

COMPARAÇÃO DE TESTADORES NA AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS S₂ DE MILHO¹

HAROLDO TAVARES ELIAS², SAMUEL PEREIRA CARVALHO³ e CLAUDOMIRO GOMES MOURA ANDRÉ⁴

RESUMO - O objetivo deste trabalho foi comparar testadores para discriminação e avaliação da capacidade de combinação de 64 famílias S₂ de milho (*Zea mays* L.), provenientes do composto CMS-39. As famílias S₂ foram avaliadas pelo seu desempenho *per se* e em cruzamento com três testadores de base genética ampla. Estes foram constituídos pelo híbrido duplo BR-201, pela própria população CMS-39 e a CMS-50. Os *topcrosses* e famílias S₂ foram avaliados em quatro látices 8 x 8, com duas repetições, instalados em áreas contíguas no campo experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras, em Lavras, MG, no ano agrícola 1996/97. Estimou-se a capacidade geral e específica de combinação, considerando-se dialelo parcial, e a heterose em relação às famílias S₂ *per se*. Foram obtidas estimativas das correlações do desempenho médio das famílias S₂ *per se* e dos seus híbridos com os diferentes testadores. Constatou-se que só foi possível discriminar os testadores de acordo com a capacidade de combinação e das estimativas das heteroses. A população CMS-50 destacou-se como a melhor testadora.

Termos para indexação: *Zea mays*, métodos de melhoramento, híbridos, heterose.

COMPARISON OF TESTERS IN THE EVALUATION OF S₂ FAMILIES OF MAIZE

ABSTRACT - The objective of this work was to compare testers for discrimination and evaluation of the combining ability of 64 S₂ families from the maize (*Zea mays* L.) hybrid CMS-39. The families were evaluated based on their performance *per se* and in crossing to three broad base testers. The testers were BR-201, a double hybrid, and two populations, CMS-50 and CMS-39. The *topcrosses* and S₂ families were evaluated in four 8 x 8 lattices, with two replications, set up in adjacent areas on the experimental field of UFLA, Lavras, MG, Brazil, in 1996/97. General and specific combining ability, following partial diallel, and the heterosis of each *topcross* based on the performance of S₂ families *per se* were estimated. Estimates of correlations were obtained from performance means of the S₂ families and the hybrids with the different testers. It was only possible to discriminate the testers according to combining ability and heterosis estimates. Population CMS-50 was identified as the best tester.

Index terms: *Zea mays*, breeding methods, hybrids, heterosis.

INTRODUÇÃO

O desenvolvimento do milho híbrido está fundamentado na obtenção de linhagens e avaliação da capacidade de combinação dessas. A obtenção é feita principalmente pelo método chamado padrão, no qual a seleção é efetuada visualmente entre e dentro de progênies endogâmicas até atingir a maioria dos locos em homozigose.

Inicialmente a avaliação da capacidade combinatória das linhagens era efetuada diretamente comparando-se as $n(n-1)/2$ combinações híbridas possí-

¹ Aceito para publicação em 10 de novembro de 1999.

Extraído da dissertação de mestrado apresentada pelo primeiro autor à Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras, MG.

² Eng. Agrôn., M.Sc., Centro de Pesquisa para Pequenas Propriedades (CPPP), Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI), Caixa Postal 791, CEP 89801-470 Chapecó, SC. E-mail: htelias@epagri.rct-sc.br

³ Eng. Agrôn., Ph.D., UFLA, Caixa Postal 37, CEP 37200-000 Lavras, MG. E-mail: samuelpe@ufla.br

⁴ Eng. Agrôn., M.Sc., Universidade de Tocantins (UNITINS), Caixa Postal 173, CEP 77123-360 Palmas, TO. E-mail: andrecmg@unitins.br

veis, quando o número de linhagens não excedia a 20.

Para superar a dificuldade experimental decorrente da avaliação de um elevado número de linhagens, sugeriu-se, inicialmente, que essas fossem avaliadas em *topcross* (Lindstron, 1931; Jenkins & Brunson, 1932). O *topcross* consiste no cruzamento de um grupo de linhagens com um ou mais testadores. O objetivo é eliminar linhagens que não tenham mérito considerável para que se promova sua seleção ou autofecundação, de modo a racionalizar e tornar mais eficiente o programa de desenvolvimento de híbridos.

Embora o método *topcross* seja aceito para avaliar linhagens, a própria escolha do testador continua sendo um problema para os melhoristas de milho, pois desde sua adoção estudos teóricos e experimentais têm sido registrados sobre base genética, número e eficiência dos testadores, e correlações entre desempenhos de linhagens avaliadas por diferentes tipos de testadores (Paterniani & Miranda Filho, 1987; Aguilar Moran, 1990; Rissi & Hallauer, 1991; Troyer, 1994; Souza Júnior, 1997). Estes estudos têm servido como auxílio na escolha dos testadores, mas não têm fornecido respostas satisfatórias a todas as questões.

Este trabalho foi realizado para comparar três testadores quanto à capacidade de combinação e discriminação de famílias S_2 da população CMS-39, e para verificar o grau de associação do desempenho das famílias *per se* em combinações híbridas.

MATERIAL E MÉTODOS

Os híbridos *topcrosses* foram obtidos no município de Lavras, MG, na área experimental do Departamento de Biologia da Universidade Federal de Lavras, no ano agrícola 1995/96. Sua avaliação foi realizada no mesmo local, durante o ano agrícola 1996/97. O solo da região dos experimentos é classificado como Latossolo Vermelho-Roxo distrófico, fase cerrado.

Foram utilizadas 64 famílias S_2 provenientes da população CMS-39, obtidas nos anos de 1994 e 1995. A população CMS-39 foi sintetizada pela Embrapa-Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), pelo intercruzamento de 55 materiais envolvendo híbridos simples, duplos e intervarietais, escolhidos a partir dos ensaios nacionais de cultivares de milho (Aguilar, 1986).

Como testadores, foram utilizados CMS-39 (a própria população base utilizada), BR-201 (híbrido duplo desenvolvido pela Embrapa) e CMS-50, denominado composto vega precoce, formado pelo intercruzamento de três híbridos simples e dois híbridos duplos.

O presente estudo foi desenvolvido em duas etapas: a primeira foi a obtenção dos híbridos *topcrosses*, através do cruzamento entre as famílias S_2 com os três testadores, em campos isolados. A segunda etapa consistiu na avaliação dos *topcrosses* em ensaios de campo.

Foram utilizados quatro látices 8 x 8, dispostos em duas repetições para avaliar os três *topcrosses* e as famílias S_2 *per se*. Cada grupo dos *topcrosses* e as S_2 foram avaliados em experimentos distintos, porém contíguos, em uma mesma área. Adicionalmente, foram incluídas duas testemunhas intercalares em cada bloquinho (sub-bloco) do látice. O híbrido duplo BR-201 participou nos quatro experimentos, e a outra testemunha foi o próprio testador utilizado. No caso das S_2 *per se*, além do BR-201 foi incluído CMS-39 como a segunda testemunha.

Cada parcela experimental foi constituída de uma fileira de 3 m, com espaçamento de 0,90 m entre parcelas. Foram semeadas oito sementes/metro; após o desbaste, ficaram cinco plantas/metro. A adubação e tratamentos culturais foram os normais requeridos pela cultura. O desbaste foi realizado 15 dias após a emergência.

Neste estudo foi dada ênfase ao peso de espigas despalhadas, corrigidas para a umidade padrão de 15,5%.

Foi realizada a análise de variância do peso de espiga despalhada, utilizando o seguinte modelo estatístico: $Y_{ijk} = m + t_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ijk}$. Utilizou-se o quadrado médio do tratamento ajustado e quadrado médio do residuo para compor o teste F. As médias obtidas foram ajustadas levando-se em consideração a recuperação da informação interblocos. O experimento em que não ocorreu eficiência do látice foi analisado como se fosse blocos casualizados.

A partir das análises individuais, realizou-se a análise do dialeto parcial, utilizando modelo proposto por Griffing (1956), adaptado aos cruzamentos dialélicos parciais por Geraldi & Miranda Filho (1988), onde foram avaliadas "pq" combinações híbridas, sendo "p" famílias S_2 (Grupo 1), e "q" testadores (Grupo 2). O modelo estatístico adotado foi: $Y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + \varepsilon_{ij}$, em que:

Y_{ij} : valor médio da combinação híbrida entre o i-ésimo progenitor do grupo 1 e j-ésimo progenitor do grupo 2;

μ : média geral;

g_i : efeito da capacidade geral de combinação da i-ésima família S_2 do grupo 1;

g_j : efeito da capacidade geral de combinação do j-ésimo testador do grupo 2;

s_{ij}: efeito da capacidade específica de combinação entre a família S₂ de ordem i e o testador de ordem j, dos grupos 1 e 2, respectivamente, e

ε_{ij}: erro experimental médio.

A análise dialélica foi realizada utilizando-se o programa GENES desenvolvido por Cruz (1997).

Realizaram-se também as estimativas das correlações classificatórias de Spearman (Steel & Torrie, 1980), para verificar o grau de coincidência nas classificações das S₂ em função do testador.

A estimativa da heterose de cada híbrido *topcross* foi obtida pela seguinte expressão:

$$h_{ij}\% = \frac{\overline{S_{ij}} - \overline{S_i}}{\overline{S_i}} \cdot 100, \text{ em que:}$$

h_{ij}: heterose do cruzamento de famílias S₂ i com testador j;

$\overline{S_{ij}}$: média do *topcross* da família i com o testador j, e

$\overline{S_i}$: média de cada família S₂ *per se*.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas do coeficiente de variação neste estudo situaram-se entre 15,37% e 31,2%, das quais apenas uma delas foi superior a 20% (Tabela 1). Neste caso, não foi considerado o CVe das S₂ *per se*, que, em virtude de sua constituição genotípica, naturalmente apresentam variação dentro maior do que os *topcrosses*, no caso meios-irmãos. Isto também foi verificado em outros trabalhos, como o de Pena Neto (1982). Segundo Pimentel-Gomes (1985), CVe entre 10% e 20% é considerado médio, e acima de 20% é considerado alto. Já Scapin et al. (1995) en-

contraram um CVe médio de 16,2% em levantamento baseado em 66 dissertações da área de genética e melhoramento na cultura do milho. Propuseram, então, uma nova classificação do CVe, considerando como médios os valores no intervalo de 10,5% a 22% para peso de espigas.

Não foram encontradas, na literatura, informações sobre tamanho de parcela com famílias S₂ de milho. Há resultados disponíveis utilizando famílias de meios-irmãos que demonstram a viabilidade da utilização de parcelas com as dimensões empregadas neste trabalho (Chaves, 1985).

Detectaram-se diferenças significativas entre as famílias S₂ com todos os testadores, e também *per se* (Tabela 1). Os desempenhos médios dos *topcrosses* dos diferentes testadores foram semelhantes entre si, porém bem superiores ao obtido pelas famílias *per se*, o que evidencia a ocorrência de heterose nos *topcrosses*.

Para as estimativas da capacidade de combinação, considerou-se cruzamento em dialelo parcial (Tabela 2). Constata-se que todas as fontes de variação foram significativas, o que indica que ocorrem diferenças entre as famílias e os testadores, tanto no que diz respeito à capacidade geral de combinação como no tocante à capacidade específica.

Coerentemente com a significância observada em relação ao efeito da capacidade geral de combinação (CGC) do Grupo I, constata-se uma enorme variação nas estimativas de g_i entre as famílias S₂. Destacaram-se as famílias de número 15, 41, 19, 36 e 4 (Tabela 3) como as que possuem maior capacidade geral de combinação. O mais expressivo é o resulta-

TABELA 1. Resumo das análises de variância referentes a peso de espigas despalhadas (g/parcela), correspondentes aos híbridos *topcrosses* oriundos dos três testadores e S₂ *per se*. Lavras, 1997.

Fonte de variação	GL	Quadrado médio			
		CMS-39	BR-201	CMS-50	S ₂ (<i>per se</i>)
Trat. ajustado	63	400108,23**	816252,28*	677881,78**	816252,28**
Erro efetivo	49 (63) ¹	182102,48	391007,95	336245,36	391012,95
Média		2775,36	2753,56	2899,90	1252,41
CV _e (%)		15,37	22,71	19,99	31,2
Ef. látice		105,42	-	105,34	110,05

¹ Grau de liberdade da análise do experimento em que o testador foi o BR-201, analisado em blocos casualizados.

* e ** Significativo pelo teste F a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

do da estimativa dos testadores. Verifica-se que a maior estimativa de CGC foi obtida na variedade CMS-50.

Ocorreu também ampla variabilidade nas estimativas da capacidade específica de combinação (CEC) dos *topcrosses* de acordo com o testador; tais informações da CEC são importantes se algum dos testadores for utilizado para a extração de linhagens voltadas para a produção de híbridos. Esse, inclusive, é o principal argumento para se utilizar como testador de famílias endogâmicas, uma população que esteja sendo utilizada como fonte de linhagem, mas que seja de grupo heterótico diferente (Hallauer & Miranda Filho, 1988).

Para ter certeza sobre se ocorreu coincidência entre os testadores para classificação das famílias S_2 , foi estimado o coeficiente de correlação classificatória de Spearman. Consta-se que todas as estimativas não diferiram de zero, encontrando-se valores entre -0,0852 e 0,1026, indicando, assim, que a classificação das famílias foi diferente de acordo com o testador utilizado.

O desempenho do *topcross* dependeu do testador utilizado. Isto está de acordo com vários trabalhos apresentados na literatura, como o de Keller (1949), que encontrou baixa correlação entre o desempenho das famílias *topcrosses* quando utilizou diferentes testadores. O mesmo fato foi constatado por Lonquist & Rumbaugh (1958). Estes avaliaram o mérito relativo de dois testadores: um, de ampla base genética, e outro, híbrido simples, obtendo-se uma estimativa de $r = -0,08$. Por outro lado, Aguilar Moran (1990) avaliou linhagens S_6 de dois compostos de milho em cruzamento com quatro testadores de base

TABELA 2. Análise do dialelo parcial das médias dos tratamentos ajustados de peso de espigas despalhadas (g/parcela), envolvendo famílias S_2 , testadores e *topcrosses*, para estudo da capacidade geral e específica de combinação. Lavras, 1997.

Fonte de variação	G.L	Quadrado médio	($P \leq \alpha$)
<i>Topcrosses</i>	191	633144,313**	0,0001
CGC (G-I)	63	645111,875**	0,0001
CGC (G-II)	2	796928,000	0,0801
CEC (I x II)	126	624560,750**	0,0001
Resíduo	161	310763,094	

genética estreita (duas linhagens e dois híbridos simples). Obteve estimativas das correlações de Spearman variando de 0,26 a 0,70. Embora esses valores sejam maiores do que os obtidos no presente trabalho, foram observadas discrepâncias de classificação entre os testadores.

É particularmente expressiva a baixa correlação entre o desempenho das famílias S_2 *per se* e o do *topcross* com o CMS-39 (-0,0528), ou seja: a correla-

TABELA 3. Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (g_i e g_j) associados aos grupos I e II de acordo com modelo de Griffing (1956). Lavras, 1997.

Efeito da CGC associado às famílias			
Famílias	Efeito	Famílias	Efeito
1	-257,86	33	-514,54
2	-163,52	34	-278,98
3	41,68	35	-260,55
4	491,40	36	503,87
5	203,49	37	-301,58
6	-95,07	38	209,45
7	-94,52	39	191,32
8	69,45	40	-137,21
9	183,86	41	729,58
10	429,76	42	283,25
11	-68,99	43	-574,73
12	-390,67	44	-416,24
13	-297,90	45	-149,65
14	-794,77	46	119,33
15	767,04	47	407,53
16	30,98	48	-49,32
17	-61,08	49	-251,79
18	161,76	50	98,25
19	516,65	51	76,91
20	196,42	52	126,66
21	-144,77	53	-169,35
22	396,84	54	-205,29
23	93,38	55	79,71
24	232,13	56	287,95
25	-505,06	57	222,13
26	234,07	58	34,80
27	0,77	59	366,61
28	-96,48	60	331,29
29	-358,42	61	-793,11
30	-255,71	62	-41,55
31	-123,85	63	223,56
32	-76,27	64	-413,09

Efeito da CGC associado aos testadores	
Testador	Efeito
1 (BR-201)	-34,25
2 (CMS-39)	-56,05
3 (CMS-50)	90,30

ção entre as famílias S₂ *per se* e o meio-irmão interpopulacional, como mencionado, foi nula também. Há que ressaltar que essa correlação pode ter sido baixa por algumas razões: a primeira delas é a baixa precisão experimental com que foram obtidas as médias, especialmente das famílias *per se*. Uma segunda causa está relacionada à amostragem deficiente das famílias S₂. Isto é, para representar estas famílias, foram utilizadas duas repetições com parcelas de 3 m, ou seja, 30 plantas. Considerando a segregação dentro das famílias S₂, é possível que esse número não seja suficiente para representá-la. Não foram encontradas na literatura informações sobre o número adequado de indivíduos para representar a família S₂. Essa observação é também válida na amostragem dos indivíduos S₂ para a obtenção dos *topcrosses*. Esse erro amostral deve contribuir para reduzir as estimativas das correlações entre o desempenho do S₂ *per se* e em *topcross*.

Finalmente, uma terceira causa da baixa correlação entre S₂ e meios-irmãos é a diferença na depressão endogâmica das famílias utilizadas. Esse fato contribui também para que não haja concordância no desempenho das famílias do S₂ *per se* e os respectivos meios-irmãos.

Resultados semelhantes foram obtidos por Gama & Hallauer (1977). Esses autores conduziram estudos com linhagens não selecionadas e seus cruzamentos simples, no desenvolvimento de híbridos do sintético Iowa (BSSS). As correlações genéticas foram determinadas de oito caracteres, e foram também pequenas em todas as instâncias para serem consideradas preditivas. Coeficientes de correlações para produção, por exemplo, foram somente 0,09 e 0,11. Esses autores fazem considerações quanto à grande variação das estimativas de correlações em diferentes experimentos. Apresentam como possíveis causas o tamanho de amostra das populações, os tipos de cruzamentos avaliados, e as diferenças ambientais em que as linhagens e híbridos são avaliados. Isto pode minimizar as estimativas das correlações de linhagens e seus híbridos.

Buitrago (1996) fez a comparação de três processos seletivos para identificação de linhagens superiores em duas populações de milho (BR-105 e BR-106), e obteve correlações genéticas entre S₁ *per se* e *topcrosses* bem superiores entre as pro-

gênes da população BR-106 (0,56-0,57) em comparação com as progênes da população BR-105 (0,18-0,24). Segundo o autor, tais discrepâncias resultaram, possivelmente, de diferenças na estrutura genética nas populações.

Estudos teóricos foram realizados por Smith (1986), a respeito da relação entre linhagens *per se* e o comportamento dos *topcrosses*, para examinar as possíveis razões dos baixos valores das correlações. Os resultados indicaram que, no que concerne a caracteres condicionados por um grande número de locos com dominância completa, espera-se que as correlações entre linhagens *per se* e o comportamento dos *topcrosses* sejam menores que 0,5. Isto se deve aos efeitos mascaradores de alelos favoráveis dominantes no testador. A baixa correlação entre linhagens *per se* e o comportamento dos *topcrosses* pode indicar que a quantidade de ação gênica não-aditiva está afetando o comportamento dos *topcrosses*.

As estimativas da heterose relativa de cada *topcross* e a média dessas heteroses em seus respectivos testadores estão relacionadas na Tabela 4. Observa-se grande variação entre as médias dos *topcrosses* e heteroses dentro de cada testador. A média das estimativas das heteroses, quando se usou o CMS-50, foi superior às demais, o que caracteriza maior divergência genética entre o CMS-50 e as famílias testadas; isto representa maior complementaridade alélica com esse material. Em termos práticos, pode-se obter melhores combinações híbridas entre as famílias S₂ e a população CMS-50, em comparação com os demais cruzamentos efetuados. Há que ressaltar que o testador CMS-50 é considerado do grupo heterótico "flint", ao passo que as linhagens oriundas do CMS-39 são do grupo "dent", o que explica essa maior divergência. As estimativas da heterose dentro de cada testador variaram, conferindo destaque positivo ao desempenho das progênes 41, 15 e 46, que com todos os testadores obtiveram uma estimativa da heterose no mínimo quatro vezes superior à do desempenho *per se*.

A expressão

$$CGC = \bar{C}_i - \bar{C} = (p_i - \bar{p}) [\alpha + (1 - 2t)\delta]$$

é apresentada por Vencovsky (1987), onde:

\bar{p} = a frequência alélica média de determinado loco dos n materiais avaliados;

p_i = frequência do alelo favorável do material i ;
 t = frequência alélica do testador utilizado;
 α = desvio dos homozigotos em relação à média (efeito aditivo);
 δ = desvio dos heterozigotos em relação à média, também denominado de efeito de dominância dos genes.

Assim, pode-se fazer inferências sobre as estimativas da heterose obtidas.

Nesta expressão p_i é a frequência do alelo favorável na família S_2 considerada, e \bar{p} , a frequência alélica média do grupo de famílias avaliadas.

Comparando os valores das médias de produção e a heterose dos *topcrosses*, dentro de cada testador, verifica-se que, como o testador é comum ao grupo analisado, a frequência t será constante. Sendo assim, as diferenças nas estimativas da capacidade de combinação dependem diretamente da frequência alélica da família ($p_i - \bar{p}$). Com isso, altas capacidades de combinação ocorrerão, em geral, nas famílias dotadas de maior frequência de alelos favoráveis (p_i). Dessa forma, pode-se argumentar que as famílias 41, 15 e 46 possuem maior frequência de alelos favoráveis.

Outra comparação refere-se às estimativas da heterose relacional de cada *topcross*, ou seja, de cada família com os diferentes testadores. Agora, a primeira parte da expressão ($p_i - \bar{p}$) será constante, pois a frequência alélica da família (p_i) é a mesma. Desta forma, a estimativa da CGC dependerá diretamente da frequência de alelos favoráveis do testador (t), ou seja, da segunda parte da expressão, $(1-2t)$, considerando a presença dos efeitos de dominância ($\delta \neq 0$). Verifica-se, assim, que, quanto menor a frequência alélica no testador, maior será a estimativa da capacidade geral de combinação. Portanto, considerando as estimativas da CGC dos três testadores, constatase que o CMS-50 apresentou o maior valor. Há que considerar, também, que este mesmo testador foi o que apresentou menor média de produção *per se*, ou seja, menor frequência alélica (Tabela 4). Os resultados obtidos estão coerentes com a teoria genética de que o melhor testador é aquele que possui menor frequência de alelos favoráveis, como é constantemente realçado na literatura (Rawling & Thompson, 1962; Hallauer & Miranda Filho, 1988; Aguilar Moran, 1990; Vencovsky & Barriga, 1992).

TABELA 4. Estimativa da heterose de cada *topcross* em relação às S_2 *per se*, média dos híbridos *topcrosses* em cada cruzamento com os testadores para peso de espigas despalhadas (g/parcela). Lavras, 1997.

Família S_{2i}	S_2 <i>per se</i>	CMS-39	Heterose (%)	BR-201	Heterose (%)	CMS-50	Heterose (%)
1	722,8	2730,7	277,8	2471,2	241,9	2453,3	239,4
2	2457,8	3195,6	30,0	3123,6	27,1	1619,1	-34,1
3	2532,3	2499,4	-1,3	2479,1	-2,1	3575,4	41,2
4	986,7	3206,6	225,0	3150,7	219,3	3545,8	259,4
5	1237,3	1980,8	60,1	3810,7	208,0	3247,8	162,5
6	1762,8	3106,0	76,2	2664,1	51,1	2373,5	34,6
7	831,3	2859,3	243,9	2765,9	232,7	2520,1	203,1
8	1354,2	2990,4	120,8	2395,4	76,9	3251,4	140,1
9	989,6	3349,8	238,5	2406,6	143,2	3224,0	225,8
10	805,7	3394,3	321,3	3269,8	305,8	3053,9	279,0
11	1342,3	3380,1	151,8	2663,2	98,4	2178,6	62,3
12	701,9	2505,8	257,0	2170,4	209,2	2580,6	267,6
13	2079,1	2312,1	11,2	3073,1	47,8	2149,8	3,4
14	2080,6	2101,8	1,0	2487,3	19,5	1455,4	-30,1
15	612,5	2904,3	374,2	3946,6	544,3	3879,0	533,3
16	1239,0	1682,2	35,8	3332,7	169,0	3506,9	183,0
17	682,2	2844,7	317,0	2915,0	327,3	2485,9	264,4
18	1769,0	3136,7	77,3	2465,8	39,4	3311,6	87,2
19	923,1	3023,1	227,5	3951,7	328,1	3004,0	225,4
20	1610,8	3157,2	96,0	2154,1	33,7	3706,8	130,1

Continua...

TABELA 4. Continuação.

Família S _{2i}	S ₂ <i>per se</i>	CMS-39	Heterose (%)	BR-201	Heterose (%)	CMS-50	Heterose (%)
21	1479,9	2749,6	85,8	1741,1	17,7	3503,9	136,8
22	1880,9	2942,3	56,4	2879,7	53,1	3797,4	101,9
23	1226,4	3011,6	145,6	3456,8	181,9	2240,5	82,7
24	1908,8	3290,7	72,4	2568,0	34,5	3266,5	71,1
25	662,0	1835,8	177,3	2502,5	278,0	2575,3	289,0
26	1390,9	2725,7	96,0	3077,0	121,2	3328,3	139,3
27	1294,2	2806,9	116,9	2658,1	105,4	2966,2	129,2
28	965,6	3539,7	266,6	1856,5	92,3	2743,3	184,1
29	943,0	3360,5	256,4	2578,7	173,5	1414,3	50,0
30	1464,7	3002,3	105,0	2217,3	51,4	2442,1	66,7
31	1089,2	2012,5	84,8	3368,3	209,3	2676,5	145,7
32	759,3	3050,9	301,8	2252,3	196,6	2896,9	281,5
33	3603,3	2275,2	-36,9	1392,3	-61,4	3217,7	-10,7
34	2653,1	2277,7	-14,1	3100,7	16,9	2213,5	-16,6
35	1166,8	1895,1	62,4	3099,2	165,6	2652,9	127,4
36	706,2	3345,8	373,8	2638,6	273,6	3956,0	460,2
37	649,9	2513,7	286,8	3061,1	371,0	1949,3	199,9
38	1833,2	2710,4	47,8	3488,3	90,3	2858,5	55,9
39	1627,5	3237,7	98,9	2661,1	63,5	3104,0	90,7
40	1981,6	3083,5	55,6	2371,8	19,7	2561,9	29,3
41	750,5	3309,5	341,0	3658,8	387,5	3649,2	386,3
42	1286,5	2692,0	109,2	3372,4	162,1	3214,2	149,8
43	447,5	2385,6	433,1	1422,6	217,9	2896,5	547,3
44	730,5	2424,9	232,0	2240,4	206,7	2514,9	244,3
45	1119,2	2482,5	121,8	3217,5	187,5	2279,9	103,7
46	419,0	2959,1	606,1	3158,9	653,8	2668,8	536,9
47	925,2	2733,8	195,5	3849,1	316,0	3068,5	231,6
48	1124,3	2669,9	137,5	2810,9	150,0	2800,1	149,0
49	2307,7	2887,9	25,1	2024,9	-12,3	2760,7	19,6
50	322,8	3054,5	846,2	2616,7	710,6	3052,4	845,5
51	1323,3	2741,6	107,2	3190,7	141,1	2727,3	106,1
52	1051,7	1627,3	54,7	3240,7	208,1	3940,8	274,7
53	956,7	2622,4	174,1	1949,7	103,8	3348,7	250,0
54	701,4	2936,8	318,7	2845,4	305,7	2030,7	189,5
55	823,5	3016,1	266,2	2878,0	249,5	2773,9	236,8
56	1589,1	2711,3	70,6	3032,2	90,8	3549,2	123,3
57	844,8	3530,6	317,9	1979,4	134,3	3585,3	324,4
58	969,1	2633,1	171,7	2780,8	187,0	3119,3	221,9
59	750,5	2839,9	278,4	3502,5	366,7	3186,3	324,5
60	1248,9	2516,8	101,5	3490,7	179,5	3415,2	173,4
61	1281,8	2381,4	85,8	1038,7	-19,0	2629,4	105,1
62	1493,5	2857,1	91,3	2232,4	49,5	3214,6	115,2
63	1151,6	3012,6	161,6	3370,4	192,7	2716,5	135,9
64	527,6	2568,0	386,7	1657,9	214,2	2963,7	461,7
Média	1252,41	2775,3	178,3	2753,5	174,4	2899,9	189,8
Média <i>per se</i>	1252,31	3124,99		2390,46		2029,87	

CONCLUSÃO

Pelas estimativas da capacidade de combinação e das heteroses, o melhor testador para as famílias S₂ avaliadas é o composto CMS-50.

REFERÊNCIAS

AGUIAR, P.A. de. *Avaliação de progênies de meios-irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambientes*. Lavras : UFLA, 1986. 69p. Dissertação de Mestrado.

- AGUILAR MORAN, J.F. **Comparação de testadores para avaliação da capacidade de combinação de linhagens de milho (*Zea mays* L.)**. Piracicaba : ESALQ, 1990. 264p. Tese de Doutorado.
- BUITRAGO, I.C. **Comparação de três processos seletivos para identificação de linhagens S_1 superiores em milho (*Zea mays* L.)**. Piracicaba : ESALQ, 1996. 127p. Tese de Doutorado.
- CHAVES, L.J. **Tamanho de parcela para seleção de progênies de milho (*Zea mays* L.)**. Piracicaba : ESALQ, 1985. 148p. Tese de Doutorado.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa : UFV, 1997. 442p.
- GAMA, E.E.G. e; HALLAUER A.R. Relation between inbred and hybrid traits in maize. **Crop Science**, Madison, v.17, n.5, p.703-706, Sept./Oct. 1977.
- GERALDI, I.O.; MIRANDA FILHO, J.B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v.2, p.419-430, 1988.
- GRIFFING, A.R. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. **Australian Journal of Biological Sciences**, Collingwood, v.9, p.463-493, 1956.
- HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2.ed. Ames : Iowa State University Press, 1988. 468p.
- JENKINS, M.T.; BRUNSON, A.M. Methods of testing inbred lines of corn in crossbreed combinations. **American Society of Agronomy Journal**, Madison, v.24, p.523-530, 1932.
- KELLER, K.R. A comparison involving the number of, and relationship between testers in evaluating inbred lines of maize. **Agronomy Journal**, Madison, v.41, p.323-331, 1949.
- LINDSTRON, E.W. Prepotency of inbred lines on commercial varieties of maize. **American Society of Agronomy Journal**, Madison, v.23, p.652-661, 1931.
- LONQUIST, J.H; RUMBAUGH, M.D. Relative importance of test sequence for general and specific combining in corn breeding. **Agronomy Journal**, Madison, v.50, p.541-544, 1958.
- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoria de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. 2.ed. Campinas : Fundação Cargill, 1987. p.217-265.
- PENA NETO, A.M. **Avaliação da capacidade de combinação de progênies S_2 obtidas de compostos de milho (*Zea mays* L.)**. Piracicaba : ESALQ, 1982. 62p. Dissertação de Mestrado.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 5.ed. Piracicaba : Nobel, 1985. 466p.
- RAWLING, J.C.; THOMPSON, D.L. Performance level as criterion for the choice of maize tester. **Crop Science**, Madison, v.2, p.217-220, May/June 1962.
- RISSI, R.; HALLAUER, A.R. Evaluation of four testers for evaluating maize (*Zea mays* L.) lines in a hybrid development program. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.14, n.2, p.467-481, June 1991.
- SCAPIN, C.A.; CARVALHO, C.G.P.; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.5, p.683-686, maio, 1995.
- SMITH, O.S. Covariance between line *per se* and testcross performance. **Crop Science**, Madison, v.26, n.3, p.540-543, May/June 1986.
- SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Contribuições da genética quantitativa para o melhoramento genético de plantas. In: SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1997, Lavras. **Anais**. Lavras : UFLA, 1997. p.96-125.
- STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 2.ed. New York : McGraw-Hill, 1980. 633p.
- TROYER, A.F. Breeding early corn. In: HALLAUER, A.R. **Speciality corns**. Ames : CRC, 1994. p.342-396.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. 2.ed. Campinas : Fundação Cargill, 1987. p.137-274.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica aplicada no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto : Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.