

## Definição de Grupos Heteróticos de Populações de Milho por Análise Gráfica

Lauro José Moreira Guimarães<sup>1</sup>; Flávia Ferreira Mendes<sup>2</sup>; Paulo Evaristo de Oliveira Guimarães<sup>1</sup>; Sidney Netto Parentoni<sup>1</sup>; Cleso Antônio Patto Pacheco<sup>1</sup>; Jane Rodrigues de Assis Machado<sup>1</sup>; Pedro Henrique Ferreira Gomes<sup>3</sup>, Kênia Grazielle de Oliveira<sup>3</sup>, Denize Pacheco Reis<sup>3</sup> e Rafaela Barbosa Tavares<sup>3</sup>

### Resumo

O objetivo deste trabalho foi propor um método de análise gráfica para avaliação do potencial de populações F2 para extração de linhagens de milho e classificação das populações em grupos heteróticos para produtividade de grãos. Foram avaliadas 30 populações F2, cruzadas com dois testadores divergentes e representantes dos grupos heteróticos Flint e Dent, em experimentos conduzidos em três locais, no ano agrícola 2008/09. Foram preditos os efeitos genotípicos via modelos mistos, sendo esses valores plotados em um gráfico de dispersão. Foi possível a definição de grupos heteróticos das novas populações-fonte e identificação daquelas mais promissoras para extração de linhagens. Além disso, foram identificadas populações com baixo mérito genético, possibilitando o descarte destas antes da derivação de linhagens. Conclui-se que a utilização do método de análise gráfica dos valores genotípicos pode promover maior eficiência para programas de melhoramento de milho que visam ao desenvolvimento de híbridos.

### Introdução

A utilização de testadores para avaliação do potencial de novas linhagens é uma prática rotineira nos programas de melhoramento de milho que visam ao 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<sub>2</sub>, por exemplo). O mérito genético destas novas linhagens é, então, posto à prova em ensaios de híbridos top-crosses, obtidos através de cruzamentos destas progênies 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 agrônomicas, como a resistência ao acamamento e quebraamento, 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 discriminação correta das novas linhagens em top-crosses.

Se existem testadores eficientes para 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 obtidos da análise dos híbridos top-crosses, consideraram-se os cruzamentos com duas linhagens de grãos duros e duas linhagens dentadas, como testadores. As linhagens que mostravam efeitos negativos para 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 que, 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).

Desta forma, percebe-se que 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 top-crosses 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. Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial de 30 populações F2, para extração de linhagens de milho e classificá-las em grupos heteróticos de acordo com o desempenho de seus cruzamentos com dois testadores divergentes pertencentes ao Programa de Melhoramento de Milho da Embrapa Milho e Sorgo.

### Material e Métodos

Foram avaliados 60 cruzamentos teste, sintetizados a partir da polinização de 30 populações F2 por duas linhagens-elite divergentes, representantes dos grupos heteróticos Duro (ou Flint) e Dentado (ou Dent), pertencentes ao programa de melhoramento de milho da Embrapa Milho e Sorgo. Os cruzamentos foram obtidos

<sup>1</sup> Pesquisadores, DSc. Embrapa Milho e Sorgo. Rd MG 424, km 45. CEP 35701-970. Sete Lagoas-MG. lauro@cnpmembrapa.br; <sup>2</sup> Doutoranda da Universidade Federal de Lavras, <sup>3</sup> Graduandos da UNIFEM - Sete Lagoas.

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 destas 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, existe 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<sup>-1</sup> da formulação 8-28-16, e em cobertura utilizou-se 100 kg.ha<sup>-1</sup> de nitrogênio, parcelados em duas aplicações nas fases de 4 e 8 folhas completamente expandidas.

Os dados de produtividade de grãos (PG) foram utilizados para este estudo, sendo esta característica corrigida para 13% de umidade e convertida para kg por hectare. Devido ao alto grau de desbalanceamento dos dados foi adotado um método de 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, 2007a), via máxima verossimilhança restrita (REML), para 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 (2007b).

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<sup>-1</sup> (Tabela 1). O coeficiente de variação experimental foi da ordem de 18%, e a estimativa de acurácia, foi de 94%. Segundo Resende (2007b), 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.

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 produtividade de grãos em milho.

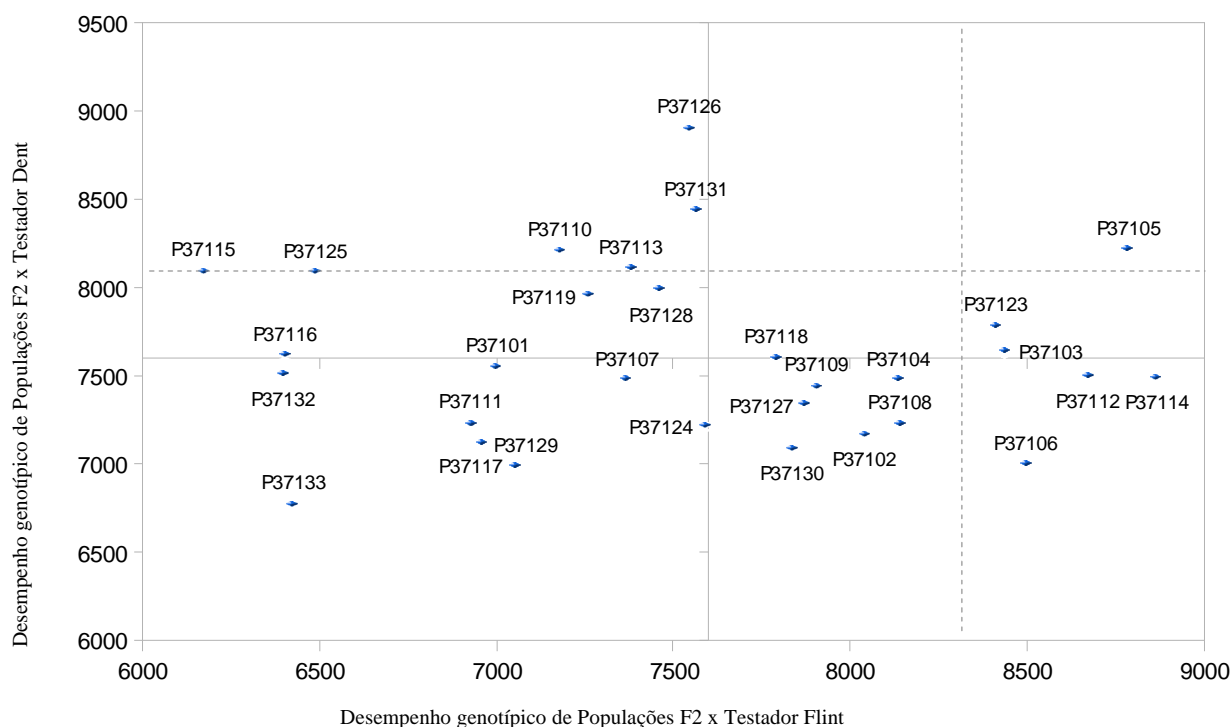
**Tabela 1.** Componentes de variâncias, acurácias e coeficientes de variação genotípico e residual, obtidos via REML individual, considerando a análise agrupada de 63 cultivares de milho, conduzidos em sete ensaios em blocos incompletos, na safra 2008/09, em Sete Lagoas – MG, Londrina – PR e Goiânia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

Efeito	Deviance	LTR ( $\bullet^2$ )	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 <sup>ns</sup>	24.556,78 <sup>ns</sup>
$h^2_{mg}$ (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 ( $\bullet^2$ ) com 1 grau de liberdade; <sup>ns</sup> não significativo.

Neste trabalho, é proposto a utilização dos valores genotípicos diretamente, para 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 tanto os efeitos genéticos aditivos e não aditivos, possibilitando a seleção de populações mais promissoras para 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 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.



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

Para as populações cruzadas com o testador Flint foi obtida a média geral de produtividade de grãos de 7.550 kg.ha<sup>-1</sup>, com desvio padrão (DP) de 761 kg.ha<sup>-1</sup>, e para as combinações com o testador dentado a média foi 7.599 kg.ha<sup>-1</sup>, com DP de 486 kg.ha<sup>-1</sup>. Com base nestes resultados, foi criado um ponto de corte, cujo valor foi igual a 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<sup>-1</sup> e, para os cruzamentos com o testador Dent, o ponto de corte foi de 8.085 kg.ha<sup>-1</sup> (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 que a existência de populações que apresentem 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 extração de linhagens úteis para cruzamentos com testadores 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 heteróticos 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).

Pode-se concluir que a utilização 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 ao desenvolvimento de híbridos.

### Agradecimentos

À Embrapa Milho e Sorgo e à FAPEMIG pelo apoio na divulgação dos resultados.

### Referências

- Barrios SCL, Duarte FC, Souza Jr. CL (2009). Alocação de linhagens de milho em grupos heteróticos baseando-se em marcadores moleculares e cruzamentos dialélicos. Resumos do 55º Congresso Brasileiro de Genética 30 de agosto a 02 de setembro de 2009 Centro de Convenções do Hotel Monte Real Resort, Águas de Lindóia – SP. [www.sbg.org.br](http://www.sbg.org.br) - ISBN 978-85-89109-06-2
- Li MS, Li XH, Deng LW, Zhang DG, Bai L, Zhang SH (2007). Comparisons of four testers in evaluating 27 CIMMYT and Chinese maize populations. *Maydica* 52: 173-179
- Melchinger AE (1999). Genetic diversity and heterosis. pp 99-118. In: J.G. Coors, S. Pandey (Eds.), *The genetics and exploitation of heterosis in crops*. CSSA-SP, Madison, Wisconsin, USA.
- Resende, MDV. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**/ Marcos Deon Vilela de Rezende. – Colombo: Embrapa Floresta, 2007b. 362p.
- Resende, MDV. **Software Selegem – REML/BLUP: Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**/ Marcos Deon Vilela de Rezende. – Colombo: Embrapa Floresta, 2007a. 350p.
- Pinto RMC, Garcia AAF, Souza Jr. CL. (2001). Alocação de linhagens de milho derivadas das populações BR-105 e BR-106 em grupos heteróticos. *Scientia Agricola*, v.58, n.3, p.541-548, jul./set.
- Vasal SK, Srinivasan G, Pandey S, Cordova HS, Han CG, Gonzalez C F (1992). Heterotic patterns of ninety-two white tropical CIMMYT Maize lines. *Maydica*, 37: 259 – 270.