



Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Centro Nacional de Pesquisa de Recursos Genéticos e Biotecnologia
Ministério da Agricultura e do Abastecimento
SAIN Parque Rural Asa Norte - Caixa Postal 02372 CEP.: 70.770-900 Brasília-DF
Fone: (061) 340 - 3600 FAX: (061) 340 - 3624
<http://www.cenagen.embrapa.br>

ISSN 0103-2895

PESQUISA EM ANDAMENTO

Nº 7, Nov./97, p. 1-3



AVALIAÇÃO, IDENTIFICAÇÃO DE PADRÕES HETERÓTICOS E SÍNTESE DE POPULAÇÕES NO GERMOPLASMA DE MILHO

Luciano Lourenço Nass¹
José Branco de Miranda Filho²

ATENÇÃO: Resultados provisórios sujeitos a confirmação

O germoplasma brasileiro de milho caracteriza-se por uma ampla variabilidade genética, sendo constituído por raças locais ou indígenas, populações adaptadas e materiais exóticos introduzidos. Entretanto, pouco se conhece sobre a potencialidade dos diferentes germoplasmas quanto às suas características agronômicas mais importantes e, principalmente, quanto à divergência genética e padrão heterótico em cruzamentos específicos.

O projeto tem como objetivos principais: a) realizar um estudo quantitativo de informações já existentes, publicadas ou não, sobre o valor genético das populações de milho e seus padrões heteróticos em cruzamentos; b) utilizar-se estas informações e as informações geradas no projeto, para orientar a síntese de novas populações base as quais serão classificadas por suas propriedades intrínsecas e pelo padrão heterótico em cruzamentos específicos.

O levantamento realizado sobre os estudos dialélicos no Brasil identificou a utilização de aproximadamente 170 populações de milho. Com os dados existentes das populações de milho do Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS) foram sintetizados quatro compostos, considerando-se as melhores estimativas de capacidade geral de combinação e buscando maximizar a heterose em cruzamentos. A composição de cada composto é a seguinte: **Grupo I (G1):** CMS 05, CMS 10, CMS 11, CMS 14, CMS 24; **Grupo II (G2):** CMS 03, CMS 04, CMS 06, CMS 12, CMS 15; **Grupo III (G3):** CMS 14C, CMS 28, CMS 39, BR 105, NITRODENT; **Grupo IV (G4):** CMS 50, BR 106, CUNHA, SINTÉTICO ELITE, SARACURA.

¹ Eng. Agr. PhD - Genética e Melhoramento de Plantas, Embrapa - Cenargen

² Eng. Agr. PhD - Genética Quantitativa, Prof. Titular - ESALQ



Após duas recombinações para homogeneização dos compostos, foram instalados 24 experimentos para avaliar o potencial genético *per se* de cada composto. Uma amostra aleatória de progêneres de meios irmãos foi utilizada nessa avaliação, sendo que o número total de progêneres avaliadas de cada composto foi respectivamente 110, 260, 440 e 380, para os compostos G1, G2, G3 e G4.

Todos os experimentos foram delineados em blocos casualizados completos com três repetições, sendo que as parcelas utilizadas foram constituídas por uma fileira de 4m, com espaçamento de 1m entre fileiras e 0,20m entre covas.

O híbrido triplo comercial G-85 foi utilizado como testemunha em todos os experimentos. Foram avaliados os seguintes caracteres: altura de planta (AP), altura de espiga (AE) e peso de espigas (PE). As médias ponderadas de cada composto para PE, AP e AE são apresentadas na Tabela 1. O composto G4 mostrou a melhor média ponderada para PE (169, 89 g/pl), seguido do composto G3 (158, 06), G2 (149, 22) e G1 (143, 68).

Estas médias expressas em porcentagem da testemunha corresponderam a 86,2%, 83,3%, 78,7% e 74,9%, respectivamente. O desempenho dos compostos G4 e G3 foram considerados bastante satisfatório para serem utilizados como população base em programas de melhoramento. Para os caracteres AP e AE, o composto G1 apresentou média semelhante a da testemunha; os outros compostos mostraram média um pouco maior que a da testemunha. Diferenças altamente significativas ($P < 0,01$) foram detectadas em todos os caracteres na análise de variância agrupada (ponderada).

A Tabela 2 apresenta as estimativas da variabilidade genética para os três caracteres. As estimativas da variância genética aditiva para PE foram 502,10; 584,00; 675,80 e 761,70 (g/pl)² para os compostos G1, G2, G3 e G4, respectivamente. Para o caráter AP, as estimativas da variância genética aditiva variaram de 339,90 a 445,25 cm^2 nos compostos G2 e G1, respectivamente. O composto G2 também apresentou a menor estimativa da variância genética aditiva (218,12), e G3, a maior estimativa (274,66) para o caráter AE.

Com base nas análises de variância, verificou-se que todos os compostos apresentaram médias satisfatórias e ampla variabilidade genética. Para cada composto foram selecionadas as progêneres superiores, sendo 25 para G1 e G2, e 30 para G3 e G4, as quais serão utilizadas para recombinação, completando, assim, um ciclo de seleção recorrente. Para avaliação da heterose definida por ocasião da síntese dos compostos serão utilizados esquemas dialélicos circulantes com $s = 4$ (número de cruzamentos de cada progênie). Serão realizados dois dialélicos, um envolvendo os cruzamentos entre G1 x G2, e outro, entre G3 x G4, os quais serão avaliados em dois ambientes (locais).

PESQUISA EM ANDAMENTO

PA/7, CENARGEN, Nov./1997 p. 3

Tabela 1. Médias dos compostos para peso de espiga, altura de planta e altura de espiga.

Compostos	Peso de espiga (g/pl)		Altura da planta (cm)		Altura da espiga (cm)	
	Progêneries	% Test. *	Progêneries	% Test.	Progêneries	% Test.
G1	143,68	74,9	188,3	100,2	92,5	100,2
G2	149,22	78,7	198,8	102,7	100,3	104,4
G3	158,06	83,3	199,0	103,2	100,0	104,7
G4	169,84	86,2	205,1	105,4	103,6	107,8

* Híbrido G-85

Tabela 2. Estimativas da variância genética entre progêneries (σ^2_p), variância ambiental entre parcelas (σ^2_e) e variância genética aditiva (σ^2_A) dos compostos para peso de espiga, altura da planta e altura de espiga.

Compostos	Peso de espiga (g/pl) ²			Altura da planta (cm) ²			Altura da espiga (cm) ²		
	σ^2_p	σ^2_e	σ^2_A	σ^2_p	σ^2_e	σ^2_A	σ^2_p	σ^2_e	σ^2_A
G1	125,52	362,08	502,10	111,31	111,62	445,25	56,95	76,55	227,82
G2	146,00	280,75	584,00	84,97	62,20	339,90	54,53	48,73	218,12
G3	168,95	319,78	675,80	99,89	72,04	399,56	68,66	55,94	274,66
G4	190,42	317,04	761,70	91,23	79,72	364,92	55,77	62,33	223,08