para a escolha de populações de milho para extração de linhagens. **Bragantia**, Campinas, v.59, n.2, p. 153-158, 2000.
- MARQUES JÚNIOR, O.G. **Eficiência de experimentos com a cultura do feijão**. 1997. 80p Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras.
- MENZ, M.A. Comparative response to selection of two reciprocal recurrent selection procedures in BS21 and BS22 maize populations. Ph.D. diss. Iowa State Univ., Ames. 1997
- MODE, C.J.; ROBISON, H.F. Pleiotropism and the genetic variance and covariance. **Biometrics**, Washington, v.15, n.4, p.518-537, Dec. 1959.
- MORAIS, O.P. de **Análise multivariada da divergência de progênitores, índice de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercruzamentos usando macho esterelidade**. 1992. 251p Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X.; CRUZ, C.D.; GUIMARÃES, P.E.O.; PARENTONI, SN.; 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.

PALOMINO, E.C. Tamanho da amostra para a avaliação de famílias de meios-irmãos em milho. 1998. 89p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

PELICANO, I.J. Potencial da interpopulação de milho (*Zea mays* L.) Br-105 x Br-106 para o melhoramento genético. 1990. 139p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / USP, Piracicaba.

PINTO, R. de M.C.; LIMA NETO, F.P.; SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Estimativa do número apropriado de progênies S_1 para a seleção recorrente em milho. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.35, n.1, p.63-73, jan. 2000.

RADEMACHER, M.A.M.; HALLAUER, A.R.; RUSSELL, W.A. Comparative response of two reciprocal recurrent selection methods in BS21 and BS22 maize populations. Crop Science, Madison, v.39, n.1, p.89-97, Jan/Feb 1999.

RAMALHO, M.A.P. Eficiência relativa de alguns processos de seleção intrapopulacional no milho baseados em famílias não endógamas. 1977. 122p Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / USP, Piracicaba.

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

RESENDE, G.S.P; SOUZA JÚNIOR, C.L. de. A Reciprocal recurrent selection procedure outlined to integrate hybrid breeding programs in maize. Journal of Genetics & Breeding. Roma, v.54, n.1, p.57-66, Jan. 2000.

SATTERTWHAITE, F.E. An approximate distribution of estimates of variance components. Biometrics, Raleigh, v.2, n.6, p.110-114, Dec.1946.

SCAPIN, 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.

SOUZA E.A.; FERREIRA, D.F.; RAMALHO, M.A.P. Samples-size for estimating the within plot variance in experiments designed to evaluate common

bean progênies. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.16, n.4, p.977-982, dez, 1993.

SOUZA JÚNIOR, C.L. Reciprocal recurrent selection with half-sib progênies obtained alternately from non inbred (S_0) and inbred (S_1) plants in maize (*Zea mays* L.). *Maydica*, Bergamo, v.22, n.1, p.19-31, 1987.

SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal. Piracicaba: FEALQ. 1989. 134p.

SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Comparisons of intra-interpopulation and modified recurrent selection methods. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.16, n.1, p.91-105, 1993.

SOUZA JÚNIOR., C.L. de. Recurrent selection and heterosis. In: COORS, J.G.; PANDEY, S. (ed.). *Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops*. Madison: American Society of Agronomy, 1999. 524 p.

SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L.L.; VALOUS, A.C.C.; MELO, I.S. de; INGLIS, M.C.V. *Recursos genéticos e melhoramento de plantas*. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. Cap.8, p.159-199.

SOUZA JÚNIOR, C.L. de.; SANTOS, M.X.dos.; MAGNAVACA, R.; GAMA, E.E.G. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho Br-105 x Br-106 e suas implicações no melhoramento. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.28, n.4, p.473-479, abr. 1993.

SOUZA SOBRINHO, F. de; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA J.C. de Genetic vulnerability and potencial for inbred lines extration for maize single cross hybrids. *Maydica*, Bergamo. v.46, n.3, p.171-175, 2001.

SOUZA SOBRINHO, F. de; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA J.C. de Alternatives for obtaining double cross maize hybrids. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, Sete Lagoas, v.1, n.1, p. 70-76, jan/abr, 2002.

TAKEDA, C. Estimativas dos efeitos da seleção recorrente intra e interpopulacional em linhagens de milho (*Zea mays* L.). 1997. 133p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / USP, Piracicaba.

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.; MIRANDA FILHO, J.B.; SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Quantitative genetics and corn breeding in Brasil. In: **INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 2., 1987, Raleigh. Proceedings...** Sunderland: Sinauer Associates, 1988. p.465-477.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento.* Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

CAPÍTULO 2

ALTERAÇÕES NA HETEROSE APÓS A SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA EM POPULAÇÕES DERIVADAS DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO

RESUMO

RAPOSO, Francislei Vitti. Alterações na heterose após a seleção recorrente recíproca em populações derivadas de híbridos simples de milho. Lavras: UFLA, 2002. 106p (Tese - Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)^{II}

Com o objetivo de verificar a eficiência da seleção recorrente recíproca (SRR) em populações S_0 originárias dos híbridos simples comerciais AG9012 e C333, foram obtidas 169 progênies de meios-irmãos interpopulacionais. Essas progênies híbridas, foram avaliadas em dois experimentos, na área experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras (UFLA) safra 1999/00. O delineamento utilizado foi o látice simples 13x13, sendo as parcelas constituídas por uma linha de três metros. A partir dos dados médios da produção de espiga despalhadas foram identificadas as 15 progênies com melhor desempenho produtivo em cada um dos experimentos. Utilizando-se sementes S_1 remanescentes, semeou-se dois campos de recombinação, em maio de 2000, na área experimental do Centro de Pesquisa Agroflorestal de Roraima, sendo simultaneamente obtidas as populações melhoradas $S_0^*AG9012$ e S_0^*C333 e a combinação híbrida entre elas. No ano agrícola 2000/01 instalou-se, em três locais do Sul do estado de Minas Gerais: Lavras, Ijaci e Lambari, os experimentos para avaliar a eficiência do programa de SRR. Nestes experimentos foram comparados nove tratamentos: a geração F_1 dos híbridos simples comerciais AG9012 e C333, o híbrido duplo resultante do cruzamento entre eles ($F_1AG9012 \times F_1C333$); as populações $S_0AG9012$ e S_0C333 , o híbrido interpopulacional ($S_0AG9012 \times S_0C333$), as populações melhoradas $S_0^*AG9012$ e S_0^*C333 e a sua combinação híbrida ($S_0^*AG9012 \times S_0^*C333$). O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso com nove repetições sendo as parcelas representadas por duas linhas de cinco metros. Constatou-se que o progresso realizado com um ciclo de seleção recorrente recíproca foi de 5,7% para a produção de espigas despalhadas, sendo este ganho devido principalmente ao incremento na heterose, haja vista, que o desempenho de ambas as populações *per se* foram semelhantes considerando as populações S_0 e S_0^* . Constatou-se também que, o desempenho do híbrido melhorado superou a geração F_1 dos híbridos simples AG9012 e C333, evidenciando o potencial da referida combinação híbrida.

^{II} Orientador: Prof. Doutor Magno Antônio Patto Ramalho - Universidade Federal de Lavras (UFLA).

ABSTRACT

RAPOSO, Francislei Vitti. Change in heterosis after reciprocal recurrent selection in populations derived from single cross maize hybrids. 2002. 106p. Thesis (Doctoral Genetics and Plant Breeding) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.^{II}

One hundred and sixty nine interpopulational half sib progenies were obtained from S_0 populations derived from the AG9012 and C333 single cross commercial maize hybrids to investigate the efficiency of reciprocal recurrent selection (SRR). These hybrid progenies were assessed in two experiments in an experimental area at the Department of Biology of Federal University of Lavras (UFLA) in the 1999/00 season. A 13x13 simple lattice design was used and the plots consisted of one three-meter row. The mean of the 15 highest hulled ear yielding progenies in each experiment were obtained. Two recombination fields were sown in May 2000 with remnant S_1 seeds in the experimental area at the Roraima Agricultural and Forestry Research Center and the improved S_0^* AG9012 and S_0^* C333 populations were simultaneously obtained with their hybrid combination. In 2000/01, experiments to assess the efficiency of the SRR program were set up in Lavras, Ijaci and Lambari in Southern Minas Gerais state. Nine treatments were compared in these experiments: the F_1 generation of the AG9012 and C333 single cross commercial hybrids; the double cross hybrid resulting from the cross between them (F_1 AG9012 x F_1 C333); the S_0 AG9012 and S_0 C333 populations; the interpopulational hybrid (S_0 AG9012 x S_0 C333); the S_0^* AG9012 x S_0^* C333 improved populations and their hybrid combination (S_0^* AG9012 x S_0^* C333). A randomized complete block design with nine replications and plots formed by two five-meter rows was used. A 5.7% progress was obtained in one cycle of reciprocal recurrent selection for hulled ear yield. This progress was mainly attributed to increased heterosis, as the *per se* performance of the S_0 and S_0^* populations was similar. It was also found that the yield of the improved hybrid was superior to the F_1 generations of the AG9012 and C333 single cross hybrids, showing the potential of the referred hybrid combinations.

^{II} Guidance Committee: Magno Antônio Patto Ramalho – UFLA (Major Professor).

1 INTRODUÇÃO

O potencial produtivo do milho híbrido é função do desempenho *per se* das linhagens genitoras e da existência de heterose entre elas. De acordo com trabalhos conduzidos nos EUA, comparando o desempenho de linhagens em diferentes décadas, tem-se observado que a heterose tem aumentado ao longo dos anos. Porém, proporcionalmente à média dos híbridos, ela tem permanecido relativamente estável, em torno de 70% (Lamkey & Smith, 1987; Duvick, 1999). Valor semelhante para a contribuição dos locos em heterozigose tem sido constatado no Brasil (Lima et al., 2000; Souza Sobrinho et al., 2001).

Um dos modos mais eficientes de proporcionar incrementos na heterose é por meio do melhoramento interpopulacional. Alguns trabalhos têm mostrado sucesso com esta estratégia. Segundo Hallauer (1999), o ganho médio de quatro programas de seleção recorrente recíproca (SRR) que vêm sendo conduzidos nos EUA durante várias décadas, tem mostrado que a heterose, em relação à média das populações genitoras, passou de 8,9% no ciclo 0 para 42,5% no último ciclo seletivo. Ou seja, houve um aumento de 3,7 vezes no valor médio observado nos ciclos originais, proporcionando um ganho realizado de 5,2% na produtividade de grãos, a cada ciclo seletivo.

De maneira geral, as populações utilizadas na maioria dos programas de SRR são populações ditas de base genética ampla, ou seja, compostos, variedades e ou sintéticos. Sabe-se, contudo, que em várias situações os cruzamentos de híbridos simples comerciais, especialmente de diferentes empresas, apresentam grande heterose (Souza Sobrinho et al., 2001). É questionável se essa heterose pode ser melhorada por meio da SRR. Em trabalho conduzido nos EUA, promoveu-se a seleção recorrente utilizando populações derivadas de híbridos simples e estimou-se o ganho realizado no desempenho do “híbrido duplo melhorado” delas derivadas. Constatou-se que, na média dos

híbridos gerados, o ganho na produtividade de grãos foi de 5,3% após cinco ciclos de SRR (Coors, 1999). No caso específico do Brasil, existem programas de SRR em andamento. Contudo, não foi encontrado nenhum relato do ganho realizado na heterose por meio da SRR, muito menos relatos da utilização de populações derivadas de híbridos simples. Para obter informações a esse respeito foi realizado o presente trabalho, visando comparar a eficiência da SRR em aumentar a heterose de duas populações derivadas de híbridos simples comerciais.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Este trabalho foi conduzido em duas etapas; na primeira foram obtidas e avaliadas as progênies de meios-irmãos interpopulacionais; na segunda, foram obtidas as populações melhoradas, gerado o híbrido interpopulacional entre elas e comparado o seu desempenho produtivo com o híbrido não melhorado.

2.1 Obtenção e avaliação das progênies de meios-irmãos interpopulacionais

Foram utilizadas duas populações, já descritas no item 2.1 (capítulo 1), ou seja, populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg, denominadas 1 e 2, originárias dos híbridos simples comerciais AG9012 e C333, respectivamente. De cada população obteve-se progênies endogâmicas S_1 e, de maneira semelhante à descrita no Capítulo 1, foram obtidas 169 progênies de meios-irmãos interpopulacionais de ambas as populações. Para a obtenção destas progênies utilizou-se, portanto, dois campos isolados. No primeiro a linha macho foi constituída por sementes S_0 da população 1, e as linhas fêmeas que foram evidentemente despendoadas, constituídas pelas 169 progênies S_1 da população 2. Já o inverso foi utilizado na instalação do segundo campo, ou seja, as linhas fêmeas foram constituídas por progênies S_1 da população 1 e as linhas macho constituídas por sementes S_0 da população 2.

As progênies assim obtidas foram avaliadas em dois experimentos, um para cada população, utilizada como fêmea, estes foram conduzidos na safra 1999/00, na área experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras, localizada na região Sul do Estado de Minas Gerais, a 910 metros de altitude, $21^{\circ} 58' S$ de latitude e $45^{\circ} 22' W$ de longitude. Para isto

utilizou-se o delineamento de látice simples 13x13, sendo as parcelas constituídas por uma linha de três metros, com espaçamento de 90 centímetros entre linhas e 20 centímetros entre plantas.

2.1.1 Manejo da cultura

Foi realizada adubação equivalente a 550 kg/ha de fertilizante da fórmula 8-28-16 + Zn de N, P₂O₅, K₂O na semeadura e em cobertura 100 kg/ha de sulfato de amônio, 25 dias após a emergência. Os demais tratos culturais foram os normalmente recomendados para a cultura na região.

2.1.2 Características avaliadas

Avaliou-se em ambos os experimentos, o caráter peso de espigas despalhadas (Pesp). Esses dados foram corrigidos para unidade padrão de 13% e para o estande ideal de 15 plantas por parcela, pelo emprego da covariância (Vencovsky & BARRIGA, 1992).

2.1.3 Análises estatísticas e obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

Foi realizada a análise para o caráter peso de espigas despalhadas nas progênies de meios-irmãos interpopulacionais de cada população. O modelo estatístico e o procedimento utilizado para a obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos foram os mesmos apresentados no Capítulo 1 item 2.5, 2.6 e 2.9.

2.2 Obtenção das populações melhoradas e da combinação híbrida entre elas

Selecionou-se, em cada um dos experimentos de avaliação das progênes de meios-irmãos interpopulacionais, as 15 progênes com melhor desempenho produtivo. Utilizando-se sementes S_1 remanescentes, semeou-se dois campos isolados (A e B) visando promover a recombinação das populações e, simultaneamente, obter a combinação híbrida melhorada. Os campos de recombinação foram semeados em maio de 2000, na área experimental do Centro de Pesquisa Agroflorestral de Roraima (CPAP-EMBRAPA), situado a $02^{\circ}54'$ N de latitude e $60^{\circ}42'$ W de longitude a 92,0 metros de altitude.

Para a recombinação utilizou-se uma mistura de 100 sementes S_1 de cada uma das progênes. Parte da mistura das sementes da população 1 foi utilizada como fêmea no campo (A), sendo despendoadas no momento do florescimento. O restante das sementes desta mesma população foi utilizada como linha macho no outro campo (B). O inverso ocorreu com as sementes da população 2, ou seja, no campo (A), as sementes desta população foram semeadas como linha macho e no campo (B), semeadas como linhas fêmeas. No momento da colheita as linhas fêmeas dos dois lotes foram colhidas e misturadas, originando o híbrido interpopulacional (S_0^* AG9012 x S_0^* C333). Já as linhas macho, colhidas em cada um dos campos isolados, originaram as populações 1 (S_0^* AG9012) e 2 (S_0^* C333) melhoradas.

Também foi obtido o híbrido entre as populações originais (S_0 AG9012 x S_0 C333). Para isto, realizou-se cruzamentos manuais de, no mínimo, 100 plantas das gerações S_0 de ambas as populações. De modo semelhante, porém, com um menor número de cruzamentos, obteve-se o híbrido duplo (F_1 AG9012 x F_1 C333).

2.3 Condução dos experimentos de avaliação do progresso realizado com a seleção recorrente recíproca (SRR)

Os nove tratamentos, (F_1 AG9012), (F_1 C333), (F_1 AG9012 x F_1 C333), (S_0 AG9012), (S_0 C333), (S_0 AG9012 x S_0 C333), (S_0^* AG9012), (S_0^* C333) e (S_0^* AG9012 x S_0^* C333), foram avaliados durante o ano agrícola 2000/01, em três locais (Tabela 21). Vale salientar que, nos experimentos conduzidos em Ijaci e Lambari, foram avaliados oito tratamentos, uma vez que o híbrido C333 foi retirado do mercado e não havia sementes armazenadas deste material. Os experimentos foram dispostos no delineamento de blocos ao acaso, com nove repetições, sendo as parcelas representadas por duas linhas de cinco metros, espaçadas de 90 centímetros, numa densidade de cinco plantas por metro após o desbaste.

2.3.1 Manejo da cultura

O manejo da cultura e os tratos culturais foram semelhantes aos realizados na condução dos experimentos de avaliação de progênes interpopulacionais.

2.3.2 Características avaliadas

Nestes experimentos, além da produtividade de espigas despalhadas, também foram avaliados os caracteres altura de plantas (Apl) e prolificidade (Prolif). Os dados de produtividade foram corrigidos tanto para o estande ideal como para a unidade de 13% (Vencovsky & BARRIGA, 1992).

TABELA 21. Características geográficas das áreas utilizadas nos experimentos.

	Lavras	Ijaci	Lambari
Latitude	21°14' S	21°17' S	21°58' S
Longitude	45°00' W	44°15' W	45°22' W
Altitude	918 m	950 m	896 m
Precipitação média	1529,7 mm	1530,0 mm	1568,9 mm
Temperatura média	19,4 °C	19,4 °C	19,1 °C
Topografia	Suavemente ondulada	Suavemente ondulada	Plana

2.3.3 Análises estatísticas

Inicialmente, realizou-se as análises individuais para cada caráter considerando os efeitos de tratamentos e a média como fixos. Na sequência, foram realizadas as análises de variância conjunta dos locais para todos os caracteres. Vale salientar que, aplicou-se o teste de Hartley, certificando-se assim da homogeneidade de variância do erro (Ramalho et al., 2000). O modelo adotado foi o seguinte:

$$Y_{ijk} = m + t_i + r_{k(i)} + a_j + (ta)_{ij} + \bar{e}_{ijk(i)}$$

em que:

Y_{ijk} : valor observado na parcela que recebeu o tratamento i , no bloco k , dentro do local l ;

m : média do experimento;

t_i : efeito do tratamento i ($i = 1,2,3,\dots, 9$ para a avaliação em Lavras; $i =$

1,2,3,...,8 para a avaliação dos experimentos de Ijaci e Lambari);

r_{kl} : efeito da repetição k , dentro do local l , sendo ($k = 1, 2, \dots, 9$)

a_l : efeito do local l ($l = 1, 2, 3$);

$(ta)_{il}$: efeito da interação entre o tratamento i e o local l ;

$\bar{e}_{ik(l)}$: erro experimental médio associado a observação Y_{ik} dentro do local l .

2.3.4 Obtenção das estimativas de heterose

A heterose, em relação à média dos genitores (h), para a produtividade de espigas despalhadas, foi estimada utilizando os dados médios, a partir dos seguintes estimadores:

$$h_{(F_1 \times F_1)} = (F_1 AG9012 \times F_1 C333) - \left(\frac{F_1 AG9012 + F_1 C333}{2} \right);$$

$$h_{(S_0 \times S_0)} = (S_0 AG9012 \times S_0 C333) - \left(\frac{S_0 AG9012 + S_0 C333}{2} \right);$$

$$h_{(S_0^* \times S_0^*)} = (S_0^* AG9012 \times S_0^* C333) - \left(\frac{S_0^* AG9012 + S_0^* C333}{2} \right);$$

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resumo da análise de variância dos experimentos com progênes de meios-irmãos interpopulacionais, de ambas as populações, é apresentado na Tabela 22. Constata-se que o desempenho médio destas progênes, foi semelhante. Conforme já comentado no Capítulo 1, ao avaliar uma outra amostra deste mesmo tipo de progênes, esta semelhança dos dados permite inferir sobre a boa amostragem das populações e sobre a eficiência do processo utilizado para a obtenção das progênes. Vale ressaltar que, em ambos os casos, foram avaliadas 169 progênes de cada população. Ao que tudo indica, este número é suficiente para representar a população híbrida (Lima Neto, 1994).

A precisão experimental, medida pelo coeficiente de variação (CV%), nos dois experimentos foi semelhante 24,92% e 22,18% para as populações 1 e 2, respectivamente. Permitindo, portanto, classificar os experimentos como sendo de média precisão, uma vez que estas estimativas estão próximas às observadas na literatura para a cultura do milho (Scapim et al., 1995; Ribeiro, 1998; Gonçalves et al., 1999).

A precisão obtida permitiu que fossem detectadas diferenças significativas ($P \leq 0,01$) entre as progênes, evidenciando como era esperado, a existência de variabilidade, a qual pode ser confirmada pelas distribuições de frequências apresentada na Figura 5. Veja que a produtividade média das progênes variou de 1,60 a 3,57 (kg/parcela), ou seja, aproximadamente 78,0% da média da população 1 e de 1,50 a 3,49 (kg/parcela) equivalente a 80,0% da média da população 2, valores estes bastante semelhantes aos já discutidos no Capítulo 1.

TABELA 22. Resumo das análises de variância, para o caráter peso de espigas despalhadas - Pesp (kg/parcela), proveniente das progênes de meios-irmãos interpopulacionais originárias das populações 1 e 2, estimativas da variância fenotípica ($\hat{\sigma}_P^2$), variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$) e herdabilidade (h_m^2). Lavras-MG. Safra 1999/00.

FV	GL	População 1		População 2	
		QM	Prob.	QM	Prob.
Repetição	1	0,919		4,005	
Tratamentos	168	0,436	0,000	0,435	0,000
Erro	168(144) ¹	0,366		0,289	
Ef. do látice (%)		5,33		0	
Média		2,49		2,49	
CV (%)		24,92		22,18	
$\hat{\sigma}_P^2 \times 10^4$		2180,00		2174,00	
$\hat{\sigma}_G^2 \times 10^4$		350,00		729,00	
h_m^2 (%)		16,05		33,53	
LI (%) ²		-14,91		9,05	
LS (%) ³		38,91		50,95	

¹ Entre parênteses, graus de liberdade do experimento em que a população 1 foi utilizada como fêmea; ² Limite inferior e ³ superior da herdabilidade.

As estimativas da variância genética interpopulacional foram similares às relatadas no Capítulo 1, com outras progênes híbridas das mesmas populações. Já a estimativa de h_m^2 , de modo análogo, foi semelhante à relatada anteriormente e é comparável à que tem sido relatada com progênes de meios-irmãos interpopulacionais (Lamkey & Hallauer, 1987 e Takeda, 1997). Evidenciando-se, assim, mais uma vez, que a utilização de populações derivadas de híbridos simples é favorável à seleção, pois associam média alta e variabilidade genética suficiente para se ter progressos adicionais com a seleção.

Estimou-se também o ganho com a seleção no híbrido interpopulacional, utilizando-se para isto dois procedimentos, isto é, o diferencial de seleção (ds) e a intensidade de seleção estandardizada (i). Constata-se que as estimativas, em porcentagem, obtidas por estes distintos procedimentos apresentaram a mesma magnitude evidenciando que a produtividade de espigas despalhadas das progênes híbridas apresentaram bom ajuste à distribuição normal. Se comparado o ganho estimado nesta situação, em média 16,3%, com o obtido no Capítulo 1, constata-se que eles são equivalentes, o que demonstra, mais uma vez o potencial dessas populações para um programa de SRR (Tabela 23).

Para se obter o ganho realizado foram sintetizadas três populações híbridas, o híbrido duplo proveniente do cruzamento $F_1AG9012 \times F_1C333$, o híbrido interpopulacional do ciclo zero (C_0), $S_0AG9012 \times S_0C333$ e o híbrido melhorado, ($S_0^*AG9012 \times S_0^*C333$), oriundo do intercruzamento das melhores progênes, identificadas na etapa anterior. Como já mencionado esses híbridos juntamente com seus genitores, foram comparados em experimentos conduzidos em três locais. O resumo das análises de variância individuais, para os caracteres produtividade de espigas despalhadas, prolificidade e altura de plantas, são apresentadas nas Tabelas 1A, 2A e 3A. Já o resumo da análise conjunta destes caracteres é apresentada na Tabela 24.

Os coeficientes de variação (CV%) obtidos nesta etapa permitem inferir sobre a boa precisão experimental, já que os valores encontrados na literatura para a cultura do milho, em sua grande maioria, são superiores aos observados neste caso. Provavelmente, isto ocorreu devido ao grande número de repetições utilizadas, o que possibilitou uma maior confiança nas inferências a serem feitas. Destacam-se os coeficientes de variação obtidos para os caracteres prolificidade e altura de plantas que, no geral, foram baixos (Scapim et al., 1995; Palomino, 1998; Gonçalves et al., 1999; Souza Sobrinho et al., 2002).

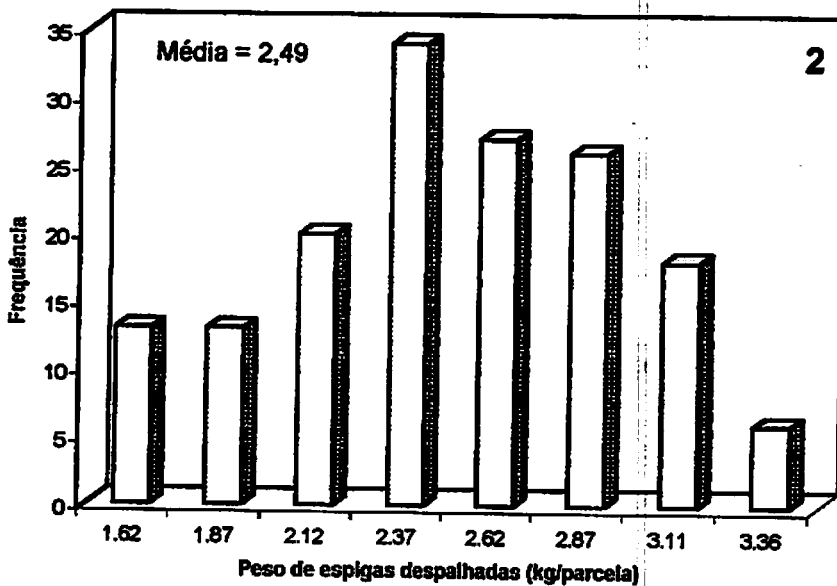
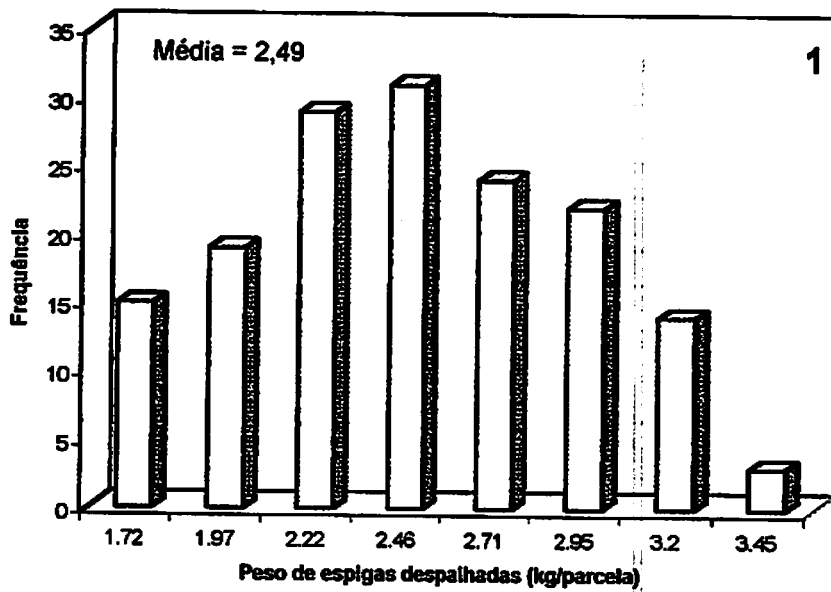


FIGURA 5. Distribuição de frequência do caráter (Pesp) - kg/parcela, dos experimentos de avaliação das progênies de meios-irmãos interpopulacionais das populações 1 e 2. Lavras-MG. Safra 99/00

TABELA 23. Estimativas do ganho esperado (G_s), na produtividade de espigas despalhadas (kg/parcela) do híbrido interpopulacional, obtidas utilizando o diferencial de seleção (d_s) e também a intensidade de seleção de 8,8% ($i=1,811$).

Progênes MI inter	Diferencial de seleção				Intensidade de seleção		
	$X_0^{1/}$	$X_s^{2/}$	h_m^2 (%)	G_s	$\hat{\sigma}_A^2 * \times 10^4$	$\hat{\sigma}_F^2 * \times 10^4$	G_s
AG9012	2,49	3,31	16,05	0,131	1400,0	2180,0	0,135
C333	2,49	3,29	33,53	0,268	2916,0	2174,0	0,283
				0,399 (16,0%)			0,418 (16,7%)

^{1/} Média das progênes na população original; ^{2/} Média dos selecionados; * Variâncias aditiva e fenotípica interpopulacional na população de referência.

TABELA 24. Resumo da análise de variância conjunta para os caracteres, peso de espiga despalhadas - Pesp (kg/parcela); prolificidade - Prolif.; altura de planta - Apit (metros). Lavras, Ijaci e Lambari-MG. Safra 2000/01

FV	GL	Pesp		Prolif.		Apit	
		QM	Prob.	QM	Prob.	QM	Prob.
Locais (L)	1(2) ^{1/}	55,737	0,000	0,432	0,000	0,486	0,000
Tratamentos(T)	7	51,786	0,000	0,027	0,002	0,315	0,000
L x T	14	0,180	0,995	0,009	0,352	0,009	0,630
Erro	112(168)	0,656		0,008		0,012	
Média		8,46		1,10		2,43	
CV (%)		9,57		8,13		4,50	

^{1/} Valores entre parenteses, graus de liberdade do caráter (Pesp).

O teste de F indicou diferenças significativas entre os tratamentos ($P \leq 0,01$) para todos os caracteres nos diferentes locais, o mesmo ocorrendo para a análise conjunta. Porém, para a fonte de variação locais x tratamentos, não foram detectadas diferenças significativas, indicando que o comportamento das populações e seus híbridos foram coincidentes nos locais avaliados (Tabela 24).

Observa-se também que o experimento conduzido em Lavras foi o que apresentou, em média, a maior produtividade de espigas despalhadas, superando

em 17,0% e 15,7% a média dos tratamentos quando avaliados em Ijaci e Lambari, respectivamente (Tabela 1A). A produtividade média obtida pode ser considerada alta, 9,4 t/ha, variando de 7,6 t/ha, na população $S_0^*AG9012$, a 11,2 t/ha no híbrido interpopulacional do mesmo ciclo ($S_0^*AG9012 \times S_0^*C333$) (Tabela 25). Vale ressaltar que os tratamentos de menor produtividade foram, como já esperado, as populações em equilíbrio que, teoricamente, apresentam uma redução de 50% da heterose em relação à geração F_1 dos respectivos híbridos. Comparando-se, por exemplo, o desempenho da geração F_1 dos híbridos comerciais e a geração S_0 do ciclo original, em Lavras, a redução média foi ligeiramente superior a 20%. Valor esse semelhante ao obtido por Souza Sobrinho et al., (2001).

O aspecto mais importante desse trabalho foi o de verificar a alteração no desempenho do híbrido do C_0 em relação ao híbrido do C_1 , isto é comparar $S_0^*AG9012 \times S_0^*C333$, cuja produtividade média dos três locais foi de 5,7% acima do obtido com o híbrido $S_0AG9012 \times S_0C333$. Se for considerado apenas o resultado de Lavras, onde foi efetuada a seleção, esse incremento foi de 4,4%, indicando que embora a ocorrência de interação progênies x locais seja expressiva na cultura do milho (Arias, 1995; Takeda, 1997), nesse caso ela teve pequeno efeito no resultado do progresso seletivo. Inclusive, o próprio fato da interação populações x locais não ter sido significativa neste trabalho comprova essa observação (Tabela 24).

Na literatura, não há muitos relatos de programas de seleção recorrente recíproca utilizando populações derivadas de dois híbridos, como foi o caso deste trabalho, o único relato foi apresentado por Coors (1999). O autor comenta que na Universidade de Wisconsin, já se completaram cinco ciclos de SRR para o melhoramento de dois híbridos duplos, o W577 e o W03545. A resposta direta

para a SRR, utilizando W577, foi de 6,2% e para o W03545 de 4,5% por ciclo, ou seja, progresso genético semelhante ao relatado nesse trabalho.

Resultados de ganho realizado em programas de SRR, utilizando outros tipos de populações são mais frequentes, principalmente nos EUA. Um levantamento realizado por Coors (1999), apresentando o ganho médio de 14

TABELA 25. Produtividade médias de espigas despalhadas (kg/parcela) e heterose em relação à média dos pais (h), obtidas na avaliação de diferentes híbridos de milho em três locais. Safra 2000/01.

Tratamentos ^{1/}	Peso de espigas despalhadas			
	Lavras	Ijaci	Lambari	Média
F ₁ AG9012 (AG)	10,372 ^{a2/}	8,833 ^b	9,147 ^a	9,451 ^b
F ₁ C333 (C)	10,424 ^a	-	-	-
F ₁ (AG) x F ₁ (C)	10,842 ^a	8,875 ^b	9,617 ^a	9,778 ^b
$h_{(F_1 \times F_1)}$	0,44 (4,23%)	-	-	-
S ₀ AG9012	8,018 ^b	6,219 ^a	6,945 ^b	7,061 ^a
S ₀ C333	8,166 ^b	6,874 ^c	7,195 ^b	7,412 ^c
S ₀ (AG) x S ₀ (C)	10,632 ^a	8,591 ^b	9,521 ^a	9,581 ^b
$h_{(S_0 \times S_0)}$	2,54 (31,38%)	2,04 (31,16%)	2,45 (34,65%)	2,34 (32,33%)
S ₀ *AG9012	7,878 ^b	6,000 ^a	6,774 ^b	6,884 ^a
S ₀ *C333	8,288 ^b	6,607 ^c	7,312 ^b	7,402 ^c
S ₀ *(AG) x S ₀ *(C)	11,102 ^a	9,403 ^a	9,887 ^a	10,131 ^a
$h_{(S_0^* \times S_0^*)}$	3,02 (37,36%)	3,10 (49,17%)	2,84 (40,32%)	2,99 (41,86%)

^{1/} F₁ - Híbrido simples; S₀ = F₁ autofecundado; * Um ciclo de melhoramento; ^{2/} Na mesma coluna, as médias seguidas de letras iguais não diferem pelo teste Scott e Knott, (P ≤ 0,1).

programas de SRR, com mais de quatro ciclos seletivos completos, mostra que o ganho foi de 4,6% por ciclo.

A resposta na heterose com a seleção recorrente recíproca é evidenciada na Tabela 25. Comparando-se as estimativas de $h_{(S_0 \times S_0)}$ e $h_{(S_0 \times S_0^*)}$, percebe-se que essa última foi 41,9% acima da média das populações genitoras e superior a observada com a $h_{(S_0 \times S_0)}$, que foi de 32,3%. Nesse ponto é oportuno enfatizar que a maior heterose relatada nesses casos em relação à da geração F_1 deve-se à população de referência, pois nesse último caso os genitores são gerações F_1 dos dois híbridos simples ao contrário do observado na outra situação em que os genitores são gerações S_0 , que apresentam uma redução, na média, devido à depressão por endogamia de 22,0%. Finalmente, é necessário enfatizar que o incremento na heterose de duas populações por meio da seleção recorrente é coerente com o que tem sido relatado na literatura (Coors, 1999; Hallauer, 1999).

É importante comentar o que ocorreu com o desempenho das populações *per se* com a SRR. Considerando a média dos três locais, veja que no caso da população originária do híbrido C333, a produtividade foi praticamente a mesma entre a população original S_0 e após um ciclo de melhoramento S_0^* . Já no caso do AG9012, embora não fosse detectada diferença significativa, ocorreu uma ligeira tendência de redução na produtividade da população *per se*, após a seleção. Segundo Souza Júnior, (1993), o que se tem observado na maioria dos programas de SRR é condizente com este fato, ou seja, melhoramento *per se* em uma das populações e redução na produtividade da outra população.

O que mais interessa em um programa desta natureza, ou seja, programas que envolvam populações originárias de híbridos simples comerciais, é verificar se há possibilidade de que as populações melhoradas produzam

híbridos que apresentem desempenho comparável à geração F_1 dos híbridos simples genitores. Neste caso específico, constatou-se que o híbrido interpopulacional do C_1 , na média dos três locais, superou significativamente o híbrido simples AG9012 em, aproximadamente, 7,2%. Já quando a comparação foi realizada em Lavras, onde avaliou-se todos os tratamentos, a superioridade observada do híbrido interpopulacional em relação ao híbrido simples C333 foi de 6,5%.

Seria importante avançar um maior número de ciclos seletivos para verificar se esse progresso genético é ampliado. Em se confirmando este fato, esta seria uma estratégia interessante para as empresas que iniciam seus programas de melhoramento ou até mesmo para o setor público, como uma alternativa para disponibilizar, a um maior número de agricultores, sementes híbridas com alto potencial produtivo.

Resta comentar que, a alteração na produtividade de espigas com a SRR não foi acompanhada no incremento na altura das plantas, o que seria indesejável (Tabela 26). Veja que só foram constatadas diferenças significativas entre as populações genitoras, e aquelas derivadas do C333 foram as mais altas, independentemente do ciclo de seleção. Embora na literatura, em algumas situações a correlação entre produtividade de espigas e prolificidade seja positiva (Paterniani, 1978), nesse trabalho essa correlação não foi observada, haja vista que a população mais produtiva $S_0^*(AG9012) \times S_0^*(C333)$, não foi a que apresentou maior prolificidade.

TABELA 26. Prolificidade e altura médias de plantas, obtidas na avaliação de diferentes híbridos de milho. Safra 2000/01.

Tratamentos ^{1/}	Prolificidade			Altura de plantas		
	Lavras	Ijaci	Média	Lavras	Ijaci	Média
F ₁ AG9012 (AG)	1,06 ^{b2/}	1,03 ^b	1,04 ^b	2,51 ^b	2,41 ^a	2,46 ^b
F ₁ C333 (C)	1,28 ^a	-	-	2,65 ^a	-	-
F ₁ (AG) x F ₁ (C)	1,17 ^a	1,06 ^a	1,11 ^a	2,68 ^a	2,50 ^a	2,59 ^a
S ₀ AG9012	1,18 ^a	1,03 ^b	1,10 ^a	2,30 ^c	2,27 ^b	2,28 ^d
S ₀ C333	1,18 ^a	1,06 ^a	1,12 ^a	2,46 ^b	2,31 ^b	2,38 ^c
S ₀ (AG) x S ₀ (C)	1,16 ^a	1,07 ^a	1,11 ^a	2,62 ^a	2,48 ^a	2,55 ^a
S ₀ *AG9012	1,10 ^b	1,01 ^b	1,05 ^b	2,27 ^c	2,22 ^b	2,24 ^d
S ₀ *C333	1,25 ^a	1,05 ^a	1,15 ^a	2,46 ^b	2,30 ^b	2,38 ^c
S ₀ *(AG) x S ₀ *(C)	1,11 ^b	1,03 ^b	1,07 ^b	2,64 ^a	2,52 ^a	2,58 ^a

^{1/} F₁ - Híbrido simples; S₀ = F₁ autofecundado; * Um ciclo de melhoramento; ^{2/} Na mesma coluna as médias seguidas de letras iguais não diferem pelo teste Scott e Knott, (P ≤ 0,1).

4 CONCLUSÕES

O progresso realizado com um ciclo de seleção recorrente recíproca foi de 5,7% para a produção de espigas despalhadas.

Esse ganho com a seleção foi devido, principalmente, ao incremento na heterose, haja vista que o desempenho de ambas as populações *per se* foi semelhante, considerando as populações S_0 e S_0^* .

O desempenho do híbrido melhorado superou a geração F_1 dos híbridos simples AG9012 e C333, evidenciando o potencial da referida combinação híbrida.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARIAS, C.A.A. Componentes de variância e covariância genética relacionados à seleção recorrente intra e interpopulacional no milho (*Zea mays* L.). 1995. 139p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / USP, Piracicaba.
- COORS, J.G. Selection methodologies and heterosis. In: COORS, J.G.; PANDEY, S. (ed.). *Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops*. Madison: American Society of Agronomy, 1999. 524 p.
- DUVICK, D.N. Heterosis: feeding people and protecting natural research. In: COORS, J.G.; PANDEY, S. (ed.). *Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops*. Madison: American Society of Agronomy, 1999. 524 p.
- GONÇALVES, F.M.A.; CARVALHO, S.P. de; 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.
- HALLAUER, A.R. Temperate maize and heterosis. In: COORS, J.G.; PANDEY, S. (ed.). *Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops*. Madison: American Society of Agronomy, 1999. 524 p.
- LAMKEY, K.R.; HALLAUER, A.R. Heritability estimated from recurrent selection experiments in maize. *Maydica*, Bergamo, v.32, p.61-78, 1987.
- 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.; SOUZA, E.A.; RAMALHO, M.A.P. Procedimentos para a escolha de populações de milho para extração de linhagens. *Bragantia*, Campinas, v.59, n.2, p. 153-158, 2000.
- LIMA NETO, F.P. Tamanhos de amostras para a estimação de parâmetros genéticos em milho (*Zea mays* L.) 1994. 81p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / USP, Piracicaba.

PALOMINO, E.C. Tamanho da amostra para a avaliação de famílias de meios-irmãos em milho. 1998. 89p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

PATERNIANI, E. Phenotypic recurrent selection for prolificacy in maize (*Zea mays* L.). *Maydica*. Bergamo, v.23, n.1, p.29-34, jan./mar.1978.

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. 1998. 126p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.

SCAPIN, 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.

SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Comparisons of intra-interpopulation and modified recurrent selection methods. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.16, n.1, p.91-105, 1993.

SOUZA SOBRINHO, F. de; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA J.C. de. Genetic vulnerability and potencial for inbred lines extration for maize single cross hybrids. *Maydica*, Bergamo. v.46, n.3, p.171-175, 2001.

SOUZA SOBRINHO, F. de; RAMALHO, M.A.P.; SOUZA J.C. de. Alternatives for obtaining double cross maize hybrids. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, Sete Lagoas, v.1, n.1, p. 70-76, Janeiro/Abril, 2002.

TAKEDA, C. Estimativas dos efeitos da seleção recorrente intra e interpopulacional em linhagens de milho (*Zea mays* L.). 1997. 133p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz / USP, Piracicaba.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

ANEXO

ANEXO A

Página

- TABELA 1A** Resumo das análises de variância individuais do caráter peso de espiga despalhadas (kg/parcela). Lavras-MG, Ijaci-MG e Lambari-MG. Safra 2000/01... 106
- TABELA 2A** Resumo das análises de variância individuais do caráter prolificidade. (espigas/planta) Lavras-MG, Ijaci-MG e Lambari-MG. Safra 2000/01..... 106
- TABELA 3A** Resumo das análises de variância individuais do caráter altura de plantas (metros). Lavras-MG, Ijaci-MG e Lambari-MG. Safra 2000/01 106

TABELA 1A. Resumo das análises de variância individuais do caráter peso de espiga despalhadas (kg/parcela). Lavras-MG, Ijaci-MG e Lambari-MG. Safra 2000/01.

FV	GL	Lavras		Ijaci		Lambari	
		QM	Prob.	QM	Prob.	QM	Prob.
Repetição	8	3,680		1,548		5,777	
Tratamentos	7(8) ¹	17,251	0,000	17,118	0,000	16,485	0,000
Erro	56(64)	1,089		0,477		0,616	
Média		9,52		7,67		8,30	
CV (%)		10,95		9,00		9,46	

¹ Entre parênteses, graus de liberdade do experimento avaliado em Lavras.

TABELA 2A. Resumo das análises de variância individuais do caráter prolificidade. (espigas/planta) Lavras-MG, Ijaci-MG e Lambari-MG. Safra 2000/01.

FV	GL	Lavras		Ijaci	
		QM	Prob.	QM	Prob.
Repetição	8	0,063		0,002	
Tratamentos	7(8) ¹	0,046	0,006	0,004	0,004
Erro	56(64)	0,015		0,002	
Média		1,16		1,04	
CV (%)		10,54		3,89	

¹ Entre parênteses, graus de liberdade do experimento avaliado em Lavras.

TABELA 3A. Resumo das análises de variância individuais do caráter, altura de plantas (metros). Lavras-MG, Ijaci-MG e Lambari-MG. Safra 2000/01.

FV	GL	Lavras		Ijaci	
		QM	Prob.	QM	Prob.
Repetição	8	0,026		0,038	
Tratamentos	7(8) ¹	0,209	0,000	0,121	0,000
Erro	56(64)	0,014		0,12	
Média		2,51		2,37	
CV (%)		4,67		4,54	

¹ Entre parênteses, graus de liberdade do experimento avaliado em Lavras.