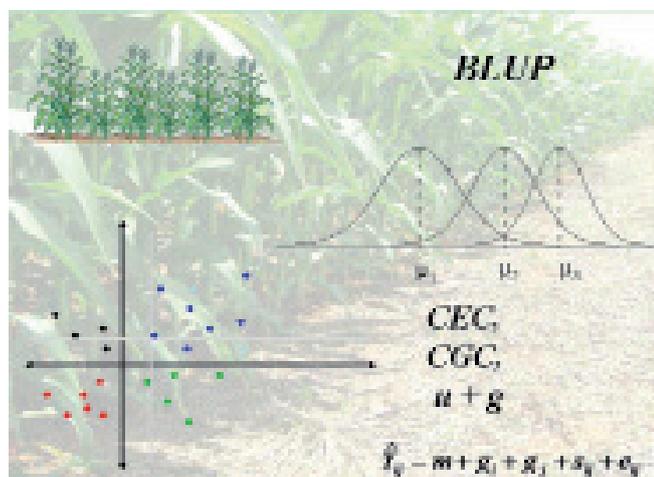


Foto: Flávia Ferreira Mendes



Definição de Grupos Heteróticos de Populações de Milho por Análise Gráfica

Lauro José Moreira Guimarães¹

Introdução

A utilização de testadores para avaliação do potencial de novas linhagens é uma prática rotineira nos programas de melhoramento de milho que visam o desenvolvimento de híbridos comerciais.

Na primeira fase do programa são definidas populações fonte, das quais são derivadas novas linhagens, ainda com baixa endogamia (famílias S_2 , por exemplo). O mérito genético destas novas linhagens é, então, posto à prova em ensaios de híbridos *top-crosses*, obtidos através de cruzamentos com testadores apropriados. Geralmente, os testadores são linhagens-elite de grupos heteróticos complementares e divergentes, que já são utilizadas comercialmente, associando praticidade e segurança ao processo de seleção de novas linhagens.

Li et al. (2007) relatam que bons testadores devem apresentar facilidade de uso, pela alta capacidade de produção de pólen e de grãos e boas características agrônômicas, como a resistência ao acamamento e quebramento, e ciclo precoce. Além disso, para maior eficiência do programa de melhoramento, devem ser utilizados poucos testadores, sendo sugerido que apenas dois testadores divergentes devem ser suficientes para a discriminação correta das novas linhagens em *top-crosses*.

Se existem testadores eficientes para a discriminação de linhagens, o desempenho dos híbridos *top-crosses* é, usualmente, considerado como o principal critério na escolha de grupos de linhagens para hibridação (MELCHINGER, 1999). Vasal et al. (1992) promoveram a formação de grupos heteróticos entre 92 linhagens de milho tropical do CIMMYT, baseando-se em parâmetros genéticos estimados com base na análise dos

¹Eng.-Agr., Doutor em Genética e Melhoramento. Atua na área de Melhoramento de Milho, na Embrapa Milho e Sorgo. Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo, MG Rod. MG 424, Km 45, CEP: 35701-970, Sete Lagoas-MG. e-mail: lauro@cnpmis.embrapa.br

híbridos obtidos no esquema de dialelo parcial, considerando-se os cruzamentos com duas linhagens de grãos duros e duas linhagens dentadas, como testadores. As linhagens que mostravam efeitos negativos para a capacidade específica de combinação (CEC) com os testadores dentados, mas CEC positiva com os testados de grãos duros foram classificadas em um grupo A; enquanto se o comportamento quanto à expressão dos efeitos de CEC eram contrários ao estabelecido para o grupo A, as linhagens foram classificadas em um segundo grupo (B).

A correta alocação de linhagens em grupos heteróticos bem definidos proporciona o aumento na eficiência seletiva e evita alocação de esforços e recursos no desenvolvimento e teste de híbridos que seriam descartados (BARRIOS et al., 2009; PINTO et al., 2001). Entretanto, nem sempre se tem informação *a priori* do grupo heterótico a que pertencem as novas populações-fontes, das quais poderão ser derivadas centenas de novas famílias endogâmicas para testes no programa de melhoramento.

Objetivo

O objetivo deste trabalho foi propor um método de análise gráfica para a classificação de populações segregantes de milho em grupos heteróticos visando à extração de linhagens de milho de forma mais eficiente.

Material e Métodos

Foram obtidos 60 cruzamentos-teste, sintetizados a partir da polinização de 30 populações segregantes (F2) por duas linhagens-elite divergentes (testadores), representantes dos grupos heteróticos Duro (ou Flint) e Dentado (ou Dent), pertencentes ao programa de melhoramento de milho da Embrapa Milho e Sorgo. As sementes foram produzidas em 2007, e as avaliações de campo foram conduzidas no ano agrícola de 2008/09 nas localidades de Sete Lagoas – MG, Londrina – PR e Goiânia – GO, em áreas experimentais pertencentes à Embrapa.

Foram avaliados os 30 cruzamentos-teste das

populações F2 com a linhagem Flint e os 30 cruzamentos dessas populações com a linhagem Dent, mais três testemunhas comuns, totalizando 63 tratamentos, em sete ensaios instalados no delineamento de blocos ao acaso, cada um com 33 tratamentos e duas repetições, separando-se os cruzamentos por ensaio, de acordo com o grupo heterótico do testador utilizado. Desta forma, considerando-se a análise agrupada, houve desbalanceamento de dados, pois somente as três testemunhas estiveram presentes em todos os ensaios. Além disso, houve também desbalanceamento de ambientes, sendo instalados quatro ensaios para avaliação das populações cruzadas com o testador Flint (Sete Lagoas – 1; Sete Lagoas – 2; Londrina – 1 e Goiânia – 1) e três para avaliação das populações cruzadas com o testador Dent (Sete Lagoas – 3; Londrina – 2 e Goiânia – 2). A parcela experimental foi constituída por uma linha com 4,0 metros de comprimento, com espaçamento de 0,80 m entre linhas, com plantio de cinco sementes por metro linear. A adubação de base foi de 400 kg.ha⁻¹ da formulação 8-28-16, e em cobertura utilizou-se 100 kg.ha⁻¹ de nitrogênio, parcelados em duas aplicações nas fases de 4 e 8 folhas completamente expandidas.

Os dados de produtividade de grãos (PG) foram obtidos em gramas por parcela e transformados para kg.ha⁻¹, com correção para 13% de umidade. Devido ao alto grau de desbalanceamento dos dados, foi adotado um método de análise estatística baseado em modelos mistos, que permite a obtenção de valores genotípicos de tratamentos (considerados aleatórios), livres dos efeitos fixos do modelo, agrupados no vetor de repetições, que, neste caso, contempla os efeitos de locais e de repetições dentro de locais, somados à média geral. As análises estatísticas foram processadas utilizando-se o modelo 26 do software SELEGEN-REML/BLUP (RESENDE, 2007b), via máxima verossimilhança restrita (REML), para a obtenção de BLUPs (Best Linear Unbiased Predictor) de genótipos, ou valores genotípicos. A significância dos efeitos do modelo foi verificada via teste de razão de verossimilhança (LRT), pelo teste de Qui-quadrado com 1 grau de liberdade, como indicado por Resende (2007a).

Os valores genotípicos das combinações híbridas entre as populações F2 e os testadores foram, então, plotados em um gráfico, onde o plano cartesiano foi dividido em quatro quadrantes, considerando-se as médias dos valores genotípicos com cada testador. Adotou-se, ainda, o critério de discriminação de populações-fontes mais promissoras pela soma de um desvio padrão genético à média de cada grupo de populações x testador.

Resultados e Discussão

A média geral de valores genotípicos (VG) da produtividade de grãos foi de 7.614 kg ha⁻¹ (Tabela 1). O coeficiente de variação experimental foi da ordem de 18%, e a estimativa de acurácia, foi de 94%. Segundo Resende (2007a), ensaios que apresentem valores de acurácia acima de 90% podem ser considerados de alta precisão experimental, sendo que esta é uma medida mais adequada para avaliação da qualidade dos ensaios, pois é pouco influenciada pela média e considera a variância genética, além da variância do erro.

A variância do efeito de genótipos foi altamente significativa ($p < 0,01$) pelo teste de Qui-quadrado para a razão de verossimilhança (LRT), demonstrando a existência de variabilidade entre as combinações híbridas oriundas dos cruzamentos das populações F2 com os testadores dos grupos heteróticos Flint e Dent. O efeito da interação genótipos x ensaios foi não significativa para LRT, indicando que os ensaios podem ser considerados homogêneos. Verifica-se ainda que a herdabilidade na média dos genótipos foi de alta magnitude (89%), considerando a análise agrupada dos sete ensaios conduzidos na safra 2008/09 (Tabela 1).

A significância dos efeitos genotípicos permite inferir, ainda, que a escolha dos testadores foi adequada, pois houve ampla variabilidade genética entre as combinações híbridas derivadas dos cruzamentos das linhagens testadoras com as 30 populações F2. Além disso, a correlação de Spearman (correlação de rank) entre os VGs das combinações híbridas dos dois testadores foi de baixa magnitude (-0,06), confirmando que os testadores apresentam-se divergentes quanto à seleção de genótipos em cruzamentos.

Tabela 1. Componentes de variâncias, acurácias e coeficientes de variação genotípico e residual, obtidos via REML individual, considerando a análise agrupada de 63 cultivares de milho (60 cruzamentos teste, mais 3 testemunhas), conduzidos em sete ensaios em blocos incompletos, na safra 2008/09, em Sete Lagoas – MG, Londrina – PR e Goiânia - GO.

Efeito	Deviance	LRT (χ^2)	Componentes de Variâncias
Modelo Completo	7143,16	-	-
Genotípico (G)	7187,87	44,71**	633.563,91**
Interação G x Ensaios (G x E)	7143,18	0,02 ^{ns}	24.556,78 ^{ns}
h^2_{mg} (Herdabilidade ajustada na média de genótipos)			0,89
Ac_{gen} (Acurácia da seleção de genótipos)			0,94
$CV_e\%$ (Coeficiente de variação residual)			18,13
Média Geral (kg ha ⁻¹)			7614

** significativo a 1%, pelo teste Qui-Quadrado (χ^2) com 1 grau de liberdade; ^{ns} não significativo.

Para a classificação em grupos heteróticos geralmente são avaliados os efeitos de capacidade específicas de combinação, que estão relacionados aos efeitos genéticos não aditivos, ou à heterose, mas pouca atenção tem sido dada à capacidade geral de combinação, que é relativa aos efeitos genéticos aditivos, ou à frequência de alelos favoráveis dos genótipos testados. A utilização de populações-fonte que apresentem alta frequência de alelos favoráveis é um aspecto que não pode ser negligenciado, pois esse fator contribui de forma significativa para construção do valor genético de uma cultivar, visto que tanto os efeitos genéticos não aditivos quanto os aditivos são importantes para a produtividade de grãos em milho.

Neste trabalho, é proposta a utilização dos valores genotípicos diretamente, para a determinação de grupos heteróticos de populações-fonte. Os efeitos genotípicos, obtidos via BLUP, são livres dos efeitos de fatores ambientais fixos, como repetições e ambientes, e possibilita a classificação de acordo com o desempenho das combinações híbridas com cada testador utilizado. Desta forma, a determinação do padrão heterótico leva em consideração os efeitos genéticos aditivos e não aditivos, possibilitando a seleção de populações mais promissoras para a extração de novas linhagens, bem como a escolha de testadores adequados para as linhagens derivadas das populações selecionadas.

A plotagem de valores genotípicos permite a visualização do desempenho das populações em combinações com os dois testadores, simultaneamente (Figura 1). Desta forma, a distribuição nos quatro quadrantes formados no plano cartesiano possibilita a identificação de populações que combinam bem com o testador Flint, sendo, portanto, classificadas no grupo heterótico complementar (Dent). Assim, linhagens derivadas dessas populações devem ser avaliadas em cruzamentos com testadores Flint. Raciocínio semelhante deve ser usado para a identificação de populações Flint, ou seja, aquelas que apresentem altos valores genotípicos quando cruzadas com testadores do grupo Dent, sendo que suas linhagens também deverão ser testadas

por testadores deste grupo heterótico.

Para as populações cruzadas com o testador Flint, foi obtida a média geral de produtividade de grãos de 7.550 kg.ha^{-1} , com desvio padrão (DP) de 761 kg.ha^{-1} , e para as combinações com o testador dentado a média foi 7.599 kg.ha^{-1} , com DP de 486 kg.ha^{-1} . Com base nestes resultados, foi criado um ponto de corte, cujo valor foi igual à soma da média com um DP para os cruzamentos com cada testador. Desta forma, para o grupo de populações cruzadas com o testador Flint, o ponto de corte foi de 8.311 kg.ha^{-1} e para os cruzamentos com o testador Dent, o ponto de corte foi de 8.085 kg.ha^{-1} (linhas tracejadas – Figura 1).

Pela análise do gráfico, as populações plotadas nos quadrantes do lado direito podem ser classificadas como do grupo heterótico Dent. Ao se considerar o critério da média somada a um DP, percebe-se que maior atenção deve ser dada às populações P37114, P37105, P37112, P37106, P37103 e P37123, pois superaram o ponto de corte.

Da mesma forma, ao se analisar as população cruzadas com o testador Dent, verifica-se que os valores genotípicos plotados nos quadrantes superiores identificam populações do grupo heterótico Flint, sendo que os esforços devem ser concentrados na extração de linhagens das cinco populações que ultrapassaram o valor da média mais um desvio padrão: P37126, P37131, P37105, P37110 e P37113.

Percebe-se ainda a existência de uma população que apresenta alto potencial heterótico com ambos os testadores, o que amplia as alternativas de desenvolvimento de híbridos simples, triplos e duplos, pelo aumento da variabilidade genética útil. Assim, a população P37105 pode ser classificada como sendo de um terceiro grupo heterótico, pois apresenta-se promissora para a extração de linhagens úteis para cruzamentos com linhagens dos grupos heteróticos Flint e Dent.

Já a possibilidade de descarte de populações com baixo potencial, considerando os principais grupos heteróticos utilizados, permite economia de área experimental, insumos, mão de obra e esforços do melhorista. Desta forma, sete populações poderiam

ser descartadas, sem prejuízo ao programa de melhoramento, pois foram posicionadas no quadrante esquerdo inferior do plano cartesiano, o que indica baixo potencial heterótico com os testadores utilizados e baixa frequência de alelos favoráveis para produtividade de grãos, pois os valores genotípicos dos cruzamentos foram inferiores às médias gerais quando cruzadas com ambos os testadores (Figura 1).

Conclusão

Pode-se concluir que a utilização deste novo método de análise gráfica da plotagem de valores genotípicos, obtidos de cruzamentos entre populações F2 e testadores divergentes bem definidos, é útil para definição de grupos heteróticos de novas populações-fonte e permite descarte de populações poucos promissoras antes da derivação de linhagens. Desta forma, a utilização deste método pode promover maior eficiência para programas de melhoramento de milho que visam o desenvolvimento de híbridos.

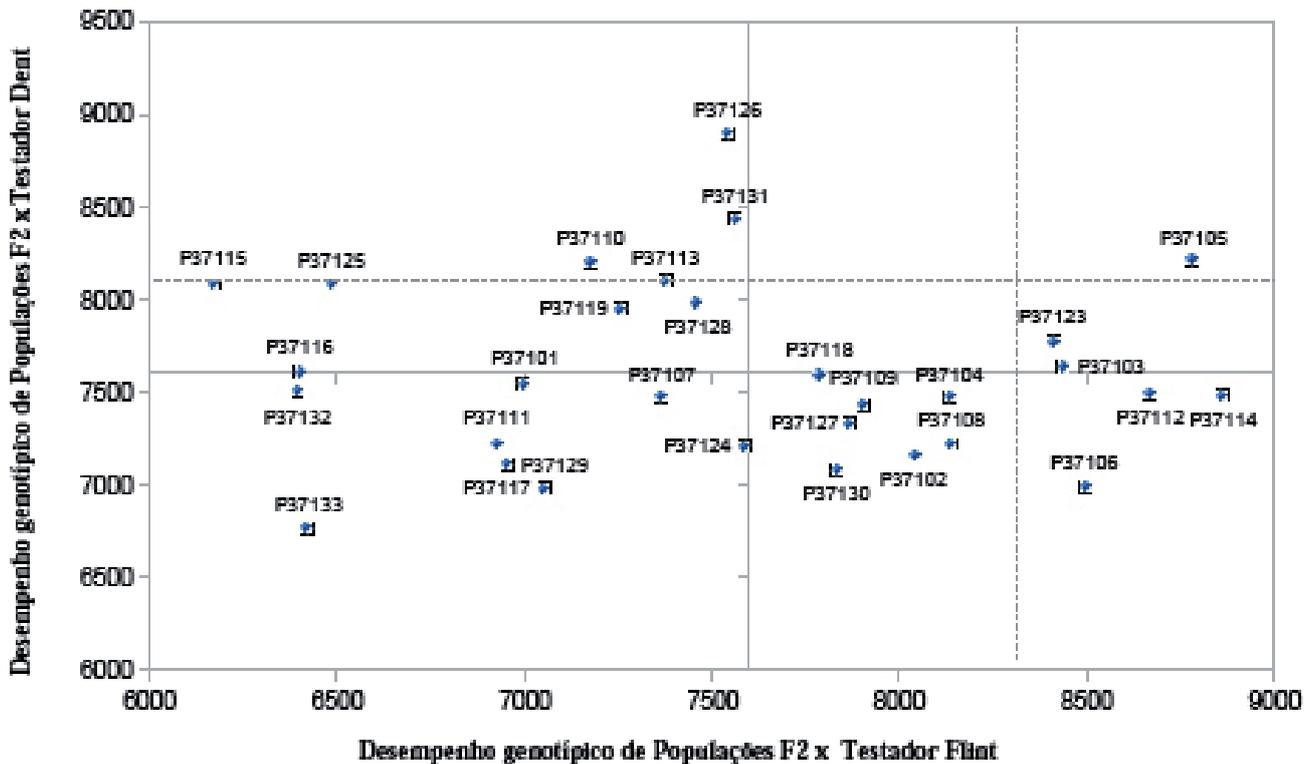


Figura 1. Plotagem dos valores genotípicos para produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$), de populações F2 cruzadas com testadores dos grupos heteróticos Flint e Dent.

Co-autores

Paulo Evaristo Oliveira Guimarães

Eng.-Agrônomo, Doutor em Genética e Melhoramento. Atua na área de Melhoramento de Milho, na Embrapa Milho e Sorgo. Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo, MG 424, Km 45, CEP.: 35701-970, Sete Lagoas-MG.
e-mail: evaristo@cnpms.embrapa.br

Cleso Antônio Patto Pacheco

Eng.-Agr., Doutor em Genética e Melhoramento. Atua na área de Melhoramento de Milho, na Embrapa Tabuleiros Costeiros. Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo, MG 424, Km 45, CEP.: 35701-970, Sete Lagoas-MG.
e-mail: cleso@cpatc.embrapa.br

Sidney Netto Parentoni

Eng.-Agr., Doutor em Genética e Melhoramento. Atua na área de Melhoramento de Milho, na Embrapa Milho e Sorgo. Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo, MG 424, Km 45, CEP.: 35701-970, Sete Lagoas-MG.
e-mail: sidney@cnpms.embrapa.br

Walter Fernandes Meirelles

Eng.-Agr., Doutorando em Genética e Melhoramento. Atua na área de Melhoramento de Milho, na Embrapa Soja. 1 Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo, MG 424, Km 45, CEP.: 35701-970, Sete Lagoas-MG.
e-mail: walter@cnpsa.embrapa.br

Adelmo Resende da Silva

Eng.-Agr., Doutor em Genética e Melhoramento. Atua na área de Melhoramento de Milho, na Embrapa Arroz e Feijão. 1 Pesquisador da Embrapa Milho e Sorgo, MG 424, Km 45, CEP.: 35701-970, Sete Lagoas-MG.
e-mail: adelmo@cnpaf.embrapa.br

Jane Rodrigues de Assis Machado

Eng.-Agr., Doutora em Genética e Bioquímica. Atua na área de Melhoramento de Milho, na Embrapa Trigo. Pesquisadora Embrapa Milho e Sorgo, Passo Fundo, RS.
E-mail: jane@cnpt.embrapa.br

Flávia Ferreira Mendes

Eng.-Agr., Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Federal de Lavras - UFLA.
e-mail: flvmendes2001@yahoo.com.br

Referências

BARRIOS, S. C. L.; DUARTE, F. C.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Alocação de linhagens de milho em grupos heteróticos baseando-se em marcadores moleculares e cruzamentos dialélicos. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA, 55., 2009, Águas de Lindóia. **Resumos...** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2009.

LI, M. S.; LI, X. H.; DENG, L. W.; ZHANG, D. G.; BAI, L.; ZHANG, S. H. Comparisons of four testers in evaluating 27 cimmyt and chinese maize populations. **Maydica**, Bergamo, v. 52, p. 173-179, 2007.

MELCHINGER, A. E. Genetic diversity and heterosis. In: COORS, J. G.; PANDEY, S. (Ed.). **Genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison: ASA: Crop Science Society of America, 1999. p. 99-118.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 362 p.

RESENDE, M. D. V. de. **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 359 p.

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

VASAL, S. K.; SRINIVASAN, G.; PANDEY, S.; CORDOVA, H. S.; HAN, C. G.; GONZALEZ, C. F. Heterotic patterns of ninety-two white tropical CIMMYT maize lines. **Maydica**, Bergamo, v. 37, p. 259-270, 1992.

Comunicado Técnico, 191

Exemplares desta edição podem ser adquiridos na:
Embrapa Milho e Sorgo
Endereço: Rod. MG 424 km 45 Caixa Postal 151
CEP 35701-970 Sete Lagoas, MG
Fone: (31) 3027 1100
Fax: (31) 3027 1188
E-mail: sac@cnpms.embrapa.br
1ª edição
1ª impressão (2011): on line

Ministério da
Agricultura, Pecuária
e Abastecimento

**Comitê de publicações**

Presidente: Antônio Carlos de Oliveira.
Secretário-Executivo: Elena Charlotte Landau.
Membros: Flávio Dessaune Tardin, Eliane Aparecida Gomes, Paulo Afonso Viana, João Herbert Moreira Viana, Guilherme Ferreira Viana e Rosângela Lacerda de Castro.

Expediente

Revisão de texto: Antonio Claudio da Silva Barros.
Normalização bibliográfica: Rosângela Lacerda de Castro.
Tratamento das ilustrações: Tânia Mara A. Barbosa.
Editoração eletrônica: Tânia Mara A. Barbosa.