

**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Relações entre seleção de testadores de milho
e suas divergências genéticas**

Geovani Ferreira Alves

**Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em
Agronomia. Área de concentração: Genética e Melhoramento
de Plantas**

**Piracicaba
2006**

Geovani Ferreira Alves
Engenheiro Agrônomo

**Relações entre seleção de testadores de milho
e suas divergências genéticas**

Orientador:
Prof. Dr. CLÁUDIO LOPES DE SOUZA JÚNIOR

**Tese apresentada para obtenção do título de Doutor em
Agronomia. Área de concentração: Genética e Melhoramento
de Plantas**

Piracicaba
2006

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP**

Alves, Geovani Ferreira

Relações entre seleção de testadores de milho e suas divergências genéticas / Geovani Ferreira Alves. - - Piracicaba, 2006.
145 p.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2006.
Bibliografia.

1. Correlação genética 2. Linhagens vegetais 3. Melhoramento genético vegetal 4. Milho 5. Seleção genética 6. Variação genética em plantas I. Título

CDD 633.15

“Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor”

Aos meus pais, Ivete e Geraldino,
pelo sacrifício para que eu chegasse até aqui.

À minha querida esposa, Fabiana,
companheira de todas as horas, pelo amor e incentivo.

Ao meu tesouro, Giulia,
razão de viver.

Dedico

Agradecimentos

A Deus, pelo dom da vida.

A Universidade de São Paulo.

A CAPES pela concessão da bolsa de estudos.

Ao Prof. Cláudio Lopes de Souza Júnior, pela orientação, incentivo, amizade e exemplo profissional em todas as horas. Levarei por toda a minha vida o privilégio de ter sido seu orientado.

Aos docentes do Departamento de Genética e Estatística da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, pelos ensinamentos transmitidos durante minha vida acadêmica.

Aos membros da banca examinadora, pelas críticas e sugestões.

Aos colegas de laboratório, Aurélio Mendes Aguiar, Dyeme Antônio Viera Bento, Emiliano Nassau, Gustavo Vitti Moro, José Ubirajara Vieira Moreira, Luciana Aparecida Carlini Garcia, Mateus Figueiredo Santos, Milena de Luna Alves Lima, Pedro Radi Belicuas, Sydney Netto Parentoni e Tassiano Maxwell Marinho Câmara, pela amizade e ajuda em todos os momentos.

Aos funcionários do Departamento de Genética, em especial ao Sr. Ariberto Soares de Oliveira, pela amizade sincera, competência e compromisso com o trabalho.

Aos amigos Agassi e Farias, Silvana e João, Vandeco, Márcia e Alderi, Paulo Alencar e Cristina, Anderson Lange, Gustavo Marques, pela agradável convivência e momentos de descontração.

Aos meus tios Edson e Ademilde, Pedro e Leninha, Mauro Nilton e Ilza, João Carlos e Edna, pelo incentivo e apoio em todos os momentos.

A todos aqui não mencionados que, de certa forma, contribuíram para a concretização deste trabalho.

SUMÁRIO

RESUMO.....	07
ABSTRACT.....	08
1 INTRODUÇÃO.....	09
2 DESENVOLVIMENTO.....	11
2.1 Revisão bibliográfica.....	11
2.1.1 O milho híbrido.....	11
2.1.2 Seleção de testadores.....	12
2.1.3 Relação entre testadores e testecrosses.....	16
2.1.4 Relação entre distâncias genéticas e divergências entre os parentais.....	20
2.2 Material e métodos.....	26
2.2.1 Material genético.....	26
2.2.2 Execução experimental.....	27
2.2.2.1 Avaliação dos testecrosses.....	27
2.2.2.2 Avaliação dos testadores e linhagens.....	30
2.2.2.3 Genotipagem.....	31
2.2.3 Análises Estatístico-Genéticas.....	31
2.2.3.1 Análises de variâncias dos testecrosses.....	31
2.2.3.2 Análises de variâncias dos testadores e linhagens.....	34
2.2.3.3 Divergência entre os testadores.....	34
2.2.3.4 Análise dialélica.....	37
2.2.3.5 Correlação entre testecrosses.....	39
2.2.3.6 Associação entre divergência genética dos testadores e as correlações entre testecrosses.....	40
2.2.3.7 Correlação entre produção de grãos e componentes de produção.....	40
2.2.3.8 Comparações de seleção de testecrosses em diferentes testadores.....	41
2.3 Resultados e discussão.....	43
2.3.1 Análises individuais.....	43
2.3.2 Análises Conjuntas.....	45
2.3.3 Análises de variâncias das linhagens.....	49
2.3.4 Análises dialélicas.....	51

2.3.5 Alocação das linhagens em grupos heteróticos.....	56
2.3.6 Correlações entre os testecrosses.....	59
2.3.7 Correlação entre produção e componentes de produção.....	62
2.3.8 Divergências genéticas dos testadores e correlações entre testecrosses.....	64
2.3.9 Intensidades de seleção que podem ser aplicadas nos testecrosses.....	68
2.3.10 Considerações gerais.....	73
3. CONCLUSÕES.....	79
REFERÊNCIAS.....	81
ANEXOS.....	90

RESUMO

Relações entre Seleção de Testadores de Milho e suas Divergências Genéticas

Os objetivos deste trabalho foram relacionar as magnitudes das correlações entre os testecrosses com as divergências genéticas dos testadores, a fim de verificar a possibilidade da redução do número de testadores e, também, se a intensidade de seleção que pode ser aplicada é função das divergências genéticas dos testadores. Cinco testadores, previamente avaliados em um dialelo completo, foram cruzados com 50 linhagens de diferentes grupos heteróticos, em um esquema fatorial. Os 250 testecrosses foram avaliados em 13 ambientes no delineamento de látice simples 16x16; sendo que seis híbridos comerciais foram alocados nos experimentos como testemunhas. Os caracteres avaliados foram: produção de grãos corrigida para 15% de umidade (PROD), florescimento masculino (FM) e feminino (FF), altura da planta (AP) e espiga (AE), posição relativa da espiga (PRE), acamamento de plantas (ACMQ), prolificidade (PROL), comprimento de espiga (CE), diâmetro de espiga (DE), diâmetro de sabugo (DS), profundidade de grão (PROF), número de fileiras (NFIL), número de grãos por fileira (NGF) e peso de 500 grãos (P500). Os mesmos caracteres avaliados nos testecrosses também foram avaliados nos testadores em quatro ambientes no delineamento blocos completos, com duas repetições por ambiente. Os testadores foram genotipados utilizando marcadores moleculares do tipo AFLP. A divergência genética dos testadores foi mensurada com base nos marcadores AFLP (DG), distância de Mahalanobis (DM) e capacidade específica de combinação (CEC). Os grupos heteróticos foram estabelecidos para estas três medidas de divergência genética. As análises dialélicas mostraram que a capacidade geral de combinação (CGC) foi mais importante do que a capacidade específica de combinação (CEC) para todos os caracteres, exceto para produção de grãos em que a CEC e CGC contribuíram de forma similar. Cada tipo de divergência genética agrupou os testadores de forma diferenciada, não ocorrendo coincidências nos grupos heteróticos. Para produção de grãos, as magnitudes da correlação de Spearman entre as correlações dos testecrosses com as divergências genéticas (DG) e as distâncias de Mahalanobis (DM) foram muito baixas, não apresentando valor preditivo. Entretanto, esta correlação foi negativa e elevada ($r=-0,88$) com as estimativas das CEC dos testadores, sugerindo que a divergência genética dos testadores poderia prever a correlação entre os testecrosses; isto é, quanto mais elevada a similaridade genética dos testadores baseada nas CEC, mais elevada a correlação entre seus testecrosses. Para os outros caracteres, as correlações entre os testecrosses foram elevadas, fato esse devido aos efeitos da CGC explicarem uma proporção de magnitude superior da variação entre os testecrosses. Assim, estes resultados sugerem que as estimativas das CEC podem ser usadas para determinar a divergência genética dos testadores com precisão, e que a similaridade genética entre eles poderia ser usada para reduzir o número dos testadores a serem utilizados em um programa de melhoramento quando não se conhece os grupos heteróticos das linhagens avaliadas. Para testadores do mesmo grupo heterótico, a intensidade da seleção deve ser equivalente a 30% para assegurar que o mesmo conjunto de testecrosses superiores seja selecionado, independente do testador utilizado.

Palavras-chave: milho, testecrosses, divergências genéticas, correlações, linhagens endogâmicas.

ABSTRACT

Relationship of Maize Testers Selection and their Genetic Divergences

The objectives of this study were to relate the magnitudes of the correlation between testcrosses with the genetic divergences of the testers in order to verify if the genetic similarity of the testers could allow the reduction of testers, and if the level of selection intensity that should be applied is also a function of the genetic similarity of the testers. Five elite testers, previously evaluated in a diallel design, were crossed to 50 inbred lines from different heterotic groups following a factorial mating design, giving rise to 250 testcrosses which were evaluated at 13 environments with two replications per environment in 16 x 16 lattice designs; six commercial hybrids were allocated in the experiments. The traits recorded were: grain yield at 15% grain moisture (GY), silking (SD) and anthesis date (AD), plant (PH) and ear height (EH), plant lodging (PL), prolificacy (PRO), ear length (EL), ear diameter (ED), cob diameter (CD), kernel depth (KD), row number per ear (RN), kernel-row number (KRN), and 500 kernel weight (KW). The testers (inbred lines) were evaluated at four environments with two replications per environment for the same traits following a randomized block design, and they were also genotyped with AFLP markers. The genetic divergence of the testers was computed based on AFLP markers (GD), Mahalanobis distance (MD), and on the specific combining ability (SCA); and heterotic groups was established for these three measures of genetic divergence. The analysis of variance of the factorial model (testcrosses) showed that the general combining ability (GCA) was more important than specific combining ability (SCA) for all traits, but for grain yield the contribution of SCA was almost as important as GCA. Each type of genetic divergence grouped the testers differently, which resulted in different heterotic groups. For grain yield, the magnitudes of Spearman correlation between the correlations of testcrosses with GD and with MD were very low, and were not predictive of any relationship between these measures of genetic divergence and correlation of testcrosses. However, this correlation was negative and high ($r=-0.88$) with the SCA estimates of the testers, suggesting that the genetic divergence of the testers could predict the correlation between testcrosses; i.e. the higher the genetic similarity of the testers based on SCA the higher the correlation between their testcrosses. For the other traits the correlations between the testcrosses were high, probably because the GCA effects explained a higher proportion of the variation among testcrosses. Thus, these results suggested that the SCA estimates should be used to determine the genetic divergence of the testers accurately, and that the genetic similarity of them could be used to reduce the number of testers to be used when the heterotic groups of a set of lines to be evaluated were not known. For testers from the same heterotic group, the selection intensity should be as high as 30% to assure that the same set of superior testcrosses would be selected irrespective of the tester.

Key-words: maize, testcrosses, genetic divergences, correlations, inbred lines.

1 INTRODUÇÃO

Uma das fases mais importantes nos programas de melhoramento é a formação das populações-base de onde serão obtidos os cultivares. Em milho (*Zea mays* L.), as populações são alocadas em grupos heteróticos distintos para permitir a exploração da heterose de forma eficiente. Neste caso, as populações-base são formadas dentro de cada grupo heterótico e as linhagens endogâmicas derivadas de um grupo heterótico são cruzadas com linhagens de outro grupo heterótico para se produzir os híbridos (BERNARDO, 2002; HALLAUER et al., 1988; SOUZA Jr., 2001).

Híbridos comerciais e populações melhoradas cujo grupo heterótico são desconhecidos também podem ser fontes de linhagens endogâmicas (BERNARDO, 2002; VALLE-RAZO; STUCKER, 1996). Neste caso, o(s) grupo(s) heterótico(s) destas linhagens é (são) desconhecido(s) e, ainda, pela natureza dos híbridos comerciais, podem formar novos grupos heteróticos. Neste caso, as linhagens derivadas destes materiais são cruzadas com todos os testadores (linhagens elites) disponíveis, dos diferentes grupos heteróticos, para serem avaliados em experimentos com repetições.

A fase de um programa de melhoramento que demanda maior quantidade de recursos é a avaliação experimental. Com poucas linhagens e testadores, podem ser produzidos um número muito grande de testecrosses, o que pode inviabilizar a produção de todos os testecrosses e/ou sua avaliação experimental. Por exemplo, com apenas 400 linhagens e 20 linhagens elites como testadoras, podem ser produzidos 8.000 testecrosses, o que, naturalmente, torna inexecutável a obtenção e posterior avaliação dos mesmos.

Os testadores utilizados nos programas de melhoramento são, usualmente, linhagens elites utilizadas na produção de híbridos comerciais. Assim, pode-se mensurar a divergência genética destes testadores via estimativas das capacidades específicas de combinação ou via marcadores moleculares e/ou caracteres morfológicos. Espera-se que, para testadores que apresentem baixa divergência, a correlação entre os seus respectivos testecrosses seja elevada, o que poderia reduzir o número de testecrosses a serem utilizados e, conseqüentemente, aumentar a eficiência dos programas de melhoramento.

Do exposto, os objetivos desta pesquisa são: (i) relacionar os valores de correlações entre os testecrosses com as respectivas divergências genéticas dos testadores; (ii) relacionar as

Gracias por visitar este Libro Electrónico

Puedes leer la versión completa de este libro electrónico en diferentes formatos:

- HTML(Gratis / Disponible a todos los usuarios)
- PDF / TXT(Disponible a miembros V.I.P. Los miembros con una membresía básica pueden acceder hasta 5 libros electrónicos en formato PDF/TXT durante el mes.)
- Epub y Mobipocket (Exclusivos para miembros V.I.P.)

Para descargar este libro completo, tan solo seleccione el formato deseado, abajo:

