

COMPONENTES DE VARIÂNCIA GENÉTICA DE POPULAÇÕES DERIVADAS DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MILHO¹

FRANCISLEI VITTI RAPOSO², MAGNO ANTÔNIO PATTO RAMALHO²

¹Extraído da tese de doutorado do primeiro autor, apresentada à Universidade Federal de Lavras - UFLA, Lavras, MG.

²Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia. Caixa postal 37, CEP. 37200-000 Lavras, MG. E-mail: magnoapr@ufla.br (autor para correspondência)

Revista Brasileira de Milho e Sorgo, v.3, n.3, p.402-413, 2004

RESUMO - O objetivo do presente trabalho foi de estimar os componentes da variância genética intra e interpopulacionais de duas populações S_0 derivadas dos híbridos simples comerciais AG9012 e C333, com o intuito de avaliar o seu potencial para programas de seleção recorrente intra ou interpopulacionais. Para isso, foram aleatoriamente autofecundadas 169 plantas S_0 , obtendo-se as progênies S_1 . Uma parte das sementes de cada progênie foi armazenada e o restante utilizado para gerar progênies de meios-irmãos intra e interpopulacionais. Os diferentes tipos de progênies, (S_1 meios-irmãos intra e interpopulacionais) de ambas as populações, foram avaliados na safra 2000/01, no município de Ijaci, localizado na região Sul do Estado de Minas Gerais, utilizando-se o delineamento de látice simples 13x13. A partir das esperanças dos quadrados médios, foram estimados os componentes da variância genética para o peso de espigas despalhadas. As estimativas obtidas, associadas ao desempenho médio das progênies avaliadas, possibilitam inferir que as duas populações derivadas de híbridos simples comerciais são promissoras para programas de seleção recorrente intra ou interpopulacionais. Constatou-se, também, predominância do efeito aditivo no controle do caráter avaliado. E embora as populações apresentassem depressão por endogamia, condição esta necessária para a ocorrência de estimativas de variância de dominância, diferente de zero, esta foi nula para uma das populações. Com relação à estimativa da variância genética aditiva interpopulacional, esta foi de grande magnitude. Porém, a sua decomposição na variância dos desvios dos efeitos aditivos inter e intrapopulacionais ($\sigma_{\tau_{\text{inter}}}^2$) e também na covariância entre esses desvios e seus efeitos aditivos ($Cov_{(\tau_{\text{inter}}, \tau_{\text{intra}})}$) não permitiu inferências conclusivas sobre as propriedades genéticas das duas populações.

Palavras-chaves: Genética quantitativa, Seleção recorrente recíproca, *Zea mays*, Ganho estimado.

GENETIC VARIANCE COMPONENTS IN POPULATIONS DERIVED FROM SINGLE CROSS MAIZE HYBRIDS

ABSTRACT - This study was carried out to estimate the components of the intra and inter population genetic variance of two S_0 maize populations derived from the AG9012 and C333 single cross commercial hybrids to assess their potential in intra and inter population recurrent selection programs. For this purpose, 169 random S_0 plants were self-pollinated to obtain the S_1 progenies. Seeds of each S_1 progeny were used to generate intra and inter population half sib progenies and the remnant seed was stored. Therefore,

S_1 progenies and intra and inter population half sib progenies from each population were available. These three different progeny types from both populations were assessed at Ijaci-MG in the 2000/01 growing season, in a 13 x 13 simple lattice design with plots formed by a three-meter row. In all experiments, data on de-hulled corn ear weight were obtained and the genetic variance components estimated from the expected mean squares of the analyses of variance. The obtained estimates, especially those of heritability for intra and inter population selection and progeny mean performance, allowed to infer that the two single cross commercial hybrids derived populations are promising for use in intra and inter population recurrent selection programs. The magnitude of the estimate of additive genetic variance (σ_A^2) was large in both populations, showing the predominance of the additive effect in the control of the assessed trait. Although the populations presented variability and inbreeding depression, which are necessary conditions for dominance assessment, the estimates of dominance variance were negative in cases. On the other hand, the estimate of inter population additive genetic variance was of large magnitude. However, its partitioning in variance of the deviation of the intra and inter population additive effects ($\sigma_{i...}^2$) and, also, in the covariance between these deviations and its additive effects ($Cov_{(i...w)}$), did not allow conclusive inferences on the genetic properties of the two populations.

Key words: Quantitative genetics, Reciprocal recurrent selection, *Zea mays*, Estimated response.

O conhecimento das estimativas dos componentes da variância genética é de fundamental importância no trabalho dos melhoristas, pois permitem a estes a utilização de estratégias apropriadas para se obter sucesso nos programas de melhoramento. Para a obtenção destas estimativas podem ser utilizados alguns procedimentos, como os delineamentos especiais propostos por Comstock & Robinson (1948), os cruzamentos dialélicos e a avaliação de progênies. Utilizando estes procedimentos, várias estimativas já foram obtidas. Levantamento destas estimativas para a cultura do milho foi realizado por Hallauer & Miranda Filho (1988), os quais comentam que, para a produtividade de grãos, a variância aditiva (σ_A^2) é responsável por 61,2% da variância genética presente nas populações de milho e a variância de dominância (σ_D^2) por 38,8%. Para outros caracteres, apesar do número de experimentos ser menor, observou-se que a participação da σ_D^2 é ainda menos expressiva.

Grande parte das populações utilizadas nos programas de melhoramento conduzidos no Brasil é de ampla base genética. Estimativas da variância genética aditiva destas populações, obtidas principalmente pela avaliação de progênies de meios-irmãos (Ramalho, 1977; Vencovsky *et al.*, 1988 e Alves, 2002), permitem inferir que existe suficiente variabilidade genética nas populações utilizadas pelos melhoristas brasileiros. Já com relação à variância genética aditiva interpopulacional, embora sejam poucos os relatos na literatura, os existentes apontam que ela também é expressiva (Takeda, 1997).

Outro tipo de população com grande potencial e que tem sido pouco utilizada são aquelas derivadas de híbridos simples comerciais. Entre as vantagens de se utilizar este tipo de população destaca-se o fato destas apresentarem ampla adaptação e alto potencial produtivo, já que os híbridos (F_1) que originam estas populações só são recomendados comercialmente se

mostrarem bom desempenho em nível nacional. Como os híbridos comerciais são altamente heterozigóticos, espera-se que estas populações apresentem grande variabilidade. Desse modo, associam os dois aspectos que os melhoristas utilizam na escolha de uma população, isto é, média alta e grande variação.

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

Material e Métodos

Foram utilizadas populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg, denominadas 1 e 2, originárias dos híbridos simples comerciais AG9012 e C333 respectivamente. Estes híbridos comerciais apresentam alta divergência genética, complementando-se bem, sendo o híbrido duplo originário deste cruzamento muito produtivo conforme relatam Souza Sobrinho *et al.*, (2001).

Inicialmente, foram obtidas 169 progênies das populações 1 e 2. Parte das sementes foi guardada e o restante utilizado na obtenção das progênies de meios-irmãos intrapopulacionais (MI intra) e interpopulacionais (MI inter). Para a obtenção destes dois tipos de progênies utilizou-se dois campos isolados. No primeiro, a linha macho foi constituída por mistura de sementes da população 1, e as linhas fêmeas, constituídas

pelas 169 progênies S_1 das populações 1 e 2. Cada progênie foi representada por uma linha de três metros, sendo semeadas quatro linhas fêmeas para uma de macho. O segundo campo foi idêntico ao anterior, exceto que a linha macho foi semeada com sementes da população 2.

Além das progênies de MI intra e MI inter de ambas as populações, também foram avaliadas as progênies S_1 . No total, foram avaliados três tipos de progênies originárias de 169 plantas de cada população. Os experimentos foram instalados no município de Ijaci, localizado na região Sul do Estado de Minas Gerais, a 950 metros de altitude, $21^{\circ} 14' S$ de latitude e $45^{\circ} 00' W$ de longitude, utilizando-se o delineamento de látice simples 13×13 . A parcela foi constituída por uma linha de três metros, com cinco plantas por metro após o desbaste, e espaçamento entre linhas de 90 centímetros. Para todos os tipos de progênies foi realizada adubação equivalente a 550 kg ha^{-1} de fertilizante da fórmula $8-28-16 + \text{Zn}$, de N, P_2O_5 , K_2O na semeadura e, em cobertura, 100 kg ha^{-1} de sulfato de amônio, 25 dias após a emergência. Os demais tratamentos culturais foram aqueles normalmente recomendados para a cultura na região.

Os dados referentes ao peso de espigas despalhadas (Pesp) foram corrigidos para umidade padrão de 13% e para o estande ideal de 15 plantas por parcela, pelo emprego do método baseado na covariância (Vencovsky & Barriga, 1992). A partir das esperanças dos quadrados médios, da análise de cada experimento (diferentes tipos de progênies), foram obtidas as estimativas dos componentes de variância e de alguns parâmetros genéticos e fenotípicos. Estimou-se também, a covariância genética intrapopulacional, entre as progênies S_1 e de MI de cada população, utilizando-se para isto o método dos quadrados mínimos ponderados conforme

metodologia utilizada por Raposo (2002). Já os componentes interpopulacionais foram estimados utilizando-se procedimento semelhante ao apresentado por Arias (1995).

Também obteve-se a estimativa do ganho esperado no híbrido interpopulacional, da seguinte forma: $GS_{hibrido} = (h^2_m \cdot ds_x)_1 + (h^2_m \cdot ds_x)_2$, em que, ds_x é o diferencial de seleção, ou seja, a média das 15 progênies de meios-irmãos interpopulacionais mais produtivas de cada população menos a média original da população de referência, representada pelas 169 progênies de meios-irmãos interpopulacionais da respectiva população; h^2_m é a herdabilidade ao nível de médias das progênies híbridas de ambas as populações.

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

Resultados e Discussão

As estimativas obtidas para a precisão experimental, medida pelo coeficiente de variação (CV%), podem ser consideradas boas (Tabela 1). Verificou-se que para as progênies endogâmicas, a estimativa do CV% foi sempre superior. Esse fato também foi constatado por Alves (2002), com a população CMS39. O autor comenta que isto pode ter ocorrido por algumas razões. Uma delas é que, devido à endogamia, a média geral é menor e, como se sabe, a estimativa do coeficiente de variação é afetada ao inverso por este parâmetro. Uma outra razão é atribuída

à variabilidade dentro da parcela observada, mesmo com progênies endogâmicas, quando submetidas à avaliação experimental principalmente se comparada à avaliação de progênies com um certo vigor heterótico, contribuindo desta forma para o aumento da variância ambiental (Janick, 1999).

Foram detectadas diferenças significativas ($P \leq 0,05$) para os diferentes tipos de progênies em ambas as populações (Tabela 1), confirmando o fato de que estes híbridos envolvidos devem possuir grande número de locos em heterozigose.

Um outro resultado que chama a atenção é o desempenho das progênies endogâmicas S_1 em relação às progênies de meios-irmãos intrapopulacionais, o que permite avaliar o efeito da endogamia. Verificou-se que a depressão média por endogamia foi de 30,5% e 33,0% nas populações 1 e 2 respectivamente. Esses valores são semelhantes aos obtidos por Souza Sobrinho *et al.*, (2001), utilizando estas mesmas populações. Verificou-se também que o efeito da endogamia variou entre as progênies. Isto ocorre porque as frequências de locos em heterozigose nas plantas S_0 , que originaram as progênies S_1 , evidentemente são diferentes.

É oportuno comentar que o desempenho produtivo médio das progênies interpopulacionais de ambas as populações foi muito semelhante, evidenciando que a amostra (169 progênies) utilizada para representar a população foi adequada.

Uma outra comparação importante é entre o desempenho médio das progênies de meios-irmãos intra e interpopulacionais. Nesse caso, a superioridade das progênies híbridas em relação aos meios-irmãos intrapopulacionais foi de 38,0% para a população 1 e 20,5% para a população 2. Esse resultado, coerentemente com aqueles relatados para a depressão por endogamia,

TABELA 1. Resumo das análises de variâncias, desempenho médio e amplitude de variação do caráter peso de espigas despalhadas - Pesp (kg parcela⁻¹), dos diferentes tipos de progênies provenientes das populações 1 e 2. Safra 2000/01. Ijaci-MG.

FV	GL	QM					
		População 1			População 2		
		S ₁	MI _{Intra}	MI _{Inter}	S ₁	MI _{Intra}	MI _{Inter}
Repetição	1	0,010	1,933	4,495	2,253	1,709	1,331
Trat. Ajustados	168	0,134**	0,192**	0,219*	0,090*	0,133**	0,177*
Erro efetivo	144	0,057	0,096	0,171	0,066	0,086	0,125
Ef. do látice (%)		3,89	18,00	12,31	6,91	13,19	31,48
CV (%)		19,46	17,49	16,88	19,19	14,67	14,64
Média		1,23	1,77	2,45	1,34	2,00	2,41
Limites ¹		0,57-1,88	1,08-2,64	1,63-3,72	0,68-1,86	1,31-2,96	1,46-3,23
AV (%) ²		106,50	88,13	85,30	88,06	82,50	73,44

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

² Amplitude de variação em porcentagem da média.

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

Com relação à existência de variação nos diferentes tipos de progênies, esta é realçada pela amplitude das médias apresentadas (Tabela 1). Chama a atenção especialmente a variabilidade

dos diferentes tipos de progênies interpoblacionais, mostrando, como já salientado, o potencial de se utilizar essas populações na seleção recorrente recíproca, e mais ainda, o de se obter a curto prazo combinações híbridas superiores aos genitores que originaram as populações S₀. Esta variabilidade genética também pode ser comprovada pela estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos intra e interpoblacionais (Tabela 2). Verifica-se que as estimativas de variâncias genéticas entre os diferentes tipos de progênies (σ_G^2) foram altas e com valores do limite inferior sempre positivos, possibilitando inferir, com 95% de probabilidade, que estes componentes são diferentes de zero.

Considerando que, entre progênies S₁, é liberado $\sigma_A^2 + 1/4\sigma_{Dw}^2$ e entre progênies de meios-irmãos intrapoblacionais, $1/4\sigma_A^2$, era esperado que a variância entre progênies S₁ fosse superior

TABELA 2. Estimativas da variância fenotípica média ($\hat{\sigma}_F^2$), variância genética ($\hat{\sigma}_G^2$) e herdabilidade ao nível de média (\hat{h}_m^2), obtidas a partir da análise do caráter peso de espigas despalhadas - Pesp (kg parcela⁻¹), dos diferentes tipos de progênies.

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

^{1/}Limite inferior e ^{2/} superior das estimativas de variância genética e da herdabilidade.

a de meios-irmãos (Souza Júnior, 1989). Veja, contudo, que isso não ocorreu. A provável explicação é que as progênies S₁, por serem endogâmicas, têm menor produtividade de espigas despalhadas e, por conseguinte, a variância entre elas é de menor magnitude. É preciso enfatizar, contudo, que no presente trabalho os erros associados às estimativas de σ_G^2 foram elevados e que as variâncias nas duas populações estiveram dentro do intervalo de confiança das estimativas, portanto podem ser consideradas semelhantes.

A comparação de estimativas de variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_{A_w}^2$) intrapopulacionais liberada em ambas as populações com as obtidas em outras situações é dificultada, sobretudo, pela unidade utilizada e pelo fato de que, em muitos casos, é obtido o dado em peso de grãos e não o

peso de espigas, como foi no presente trabalho. As estimativas obtidas ao nível de plantas individuais (Tabela 3), 229,94 (g/planta)² para a população 1 e 49,44 (g/planta)² para a população 2, são semelhantes aos relatados em levantamentos na literatura (Ramalho, 1977; Vencovsky *et al.*, 1988). Evidenciando, como já comentado, o potencial da utilização destas populações em programas de melhoramento.

Contudo, uma das estimativas de variância genética de dominância ($\hat{\sigma}_{D_w}^2$) foi negativa, ou seja, nula. A provável razão para este fato talvez seja a baixa magnitude da variância genética entre progênies S₁ em relação à de meios-irmãos intrapopulacional. Na literatura, são comuns relatos da ocorrência de componentes negativos de σ_D^2 . Alves (2002), com a população CMS39 e utilizando progênies S₁, de meios-irmãos

TABELA 3. Estimativas da variância genética aditiva intrapopulacional ($\hat{\sigma}_{A_w}^2$), da variância de dominância intrapopulacional ($\hat{\sigma}_{D_w}^2$), da variância genética aditiva interpopulacional ($\hat{\sigma}_{A_w}^2 *$), da variância genética dos desvios dos efeitos aditivos intra por interpopulacionais ($\hat{\sigma}_{t_w}^2$) e da covariância dos efeitos aditivos com seus desvios intra por interpopulacionais $Côv_{(A_w t_w)}$, para o peso de espigas despalhadas das populações 1 e 2.

Populações	Parâmetros (x 10 ⁴)				
	Intrapopulacionais		Interpopulacionais		
	$\hat{\sigma}_{A_w}^2$	$\hat{\sigma}_{D_w}^2$	$\hat{\sigma}_{A_w}^2 *$	$\hat{\sigma}_{t_w}^2$	$Côv_{(A_w t_w)}$
1 - AG9012	517,37	-219,04	1928,88	-121,85	-208,08
	(496,17) ^{1/}	(1104,87)	-	-	-
2 - C333	111,25	239,57	933,91	148,08	-7,27
	(295,36)	(618,26)	-	-	-
R ² #	91,86	94,99			

^{1/} Erros associados às estimativas das variâncias aditivas e dominância; # Coeficiente de determinação.

e irmãos germanos, também obteve estimativas de $\hat{\sigma}_D^2$ negativas para o mesmo caráter avaliado nesse experimento. Já Hallauer & Miranda Filho (1988), em levantamento de 99 estimativas envolvendo populações F₂, sintéticos e compostos, mencionaram a ocorrência de estimativas negativas e que a relação entre $\hat{\sigma}_D^2 / \hat{\sigma}_A^2$ foi de 0,6343. Vale salientar que, nesse levantamento, a maioria das estimativas foi obtida utilizando-se os delineamentos de Comstock & Robinson (1948), portanto, sem utilizar progênies endogâmicas. O mesmo fato também tem sido observado para alguns caracteres em trabalhos conduzidos com plantas autógamas (Souza *et al.*, 1993; Morais, 1992). Pode-se então inferir que o emprego de progênies endogâmicas associadas a progênies não endogâmicas, para a obtenção de estimativas dos componentes de variância genética, deve ser evitado.

Constata-se também que os valores de herdabilidade obtidos para a população 1, originária do AG9012 (Tabela 2), principalmente quando se avaliaram as progênies endogâmicas S₁ e de meios-irmãos intrapopulacionais, foram de grande magnitude. Na literatura há inúmeros relatos de estimativas de herdabilidade para a seleção entre diferentes tipos de progênies intrapopulacionais para o peso de grãos ou de espigas despalhadas. Em levantamento realizado por Lamkey & Hallauer (1987), a estimativa de h_m^2 com progênies de meios-irmãos foi de 58,5% e com S₁ de 79,8%. Comparando-se as estimativas da h_m^2 entre progênies de meios-irmãos intra e interpopulacionais, observa-se que estas foram discrepantes, tanto na mesma população como entre populações, e que os valores obtidos são também semelhantes aos relatados na literatura para progênies interpopulacionais (Takeda, 1997).

Segundo Souza Júnior (1993) a variância genética aditiva interpopulacional ($\sigma_{A_w}^2$) pode ser decomposta nos seguintes componentes: $\sigma_{A_w}^2 = \sigma_{A_w}^2 + \sigma_{t_w}^2 + 4Cov_{(A_w t_w)}$, em que, ($\sigma_{A_w}^2$) é a variância genética aditiva intrapopulacional, ($\sigma_{t_w}^2$) é a variância genética dos desvios dos efeitos aditivos inter e intrapopulacionais e ($Cov_{(A_w t_w)}$) a covariância genética dos efeitos aditivos intrapopulacionais com os desvios dos efeitos aditivos inter e intrapopulacionais. Verificou-se que a estimativa de $\sigma_{t_w}^2$ foi negativa para uma das populações (Tabela 3). Esse resultado negativo, por se tratar de uma variância, não era esperado. Como foi demonstrado por Souza Júnior (1993), essas variâncias são funções das frequências alélicas das populações envolvidas e da presença de dominância, ou seja, $\sigma_{t_1}^2 = 8pq(p-r)^2\delta^2$ e $\sigma_{t_2}^2 = 8rs(p-r)^2\delta^2$. Nessas expressões p e r referem-se às frequências dos alelos favoráveis nas populações 1 e 2, respectivamente e q e s à frequência dos alelos desfavoráveis nas mesmas condições, já d representa o valor genotípico do heterozigoto. Assim este parâmetro depende da divergência genética e de efeitos de dominância, o que foi constatado pela heterose identificada no desempenho médio das progênies híbridas (Tabela 1). Não existem muitas estimativas de $\sigma_{t_w}^2$ na literatura. Arias (1995), utilizando as populações BR105 e BR106 obteve valores positivos de $\sigma_{t_w}^2$ para o caráter produtividade de espigas.

Já com relação às estimativas de covariância entre os efeitos aditivos e seus desvios intra e interpopulacionais ($Cov_{(A_w t_w)}$), esta foi negativa em ambas as populações. Em realidade, por ser uma covariância, ela pode assumir valores positivos e negativos e a inferência a ser realizada depende evidentemente da sua magnitude e sinal. O que determina essa covariância foi também demonstrado por Souza Júnior (1993),

ou seja: $Cov_{(A_w t_1)} = 2pq(p-r)[\alpha + (q-p)\delta]$ e $Cov_{(A_w t_2)} = 2rs(r-p)[\alpha + (s-r)\delta]$. Sendo, α a contribuição dos locos em homozigose, ou seja, a metade da diferença dos valores dos homozigotos. No caso de populações derivadas de híbridos simples, nos locos que estão segregando em ambas as populações $p = q = r = s = 1/2$ e, portanto, eles não contribuem para a covariância. Já nos locos que estão segregando em uma população e não na outra, tem-se ($p = q = 1/2$) e ($r = 1,0$ ou $0,0$) e, assim, contribuem para a estimativa. Nesse caso será, positivo para uma população e negativo para outra. Contudo, como são inúmeros locos, eles podem se cancelar. Podem ocorrer casos em que os locos estejam fixados nas duas populações. Assim ambas as populações serão **BB** não havendo divergência ou, então, ($p=1,0$ e $r = 0,0$). Portanto, **BB** em uma delas e na outra **bb**, onde a divergência seria máxima. Como se depreende, é difícil, pela magnitude e sinal da covariância, inferir sobre a composição genética das duas populações.

Verifica-se que os ganhos interpopulacionais, para cada população, foram muito semelhantes e propiciaram, em relação à média, ganho estimado no híbrido interpopulacional de 12,2% (Tabela 4). A comparação entre estimativas de ganho de seleção nem sempre são muito fáceis, pois existem diferenças entre as populações utilizadas, precisão experimental das avaliações e o diferencial de seleção utilizado. Contudo, alguma inferência a respeito pode ser formulada. Por exemplo, esses ganhos são semelhantes aos relatados com o híbrido interpopulacional Br-105 x Br-106 (Arias, 1995; Rezende & Souza Júnior, 2000). Na literatura, existem relatos de ganho realizado com a seleção recorrente recíproca (SRR) a longo prazo, com mais de oito ciclos seletivos. Nesses casos, o ganho médio é de aproximadamente 5,0%

(Menz, 1997; Rademacher *et al.*, 1999; Hallauer, 1999) portanto, inferior ao relatado no presente trabalho. Esses resultados evidenciam que é possível ter progressos substanciais com a seleção nas populações híbridas derivadas de dois híbridos simples comerciais. Raposo *et al.* (2003) relatam ganho realizado de 5,2% após um ciclo de seleção recorrente recíproca, utilizando as mesmas populações envolvidas neste trabalho, confirmando a tendência de sucesso já prevista com a utilização desta estratégia.

Estudos teóricos têm demonstrado que, quando se realiza a seleção recorrente recíproca, observa-se ganhos expressivos no desempenho do híbrido, como já mencionado. Entretanto, especialmente para uma das populações, não há ganho ou este ganho é até mesmo negativo (Souza Júnior, 1993). Existem inclusive vários resultados na literatura que atestam essa observação (Souza Júnior, 1999). Para comparar esses resultados foi estimado, no presente trabalho, qual seria o ganho intrapopulacional em ambas as populações, considerando como unidade seletiva as 15 progênies de meios-irmãos interpopulacionais com melhor desempenho (Tabela 4). A estimativa do ganho indireto com a seleção variou entre as populações, ele foi maior na população de AG9012 (5,8%); já na população do C333 o progresso foi de apenas 3,2%. Como termo de comparação foi estimado o ganho direto

esperado tomando como referência as progênies de meios-irmãos intra com melhor desempenho *per se*. Verifica-se que o ganho esperado com a seleção foi bem superior: 15,8% para o AG9012 e 9,0% para o C333.

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

Conclusões

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

As estimativas das variâncias genética aditiva (σ_A^2), em ambas as populações, foram de

TABELA 4. Estimativas do ganho esperado nas populações, tendo como unidades seletivas as progênies de meios-irmãos inter (ganho indireto) e intrapopulacionais (ganho direto) e no híbrido interpopulacional, para a produtividade de espigas despalhadas (kg parcela⁻¹).

Ganho com a seleção (Gs)	População 1	População 2	Híbrido
Intrapopulacional			
Direto	0,280 (15,84%)	0,179 (8,96%)	-
Indireto	0,102 (5,76%)	0,063 (3,15%)	-
Interpopulacional	0,139	0,157	0,296 (12,2%)

grande magnitude, evidenciando a predominância do efeito aditivo. Embora as populações apresentassem variabilidade e depressão por endogamia, condições essas necessárias para a ocorrência de altas estimativas de variância de dominância, observou-se valor nulo para uma das populações.

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

Agradecimentos

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo suporte financeiro concedido para a realização deste projeto.

Literatura Citada

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

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

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

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

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

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

JANICK, J. Exploitation of heterosis: Uniformity and Stability. In: COORS, J.G.; PANDEY, S. (ed.). **Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops**. Madison: American Society of Agronomy, 1999. 524 p.

LAMKEY, K.R.; HALLAUER, A.R. Heritability estimated from recurrent selection experiments in maize. **Maydica**, Bergamo, v.32, n.1, p.61-78, 1987.

LIMA, M.W.P.; SOUZA, E.A.; RAMALHO, M.A.P. Procedimentos para a escolha de populações de milho para extração de linhagens. **Bragantia**, Campinas, v.59, n.2, p. 153-158, 2000.

MENZ, M.A. Comparative response to selection of two reciprocal recurrent selection procedures in BS21 and BS22 maize populations. Ph.D. diss. Iowa State Univ., Ames. 1997

MORAIS, O.P. de **Análise multivariada da divergência de progenitores, índice de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercrossamentos usando macho**

esterelidade. 1992. 251p Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X.; CRUZ, C.D.; GUIMARÃES, P.E.O.; PARENTONI, SN.; GAMA, E.E.G.; CARVALHO, H.W.L.; VIEIRA, P.A.; SILVA, A.E. Avaliação da depressão por endogamia em 28 populações elites de milho In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 22., 1998, Recife. **Anais...** Recife, 1998. CD-ROM.

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

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

RAPOSO, F.V. **Seleção recorrente recíproca em populações derivadas de híbridos simples de milho**. 2002. 106p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras. Lavras.

RAPOSO, F.V. RAMALHO, M.A.P.; RIBEIRO, P.H.E. Alterações na heterose após a seleção recorrente recíproca em populações derivadas de híbridos simples de milho. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. (no prelo).

RESENDE, G.S.P; SOUZA JÚNIOR, C.L. de. A Reciprocal recurrent selection procedure outlined to integrate hybrid breeding programs in maize.

Journal of Genetics & Breeding. Roma, v.54, n.1, p.57-66, Jan. 2000.

SOUZA E.A.; FERREIRA, D.F.; RAMALHO, M.A.P. Samples-size for estimating the within plot variance in experiments designed to evaluate common bean progênies. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.16, n.4, p.977-982, dez, 1993.

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

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

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

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

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

SOUZA JÚNIOR, C.L. de.; SANTOS, M.X.dos.; MAGNAVACA, R.; GAMA, E.E.G. Estimativas de parâmetros genéticos na interpopulação de milho Br-105 x Br-106 e suas implicações no

melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.28, n.4, p.473-479, abr. 1993.

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

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

TROYER, A.F.; OPENSHAW, S.J.; KNITTLE, K.H. Measurement of genetic diversity among popular commercial corn hybrids. **Crop Science**, Madison, v.28, n.3, p.481-485, May/June 1988.

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

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