



UNIVERSIDADE
ESTADUAL DE LONDRINA

SARA REGINA SILVESTRIN ROVARIS

**CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO E DEPRESSÃO POR
ENDOGAMIA EM POPULAÇÕES DE MILHO CRIOULO**

Londrina
2010

SARA REGINA SILVESTRIN ROVARIS

**CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO E DEPRESSÃO POR
ENDOGAMIA EM POPULAÇÕES DE MILHO CRIOULO**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação, em Agronomia da Universidade Estadual de Londrina, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Agronomia.

Orientador: Prof. Dr. Cássio Egídio Cavenaghi Prete

Londrina
2010

**Catálogo elaborado pela Divisão de Processos Técnicos da Biblioteca
Central da Universidade Estadual de Londrina.**

Dados Internacionais de Catalogação-na-Publicação (CIP)

R873c Rovaris, Sara Regina Silvestrin.

Capacidade de combinação e depressão por endogamia em populações de milho crioulo / Sara Regina Silvestrin Rovaris. – Londrina, 2010.
61 f. : il.

Orientador: Cássio Egídio Cavenaghi Prete.

Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual de Londrina, Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, 2010.

Inclui bibliografia.

1. Milho – Melhoramento genético – Teses. 2. Milho híbrido – Avaliação – Teses. 3. Endogamia – Teses. 4. Plantas – Heterose – Teses. I. Prete, Cássio Egídio Cavenaghi. II. Universidade Estadual de Londrina. Centro de Ciências Agrárias. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. III. Título.

CDU 631.52:633.15

SARA REGINA SILVESTRIN ROVARIS

**CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO E DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA
EM POPULAÇÕES DE MILHO CRIOULO**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, da Universidade Estadual de Londrina, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Agronomia.

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Cássio Egídio Cavenaghi Prete
Orientador
Universidade Estadual de Londrina

Prof. Dr. Cássio Egídio Cavenaghi Prete
Universidade Estadual de Londrina

Prof. Dr. Claudemir Zucareli
Universidade Estadual de Londrina

Dr. Nelson da Silva Fonseca Jr
IAPAR

Londrina. 22 de fevereiro de 2010.

DEDICATÓRIA

Aos meus pais (*in memoriam*)

AGRADECIMENTOS

À Universidade Estadual de Londrina, e todos os professores da área de Agronomia, por toda a base teórica durante a graduação e pós-graduação

Ao Prof Dr. Cássio Egídio Cavenaghi Prete, pela orientação no desenvolvimento deste trabalho.

A CAPES pela concessão da bolsa de estudos

Aos pesquisadores Dr. Pedro Mário de Araújo e Dr. Juarez Campolina Machado pelos ensinamentos, pelo harmonioso convívio, pela compreensão e pela amizade

Aos demais pesquisadores, técnicos e estagiários da Área de Melhoramento e Genética Vegetal do Iapar, pela amizade e pelos conhecimentos compartilhados

Ao Instituto Agrônomo do Paraná - Iapar, pela oportunidade de estágio e pela estrutura.

Ao amigo e Doutorando Deoclécio Domingos Garbuglio, por toda amizade, paciência e principalmente pela ajuda que me deu por estes anos.

Aos estagiários Cleber Azevedo, Lucas Silva e Naira Moura pela ajuda na coleta dos dados a campo, pela amizade e pelo harmonioso convívio

À equipe técnica do programa milho do Iapar: Antônio Alves Ferreira, Mauro Souza Santos, Aparecido Sales de Carvalho (Baiano), Vanildo Marques e Luis Gustavo Santos, José Marcus da Silva, Roberto Ribeiro dos Santos por toda amizade, aprendizagem e apoio na condução dos experimentos.

À Julia, Bianca e Vitor por me promover valiosos momentos de descontração

A meus irmãos, Rita e Fábio, aos meus cunhados, José Carlos e Regiane por presenciar essa conquista, pelo apoio e pela amizade.

A minha sobrinha, Noemi, pelo apoio, confiança, carinho e cumplicidade durante a minha estadia em Londrina.

As minhas amigas da graduação, Valquíria S. Zago, Lílian Yamamoto , Thaís Tutida, Patrícia Mattiello pelo companherismo, carinho e amizade.

As amigas Amanda, Gabriela e Mariana pela companhia, carinho e pelos momentos de descontração.

Aos amigos que conquistei durante o curso Alessandro Lone, Daniela Klesner, Juliana Damasceno, Guilherme Garcia Gaspar, Noberto Cruz, Tiago Telles pela agradável convivência e momentos de descontração ao longo do curso

As secretárias do Iapar, Mariana Campiol, Caroline Ramo, e a mensageira Angélica Oliveira de Araújo, pela amizade e agradável convivência

Muito obrigada.

"Viva como se fosse morrer amanhã,
aprenda como se fosse viver para sempre."

(Mahatma Gandhi)

ROVARIS, Sara Regina Silvestrin. **Capacidade combinatória e depressão por endogamia em populações de milho crioulo**. 2010. 75f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2010.

RESUMO

As populações de milho crioulo são genótipos que apresentam características específicas como ampla variabilidade genética; a qual é perceptível através da coloração de grãos, arquitetura de plantas e produção de grãos de seus representantes. Por apresentar estas diferentes características qualitativas torna-se importante realizar uma caracterização quantitativa destes genótipos para utilização no pré-melhoramento de milho. O objetivo deste trabalho foi avaliar o cruzamento de 28 populações crioulas em “topcrosses” com duas populações testadoras e estimar a capacidade combinatória e a depressão por endogamia, promovendo a maior quantidade de informações visando a caracterização, conservação e uso desse germoplasma em trabalho de pré-melhoramento. Os ensaios topcrosses foram conduzidos em blocos ao acaso com duas repetições em Pato Branco, Ponta Grossa e Londrina - PR. As parcelas foram compostas por uma linha de 5 m, com espaçamento entre plantas de 0,20 m. Os ensaios que avaliaram as progênies endogâmicas foram conduzidos em Pato Branco e Ponta Grossa, através do delineamento de parcelas subdivididas. As variáveis analisadas foram: florescimento feminino (FF), altura de planta (AP) e espiga (AE) e peso de grãos (PG). Os 56 híbridos intervarietais obtidos pelo topcross entre as 28 populações crioulas e as populações testadoras (PC 0201 e PC 0202) mais três testemunhas foram avaliados na safra de 2008/2009. A variável PG apresentou a maior CGC nas populações GI 148 (1531,38 Kg/ha) e GI 133 (963,13 Kg/ha). Verifica-se que as maiores CEC foram observadas pelos cruzamentos do testador PC 0202 com as seguintes populações GI 151 (1115,23 Kg/ha) e GI 173 (957,48 Kg/ha), as quais também apresentaram as maiores médias de produção. Apesar da estimativa da CEC na população PC 0201 em cruzamento com as 28 populações crioulas não ter sido tão alta quanto as observadas nas combinações com a PC 0202, nota-se maiores médias de produção e as maiores estimativas para CEC destacam-se nas combinações com as seguintes populações: GI 152 (740,77 Kg/ha), GI 088 (684,77 Kg/ha) e GI 155 (655,77 Kg/ha). A maior depressão por endogamia estimada para a variável AP foi obtido pela população GI 152. E as populações que apresentaram o menor valor foram as GI 105 e GI 133 (-5%). Para a variável AE os maiores valores foram observados na população GI 036. Já para a variável PG apresentou a variação de 78 a 30,9%, sendo a maior para as populações GI 048 (78%) e GI 028 (75,39%) que também apresentaram os maiores valores de d. Ainda para PG as populações GI 158 (2077), GI 036 (1164) e GI 048 (1077) apresentaram as maiores estimativas de contribuições dos efeitos aditivos, esses valores indicam que essas populações podem ser utilizadas em programas de pré-melhoramento. As variáveis de arquitetura de planta (AP e AE) e PG exibiram variabilidade dentro dos grupos de populações crioulas per se e seus topcrosses, possibilitando o aproveitamento destas, com objetivo de se obterem variedades ou compostos com melhor arquitetura. Os híbridos intervarietais apresentaram variação em relação a variável PG, possibilitando a discriminação dos cruzamentos para obtenção de F1 mais produtivos, com heterose média de 57,9% da combinação PC 0201 x GI 148. Em

relação a depressão por endogamia nota-se a predominância de efeitos aditivos no controle genético das variáveis AP e AE. As depressões por endogamia apresentadas por algumas populações há a probabilidade de sucesso de seu uso em programas de pré-melhoramento.

Palavras-chave: Híbridos intervarietais. Pré-Melhoramento. Heterose. Genes deletérios. *Zea mays* L.

ROVARIS, Sara Regina Silvestrin. **General combining ability and inbreeding depression in landraces maize populations.** 2010. 75p. Thesis (Master's degree in Agronomy) – Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2010.

ABSTRACT

The maize landraces are genotypes that have special features like wide genetic variability, which is noticeable through the color of grain, plant architecture and yield of their representatives. By presenting these different qualitative characteristics becomes important to perform a quantitative characterization of these genotypes for use in maize pre-breeding. The objective of this study was to evaluate the intersection of 28 landraces in testcross with two testers populations and to estimate the combining ability and inbreeding depression, promoting the largest amount of information for the characterization, conservation and use of this germplasm in the preoperative improvement. In the testcross were conducted in blocks with two replications in Pato Branco, Ponta Grossa and Londrina - PR. The plots had a line of 5 m with plant spacing of 0.20 m. Trials that evaluated the inbred progeny were conducted in Pato Branco and Ponta Grossa, through a split plot design. The variables were: days to flower (DF), plant height (HP) and ear (EH) and weight of grains (PG). The 56 intervarietal hybrids obtained by testcross among the 28 landraces and populations testers (PC 0201 and PC 0202) plus three checks were evaluated in the harvest of 2008/2009. The variable PG showed the highest GCA in populations GI 148 (1531.38 kg / ha) and 133 IM (963.13 kg/ha). It appears that the highest CEC were observed by crossing the tester PC 0202 with the following populations GI 151 (1115.23 kg / ha) and GI 173 (957,48 kg/ha), which also had the highest average production. Although the CEC estimate the population crossing in PC 0201 with 28 landraces was not as high as those observed in combinations with the 0202 PC, there is the highest means of production and the highest estimates for CEC stand out in combination with populações the following: GI 152 (740.77 kg / ha), GI 088 (684.77 kg / ha) and GI 155 (655.77 kg / ha). Most inbreeding depression estimate for the variable was obtained by the PH population GI 152. And the people who showed the lowest was the GI 105 and GI 133 (-5%). For the variable EH highest values were observed in the GI 036. To the variable GY showed variation from 78 to 30.9%, the highest for the populations GI 048 (78%) and GI 028 (75.39%) also had higher values of d. Also for GY populations GI 158 (2077), GI 036 (1164) and GI 048 (1077) showed the largest estimates of contributions of additive effects, these values indicate that these populations can be used in the pre-breeding. The variables of plant architecture (PH and EH) and GY exhibited variability within groups of landraces per se and their testcross, allowing the use of these, with the aim of obtaining varieties or compounds with better architecture. Intervarietal hybrids show variation in the variable GY, allowing discrimination of crosses to obtain F1 more productive, with average heterosis of 57.9% of the combined PC 0201 x GI 148. For inbreeding depression note the predominance of additive effects in genetic control of the variables PH and EH. The inbreeding depression made by some people there is the likelihood of success of its use in the pre-breeding.

Keywords: Intervarietal maize hybrids. Pre-breeding. *Zea Mays* L. Heterosis. Deleterious gens.

LISTA DE TABELAS

ARTIGO A – CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE POPULAÇÕES DE MILHO CRIOULO

- Tabela 1** – Descrição das 28 populações crioulas e das testemunhas segundo as características do grão, tipo e coloração, florescimento feminino (FF) e peso de mil grãos (P 1000G)38
- Tabela 2** – Análise dialéctica conjunta, aplicável a dialeto parciais completos em vários ambientes (Oliveira et al., 1987), Pato Branco, Ponta Grossa e Londrina. Safra 2008/200942
- Tabela 3** – Estimativas dos efeitos de populações (v_i e v_j) de heterose de populações (h_i e h_j) e de CGC (g_i e g_j) para 28 populações de milho crioulo avaliadas em Pato Branco, Ponta Grossa e Londrina. Safra 2008/200944
- Tabela 4** – Médias de florescimento feminino (FF), altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e peso de grãos (PG) dos 12 topcrosses e populações per se menos e os mais produtivos. Pato Branco, Ponta Grossa e Londrina. Safra2008/200947

ARTIGO B – DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA EM POPULAÇÕES DE MILHO CRIOULO

- Tabela 1** – Descrição dos 28 materiais, onde FF: dias da emergência ao florescimento feminino, AP: altura de planta, AE: altura de espiga, CG: cor de grão e TG: tipo de grão58
- Tabela 2** – Quadrados médios obtidos através da análise de parcelas subdivididas em que cada nível de endogamia das 28 populações crioulas para florescimento feminino (FF), altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e peso de grãos (PG). Safra 2008/200962
- Tabela 3** – Florescimento feminino (FF), altura de planta (AP) e espiga (AE) e peso de grãos (PG), das populações parentais (S_0) e das progênies (S_1), depressão por endogamia (DP) (%) e as estimativas de médias esperadas pelos efeitos aditivos ($\mu+d$), pelos efeitos não-aditivos e a razão entre estes efeitos em Pato Branco e Ponta Grossa (PR). Safra 2008/2009.....65

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	13
2 REVISÃO DE LITERATURA	15
2.1 MILHO CRIOULO.....	15
2.2 MANUTENÇÃO DO BANCO DE GERMOPLASMA	16
2.3 CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO	18
2.4 ESQUEMA TOPCROSSES	20
2.5 HETEROSE	22
2.6 DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA.....	24
3 REFERÊNCIAS	27
4 ARTIGO A – CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE POPULAÇÕES DE MILHO CRIOULO	33
4.1 RESUMO E ABSTRACT.	33
4.2 INTRODUÇÃO	35
4.3 MATERIAL E MÉTODOS	36
4.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	40
4.5 CONCLUSÕES	48
4.6 REFERÊNCIAS.....	49
5 ARTIGO B – DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA EM POPULAÇÕES DE MILHO CRIOULO	53
5.1 RESUMO E ABSTRACT	53
5.2 INTRODUÇÃO	55
5.3 MATERIAL E MÉTODOS	57
5.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	60
5.5 CONCLUSÕES	68
5.6 REFERÊNCIAS.....	69
6 CONCLUSÕES GERAIS	70
APÊNDICES	71

1 INTRODUÇÃO

As populações de milho crioulo são genótipos desenvolvidos ou adaptados por agricultores familiares e comunidades indígenas, através de suas gerações. Estas populações possuem características específicas que os diferem substancialmente dos cultivares comerciais, como a ampla variabilidade genética.

A conservação do milho crioulo tem sido realizada por pequenos agricultores quando fazem o cultivo desses genótipos e em bancos de germoplasma em instituições públicas de pesquisa em função da importância do uso destas populações no melhoramento genético de plantas. Apesar do milho crioulo não apresentar altas produtividades de grãos estes podem ser utilizados como fonte de variabilidade genética, podendo apresentar em seus exemplares alelos que expressam resistência ou tolerância aos fatores abióticos e bióticos.

Como citado por Poehlman (1983), as introduções de germoplasma podem ser utilizadas como fonte de alelos favoráveis para resistência a doenças ou outras características desejáveis que posteriormente podem ser incorporadas aos cultivares adaptados, recorrendo-se à hibridação ou combinando-se para a formação de variedades sintéticas.

Na década de 70 nos Estados Unidos foi constatada o estreitamento da base genética dos cultivares de milho utilizados no “corn belt”, responsáveis por grandes perdas de produtividade de grãos causadas por uma doença chamada Helmintosporiose (*Helminthosporium maydis*).

O milho é a espécie vegetal geneticamente mais estudada, pois a maioria dos métodos de melhoramento elaborados para espécies alógamas foi primeiramente desenvolvida e avaliada para esta cultura.

A prática do melhoramento de plantas baseado apenas em cultivares adaptados à região resulta em um estreitamento da base genética e conseqüentemente, a uniformidade varietal aumenta o perigo da vulnerabilidade genética. Por isso, torna-se necessário manter a variabilidade genética da cultura, possibilitando a descoberta de novos alelos que poderão contribuir para a melhoria da estabilidade de produção, resistência a pragas e doenças e adaptabilidade do milho às mais diferentes regiões produtoras.

Dentre as metodologias disponíveis que podem auxiliar na identificação e caracterização do potencial dos genótipos para futuros desenvolvimentos de híbridos de linhagens, ressaltam-se os cruzamentos “topcross” e os cruzamentos dialélicos. Os esquemas de cruzamentos “topcross” têm sido adotados preferencialmente, por serem cruzamentos de fácil execução e que possibilitam a obtenção de parâmetros genéticos, como a capacidade geral e específica de combinação e a heterose. Esta metodologia muito utilizada em empresas privadas de melhoramento tem como objetivo auxiliar a seleção preliminar de linhagens de maior potencial, através das estimativas de capacidade de combinação.

Desta forma, a introdução de novos germoplasmas e a manutenção de banco dos mesmos colaboram para manter a variabilidade genética e identificar genótipos que possam ser empregados em programas de melhoramento.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 MILHO CRIOULO

As populações de milho crioulo, também conhecidas como raças locais ou *landraces*, são materiais importantes em programas de melhoramento por apresentar elevado potencial de adaptação em condições ideais específicas, possibilitando o seu cultivo nas mais diferentes regiões do Brasil (ARAÚJO; NASS, 2002).

As variedades de milho crioulo são importantes patrimônios genéticos e fontes de genes de tolerância/resistência a estresse que necessitam ser adequadamente caracterizadas quanto ao seu potencial para o melhoramento (FERREIRA et al., 2009). Apesar de pouco produtivas, as populações de milho crioulo constituem fonte de variabilidade genética que podem ser exploradas na busca por genes tolerantes ou resistentes aos fatores abióticos e bióticos (ARAÚJO; NASS, 2002).

A introdução de germoplasma exótico ou crioulo ganha importância à medida que se nota que a “Erosividade Genética” já é um fato. Os estudos do “Committee on Genetic Vulnerability of Major Crops – 1972, of the National Academic of Science”, citados por Brow e Goodman (1977), constatavam, já naquela época, o gradual e constante declínio da diversidade genética das cultivares de milho utilizadas no “corn belt” americano. Esta estreita base genética foi um dos fatores responsáveis pelas perdas causadas por *Helminthosporium maydis* nos Estados Unidos em 1970.

O movimento de plantas econômicas de um país ou local a outro, tem sido uma das mais importantes características da agricultura moderna. A introdução de novos germoplasmas de plantas já cultivadas, o interesse recai sobre um gene ou grupos de genes e não na totalidade do genótipo de uma planta. Este tipo de germoplasma tem sido denominado “reservatórios de genes” em muitos países, e o valor destes “reservatórios” tornam-se mais importantes a medida que os genes estão se perdendo nas áreas de origem (BRIGGS; KNOWLES, 1977).

A demanda constatada junto ao fitomelhoramento por informações mais abrangentes tanto qualitativas como quantitativas a respeito do germoplasma de milho no Brasil é cada vez mais intensa. Fato este, que pode ser verificado pela competitividade existente no mercado pelo desenvolvimento de novos cultivares (ARAÚJO; NASS, 2002).

A introdução de germoplasma exótico deve ser vista dentro dos programas de melhoramento como um trabalho que trará resultados em longo prazo, pois se trata de materiais cultivados em áreas diferentes dos seus locais de adaptação sendo necessários ajustes fisiológicos, não manifestando suas potencialidades de maneira imediata (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988).

2.2 BANCO DE GERMOPLASMA

A escolha do germoplasma é parte fundamental e decisiva para qualquer programa de melhoramento de plantas, quer seja para o desenvolvimento de variedades, para utilização em híbridos ou para estudos básicos, podendo inclusive decidir o sucesso ou fracasso da seleção (ARAÚJO; NASS, 2002).

A coleta e conservação de germoplasma “crioulo” de milho são de grande importância, porém, por se tratar de uma espécie alógama, sua multiplicação é trabalhosa. Como descrito por Hallauer e Miranda Filho (1995), raças e variedades de milho, são populações de indivíduos, cada qual constituindo-se em um genótipo único, os quais requerem um número considerável de sementes para manutenção de suas características genéticas. Assim, a coleta ou multiplicação de sementes deve atender a certos critérios visando minimizar a perda de alelos. Estudos relatados por Vencovsky (1986) evidenciam que não existe um tamanho efetivo de amostra a ser coletada de cada população. No entanto, coletando-se um número menor de grãos em um número maior de espigas o conteúdo gênico da população estará melhor representado. A coleta de uma pequena amostra de sementes de 30 a 50 espigas seria suficiente para garantir a representatividade até mesmo de alelos com frequência muito baixa na população original.

Salhuana, citado por Andrade et al. (2001) enumera algumas razões de uso limitado de germoplasma de milho, citando qualidade e quantidade de

sementes insuficiente, falta de documentação, problemas agrônômicos e de adaptabilidade ambiental, falta dos dados de avaliação dos acessos e falta de metodologia para incorporação do germoplasma em programas de melhoramento.

Ramalho et al. (2000), explicam que as sementes são a forma mais apropriada para armazenamento vegetal, por apresentarem tamanho pequeno, ocupando pequenos espaços. O milho é um exemplo de semente ortodoxa podendo ser dessecada a baixo teor de água e mantida por longos períodos em câmaras frias. Para as sementes que são destinadas ao banco de germoplasma, deve-se ter especial atenção ao armazenamento.

O armazenamento de milho segue uma regra geral citada por Russel e Hallauer (1980), na qual a soma absoluta dos valores de temperatura e umidade não devem exceder as 60 unidades.

De acordo com Paterniani et al. (2000), é necessário que o banco de germoplasma mantenha as amostras em boas condições para serem utilizadas pelos pesquisadores, assim, para cada acesso, deve existir uma quantidade suficiente de sementes com elevada capacidade de germinação, visando preservar a integridade genética da amostra, o que requer uma renovação periódica das sementes.

A caracterização de acessos em bancos de germoplasma, segundo Coimbra et al. (2001), avalia descritores qualitativos que apresentam várias classes, como a cor do endosperma do grão de milho, podendo ser branca, amarela, amarela alaranjada, alaranjada ou avermelhada. Assim se faz necessário à caracterização para a identificação dos materiais.

Devido aos avanços nas últimas décadas da biologia molecular tornar-se possível o isolamento, a caracterização e manipulação de genes ligados aos processos biológicos das plantas que causam danos econômicos. Isso demonstra a importância estratégica dos recursos genéticos representado pelos bancos de germoplasma, tendo se em vista o potencial dos *pools* gênicos existentes nos acessos. A valorização do germoplasma dos bancos, segundo Nass et al. (2005) aumentaria a variabilidade genética dos cultivares atuais e capacitaria o país a ter uma valiosa “moeda de troca” para futuras negociações com países detentores de tecnologias estratégicas.

Os melhoristas preferem realizar a troca de materiais entre programas distintos de melhoramento, que a utilização dos recursos disponíveis nos

centros de origem, nos centros de diversificação e nos bancos de germoplasma, (SPRAGUE, 1980).

Jugenheimer (1976) ressaltou a importância de preservação dos germoplasmas, para uma futura utilização, prevendo-se até mesmo, uma mudança nos planos de melhoramento.

2.3 CAPACIDADE COMBINATÓRIA

Um dos maiores problemas enfrentados pelos melhoristas de milho que trabalham com híbridos de linhagens continua sendo a avaliação das linhagens genitoras quanto à capacidade de combinação.

Sprange e Tatum (1942) estabeleceram os conceitos de capacidade geral de combinação (CGC), como sendo o desempenho médio de uma cultivar em um determinado conjunto de combinações híbridas, e capacidade específica de combinação (CEC) como casos em que certas combinações híbridas são melhores ou piores do que o esperado com base na capacidade geral de combinação.

Segundo Pinto et al. (2001), os conceitos da capacidade geral de combinação e capacidade específica de combinação são úteis na caracterização das linhagens em cruzamentos, sendo que a CGC está associada principalmente a genes de efeito aditivo e a CEC depende basicamente de genes de efeito não aditivo (dominância e epistasia).

Conforme Vencovsky (1987) elevadas estimativas de capacidade de combinação (CC) estão associadas a genótipos com alta frequência de alelos favoráveis para características de interesse agrônomico.

Araújo e Paterniani (1999) relatam que a seleção recorrente para CGC consiste na autofecundação de um bom número de plantas de uma população, cruzando-se as suas progênies com um testador de base genética ampla, como uma variedade ou um híbrido duplo.

Hallauer e Miranda Filho (1995) explicam que as estimativas da CGC não são propriedades fixas das linhagens, mas sim dependentes da constituição genética do testador utilizado. Para testadores de base genética ampla as frequências para diferentes locos se distribuem na amplitude de 0 a 1, enquanto

que nos testadores de base genética estreita se limitam a 0 ou 1 para linhagens e 0, 0,5 ou 1 para híbridos simples.

Conforme relatado por Locatelli et al. (2002) a interação das capacidades de combinação com o ambiente tem maior importância quando se tratam de caracteres que têm baixa herdabilidade e que apresentam maior dificuldade em separar o que é devido à herança genética e o que é efeito de ambiente. A não significância da interação da CGC com o local permite a obtenção de estimativas adequadas dos efeitos aditivos dos genes para os caracteres de importância, em um só ambiente. A interação não significativa da CEC com o local demonstra a versatilidade do genótipo em obter um bom desempenho em diferentes ambientes. Já a significância desta interação indica que o genótipo tem adaptação específica a determinados ambientes de teste.

Entre os esquemas utilizados para a determinação da Capacidade de Combinação (CC), estão os cruzamentos dialélicos. Citando o modelo de Griffing (1956), no qual são estimados os efeitos e as somas de quadrados de efeitos da capacidade geral e específica de combinação; a metodologia proposta por Gardner e Eberhart (1966), na qual são avaliados os efeitos de variedades e de heterose varietal; e a proposta por Hayman (1954), que dá informações sobre o mecanismo básico de herança do caráter em estudo, dos valores genéticos dos progenitores utilizados e do limite de seleção.

Conforme Cruz e Vencovsky (1989) citados por Machado (2007), a estimativa de g_i (efeito da capacidade geral de combinação do genitor i) é o melhor critério para a seleção de genitores; para eles, a capacidade específica de combinação (s_{ij}) é um importante indicador da existência de dominância unidirecional e de heterose varietal.

Ferreira et al. (2009) trabalhando com 31 grupos de cruzamentos topcross de populações crioulas obtiveram valores de CGC entre 0,55 a 0,28 t ha⁻¹ em Palmeira (PR) e de 0,72 a 0,19 t ha⁻¹ em Londrina (PR).

Locatelli et al. (2002) avaliaram 9 linhagens endogâmicas em Tapera (RS) e Não Me Toque (RS) e apresentaram resultados satisfatórios para rendimento de grãos quando ocorreu interação CGC X CEC em Tapera, obtendo média geral dos cruzamentos do melhor local de 9712 Kg ha⁻¹ e de 8349 Kg ha⁻¹, respectivamente em Tapera e Não Me Toque.

2.4 ESQUEMA TOPCROSSES

A introdução dos *topcrosses* no melhoramento genético de plantas facilitou a execução dos métodos aplicados para a obtenção de híbridos utilizados pelos melhoristas.

Esta metodologia permite avaliar um elevado número de linhagens, que consiste no cruzamento de um grupo de linhagens com um ou mais testadores, visando eliminar as que não tenham méritos consideráveis, tornando, desta forma, mais eficientes os trabalhos de desenvolvimento de híbridos (DAVIS, 1924). E que segundo o mesmo autor os cruzamentos *topcrosses* são mais fáceis de se obter quando comparados aos cruzamentos dialélicos completos, que limitam o número de linhagens a serem utilizadas, requerendo muito esforço nas polinizações manuais para obtenção de todos os cruzamentos desejados.

Atualmente, o termo *topcrosses* compreende situações mais amplas referindo-se a todo procedimento que envolva um teste de progênie, visando avaliar diretamente a capacidade de combinação de um conjunto de genótipos em cruzamentos com um testador comum (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1995).

As avaliações teóricas e experimentais destes cruzamentos têm sido apresentadas com relação à frequência de alelos favoráveis, base genética, capacidade geral ou específica de combinação, rendimento *per se*, número de testadores e grau de parentesco com os materiais avaliados (ELIAS et al., 2000; SAWAZAKI et al., 2000; FERREIRA NETO, 2002; SEIFERT et al., 2006).

Hallauer e Miranda Filho (1995) relatam que a utilização de *topcrosses* no melhoramento tem como objetivos: a) a avaliação da capacidade de combinação de linhagens endogâmicas em um programa de melhoramento de híbridos; b) a avaliação do valor genético dos genótipos da população a ser melhorada.

Chaves e Miranda Filho (1997) sugeriram o uso de *topcrosses* em lugar de dialélicos para a análise de variância e estimação de parâmetros do modelo reduzido, e propuseram uma metodologia para a predição de compostos. A utilização dos métodos de predição de médias para a síntese de compostos de variedades tem sido reconhecida como de grande importância nos programas de melhoramento.

Sotchenko (1971) citado por Lüders (2003) avaliou a capacidade combinatória de linhagens de milho utilizando *topcrosses* e dialelos, e verificou que os dois esquemas de cruzamentos deram resultados semelhantes e concluiu que na presença do testador adequado o uso de *topcross* é mais eficiente e aconselhável em razão de sua maior praticidade.

Como citado por Hallauer e Miranda Filho, (1995); Castellanos et al., (1998) e Duarte et al., (2003) os esquemas de cruzamentos *topcross* têm sido adotados, principalmente, pela facilidade de execução e obtenção dos parâmetros de capacidade de combinação. Neste esquema, a capacidade combinatória é determinada pelo cruzamento entre um ou mais testadores, previamente selecionados, com um grupo de genótipos a serem avaliados. A seleção do testador ideal irá depender dos objetivos de cada programa, podendo estar fundamentada na alta ou baixa frequência de alelos favoráveis, base genética ampla ou estreita, capacidade geral ou específica de combinação, rendimento *per se*, número de testadores utilizados e grau de parentesco com os materiais avaliados.

Segundo Duarte et al. (2003), um bom testador, para qualquer programa de desenvolvimento de híbridos, deve oferecer simplicidade no uso, gerar informação que classifique corretamente o potencial relativo das linhagens em cruzamento e maximizar o ganho genético.

2.5 HETEROSE

A heterose ou vigor híbrido é definida por muitos autores (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1995; FALCONER, 1987) como a expressão genética dos efeitos benéficos da hibridação. Sendo exhaustivamente explicada na literatura como a superioridade da média dos filhos (F_1) em relação à média dos pais. Fenotipicamente, a heterose se manifesta em maior produtividade, altura de planta, tamanho de frutos, desenvolvimento e coloração verde das plantas, especialmente nas folhas, etc (BUENO, 2006).

Segundo Hallauer (2007) a heterose tem sido explorada em diferentes espécies de plantas. Pelo interesse de determinar os tipos de efeitos genéticos que são importantes para a expressão da heterose, vários tópicos referentes a heterose tem sido exhaustivamente relatados em literaturas de genética quantitativa e de melhoramento de plantas e, também, em conferências. Evidências empíricas têm sido observadas durante dois séculos passados. A questão intrigante tem sido, e ainda é, qual tipo de efeito genético tem maior importância para a expressão da heterose.

Existem duas hipóteses explicativas da heterose, a de dominância e a de sobredominância. Estas foram formuladas após muitas especulações científicas, nas quais se analisava o fato da heterozigose uma condição necessária ou não para sua manifestação (BUENO, 2006).

A hipótese da dominância explica o vigor híbrido como resultado da ação e interação de alelos dominantes favoráveis, situados em vários locos gênicos. Admitindo que os alelos dominantes são responsáveis pelo vigor e não a heterozigose. Com base nesta explicação, surgiram algumas objeções às hipóteses. A primeira delas seria se os híbridos F_1 fossem autofecundados ou cruzados entre si, deveriam segregar genótipos igualmente vigorosos. No entanto, a história mostra que nunca foram encontradas linhagens homozigóticas tão produtivas quanto o híbrido F_1 . A outra objeção está relacionada a distribuição simétrica dos caracteres heteróticos na geração F_2 , como acontece com aqueles controlados por genes nos quais não ocorre dominância. Desse modo, se a heterose fosse devida apenas a dominância de alelos situados em locos independentes, a curva de distribuição em F_2 deveria ser assimétrica, pois os fenótipos dominantes e recessivos seguiriam uma

distribuição de acordo com a expansão do binômio $(3/4 + 1/4)^n$, que representa o número de genes (BUENO, 2006).

A hipótese da sobredominância admite que a heterozigose por si só, é essencial à manifestação da heterose. Pressupõe a existência de alelos divergentes, no mesmo loco, que produzem efeitos favoráveis, embora diferentes. Sendo que os heterozigotos são superiores a ambos os homozigotos (BUENO, 2006).

Silva e Miranda Filho (2003), citam que a expressão da heterose depende do grau de dominância controlando o caráter. Para peso de grãos, é esperado que os cruzamentos exibam heterose como consequência da presença de genes de dominância completa ou parcial que controlam a expressão deste caráter. Além de que a expressão da heterose também depende do nível de divergência genética entre os parentais, ou seja, é necessário que haja diferenças nas frequências alélicas para haver expressão da heterose.

Conforme Magnavaca (1998) a heterose está normalmente mais ligada a diferenças raciais e a distância genética entre populações.

Lonquist e Gardner (1961) obtiveram nas populações F_1 rendimentos de 102,8% superiores ao pai mais produtivo. Em estudos realizados com variedades de distintas regiões geográficas, Moll et al. (1962), concluíram que cruzamentos entre materiais amplamente divergentes podem representar grande potencial de produção.

Segundo Souza Júnior (1999) os conceitos de dialélico e capacidade de combinação, em conjunto com os conceitos de predição de médias, associação entre heterose e divergência genética, levaram ao desenvolvimento do conceito de grupo heterótico. Esta evolução concentrou os esforços dos melhoristas de milho no estabelecimento de grupos heteróticos constituídos por materiais de diferentes conjuntos gênicos que, quando cruzados, apresentam alta resposta heterótica e ou elevada capacidade de combinação.

Geralmente, valores heteróticos expressivos estão diretamente relacionados com o grau de divergência genética dos parentais envolvidos, indicando que quanto maior for a divergência genética, maior será a resposta heterótica (FERREIRA et al., 1995; HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1995; SINOBAS; MONTEAGUDO, 1996; MAGNAVACA, 1998).

Araújo et al. (2007) avaliando 66 híbridos intervarietais provindos de 12 populações crioulas verificaram que os 10 híbridos que apresentaram as maiores porcentagens de heterose não foram os híbridos mais produtivos. No entanto, em termos de heterose de variedades a população GI 045 foi a que mais contribuiu com a média dos híbridos.

2.6 DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA

A endogamia é o fenômeno resultante do cruzamento entre plantas aparentadas, e causa os seguintes efeitos: redução da heterozigozidade e exposição de alelos recessivos desfavoráveis presentes na condição heterozigótica no conjunto gênico da população (FALCONER, 1989).

Como citado por Bueno et al. (2006) no início do século XX. E. M. East e G. H. Shull realizaram estudos nos Estados Unidos sobre os efeitos de contínuas autofecundações em milho. Observou-se que: a) Um grande número de caracteres deletérios apareceu nas primeiras gerações de autofertilização; b) O material rapidamente se dividiu em linhagens distintas, cuja uniformidade associava-se ao aumento de homozigose; c) Todas as linhagens apresentaram redução geral no vigor.

Em programas de melhoramento genético de espécies alógamas, são necessárias informações a respeito do efeito de eventuais danos provocados pelo cruzamento de indivíduos aparentados. Esse efeito, denominado depressão por endogamia, caracteriza-se pela redução no valor médio de caracteres quantitativos, relacionados com a capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica da planta, devido à homozigose de alelos deletérios (FALCONER, 1989).

As causas genéticas que a controlam não são completamente conhecidas, existindo algumas hipóteses para explicá-la. Uma dessas explicações está ligada ao fato de que os genes favoráveis tendem a ser dominantes ou parcialmente dominantes, e a segunda explicação é o fato do heterozigoto ter um valor fenotípico maior que o homozigoto (CROW; KIMURA, 1970).

Sob o ponto de vista do melhoramento genético, a endogamia pode ser potencialmente aproveitada para o desenvolvimento de linhagens com alelos de

interesse que, posteriormente, sejam utilizadas, no caso do milho, na composição de híbridos simples, triplos, duplos ou mesmo em seleção recorrente envolvendo progênes parcialmente endogâmicas (S_1 , S_2 e S_3), para o desenvolvimento de populações melhoradas (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988).

A utilização de progênes endogâmicas é recomendada para caracteres de baixa herdabilidade, uma vez que a endogamia remete ao aumento da variância genética entre as progênes e conduz a um aumento do progresso esperado com a seleção (GARBUGLIO, 2007). No entanto em relação ao tamanho efetivo da amostra, as progênes endogâmicas apresentam o menor número (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987). Pinto et al. (2000) estudando o número mais apropriado para avaliação em programas de seleção recorrente, constataram que para a variável peso de espiga o valor estaria entre 175-200 progênes, sendo que 200 progênes S_1 seria o tamanho adequado para avaliação. Entretanto alguns autores utilizando tamanhos de 140 (GOULAS; LONQUIST, 1976), 100 (WEYHRICH et al., 1998a, 1998b) e até mesmo 30 (GROMBACHER et al., 1989) progênes, sob diferentes intensidades de seleção, obtiveram respostas satisfatórias em seus trabalhos.

O valor de uma população como fonte de linhagens é altamente dependente da depressão por endogamia em relação às várias características, principalmente rendimento de grãos, o que limita a obtenção de linhagens vigorosas para a posterior obtenção de híbridos (LIMA et al., 1984).

Conforme Garbuglio (2007) quando uma população é melhorada por seleção recorrente, em termos teóricos, a frequência de alelos favoráveis aumenta a medida que ocorre o decréscimo na frequência de alelos deletérios. Em consequência disso, quando a população melhorada é submetida a autofecundação, poucos alelos deletérios são expressos para a determinado caráter quantitativo, refletindo em estimativas menores de depressão por endogamia ao longo dos ciclos de seleção, quando comparadas as populações originais não melhoradas.

Para a indução da endogamia, o método padrão mais utilizado pelos melhoristas, por ser mais rápido e intenso, é a a autofecundação das plantas. A cultura do milho é altamente favorável para tais estudos em virtude de relativa facilidade com que são realizadas as autofecundações e, normalmente, é possível se obter um bom número de sementes (POEHLMAN; SLEPER, 1996).

Em relação à obtenção de linhagens com probabilidade aceitável, deve-se partir de populações que apresentem alta frequência de alelos favoráveis em relação aos diversos caracteres de interesse e baixa frequência de alelos desfavoráveis (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Lima et al. (1984), em seus estudos com relação aos efeitos de depressão por endogamia em 32 populações brasileiras de milho, verificaram as amplitudes dos valores compreendidas entre 27 a 57,9% para rendimento de grãos, 7,5 a 20,3% para altura de plantas e 6,9 a 27,4% para altura de espigas.

Araújo e Gerage (2002) utilizaram nove híbridos comerciais de milho e quatro populações para estimar a depressão por endogamia. Os genótipos foram semeados em esquema que possibilitasse obter os 78 híbridos para posterior avaliação em esquema dialélico completo juntamente com diferentes gerações de S1 obtidos a partir dos 13 genótipos. Foram observados, para rendimento de grãos, valores de depressão por endogamia de 20 a 66% entre os híbridos e de 42 a 62% entre as populações, foi ressaltado que as populações apresentaram tendência de valores relativamente altos de endogamia devido, em parte, a pouca seleção realizada nestes genótipos.

REFERÊNCIAS

ANDRADE, R.V; FILHO I.A.P; SANTOS, M.X.; FRANCISCO, R.S.S; LEITE, C.E.P. Banco Ativo de Germoplasma de Milho. In: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA A AMERICA LATINA E CARIBE, p506, 2001, Sete Lagoas. **Anais do III SIRGEALC**. Londrina: Instituto Agronômico do Paraná, 2001.

ARAÚJO, P.M; GERAGE, A.C. Capacidade de combinação e depressão por endogamia em híbridos e populações de milho. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 2002, Florianópolis. **Anais**. Florianópolis: ABMS, 2002. 1 CD-ROM.

ARAÚJO, P.M. de., NASS, L.L. Caracterização e avaliação de populações de milho crioulo. **Scientia Agricola** (Piracicaba, Braz.), Piracicaba, V.59, n.3, 2002.

ARAÚJO, P. M; PATERNIANI, E. Melhoramento de populações. p.311-30 In: **Melhoramento Genético de Plantas**. 818 p. Londrina / PR. 1999.

ARAÚJO, P.M; GARBUGLIO, D.D; ZAGO, V.S; ROVARIS, S.R.S. Estudo de heterose entre populações de milho através de um dialelo completo avaliado em três ambientes. In: 4º CONGRESSO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS. São Lourenço-MG, 2007.

BRIGGS, F.N; KNOWLES, P.F. **introduction to plant breedings**. Davis, California, 1977. 426p.

BROWN, W.L; GOODMAN, M.M. Races of corn. In: SPRAGUE,G.F. ed. **Corn and corn improvement**. American Society of Agronomy, Madison, Winconsin, 1977. cap. 2 p. 49-88.

BUENO, L. C. S; MENDES, A. N. G; CARVALHO, S. P. Melhoramento genético de plantas: princípios e procedimentos. 2 ed. Lavras, UFLA, 2006.

CASTELLANOS, J.S; 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.

CHAVES, L.J; MIRANDA FILHO, J. B. Predicting variety composite means without diallel crossing. **Brazilian Journal of Genetics**, v.20, p.501-506, 1997.

COIMBRA, R.R; MIRANDA, G.V; MOREIRA, G.R; SILVA, D.J.H; CRUZ, C.D; CARNEIRO, P.C.S; SOUZA, L.V; GUIMARÃES, L.J.M; MARCASSO, R.C; CANIATO, F.F. Divergência genética de cultivares de milho baseada em descritores qualitativos. In: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA A AMÉRICA LATINA E CARIBE, p266. 2001, Londrina. **Anais do III SIRGEALC**. Londrina: Instituto Agrônomo do Paraná, 2001.

CROW, J. F; KIMURA, M. **An introduction to population genetics theory**. Minneapolis: Alpha Editions, 1970, 591p.

DAVIS, R.L. Report of the plant breeder. Rep. Puerto Rico Agric. Exp. Stn, p.14-15, 1927.

DUARTE, I.A; FERREIRA, J.M; NUSS, C.N. Potencial discriminatório de três testadores em topcross de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, n.3, 2003. Disponível em: <http://www.scielo.br/scielo> Acesso em: 13 Dez 2007.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 3rd ed. New York: Logman, 1989, 340p.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Editora Universitária da UFV, 1987, 279 p.

FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C; SANTOS, M.X. et. Al. 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, 1995.

FERREIRA NETO, A. **Comparação de testadores na avaliação de famílias S₂ de milho pipoca (*Zea mays* L.)**. 2002. 63f. Dissertação (Mestrado em Agronomia, área de concentração Melhoramento Genético Vegetal) – Universidade Estadual de Maringá, Maringá.

FERREIRA, J. M; MOREIRA, R. M. P; HIDALGO, J. A. F. Capacidade combinatória e heterose em populações de milho crioulo. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 2, p. 332-339. mar-abr, 2009.

GARBUGLIO, D.D. **Variabilidade genética em progênies S₁ e depressão por endogamia em populações de milho**. 2007. 135f. Dissertação (Mestrado em Agronomia, área de concentração Melhoramento Genético Vegetal) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

GARDNER, C. O; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, v. 22, p. 439-452, 1966.

GOULAS, A.G; LONQUIST, J.H. Combined half-sibs and S1 family selection in maize composite population. **Crop Science**, Madison, v.16, p.461-464, 1976.

GRIFFING, B. A. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biology Science**, v. 9, p. 463-493, 1956.

GROMBACHER, A.W; RUSSEL, W.A.; GUTHRIE, W.D. Effects of recurrent selection in two maize synthetics on agronomic trait of S1 lines. **Maydica**, Bergamo, v.34, p.343-352, 1989.

HALLAUER, A. R. History, contribution, and future of quantitative genetics in plant breeding: Lessons from maize. **Crop Science Society of America**. In: International plant symposium, Dec, 2007.

HALLAUER, A. R; MIRANDA FILHO, J. B. de. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2^a ed. Ames: Iowa State University Press. 468p., 1995.

HALLAUER, A. R; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. The Iowa State University Press. Ames, Iowa, 1988, 468p. 2a. edição.

HAYMAN, B. I. The teory and Analiys of Diallel Crosses. **Genetics**, Austin, v. 39, p. 789-790. 1954.

JUGENHEIMER, R. W. **Corn improvement, seed production and use**. John Wiley & Sons, New York, 1976. 670p.

LIMA, M; MIRANDA FILHO, J.B; GALLO, P.B. Inbreeding depression in brazilian populations of maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, Bergamo, v.29,p.203-215, 1984.

LOCATELLI, A. B; FEDERIZZI, L. C; NSPOLINI FILHO, V. Capacidade combinatória de nove linhagens endogâmicas de milho (*Zea mays* L.) em dois ambientes. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 32, n. 3, p. 365-370, 2002.

LONQUIST, J. H; GARDNER, C. O. Heterosis in intervartietal crosses in maize and its implication inbreeding produces. **Crop Science**, Madison, v. 1, p. 179-183, 1961.

LÜDERS, R. R. **Desempenho de linhagens de milho (*Zea mays* L.) em top cross com testadores de base genética restrita e avaliação de híbridos triplos.**

Dissertação 2003. 125 p. (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) Instituto Agrônomo de Campinas, Campinas.

MACHADO, J.C. **Estabilidade de produção e da capacidade de combinação em híbridos de milho.** Lavras, 2007. 68p. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal de Lavras. Lavras.

MAGNAVACA, R. Desenvolvimento de híbridos em empresas privadas. In: II Simpósio sobre atualização em genética e melhoramento de plantas, Lavras, MG, p.163-170, 1998.

NASS, L. L.; SANTOS, M. X; PATERNIANI, E. **Importância das coleções de milho e perspectivas de coleta.** In: WALTER, B. M. T; CAVALCANTI, T. B. (Ed). **Fundamentos para a coleta de germoplasma vegetal.** Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2005. p. 634-661.

PATERNIANI, E; MIRANDA FILHO, J.B. **Melhoramento de populações.** In: PATERNIANI; G.P. VIÉGAS eds. Melhoramento e produção do milho. Campinas, Fundação CARGILL, 1987. p. 215-74.

PATERNIANI, E; NASS, L.L; SANTOS, M.X. **Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos.** Consolación Villafañe Udry & Wilton Duarte (org). Brasília; Paralelo 15, 2000.

PINTO, R.M; LIMA NETO, F.P; SOUZA JUNIOR, C.L. Estimativa do número apropriado de progênies S1 para seleção recorrente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.1, p.63-73, 2000.

PINTO, R.M.C; GARCIA, A.A.F; SOUZA JUNIOR, C.L. Alocação de linhagens de milho derivadas das populações BR-105 e BR-106 em grupos heteróticos. **Scientia Agrícola**, v. 58, n. 3, p. 541-548, jul./set. 2001.

POEHLMAN, J.M; SLEPER, D.A. **Breeding field crops.** 4 ed. Ames: Iowa State University Press, 1996.494 p.

PHOELMAN, J. M. **Mejoramiento Genético de las Cosechas.** México, 1983. 453p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. de.; PEREIRA PINTO, C. A. B. **Genética na Agropecuária**. Lavras: Editora UFLA, 2000. 472p.

RUSSEL, W. A; HALLAUER, A. R. Corn seed development, harvest and storage. In: FEHR, W. R; H. H. HADLEY (ed). **Hybridization of crop plants**, Madison, Wisconsin,. p. 309. 1980.

SAWAZAKI, E; PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; CASTRO, J. L.; GALLO, P. BOLLER; GALVÃO, J. C. C.; SAES, L. A. Potencial de linhagens de populações locais de milho-pipoca para síntese de híbridos. **Bragantia**, Campinas, vol.59, n.2, p.143-151, 2000.

SINOBAS, J; MONTEAGUDO, I. Heterotic patterns among U.S. corn belt na Spanish maize populations. **Maydica**, v.41, p. 143-148, 1996.

SEIFERT, A. L; CARPENTIERI-PÍPOLO, V; FERREIRA, J. M; GERAGE, A. C. Análise combinatória de populações de milho pipoca em topcrosses. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.5, p.771-778, 2006.

SILVA, R.M. da; MIRANDA FILHO, J.B. Heterosis Expression in Crosses Between Maize Populations: Ear Yield. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.60, n.3, p.519-524, 2003.

SOUZA JUNIOR, C.L. Genética quantitativa e melhoramento de milho: Realizações e tendências futuras. In: **Memoriais de la XVIII Reunión Latinoamericana del Maiz**. Sete Lagoas: EMBRAPA-CNPMS/México: CYMMYT, p. 119-128, 1999.

SPRANGUE, G. F; TATUM, L. A. General vs. Specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of the American Society of Agronomy**. V.34, 923-932, 1942.

SPRAGUE, D. F. Germoplasm resources of plants: their preservation and use. **Annual Review of Phytopathology**, v. 18, p. 147-165, 1980.

VENCOVSKY, R. Tamanho efetivo populacional na coleta e preservação de germoplasma de espécies alógamas. Brasília, DF. CENARGEM – EMBRAPA. 1986. 15p. (CENARGEM – EMBRAPA, Boletim Técnico nº 1)

VENCOVSKY, R. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E. VIÉGAS, G.P. Melhoramento e produção do milho. 2.ed. Campinas: Fundação Cargill, cap.6, p.217-265, 1987.

VENCOVSKY, R; BARRIGA, P. **Genética biométrica aplicada ao fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 469p.

WEYHRICH, R.A; LAMKEY, K.R; HALLAUER, A.R. Responses to seven methods of recurrent selection in the BS11 maize population. **Crop Science**, Madison, v.38, p.308-321, 1998a.

WEYHRICH, R.A; LAMKEY, K.R; HALLAUER, A.R. Effective population size and response to S1-progeny selection in the BS11 maize population. **Crop Science**, Madison, v.38, p.1149-1158, 1998b.

4 ARTIGO A – CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE POPULAÇÕES DE MILHO CRIOULO

4.1 RESUMO

O objetivo deste trabalho foi avaliar o cruzamento de 28 populações crioulas em *topcrosses* com duas populações testadoras e caracterizar estas populações quanto a capacidade combinatória. Os ensaios foram conduzidos em blocos ao acaso com duas repetições em três cidades do Estado do Paraná. As parcelas foram compostas por uma linha de 5 m, com espaçamento entre plantas de 0,20 m. As variáveis analisadas foram: florescimento feminino (FF), altura de planta (AP) e espiga (AE) e peso de grãos (PG). Os 56 híbridos intervarietais obtidos pelo topcross entre as 28 populações crioulas e as populações testadoras (PC 0201 e PC 0202) mais três testemunhas foram avaliados no ano agrícola de 2008/2009. Para a variável PG as populações com as maiores CGC foram: GI 148 (1531,38 Kg/ha), GI 133 (963,13 Kg/ha), GI 153 (848,38 Kg/ha) e a GI 149 (741, 63 Kg/ha), dessa forma a CGC é o parâmetro mais importante e deve ser levada em conta na seleção destas populações para futuros trabalhos de melhoramento. Verifica-se que as maiores CEC foram observadas pelos cruzamentos do testador PC 0202 com as seguintes populações GI 151 (1115,23 Kg/ha) e GI 173 (957, 48 Kg/ha), as quais também apresentaram as maiores médias de produção. Os híbridos intervarietais apresentaram variação em relação a variável PG, possibilitando a discriminação dos cruzamentos para obtenção de F1 mais produtivos, com heterose média de 57,9% da combinação PC 0201 x GI 148.

Palavras-chave: Híbridos intervarietais. Topcross. *Zea mays* L. Heterose.

ABSTRACT

COMBINING ABILITY IN POPULATIONS OF LANDRACES MAIZE

The objective of this study was to evaluate the intersection of 28 landraces in testcross testers with two populations and to characterize these population as the combining ability. The tests were conducted in blocks with two replications in three cities in the state of Parana. The plots were composed of one 5 m length row spaced on 0.2 m, and five plants per meter. The variables were: days to flower (DF), plant height (HP) and ear (EH) and grain yield (GY). The 56 intervarietal hybrids obtained by testcross among the 28 landraces and populations testers (PC 0201 and PC 0202) plus three checks were evaluated in the agricultural year 2008/2009. For the variable PG populations with the highest CGC were: GI 148 (1531.38 kg / ha), GI 133 (963.13 kg / ha), GI 153 (848.38 kg / ha) and GI 149 (741, 63 Kg / ha), so that the CGC is the most important parameter and should be taken into account in the selection of those populations for future breeding. Hybrids intervarietal show variation in the variable GY, allowing discrimination of crosses to obtain F1 more productive, with average heterosis of 57.9% of the combined PC 0201 x 148 IM.

Keywords: Intervarietal maize hybrids. Testcross. *Zea mays* L. Heterosis.

4.2 INTRODUÇÃO

As populações de milho crioulo conhecidas como raças locais ou “landraces”, são genótipos desenvolvidos ou adaptados por agricultores familiares e comunidades indígenas, através de suas gerações. Estas populações possuem características específicas que os diferem substancialmente dos cultivares comerciais, como a ampla variabilidade genética. São materiais importantes em programas de pré-melhoramento por apresentar elevado potencial de adaptação em condições ideais específicas (ARAÚJO e NASS, 2002).

A conservação do milho crioulo tem sido realizada por pequenos agricultores quando fazem o cultivo desses genótipos e ainda em bancos de germoplasma em instituições públicas de pesquisa, em função da importância do uso destas populações no melhoramento genético de plantas. Apesar do milho crioulo não apresentar altas produtividades de grãos este pode ser utilizado como fonte de variabilidade genética, podendo apresentar em seus exemplares alelos que expressam resistência ou tolerância aos fatores abióticos e bióticos.

A caracterização de acessos em bancos de germoplasma, segundo Coimbra et al. (2001), avalia descritores qualitativos que apresentam várias classes, como a cor do endosperma do grão de milho. Assim se faz necessário à caracterização para a identificação dos materiais.

Dentre as metodologias disponíveis que podem auxiliar na identificação e caracterização do potencial dos genótipos para o desenvolvimento futuros de híbridos de linhagens, ressaltam-se os cruzamentos *topcross* e os cruzamentos dialélicos. Os esquemas de cruzamentos *topcross* têm sido adotados preferencialmente, por serem cruzamentos de fácil execução e que possibilitam a obtenção de parâmetros genéticos, como a capacidade geral e específica de combinação e a heterose.

Segundo Davis, (1924) os cruzamentos *topcrosses* são mais fácil de se obter quando comparados aos cruzamentos dialélicos completos, que limitam o número de linhagens a serem utilizadas, requerendo muito esforço nas polinizações manuais para obtenção de todos os cruzamentos desejados.

As avaliações teóricas e experimentais destes cruzamentos têm sido apresentadas com relação à frequência de alelos favoráveis, base genética,

capacidade geral ou específica de combinação, rendimento *per se*, número de testadores e grau de parentesco com os materiais avaliados (ELIAS et al., 2000; SAWAZAKI et al., 2000; FERREIRA NETO, 2002; SEIFERT et al., 2006).

Conforme os conceitos estabelecidos por Sprange e Tatum (1942) a capacidade geral de combinação (CGC), é o desempenho médio de uma cultivar em um determinado conjunto de combinações híbridas, e capacidade específica de combinação (CEC) ocorre nos casos em que certas combinações híbridas são melhores ou piores do que o esperado com base na capacidade geral de combinação.

O conhecimento destes conceitos auxilia a caracterização dos genótipos em cruzamentos, sendo que a CGC está associada principalmente a genes de efeito aditivo e a CEC depende basicamente de genes de efeito não aditivo - dominância e epistasia (PINTO et al., 2001).

Já heterose ou vigor híbrido é definida por muitos autores (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1995; FALCONER, 1987) como a expressão genética dos efeitos benéficos da hibridação. Sendo exaustivamente explicada na literatura como a superioridade da média dos filhos (F_1) em relação à média dos pais. Fenotipicamente, a heterose se manifesta em maior produtividade, altura de planta, tamanho de frutos, desenvolvimento e coloração verde das plantas especialmente nas folhas, etc (BUENO, 2006).

O presente trabalho teve como objetivo avaliar o cruzamento de 28 populações crioulas em *topcrosses* com duas populações testadoras e caracterizar estas populações quanto a capacidade combinatória.

4.3 MATERIAL E MÉTODOS

No ano agrícola de 2007/2008 foram obtidos os genótipos avaliados neste trabalho por meio de cruzamento em *topcross* de duas populações testadoras: PC 0201 e PC 0202, com 28 populações crioulas: GI 002, GI 006, GI 008, GI 018, GI 028, GI 036, GI 045, GI 048, GI 049, GI 088, GI 101, GI 104, GI 105, GI 133, GI 135, GI 140, GI 148, GI 149, GI 150, GI 151, GI 152, GI 153, GI 154, GI 155, GI 156, GI 157, GI 158 e GI 173 (tabela 1) pertencentes ao programa de melhoramento genético de milho do Instituto Agronômico do Paraná - IAPAR e três genótipos como testemunhas: IPV 2122 – Híbrido intervarietal resultante do cruzamento das populações PC 0201 e PC 0202, IPR 115 – Híbrido Simples e IPR 114 – Variedade Comercial.

Tabela 1 – Descrição das 28 populações crioulas e das testemunhas segundo as características do grão, tipo e coloração, florescimento feminino (FF) e peso de mil grãos (P 1000G).

Populações Crioulas					
Genótipos	Origem	Característica do Grão		FF (dias)	P 1000G (g)
		Tipo	Coloração		
GI 002	Amarilo Opaco Amiláceo	duro	amarelo	76	161,38
GI 006	Asteca Lupionópolis	dentado	laranja	72	293,44
GI 008	Asteca Nova Esperança	dentado	amarelo	72	314,24
GI 018	Cravo n 1	dentado	alaranjado	68	263,44
GI 028	Mato Grosso São João	dentado	alaranjado	68	341,18
GI 036	Roxo asteca (G 5)	dentado	avermelhado	70	329,04
GI 045	Tupi Pytá Sopé	dentado	alaranjado	68	298,02
GI 048	Composto Indonésia	duro	alaranjado	64	223,08
GI 049	Palmeira (1)	dentado	amarelo	64	287,10
GI 088	RGS III	dentado	amarelo	64	314,40
GI 101	Cristal Paraguai	duro	branco	75	210,94
GI 104	Peróla	semi-duro	branco	68	249,16
GI 105	Tupi Moroti	dentado	branco	76	190,12
GI 133	CYMMYT	dentado	alaranjado	62	274,94
GI 135	Milho dos índios	dentado	avermelhado	75	322,64
GI 140	Astequinha	dentado	amarelo	68	318,16
GI 148	General	dentado	alaranjado	67	289,42
GI 149	Linha Paraná	dentado	amarelo	69	337,46
GI 150	Linha Paraná	dentado	branco	68	256,92
GI 151	Asteca Baixo	dentado	amarelo	70	326,88
GI 152	Amarelão	dentado	amarelo	68	254,42
GI 153	Macaco	dentado	amarelo	68	363,52
GI 154	Tabuinha	dentado	amarelo	70	303,76
GI 155	Dente de Rato	dentado	amarelo	70	279,76
GI 156	Caiano Sobralia	dentado	amarelo	68	321,92
GI 157	Asteca Branco	dentado	branco	75	336,74
GI 158	Antigo Maia	dentado	amarelo	69	340,26
GI 173	Palotina – PR	dentado	amarelo	68	377,68
Testemunhas					
IPV 2122	IAPAR	dentado	alaranjado	65	312,54
IPR 114	IAPAR	dentado	alaranjado	71	331,81
IPR 115	IAPAR	dentado	am/alaranjado	65	309,52
PC 0201	IAPAR	dentado	amarelo	65	319,44
PC 0202	IAPAR	dentado	alaranjado	65	321,62

Os cruzamentos foram realizados em lotes isolados. Cada lote foi formado por um dos testadores utilizados como macho (polinizador) e 28 populações parentais como fêmea (linhas despendoadas). Cada fêmea foi disposta em uma linha de 5 m de comprimento, no espaçamento de 0,80 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas. A cada quatro fileiras de fêmeas foram utilizadas duas fileiras de macho (testador). Neste esquema foram obtidos 56 híbridos diferentes. Cada híbrido foi representado por uma amostra eqüitativa de sementes de 25 espigas, aproximadamente. O potencial dos 56 híbridos e de mais cinco testemunhas foram avaliados no ano agrícola de 2008/2009 utilizando o delineamento de blocos ao acaso, com duas repetições em três ambientes: Pato Branco, Ponta Grossa e Londrina, Estado do Paraná. No entanto, devido a estiagem ocorrida em Londrina foi considerado apenas dois locais (Pato Branco e Ponta Grossa) para a variável peso de grãos. A adubação de base foi realizada conforme a recomendação para a cultura do milho ao longo do sulco de semeadura, sendo que na semeadura foi utilizado 350 kg de NPK (8:28:16) e em cobertura usou-se 60 kg de nitrogênio (uréia).

As variáveis de importância agrônômica avaliadas foram: florescimento feminino (FF) em dias, decorrido da emergência à emissão do estilo estigma em 50% das plantas da parcela; altura de planta (AP) medida em centímetros da superfície do solo à curvatura da folha bandeira; altura de espiga (AE) medida em centímetros da superfície do solo até o ponto de inserção da espiga superior; peso de grãos (PG) ajustado para Kg ha⁻¹, e corrigido para 14,5% de umidade.

Para análise dos cruzamentos *topcrosses* foi utilizada a análise dialélica parcial mediante do modelo adaptado proposto por Miranda Filho e Geraldi (1984) aplicável a dialelos parciais completos e a readaptação proposta por Oliveira et al., (1987), onde são considerados vários ambientes para análise das populações crioulas e seus híbridos intervarietais.

$$Y_{ij} = \bar{\mu} + \alpha d_i + \ell_i \frac{1}{2}(v_i + v_{j'}) + \theta(\bar{h} + h_i + h_j + s_{jj'}) + \alpha d_i + \frac{1}{2}(\ell v_{ij} + \ell v_{j'i'}) + \theta(\ell \bar{h} + \ell h_i + \ell h_j + \ell s_{jj'}) + \bar{\epsilon}_{ijj'}$$

Onde:

Y_{ij} : = média do híbrido resultante do cruzamento entre a j-ésima população do grupo 1 e a j' população do grupo 2 no i-ésimo ambiente;

$\bar{\mu}$ = média das médias dos dois grupos avaliados para todos os ambientes;

ℓ_i = Efeito do i-ésimo ambiente;

α = de valor 0, -1 e 1 para híbridos, o grupo de materiais de maior média e o grupo de menor média respectivamente;

d = medida da diferença entre os dois grupos;

v_i e v_j =efeito da variedade dos grupos (1) e (2) respectivamente;

θ = de valor 0 para variedade e 1 para híbridos;

\bar{h} = efeito da heterose média dos cruzamentos;

h_i e h_j = efeito da heterose de variedade dos grupos (1) e (2) respectivamente;

s_{ij} : efeito da heterose específica do jj'-ésimo híbrido;

$\bar{\epsilon}_{ij}$ = erro experimental médio associado aos híbridos ou aos parentais.

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio dos programas GENES (CRUZ, 1997) e MAPGEN (FERREIRA, 1993). A estimativa da heterose de cada híbrido *topcross* foi obtida pela seguinte expressão:

$$h_{ij}\% = \frac{\bar{S}_{ij} - \bar{S}_i}{S} \cdot 100 \text{ onde:}$$

$h_{ij}\%$ = Heterose do cruzamento de populações i com testador j;

\bar{S}_{ij} = Média do *topcross* da população i com testador j;

\bar{S}_i = Média de cada população i.

A capacidade geral de combinação (CGC) é dada pela seguinte expressão:

$$\hat{g}_i = \frac{V_i}{2} + h_i, \text{ onde:}$$

v_i = efeito de variedade;

h_i =efeito de heterose.

4.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise dialélica parcial conjunta (tabela 2), segundo a adaptação proposta por Oliveira et al., (1987) para a FV Ambientes (A) foi detectada significância pelo teste F ($P < 0,01$) para todas as variáveis.

Para o conjunto de populações (P) avaliadas verificaram-se diferenças significativas para as todas as variáveis, indicando que as populações parentais se diferiram dos *topcrosses* como das populações testadoras. Por sua vez, a significância observada para os efeitos de variedades para as variáveis AP e AE, não merece destaque por existir a predominância de efeitos aditivos e dominância apenas parcial para a expressão destas variáveis, conforme o relato de diversos autores (GARDER et al., 1953 e COMSTOCK e ROBINSON, 1948).

Em Parentais 1 (P1) grupo composto pelas populações testadoras ocorreu ausência de significância para todas as variáveis analisadas ($P > 0,05$).

Os Parentais 2 (P2) grupo composto pelos dois *topcross* (TC 1 e TC 2) e as 28 populações crioulas apresentaram diferenças significativas para todas as variáveis. Infere-se, portanto, que as populações genitoras em avaliação diferem nas suas freqüências alélicas médias, contribuindo diferentemente para os cruzamentos em que elas estão envolvidas.

Os grupos (Gru) apresentaram diferenças significativas para as variáveis AP e PG, indicando que houve comportamento diferentes entre estes o que já era previsto, devido ao fato de os P1 serem compostos pelas populações testadoras e dos P2 pelas 28 populações avaliadas.

A FV Heterose total (H) apresentou significância apenas para a variável FF.

Para Heterose Média houve significância apenas para as variáveis AP e AE, indicando que as populações em cruzamento obtiveram médias superiores

a das populações *per se*. Gama et al., (1995) constataram diferenças significativas para todas as fontes de variação para as variáveis AP e AE concordando com os resultados apresentados neste trabalho.

As decomposições em Heterose do Parental 1 (HP1) não apresentou diferenças significativas para todas as variáveis. Em Heterose do Parental 2 (HP2) foi observado significância apenas para FF e as demais variáveis não apresentaram significância.

Para as demais variáveis (AP, AE e PG) que não apresentaram significância conclui-se que os grupos de variedades (1) e (2), quando cruzados, não apresentam potencial heterótico (s_{ij}) para essas variáveis. Araújo e Miranda Filho (2001) também não encontraram diferenças significativas para heterose de variedades e Heterose Total para as mesmas variáveis analisadas neste trabalho.

Para os efeitos de interação de ambiente com as demais FV, observou-se em A x P houve diferença significativa para FF e AE; A x P1 apresentou diferenças significativas para AP e AE.

Em A x P1 não foi detectada significância para nenhuma variável.

Em A x P2 observou-se diferença significativa a 5% de probabilidade apenas para a variável FF. Para A x Gru foram observadas significâncias para FF, AP e AE. A x H foram detectadas significâncias para FF, AE e PG. A x HM apresentou diferenças significativas para as variáveis FF, AP e AE.

Em A x HP2 e A x HE foi observado significância apenas para as variáveis FF ($P < 0,01$) e PG ($P < 0,05$), inferindo-se que os ambientes influenciaram no comportamento destas duas variáveis.

Tabela 2 – Análise dialélica conjunta, aplicável a dialelo parciais completos em vários ambientes (Oliveira et al., 1987), Pato Branco, Ponta Grossa e Londrina. Safra 2008/2009.

Fonte de Variação	GL	Quadrados Médios (QM)			GL ^(a)	(QM) PG
		FF	AP	AE		
		(Dias)	(cm)	(Kg ha ⁻¹)		
Ambientes (A)	2	1819.27 **	25784.76 **	38147.49 **	1	33982.03 **
Populações (P)	85	38.17 **	527.43 **	250.29 **	85	3713.50 **
Parentais 1 (P1)	1	0.02	225.33	261.33	1	1007.31
Parentais 2 (P2)	27	36.24 **	607.54 **	431.66 **	27	3385.59 **
Grupos (Gru)	1	8.37	11992.03 **	257.19	1	164125.59 **
Heterose (H)	56	40.31 **	289.47	162.52	56	1055.42
Heterose Média (HM)	1	14.32	6975.03 **	2246.28 **	1	2878.92
Heterose do Parental 1 (HP1)	1	3.24	48.76	0.76	1	1883.72
Heterose do Parental 2 (HP2)	27	34.92 **	205.50	140.56	27	1010.14
Heterose Específica (HE)	27	48.04 **	134.74	113.29	27	1002.49
Interações A x P	170	39.72 **	364.34	277.68 **	85	1360.19
A x P1	2	14.85	1513.13 **	796.91 **	1	2519.73
A x P2	54	26.20 **	133.56	151.80	27	672.54
A x Gru	2	274.18 **	14422.70 **	7972.58 **	1	1702.16
A x H	112	42.49 **	204.06	191.69 **	56	1664.93 *
A x HM	2	105.02 **	2306.66 **	1054.26 **	1	342.00
A x HP1	2	7.40	98.38	71.77	1	1806.40
A x HP2	54	36.63 **	178.47	182.27	27	1710.75 *
A x HE	54	47.34 **	155.69	173.60	27	1662.86 *
Resíduo	255	15.85	212.43	133.00	170	1088.42
Médias		73.34	199.10	109.52		5716.19

¹; QM x 10³

** , *; Significativo a 1 e 5% de probabilidade ao teste F.

A tabela 3 apresenta os valores estimados dos componentes do modelo utilizado. Os efeitos de variedades e de heterose não apresentaram diferença estatística. Conforme citado por Gorgulho e Miranda Filho (2001) existem relatos na literatura nos quais não se encontra significância da heterose específica, tornando-se, dessa forma, o parâmetro de capacidade geral de combinação bastante importante.

Os efeitos de CGC estimados por g_i e g_j foram significativos ao Teste t Student (5 e a 1%) as populações GI 002 e GI 036 apresentaram as menores CGC para as variáveis FF, AP e AE considerando-se então estas populações promissoras para a redução destas variáveis, no entanto em relação a PG estas populações

contribuíram para a redução desta variável. Já as populações GI 088, GI 133, GI 148 e GI 173 apresentam contribuições negativas para as variáveis FF, AP e AE e CGC positivas e significativas para PG destacando estas populações promissoras em cruzamentos intervarietais.

Gardner e Eberhart (1966) introduziram estimativas de novos parâmetros para cruzamentos dialélicos que envolvam populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg, como os efeitos v_i e h_i , onde, o efeito v_i pode ser traduzido como o desempenho de uma determinada população i em relação a média das demais populações, e o efeito h_i representa a contribuição, em termos de heterose, nos cruzamentos em que a variedade i participou. A CGC da população i pode ser estimada dividindo-se o efeito v_i por dois e somado ao efeito h_j . Segundo Vencovsky (1970) este método, é superior aos demais, quando se inter cruzam variedades de polinização livre, e a obtenção de informações genéticas úteis ao melhorista é a partir das médias das populações, e não a partir de variâncias.

Tabela 3 – Estimativas dos efeitos de populações (vi e vj) de heterose de populações (hi e hj) e de CGC (gi e gj) para 28 populações de milho crioulo avaliadas em Pato Branco, Ponta Grossa e Londrina. Safra 2008/2009.

V(1)	FF	AP	AE	PG	V(1)	FF	AP	AE	PG	V(1)	FF	AP	AE	PG				
	Vi					hi					gi							
	dias	cm		Kg ha ⁻¹		dias	cm		Kg ha ⁻¹		dias	cm		Kg ha ⁻¹				
PC 0201	0.67	4.8333	-2	-464.5	PC 0201	-0.39	1.52	0.1905	366.81	PC 0201	-0.06	-0.89	-1.19	134.56				
PC 0202	-0.67	4.83	2	464.5	PC 0202	0.39	-1.52	0.19	-366.81	PC 0202	0.06	0.89	1.19	-134.56				
V(2)	Vj				V(2)	hj				V(2)	gj							
GI 002	2.65	-9.69	-7.03	-488.38	GI 002	0.65	-6.70	2.01	-1277.68	GI 002	1.98	**	-11.55	**	-1.51	-1521.87	**	
GI 006	3.32	19.31	13.63	655.63	GI 006	-0.18	-5.54	-5.33	-408.68	GI 006	1.48	**	4.12	**	1.49	-80.87		
GI 008	0.65	9.31	5.96	316.13	GI 008	1.98	7.46	4.67	-75.43	GI 008	2.31	**	12.12	**	7.65	**	82.63	
GI 018	-6.35	2.64	3.63	-413.88	GI 018	4.15	4.63	3.67	1121.07	GI 018	0.98	*	5.95	**	5.49	**	914.13	
GI 028	3.65	-20.36	-7.36	245.63	GI 028	-2.35	7.13	2.67	189.32	GI 028	-0.52		-3.05	*	-1.01		312.13	*
GI 036	-0.68	-4.69	-1.36	-822.38	GI 036	-13.02	7.80	-14.16	-1155.18	GI 036	-13.36	**	5.45	**	-14.85	**	-1566.37	**
GI 045	-3.01	-7.36	-8.70	207.13	GI 045	2.98	1.63	1.34	205.32	GI 045	1.48	**	-2.05		-3.01	**	308.88	*
GI 048	-1.68	-13.36	-18.70	-2116.88	GI 048	-1.35	-2.87	7.17	-133.93	GI 048	-2.19	**	-9.55	**	-2.18	*	-1192.37	**
GI 049	-2.01	-0.02	2.96	1400.13	GI 049	0.65	-5.20	-6.16	-486.93	GI 049	-0.36		-5.21	**	-4.68	**	213.13	
GI 088	-1.01	0.98	1.29	-726.38	GI 088	-0.35	-21.70	1.17	736.57	GI 088	-0.86	*	-21.21	**	1.82	*	373.38	**
GI 101	0.99	-5.69	-2.03	-1268.88	GI 101	0.65	0.46	4.84	-445.68	GI 101	1.14	*	-2.38	*	3.82	**	-1080.12	**
GI 104	-1.35	-13.02	-9.70	-606.38	GI 104	1.32	10.30	8.34	-376.68	GI 104	0.64		3.79	**	3.49	**	-679.87	**
GI 105	-1.01	-10.69	-8.70	-2018.88	GI 105	1.98	4.30	9.34	775.32	GI 105	1.48	**	-1.05		4.99	**	-234.12	*
GI 133	-3.68	-20.02	-20.70	1014.63	GI 133	0.98	-1.87	-1.66	455.82	GI 133	-0.86	*	-11.88	**	-12.01	**	963.13	**
GI 135	0.32	18.64	26.96	-935.88	GI 135	0.48	7.96	-4.16	364.57	GI 135	0.64		17.29	**	9.32	**	-103.37	
GI 140	2.32	8.64	9.63	900.13	GI 140	1.48	-8.54	-7.66	-611.43	GI 140	2.64	**	-4.21	**	-2.85	**	-161.37	
GI 148	3.65	4.31	2.96	2121.63	GI 148	-1.52	3.46	-0.83	470.57	GI 148	0.31		5.62	**	0.65		1531.38	**
GI 149	2.32	22.64	19.63	989.13	GI 149	-0.85	-8.70	-12.16	247.07	GI 149	0.31		2.62	*	-2.35	**	741.63	**
GI 150	-2.68	-20.69	-23.03	-788.88	GI 150	0.65	6.46	7.51	523.57	GI 150	-0.69		-3.88	**	-4.01	**	129.13	
GI 151	2.32	9.31	6.9643	603.63	GI 151	-1.18	0.63	-0.49	-480.93	GI 151	-0.02		5.29	**	2.99	**	-179.12	

As combinações que se destacaram foram GI 018 x PC 0201 com média para PG de 5538 Kg/ha produzindo até 12% a mais que a produção do pai superior e Heterose Média de 41,9% e GI 148 x PC 0201 com média para PG de 5096 Kg/ha, apresentando Heterose de 18% em relação ao pai superior e Heterose Média de 57,9%. Em estudos realizados com variedades de distintas regiões geográficas, Lonquist e Gardner (1961) obtiveram altos rendimentos de heterose (102,8%) em populações F_1 superiores ao pai mais produtivo.

Hallauer e Miranda Filho (1981) apresentaram resultados de 1.394 cruzamentos intervarietais, obtendo heteroses médias em relação a média dos pais e a do pai mais produtivo, de 19,5% e 8,2%, respectivamente, para produção de grãos. Os resultados demonstram que pode existir um grande potencial para a exploração da heterose, como também para síntese de compostos de variedades com elevada frequência de alelos favoráveis.

Tabela 4 – Médias de florescimento feminino (FF), altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e peso de grãos (PG) dos 12 topcrosses e populações per se menos e os mais produtivos. Pato Branco, Ponta Grossa e Londrina. Safra2008/2009.

Per se					Topcross 1					Topcross 2				
Tratamentos	FF Dias	AP cm	AE cm	PG kg/ha	Tratamentos	FF dias	AP cm	AE cm	PG Kg/ha	Tratamentos	FF dias	AP cm	AE cm	PG kg/ha
Menos Produtivas					Menos Produtivas					Menos Produtivas				
GI 155	53	131	77	837	GI 002 x TC1	77	198	110	5032	GI 048 x TC2	72	212	116	4245
GI 173	54	138	75	1129	GI 151 x TC1	74	225	124	5087	GI 002 x TC2	74	214	127	4292
GI 157	53	148	86	1186	GI 157 x TC1	76	217	118	5289	GI 101 x TC2	77	217	123	4720
GI 105	73	192	113	1427	GI 101 x TC1	76	214	124	5487	GI 155 x TC2	76	219	123	4980
GI 158	48	138	81	1719	GI 104 x TC1	74	227	131	5713	GI 104 x TC2	73	216	116	5294
GI 101	75	207	130	1814	GI 135 x TC1	76	238	131	5715	GI 152 x TC2	73	222	122	5364
Mais Produtivas					Mais Produtivas					Mais Produtivas				
GI 153	49	140	81	5031	GI 148 x TC1	75	222	116	8048	GI 173 x TC2	74	216	120	7630
GI 154	52	140	69	4624	GI 018 x TC1	75	227	130	7643	GI 148 x TC2	73	224	125	7383
GI 133	70	181	100	4299	GI 153 x TC1	73	221	121	7496	GI 133 x TC2	70	208	114	7103
GI 049	72	209	125	4298	GI 088 x TC1	73	183	116	7439	GI 151 x TC2	74	221	122	6923
GI 140	77	210	124	4233	GI 036 x TC1	75	228	133	7242	GI 045 x TC2	75	224	125	6825
GI 006	78	216	132	4133	GI 152 x TC1	74	228	120	7240	GI 149 x TC2	74	220	116	6769

4.5 CONCLUSÕES

As variáveis de arquitetura de planta (AP e AE) e PG exibiram variabilidade dentro dos grupos de populações crioulas per se e seus topcrosses, o que possibilita melhor aproveitamento desse material, com objetivo de se obterem variedades ou compostos com melhor arquitetura.

Os híbridos intervarietais apresentaram variação em relação a variável PG, possibilitando a discriminação dos cruzamentos para obtenção de F1 mais produtivos, com heterose média de 57,9% da combinação PC 0201 x GI 148.

4.6 REFERÊNCIAS

ARAÚJO, P.M.; GARBUGLIO, D.D.; ZAGO, V.S.; ROVARIS, S.R.S. Estudo de heterose entre populações de milho através de um dialelo completo avaliado em três ambientes. In: 4º CONGRESSO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS. São Lourenço-MG, 2007.

ARAÚJO, P.M. de., NASS, L.L. Caracterização e avaliação de populações de milho crioulo. **Scientia Agricola** (Piracicaba, Braz.), Piracicaba, V.59, n.3, 2002.

ARAÚJO, P. M.; MIRANDA FILHO, J. B. Analysis of diallel cross for the evaluation of maize populations across environments. **Crop Breeding And Applied Biotechnology**, Londrina, v.1, n.3, p.255-262, 2001.

BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. Melhoramento genético de plantas: princípios e procedimentos. 2 ed. Lavras, UFLA, 2006.

COIMBRA, R.R.; MIRANDA, G.V.; MOREIRA, G.R.; SILVA, D.J.H.; CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; SOUZA, L.V.; GUIMARÃES, L.J.M.; MARCASSO, R.C.; CANIATO, F.F. Divergência genética de cultivares de milho baseada em descritores qualitativos. In: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA A AMERICA LATINA E CARIBE, p266. 2001, Londrina. **Anais do III SIRGEALC**. Londrina: Instituto Agrônomo do Paraná, 2001.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. **Biometrics**, Washington, v.4,p.254-266, 1948.

CRUZ, C. D. **Genes Aplicativo Computacional em Genética e Estatística**. Viçosa: Ed. UFV, 1997.

DAVIS, R.L. Report of the plant breeder. Rep. Puerto Rico Agric. Exp. Stn, p.14-15, 1924.

ELIAS, H. T.; CARVALHO, S. P.; ANDRÉ, C. G. M. Comparação de testadores na avaliação de famílias S₂ de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.6, p.1135-1142, 2000.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Editora Universitária da UFV, 1987, 279 p.

FERREIRA NETO, A. **Comparação de testadores na avaliação de famílias S₂ de milho pipoca (*Zea mays* L.)**. 2002. 63f. Dissertação (Mestrado em Agronomia, área de concentração Melhoramento Genético Vegetal) – Universidade Estadual de Maringá, Maringá.

FERREIRA, D.F. **Aplicativo MAPGEN 3.0**. Lavras: Ed. UFL, 1993.

GAMA, E. E. G.; HALLAUER, A. R.; LOPES, M. A.; PARENTONI, S. N.; SANTOS, M. X.; GUIMARÃES, P. E. O. Combining ability among fifteen early cycle maize populations. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v.18, n.4, p.569-577, 1995.

GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, v. 22, p. 439-452, 1966.

GARDNER, C.O.; HARVEY, P.H.; COMSTOCK, R.E. Dominance of genes controlling quantitative characters in maize. **Biometrics**, Raleigh, v.45, p.186-191, 1953.

GORGULHO, E. P.; MIRANDA FILHO, J. B. Estudo da capacidade combinatória de variedades de milho no esquema de cruzamento dialélico parcial. **Bragantia**, Campinas, v.60, n.1, p.1-8, 2001.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. de. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2^a ed. Ames: Iowa State University Press. 468p., 1995.

HALLAUER, A. R. ; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. The Iowa State University Press. Ames, Iowa, 1988, 468p. 2a. edição.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. de. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press, 1981. 469p.

LONQUIST, J. H.; GARDNER, C. O. Heterosis in intervarietal crosses in maize and its implication inbreeding produces. **Crop Science**, Madison, v. 1, p. 179-183, 1961.

MIRANDA FILHO, J.B.; GERALDI, I. O. An adapted model for the analysis of partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto. v.7, p.677-688, 1984.

OLIVEIRA, A. C.; MORAES, A. R.; SOUZA JUNIOR, C. L.; GAMA, E. E. G. Análise de cruzamentos dialélicos parciais repetidos em vários ambientes. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.3, p.517-533, 1987.

PINTO, R.M.C.; GARCIA, A.A.F.; SOUZA JUNIOR, C.L. Alocação de linhagens de milho derivadas das populações BR-105 e BR-106 em grupos heteróticos. **Scientia Agrícola**, v. 58, n. 3, p. 541-548, jul./set. 2001.

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

SEIFERT, A. L.; CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; FERREIRA, J. M.; GERAGE, A. C. Análise combinatória de populações de milho pipoca em topcrosses. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.5, p.771-778, 2006.

SPRANGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs. Specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of the American Society of Agronomy**. V.34, 923-932, 1942.

SAWAZAKI, E.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; CASTRO, J. L.; GALLO, P. BOLLER; GALVÃO, J. C. C.; SAES, L. A. Potencial de linhagens de populações locais de milho-pipoca para síntese de híbridos. **Bragantia**, Campinas, vol.59, n.2, p.143-151, 2000.

VENCOVSKY, R. **Alguns aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos de variedades**. Piracicaba, 1970. 58p. (Livro Docência) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”/USP.

5 ARTIGO B – DEPRESSÃO POR ENDOGAMIA EM POPULAÇÕES DE MILHO CRIOULO

5.1 RESUMO

O objetivo do presente trabalho foi promover a maior quantidade de informações a respeito das populações crioulas visando a caracterização, conservação e uso desse germoplasma em trabalho de pré-melhoramento. No ano agrícola de 2008, segunda safra, através da autofecundação de plantas 28 populações crioulas pertencentes ao programa de melhoramento genético de milho do Instituto Agronômico do Paraná - IAPAR foram obtidas as progênies endogâmicas. Os ensaios foram conduzidos em delineamento de parcelas subdivididas, com duas repetições em Pato Branco e Ponta Grossa – PR. Os campos foram compostos por uma linha de 5 m de comprimento, no espaçamento de 0,80 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas, deixando-se 25 plantas por linha após desbaste. As variáveis avaliadas foram: altura de planta (AP); altura de espiga (AE); florescimento feminino em dias (FF), e peso de grãos em $\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, (PG). A maior depressão por endogamia estimada para a variável AP foi obtido pela população GI 152. E as populações que apresentaram o menor valor foram as GI 105 e GI 133 (-5%). Para a variável AE os maiores valores foram observados na população GI 036. Já para a variável PG apresentou a variação de 78 a 30,9%, sendo a maior para as populações GI 048 (78%) e GI 028 (75,39%) que também apresentaram os maiores valores de d. Ainda para PG as populações GI 158 (2077), GI 036 (1164) e GI 048 (1077) apresentaram as maiores estimativas de contribuições dos efeitos aditivos, esses valores indicam que essas populações podem ser utilizadas em programas de pré-melhoramento. Conforme os dados apresentados pode-se concluir que houve predominância de efeitos aditivos no controle genético das variáveis AP e AE. As depressões por endogamia apresentadas por algumas populações há a probabilidade de sucesso de seu uso em programas de pré-melhoramento.

Palavras-chave: *Zea mays* L. Genes deletérios. Peso de grãos.

ABSTRACT

INBREEDING DEPRESSION IN LANDRACES POPULATIONS

The objective of this study was to promote the greatest amount of information about the landraces aimed at characterization, conservation and use of this germplasm in work pre-breeding. In crop year 2008, second harvest, through self-pollination of plants 28 landraces belonging to the breeding program for corn Agronomic Institute of Paraná - IAPAR were obtained endogamies progenies. The tests were conducted in a split plot design with two replications in Pato Branco, Ponta Grossa - PR. The fields were formed by a line 5 m long, spaced 0.80 m between rows and 0.20 m between plants, leaving 25 plants per row after thinning. Variables evaluated were: plant height (PH), ear height (EH); days to flower (DF), and yield grain weight in kg ha⁻¹, (PG). Most inbreeding depression estimate for the variable was obtained by the PH population GI 152. And the population who showed the lowest was the GI 105 and GI 133 (-5%). For the variable EH highest values were observed in the GI 036. To the variable GY showed variation from 78 to 30.9%, the highest for the populations GI 048 (78%) and 028 GI (75.39%) also had higher values of d. Also for GY populations GI 158 (2077), GI 036 (1164) and GI 048 (1077) showed the largest estimates of contributions of additive effects, these values indicate that these populations can be used in the pre-breeding. As the data presented it can be concluded that there was a predominance of additive effects in genetic control of the variables PH and EH. The inbreeding depression made by some people there is the likelihood of success of its use in the pre-breeding.

Keywords: *Zea mays* L. Deleterious gens. Yield grain.

5.2 INTRODUÇÃO

A endogamia é o fenômeno resultante do cruzamento entre plantas aparentadas, e causa os seguintes efeitos: redução da heterozigozidade e exposição de alelos recessivos desfavoráveis presentes na condição heterozigótica no conjunto gênico da população (FALCONER, 1989).

No início do século XX. E. M. East e G. H. Shull realizaram estudos nos Estados Unidos sobre os efeitos de contínuas autofecundações em milho e observaram que: a) Um grande número de caracteres deletérios apareceu nas primeiras gerações de autofertilização; b) O material rapidamente se dividiu em linhagens distintas, cuja uniformidade associava-se ao aumento de homozigose; c) Todas as linhagens apresentaram redução geral no vigor (BUENO et al.,2006).

As populações de milho crioulo são caracterizadas por apresentarem grande diversidade genética, as quais podem conter em seus exemplares alelos que expressam resistência ou tolerância aos fatores abióticos e bióticos, podendo ser utilizada em métodos de melhoramento para condicionar estas características para novos cultivares.

Sob o ponto de vista do melhoramento genético, a endogamia pode ser potencialmente aproveitada para o desenvolvimento de linhagens com alelos de interesse que, posteriormente sejam utilizadas, no caso do milho, na composição de híbridos simples, triplos, duplos ou mesmo em seleção recorrente envolvendo progênies parcialmente endogâmicas (S_1 , S_2 e

S₃), para o desenvolvimento de populações melhoradas (HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1988).

Em programas de melhoramento genético de espécies alógamas, são necessárias informações a respeito do efeito de eventuais danos provocados pelo cruzamento de indivíduos aparentados. Esse efeito, denominado depressão por endogamia, caracteriza-se pela redução no valor médio de caracteres quantitativos, relacionados com a capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica da planta, devido à homozigose de alelos deletérios (FALCONER, 1989).

O valor de uma população como fonte de linhagens é altamente dependente da depressão por endogamia em relação às várias características, principalmente rendimento de grãos, o que limita a obtenção de linhagens vigorosas para a posterior obtenção de híbridos (LIMA et al., 1984).

Uma população é melhorada por seleção recorrente. Em termos teóricos, a frequência de alelos favoráveis aumenta a medida que ocorre o decréscimo na frequência de alelos deletérios. Em consequência disso, quando a população melhorada é submetida a autofecundação, poucos alelos deletérios são expressos para determinado caráter quantitativo, refletindo em estimativas menores de depressão por endogamia ao longo dos ciclos de seleção, quando comparadas as populações originais não melhoradas (GARBUGLIO, 2007) .

Para a indução da endogamia, o método padrão mais utilizado pelos melhoristas, por ser mais rápido e intenso, é a autofecundação das plantas. A cultura do milho é altamente favorável para tais estudos em virtude de relativa facilidade com que são realizadas as autofecundações e,

normalemente, é possível se obter um bom número de sementes (POEHLMAN e SLEPER, 1996).

O presente trabalho tem o objetivo de promover a maior quantidade de informações a respeito das populações crioulas visando a caracterização, conservação e uso desse germoplasma em trabalho de pré-melhoramento.

5.3 MATERIAL E MÉTODOS

O material experimental foi obtido no ano agrícola de 2008, segunda safra, através da autofecundação de plantas de 28 populações crioulas pertencentes ao programa de melhoramento genético de milho do Instituto Agrônômico do Paraná - IAPAR (Tabela 1). O campo foi composto por uma linha de 5 m de comprimento, no espaçamento de 0,80 m entre fileiras e 0,20 m entre plantas.

As 28 progênies autofecundadas S_1 foram avaliadas no ano agrícola de 2008/2009 junto com as populações *per se*. Os ensaios foram conduzidos em dois ambientes: Pato Branco e Ponta Grossa – PR, em delineamento de parcelas subdivididas.

A adubação de base foi realizada conforme a recomendação para a cultura do milho ao longo do sulco de semeadura, sendo que no plantio foi utilizado 350 kg de NPK (8:28:16) e em cobertura usou-se 60 kg de nitrogênio (uréia).

Tabela 1 – Descrição dos 28 materiais, onde FF: dias da emergência ao florescimento feminino, AP: altura de planta, AE: altura de espiga, CG: cor de grão e TG: tipo de grão.

Populações Crioulas					
Material	Característica do Grão		Origem	FF	AP
	Tipo	Coloração			
GI 002	duro	amarelo	Amarilo Opaco Amiláceo	76	245
GI 006	dentado	laranja	Asteca Lupionópolis	72	240
GI 008	dentado	amarelo	Asteca Nova Esperança	72	255
GI 018	dentado	alaranjado	Cravo n 1	68	240
GI 028	dentado	alaranjado	Mato Grosso São João	68	180
GI 036	dentado	avermelhado	Roxo asteca (G 5)	70	250
GI 045	dentado	alaranjado	Tupi Pytá Sopé	68	230
GI 048	duro	alaranjado	Composto Indonésia	64	220
GI 049	dentado	amarelo	Palmeira (1)	64	220
GI 088	dentado	amarelo	RGS III	64	210
GI 101	duro	branco	Cristal Paraguai	75	230
GI 104	semi-duro	branco	Peróla	68	195
GI 105	dentado	branco	Tupi Moroti	76	240
GI 133	dentado	alaranjado	CYMMYT	62	215
GI 135	dentado	avermelhado	Milho dos índios	75	280
GI 140	dentado	amarelo	Astequinha	68	245
GI 148	dentado	alaranjado	General	67	250
GI 149	dentado	amarelo	Linha Paraná	69	255
GI 150	dentado	branco	Linha Paraná	68	210
GI 151	dentado	amarelo	Asteca Baixo	70	210
GI 152	dentado	amarelo	Amarelão	68	220
GI 153	dentado	amarelo	Macaco	68	235
GI 154	dentado	amarelo	Tabuinha	70	230
GI 155	dentado	amarelo	Dente de Rato	70	230
GI 156	dentado	amarelo	Caiano Sobralia	68	230
GI 157	dentado	branco	Asteca Branco	75	300
GI 158	dentado	amarelo	Antigo Maia	69	265
GI 173	dentado	amarelo	Palotina - PR	68	255

As variáveis de importância agrônômica avaliadas foram: altura de planta medida em centímetros da superfície do solo à curvatura da folha bandeira (AP); altura de espiga medida em centímetros da superfície do solo até o ponto de inserção da espiga superior (AE); florescimento feminino em dias (FF), decorrido da emergência a emissão do estilo estigma em 50% das plantas da parcela; peso de grãos em kg.ha^{-1} , (PG) com grau de umidade corrigido conforme a equação abaixo para 14,5%, a partir da pesagem dos grãos de todas as espigas colhidas na área útil das parcelas.

Para os estudos de depressão por endogamia, as análises de variância individuais foram realizadas seguindo o modelo de blocos casualizados com disposição em parcelas subdivididas. As gerações de populações autofecundadas foram alocadas nas parcelas e as populações dentro das gerações, nas subparcelas. O arranjo em parcelas subdivididas foi adotado com vistas a uma redução na competição entre linhas de diferentes níveis de endogamia. O modelo matemático adotado foi: $Y_{ijk} = \mu + g_i + r_j + (gr)_{ij} + p_k + (gp)_{ik} + e_{ijk}$ (BARBIN, 2003; GOMES, 1987), em que μ é a média geral, g_i é efeito fixo de gerações, r_j é o efeito aleatório de repetições, $(gr)_{ij}$ é o erro experimental para parcelas (erro “a”), p_k é o efeito devido a diferenças entre populações, $(gp)_{ik}$ é a interação gerações x efeitos de populações e e_{ijk} é o erro experimental para subparcelas (erro “b”). As análises foram realizadas através do auxílio do programa estatístico SISVAR desenvolvido por Ferreira (2000).

Foi realizado o cálculo da estimativa da depressão por endogamia conforme a seguinte expressão:

$$DP = \frac{(\bar{S}_0 - \bar{S}_1)}{\bar{S}_0} \times 100$$

\bar{S}_0 = média da população original;

\bar{S}_1 = média da população após uma geração autofecundada.

Com relação ao modelo aditivo-dominante, a média da população não endógama pode ser representada por $Y_0 = \mu^* + a^* + d^*$, onde μ^* é a média geral entre homozigotos, a^* é a contribuição geral (desvios de μ^*) dos homozigotos e d^* a contribuição dos heterozigotos (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992; LIMA et al., 1984).

As estimativas de médias esperadas das linhagens obtidas ao acaso na população, segundo dedução foi: $\mu + a = 2\bar{S}_1 - \bar{S}_0$.

A estimativa da contribuição dos locos em heterozigose (d) para uma característica foi:

$$d = 2(\bar{S}_0 - \bar{S}_1)$$

5.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A tabela 2 apresenta os quadrados médios obtidos pela análise de parcelas subdivididas. Nota-se que poucas populações endogâmicas apresentaram diferenças significativas ($P < 0,05$) para as variáveis analisadas evidenciando que estas populações neste nível de endogamia diferiram pouco em suas características.

Em relação aos coeficientes de variação (CV%) foram considerados baixos para as variáveis FF, AP e AE (SCAPIM et al., 1995), revelando a boa precisão experimental dos ensaios. Já para a variável PG o CV% foi considerado alto, no entanto este valor pode estar relacionado com a grande diversidade e pouca adaptação apresentada pelas populações crioulas.

Os índices de depressão por endogamia para a variável FF (tabela3) foram negativos ou iguais a zero, resultado já esperado uma vez que a autofecundação de plantas de milho faz com que seu ciclo reprodutivo aumente.

Com base nos valores de depressão por endogamia, pode-se constatar que, para a variável AP o maior valor foi obtido pela população GI 152. E as populações que apresentaram o menor valor foram as GI 105 e GI 133 (-5%). Para a variável AE os maiores valores foram observados na população GI 036 (tabela 3). Valores baixos de depressão por endogamia para variáveis estruturais também já foram obtidos em outros trabalhos tanto com milho normal como em milho pipoca (LIMA et al., 1984; SIMON et al. 2004; SCAPIM et al., 2006).

Tabela 2 – Quadrados médios obtidos através da análise de parcelas subdivididas em que cada nível de endogamia das 28 populações crioulas para florescimento feminino (FF), altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e peso de grãos (PG). Safra 2008/2009.

FV	GL	FF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	PG ^a (Kg/ha)
		QM			
REP(POP*AMB)	56	56.62	99.80	206.89	120.94
AMB	1	135.16	11919.45	7360.07	4895.19
POP	27	98.65	664.01	748.50	479.06
ENDO	1	135.16	11919.45	7360.07	5709.43
POP*ENDO	27	2.86	269.13	189.90	102.36
POP/S ₀	27	49.01	550.54	553.45	369.76
POP/S ₁	27	52.49	382.60	384.95	211.66
ENDO/ GI 002	1	32.00	98.00	32.00	248.65
ENDO/ GI 006	1	12.50	21.13	242.00	276.83
ENDO/ GI 008	1	3.13	1012.50	338.00	85.94
ENDO/ GI 018	1	6.13	15.13	420.50	145.61
ENDO/ GI 028	1	0.50 **	480.50	578.00	527.96
ENDO/ GI 036	1	6.13	0.13 **	84.50	1.66 *
ENDO/ GI 045	1	12.50	561.13	1326.13	149.56
ENDO/ GI 048	1	21.13	24.50	8.00	274.37
ENDO/ GI 049	1	1.13 *	722.00	666.13	569.70
ENDO/ GI 088	1	0.50	496.13	36.13	312.13
ENDO/ GI 101	1	24.50	1596.13	1176.13	60.23
ENDO/ GI 104	1	0.50 **	648.00	378.13	77.38
ENDO/ GI 105	1	15.13	210.13	112.50	13.31
ENDO/ GI 133	1	6.13	162.00	0.00 **	318.40
ENDO/ GI 135	1	2.00 *	1128.13	325.13	52.84
ENDO/ GI 140	1	1.13 *	351.13	162.00	305.91
ENDO/ GI 148	1	2.00 *	528.13	55.13	330.63
ENDO/ GI 149	1	21.13	1128.13	1512.50	346.11
ENDO/ GI 150	1	18.00	190.13	276.13	242.55
ENDO/ GI 151	1	3.13	435.13	496.13	572.91
ENDO/ GI 152	1	1.13 *	2380.50	496.13	106.29
ENDO/ GI 153	1	0.00 **	171.13	253.13	1461.51
ENDO/ GI 154	1	3.13	1058.00	741.13	35.96
ENDO/ GI 155	1	10.13	924.50	465.13	458.74
ENDO/ GI 156	1	0.50 **	180.50	1.13 **	678.22
ENDO/ GI 157	1	0.13 **	2080.13	1275.13	124.98
ENDO/ GI 158	1	8.00	1431.13	840.50	0.19 **
ENDO/ GI 173	1	0.00 **	1152.00	190.13	694.71
POP*AMB	27	2.86	269.13	189.90	99.73
ENDO*AMB	1	34.57	35000.00	12450.45	141.37
POP*ENDO*AMB	27	111.77	635.56	797.89	316.63
Erro	56	54.60	57.30	121.98	150.34
CV (%)		9.65	3.79	9.88	46.18
Média geral		77	200	112	2655

^a Valores multiplicados por 10⁴

Jones (1939) discutiu as possíveis razões das diferenças entre as estimativas de depressão endogâmicas para os diversos caracteres, em vista da redução de 50% do nível de heterozigose. A mais rápida obtenção de estabilidade de médias entre populações endogâmicas e não-endogâmicas para altura de planta e espigas pode ser devido à menor complexidade genética deles em relação ao caráter rendimento de grãos, por exemplo.

As populações per se apresentaram maiores médias para PG foram GI 049 (5548 Kg/ha), GI 155 (5366 Kg/ha), GI 140 (5048 Kg/ha) e GI 153 (4997 Kg/ha). Os valores encontrados são semelhantes aos resultados obtidos por Vianna et al., 1982 e Ferreira et al., 2009.

As estimativas de depressão para a variável PG (tabela 3) variaram de 78 a 30,9%, sendo a maior para as populações GI 048 (78%) e GI 028 (75,39%) que também apresentaram os maiores valores de d , reafirmando como relatado na literatura que a contribuição de genes de efeito não-aditivo para o aumento na depressão por endogamia para esta variável foi muito alta. Essas estimativas, com raras exceções, estão próximas ou são superiores as relatadas na cultura do milho (HALLAUER ; MIRANDA FILHO, 1988).

Araújo e Gerage (2002) trabalhando com nove híbridos comerciais de milho e quatro populações para estimar a depressão por endogamia, obtiveram para a mesma variável, valores de depressão por endogamia de 20 a 66% entre os híbridos e de 42 a 62% entre as populações, ressaltando que as populações apresentaram tendência de valores relativamente altos de endogamia devido, em parte, a pouca seleção realizada nestes genótipos.

As estimativas obtidas para FF relacionadas a contribuição dos efeitos aditivos variaram de 72 a 85 dias, para a variável AP o maior valor foi observado na população GI 105 (210 cm), para AE a população GI 036 (129 cm) e a para PG GI 151 (6917 Kg/ha).

Tabela 3 – Florescimento feminino (FF), altura de planta (AP) e espiga (AE) e peso de grãos (PG), das populações parentais (S_0) e das progênes (S_1), depressão por endogamia (DP) (%) e as estimativas de médias esperadas pelos efeitos aditivos ($\mu+d$), pelos efeitos não-aditivos e a razão entre estes efeitos em Pato Branco e Ponta Grossa (PR). Safra 2008/2009.

Pop	FF (dias)						AP (cm)					
	S_0	S_1	DP	d	$\mu+d$	$\mu+d/d$	S_0	S_1	DP	d	$\mu+d$	$\mu+d/d$
GI 002	79	83	-5	-8	87	-11	196	189	4	14	182	13
GI 006	80	83	-3	-5	85	-17	216	213	2	7	210	32
GI 008	76	77	-2	-3	78	-31	228	205	10	45	183	4
GI 018	69	70	-3	-4	72	-21	209	206	1	6	203	37
GI 028	81	81	1	1	80	80	212	196	7	31	181	6
GI 036	75	77	-2	-4	78	-22	202	202	0	1	201	403
GI 045	71	73	-4	-5	76	-15	209	193	8	34	176	5
GI 048	77	80	-4	-7	84	-13	189	192	-2	-7	196	-28
GI 049	73	73	-1	-2	74	-49	205	186	9	38	167	4
GI 088	74	75	-1	-1	75	-75	211	195	7	32	179	6
GI 101	76	80	-5	-7	83	-12	205	177	14	57	148	3
GI 104	74	75	-1	-1	75	-75	202	184	9	36	166	5
GI 105	74	77	-4	-6	80	-15	190	200	-5	-21	210	-10
GI 133	73	75	-2	-4	76	-22	182	191	-5	-18	200	-11
GI 135	76	77	-1	-2	78	-39	218	194	11	48	171	4
GI 140	80	80	-1	-2	81	-54	209	195	6	27	182	7
GI 148	80	81	-1	-2	82	-41	209	193	8	33	176	5
GI 149	79	82	-4	-7	85	-13	219	195	11	48	171	4
GI 150	72	75	-4	-6	78	-13	189	179	5	20	169	9
GI 151	79	80	-2	-3	82	-33	227	213	6	30	198	7
GI 152	74	75	-1	-2	75	-50	225	190	15	69	156	2
GI 153	73	73	0	0	73	0	211	201	4	19	192	10
GI 154	78	79	-2	-3	80	-32	210	187	11	46	164	4
GI 155	79	82	-3	-5	84	-19	197	175	11	43	154	4
GI 156	71	72	-1	-1	72	-72	202	193	5	19	183	10
GI 157	79	79	0	-1	80	-159	222	190	15	65	158	2
GI 158	72	74	-3	-4	76	-19	207	180	13	54	153	3
GI 173	81	81	0	0	81	0	206	182	12	48	158	3
Médias	76	77	-2	-3	79	-30	207	193	7	29	178	19

(continua)

Pop	AE (cm)						PG (Kg/ha)					
	S ₀	S ₁	DP	d	μ+d	μ+d/d	S ₀	S ₁	DP	d	μ+d	μ+d/d
GI 002	105	101	4	8	97	12	3047	1305	57	3484	-437	-0.13
GI 006	131	120	9	22	109	5	4804	2421	50	4767	37	0.01
GI 008	139	126	10	26	113	4	4465	2462	45	4005	460	0.11
GI 018	126	112	13	29	97	3	3735	1524	59	4422	-687	-0.16
GI 028	126	109	16	34	92	3	4394	1081	75	6626	-2232	-0.34
GI 036	116	123	-5	-13	129	-10	3326	2245	32	2162	1164	0.54
GI 045	123	97	27	52	71	1	3637	2511	31	2252	1385	0.62
GI 048	90	92	-2	-4	94	-24	2031	445	78	3171	-1140	-0.36
GI 049	113	95	19	37	77	2	5548	2258	59	6580	-1032	-0.16
GI 088	112	116	-4	-9	121	-14	3422	1421	58	4002	-580	-0.14
GI 101	124	100	24	49	76	2	2879	1071	63	3618	-738	-0.20
GI 104	123	109	13	28	95	3	3542	1416	60	4251	-709	-0.17
GI 105	111	118	-6	-15	126	-8	2130	1210	43	1839	290	0.16
GI 133	97	97	0	0	97	0	5163	2653	49	5021	142	0.03
GI 135	122	109	12	26	96	4	3213	1261	61	3903	-690	-0.18
GI 140	112	103	9	18	94	5	5049	2470	51	5158	-109	-0.02
GI 148	107	101	5	11	96	9	6270	3674	41	5193	1077	0.21
GI 149	136	108	25	55	81	1	5137	2643	49	4989	149	0.03
GI 150	107	95	12	24	83	4	3360	1364	59	3991	-632	-0.16
GI 151	132	117	14	32	101	3	4752	1294	73	6917	-2165	-0.31
GI 152	128	113	14	32	97	3	4088	2395	41	3386	702	0.21
GI 153	122	111	10	23	99	4	4997	2266	55	5463	-466	-0.09
GI 154	104	84	23	39	65	2	4624	4200	9	848	3775	4.45
GI 155	115	100	15	31	85	3	5367	2691	50	5352	15	0.00
GI 156	108	108	1	2	107	71	4828	2887	40	3880	947	0.24
GI 157	129	104	24	51	79	2	4184	1713	59	4942	-758	-0.15
GI 158	121	101	20	41	80	2	4000	3039	24	1922	2078	1.08
GI 173	113	103	9	20	93	5	4712	1864	60	5695	-983	-0.17
Médias	117	106	11	23	95	3	4168	2064	51	4208	-40.58	0.18

Do ponto de vista dos efeitos genéticos, as estimativas da depressão por endogamia são menores para altura da planta e espiga em relação a rendimento de grãos porque os efeitos gênicos de dominância são menos importantes (LIMA et al., 1984). Conforme relatado por Simon et al., (2006) a contribuição dos locos em heterozigose (desvios devido à dominância) às médias do rendimento de grãos das populações foi maior que a dos locos em homozigose (efeitos aditivos), como é de se esperar em uma população em que a seleção tem sido maior para rendimento de grãos. Esse resultado implica, indiretamente, existência de heterogeneidade genética nas populações. Em relação à altura de plantas e espigas, a contribuição dos locos em homozigose (efeito aditivo) foi maior do que a contribuição dos locos em heterozigose (HALLAUER ; MIRANDA FILHO, 1988; SIMON et al., 2004).

As populações GI 158 (2077), GI 036 (1164) e GI 048 (1077) apresentaram as maiores estimativas de contribuições dos efeitos aditivos, esses valores indicam que essas populações podem ser utilizadas em programas de pré-melhoramento.

Algumas populações como a GI 152, GI 101 e a GI 104 apresentaram baixas estimativas de $\mu + d$. Conforme relatado por Nass e Miranda Filho (1995) estes resultados sugerem que estas populações têm pouca contribuição efeito aditivos e não devem ser usadas como fonte para as futuras obtenções de linhagens.

As populações que apresentaram maiores médias para PG foram GI 049 (5548 Kg/ha), GI 155 (5366 Kg/ha), GI 140 (5048 Kg/ha) e GI 153 (4997 Kg/ha). Os valores encontrados são semelhantes aos resultados obtidos por Vianna et al., 1982 e Ferreira et al., 2009 e esperados uma vez que trabalhando-se com

populações crioulas a depressão por endogamia no primeiro ciclo de autofecundação é alta.

Os efeitos da depressão por endogamia foram mais evidentes na população GI 157 para todas as variáveis, não sendo interessante utilizar esta população para a obtenção de linhas homozigóticas.

As médias estimadas para o efeito de genes em homozigose foram inferiores em relação a contribuição total dos efeitos de heterozigotos para a média na variável PG. Entretanto para a maioria das populações a razão foi positiva.

O aumento da homozigose por autofecundações sucessivas e a seleção contra genes recessivos deletérios tende a elevar o potencial genético dessas populações para serem utilizadas como fonte de linhagens endogâmicas.

5.5 CONCLUSÕES

Observaram-se os menores valores estimados para a variável FF, pois na média dos dados apresentados a endogamia causa retardamento de ciclo.

Houve predominância de efeitos aditivos no controle genético das variáveis AP e AE.

Conforme as depressões por endogamia apresentadas por algumas populações há a probabilidade de sucesso de seu uso em programas de pré-melhoramento.

5.6 REFERÊNCIAS

BUENO, L. C. S; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. Melhoramento genético de plantas: princípios e procedimentos. 2 ed. Lavras, UFLA, 2006.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 3rd ed. New York: Logman, 1989, 340p.

FERREIRA, D.F. **Análises estatísticas por meio do Sisvar para Windows versão 4.0**. In...45^a Reunião Anual da Região Brasileira da Sociedade internacional de Biometria. UFSCar, São Carlos, SP, Julho de 2000. p.255-258.

GARBUGLIO, D.D. **Variabilidade genética em progênies S1 e depressão por endogamia em populações em populações de milho**. 2007. 135f. Dissertação (Mestrado em Agronomia, área de concentração Melhoramento Genético Vegetal) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

HALLAUER, A. R; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**. The Iowa State University Press. Ames, Iowa, 1988, 468p. 2a. edição.

LIMA, M; MIRANDA FILHO, J.B; GALLO, P.B. Inbreeding depression in brazilian populations of maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, Bergamo, v.29,p.203-215, 1984.
JONES , D.F. Continued inbreeding in maize. **Genetics**. Bethesda, v.24, p.462-473, 1939.

NASS, L.L.; MIRANDA FILHO; J.B. Inbreeding depression rates of semi-exotic maize (*Zea mays* L.) populations. **Brazilian Journal of Genetics**, 18, 4, p.585-592, 1995.

POEHLMAN, J.M; SLEPER, D.A. **Breeding field crops**. 4 ed. Ames: Iowa State University Press, 1996.494 p.

6 CONCLUSÕES GERAIS

As variáveis de arquitetura de planta (AP e AE) e PG exibiram variabilidade dentro dos grupos de populações crioulas per se e seus topcrosses, o que possibilita melhor aproveitamento desse material, com objetivo de se obterem variedades ou compostos com melhor arquitetura.

Os híbridos intervarietais apresentaram variação em relação a variável PG, possibilitando a discriminação dos cruzamentos para obtenção de F1 mais produtivos, com heterose média de 57,9% da combinação PC 0201 x GI 148.

A CEC não foi significativa para todas as variáveis exceto para PG, mas possibilitou a detecção dos melhores cruzamentos auxiliando na caracterização das populações crioulas.

Observaram-se os menores valores estimados para a variável FF, pois na média dos dados apresentados a endogamia causa retardamento de ciclo.

Houve predominância de efeitos aditivos no controle genético das variáveis AP e AE.

Conforme as depressões por endogamia apresentadas por algumas populações há a probabilidade de sucesso de seu uso em programas de pré-melhoramento.

APÊNDICES

ANEXO A – Quadrados médios obtidos através da análise de variância individual sem testemunhas. Pato Branco, Ponta Grossa e Londrina. Safra 2008/2009

Quadrados médios obtidos através da análise de variância individual sem testemunhas. Pato Branco, Ponta Grossa e Londrina. Safra 2008/2009				
Ambientes	Quadrado médio do Resíduo			
	FF (dias)	AP (cm)	AE	PG*
Pato Branco	38.79	51.84	168.48	1640.36
Ponta Grossa	2.10	83.17	85.63	536.47
Londrina	5.63	452.33	113.69	.

*Dados multiplicados por 10³

Anexo B – Médias estimadas para as quatro variáveis das populações parentais (per se), topcross 1, topcross 2, populações testadoras e das testemunhas. Pato Branco, Ponta Grossa e Londrina. Safra 2008/2009.

Tratamentos	Per se			
	FF dias	AP cm	AE cm	PG kg/ha
GI 002	77	198	116	2852
GI 006	78	216	132	4133
GI 008	75	226	143	3416
GI 018	68	208	124	3950
GI 028	78	194	121	3350
GI 036	73	205	121	2055
GI 045	71	205	124	2060
GI 048	73	191	99	2820
GI 049	72	209	125	4298
GI 088	73	212	117	2657
GI 101	75	207	130	1814
GI 104	73	201	122	2085
GI 105	73	192	113	1427
GI 133	70	181	100	4299
GI 135	74	221	134	2141
GI 140	77	210	124	4233
GI 148	78	213	117	3372
GI 149	77	223	145	4066
GI 150	72	190	105	2459
GI 151	53	152	88	3851
GI 152	49	150	86	2922
GI 153	49	140	81	5031
GI 154	52	140	69	4624
GI 155	53	131	77	837
GI 156	48	135	72	2525
GI 157	53	148	86	1186
GI 158	48	138	81	1719
GI 173	54	138	75	1129

(Continua)

Topcross 1				
Tratamentos	FF	AP	AE	PG
	dias	cm		kg/ha
GI 002 x TC1	77	198	110	5032
GI 006 x TC1	74	225	123	6497
GI 008 x TC1	76	228	124	6578
GI 018 x TC1	75	227	130	7643
GI 028 x TC1	74	215	120	6366
GI 036 x TC1	75	228	133	7242
GI 045 x TC1	75	207	109	6160
GI 048 x TC1	69	205	119	5737
GI 049 x TC1	72	219	114	6241
GI 088 x TC1	73	183	116	7439
GI 101 x TC1	76	214	124	5487
GI 104 x TC1	74	227	131	5713
GI 105 x TC1	75	216	126	5945
GI 133 x TC1	72	204	102	7191
GI 135 x TC1	76	238	131	5715
GI 140 x TC1	76	212	118	6429
GI 148 x TC1	75	222	116	8048
GI 149 x TC1	75	220	119	7083
GI 150 x TC1	72	208	111	6420
GI 151 x TC1	74	225	124	5087
GI 152 x TC1	74	228	120	7240
GI 153 x TC1	73	221	121	7496
GI 154 x TC1	76	232	128	5855
GI 155 x TC1	75	214	115	6685
GI 156 x TC1	75	212	112	6634
GI 157 x TC1	76	217	118	5289
GI 158 x TC1	74	212	118	7060
GI 173 x TC1	74	217	131	6109

(Continua)

Topcross 2				
Tratamentos	FF	AP	AE	PG
	dias	cm		kg/ha
GI 002 x TC2	74	214	127	4292
GI 006 x TC2	77	219	120	5709
GI 008 x TC2	76	232	131	5954
GI 018 x TC2	74	220	121	6553
GI 028 x TC2	74	214	118	6625
GI 036 x TC2	74	222	115	5502
GI 045 x TC2	75	224	125	6825
GI 048 x TC2	72	212	116	4245
GI 049 x TC2	73	206	116	6552
GI 088 x TC2	74	210	128	5675
GI 101 x TC2	77	217	123	4720
GI 104 x TC2	73	216	116	5294
GI 105 x TC2	77	218	124	5955
GI 133 x TC2	70	208	114	7103
GI 135 x TC2	76	232	127	6445
GI 140 x TC2	76	215	116	5616
GI 148 x TC2	73	224	125	7383
GI 149 x TC2	74	220	116	6769
GI 150 x TC2	73	219	121	6206
GI 151 x TC2	74	221	122	6923
GI 152 x TC2	73	222	122	5364
GI 153 x TC2	72	231	133	6568
GI 154 x TC2	74	216	120	6447
GI 155 x TC2	76	219	123	4980
GI 156 x TC2	72	214	113	6611
GI 157 x TC2	77	226	123	5527
GI 158 x TC2	75	215	120	5904
GI 173 x TC2	74	216	120	7630

(Continua)

Populações Testadoras				
Tratamentos	FF dias	AP cm	AE	PG kg/ha
PC 0201	72	193	101	6819
PC 0202	70	204	105	7632

Testemunhas				
Tratamentos	FF dias	AP cm	AE	PG kg/ha
IPV 2122	71	201	105	7361
IPR 114	71	205	116	6970
IPR 115	69	208	120	8978