

## HETEROSE PARA TEOR DE PROTEÍNA NO GRÃO EM CRUZAMENTOS ENTRE POPULAÇÕES DE MILHO DERIVADAS DE HÍBRIDOS COMERCIAIS<sup>1</sup>

Wesley Cabral de Jesus<sup>2</sup>, Edward Madureira Brasil<sup>3</sup>, Jaison Pereira de Oliveira<sup>4</sup>,  
Gladys Rodrigues Costa Pinto<sup>3</sup>, Lazaro José Chaves<sup>3</sup>, Michele Ribeiro Ramos<sup>3</sup>

### ABSTRACT

HETEROISIS TO GRAIN PROTEIN CONTENT IN CROSSES  
AMONG MAIZE POPULATIONS DERIVED  
FROM COMMERCIAL HYBRIDS

One of the greatest concerns on maize breeding throughout the years has been to increase production without reducing nutritional quality. The present study aims to evaluate F<sub>2</sub> maize populations with normal endosperm and their crosses, as related to total grain protein content and determining heterosis and its components. The method used for protein content determination was proposed by AOAC "Official methods of analysis", adapted and used by CIMMYT (International Center for Maize and Wheat Breeding). The statistical diallelic analysis of data was carried out through the Gardner and Eberhart's model IV (1966). The fundamental operation for parameter estimation as well as for sums of squares calculation was the ordinary minimum squares. It was observed significance for all effects of the adopted model. For the trait total grain protein content, the best genitors were AG-6690 and ZN-8486, and the best hybrid combination was P30K75 x AG-6016.

KEY-WORDS: Protein content; corn; normal endosperm; diallelic crosses.

### INTRODUÇÃO

Os grãos de milho possuem inúmeras utilizações, tanto na forma natural como na industrializada. Em muitos países em desenvolvimento, representam parte importante na dieta humana, de forma que não podem ser considerados apenas como fonte de energia, pois também contribuem com uma porção importante de proteínas.

Outra utilização de grande importância dos grãos de milho ocorre na alimentação animal, especialmente de aves e suínos, pois esses dois setores, juntos,

### RESUMO

Uma das maiores preocupações do melhoramento genético do milho, ao longo dos anos, foi aumentar sua produção, sem diminuir sua qualidade nutricional. Este trabalho objetivou avaliar populações F<sub>2</sub> de milho com endosperma normal e seus cruzamentos, quanto ao teor de proteína total, determinando-se a heterose e seus componentes. A metodologia utilizada para as determinações da proteína total no grão foi aquela proposta pela AOAC "official methods of analysis", a qual foi adaptada e adotada pelo CIMMYT (Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo). A análise estatística dos dados foi realizada pelo modelo IV de Gardner & Eberhart (1966), para análise de cruzamentos dialélicos. A operação fundamental para estimação dos parâmetros, bem como para cálculo das somas de quadrados, foi a determinação de quadrados mínimos ordinários. Observou-se significância para todos os efeitos do modelo adotado. Destacaram-se, para o caráter teor de proteína total no grão, os genitores AG-6690 e ZN-8486, bem como a combinação híbrida P30K75 x AG-6016.

PALAVRAS-CHAVE: Proteína total; milho; endosperma normal; cruzamento dialélico.

consomem quase 90% das rações produzidas no Brasil (Anfar/Sindirações 1999). Dessa forma, grande parte do esforço agrícola brasileiro destina-se à alimentação de aves e suínos, os quais devem ser alimentados com ingredientes que apresentem qualidade para atender os mercados interno e externo.

De acordo com Mitellmann (2001), as aves e suínos apresentam exigências quanto ao teor de proteína e de aminoácidos, essenciais na dieta. Sua suplementação pode representar custos adicionais, uma vez que a alimentação representa a maior parte dos custos de produção.

1. Parte da dissertação de mestrado do primeiro autor, apresentada à Universidade Federal de Goiás / Programa de Pós-graduação em Agronomia. Trabalho recebido em abr./2005 e aceito para publicação em mar./2008 (nº de registro: PAT 628).

2. Secretaria da Fazenda, Governo do Estado de Mato Grosso. E-mail: [wesley.cabral@bol.com.br](mailto:wesley.cabral@bol.com.br)

3. Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos. E-mail: [ebrasil@agro.ufg.br](mailto:ebrasil@agro.ufg.br)

4. Embrapa Arroz e Feijão. Caixa Postal 179, CEP 75375-000, Santo Antônio de Goiás, GO. E-mail: [jaison@cnpaf.embrapa.br](mailto:jaison@cnpaf.embrapa.br)

Apesar do potencial que o milho apresenta como fonte protéica, contendo cerca de 10% de proteína na matéria seca do grão, este cereal é considerado um alimento energético para seres humanos e animais monogástricos, graças à sua deficiência em aminoácidos essenciais, como lisina e triptofano. Embora o milho seja, predominantemente, uma fonte de energia, sua proteína é importante fonte de aminoácidos, principalmente pelo fato desse ingrediente representar, em média, 55% a 80% das rações de aves e suínos. Sendo assim, o desenvolvimento de variedades de milho, com maiores teores de proteína e com um balanço adequado de aminoácidos, permitiria a elevação do seu valor nutritivo, sem prejuízo para o rendimento de grãos. Isso representa um grande desafio a ser alcançado pelo melhoramento genético dessa cultura.

Entretanto, através de monitoramento da qualidade nutricional do milho produzido na safra 1998/1999, no Rio Grande do Sul, realizado pela Embrapa Suínos e Aves, em cooperação com a Emater-RS, observou-se que havia amostras de milho com teores de proteína bruta variando de 5,18% a 11,16% (Embrapa 1991).

Os teores de proteína são caracteres quantitativos e acredita-se que exista um grande número de genes envolvidos no seu controle. Dudley & Lambert (1992) estimaram como sendo 173 o número de genes afetando este caráter. Tanto efeitos aditivos, como não aditivos, são importantes no controle do caráter. Alguns trabalhos têm demonstrado a existência de variabilidade e a possibilidade de se obter sucesso através da seleção recorrente (Dudley 1977, Misevic & Alexander 1989, Dudley & Lambert 1992, Song et al. 1999).

As pesquisas visando ao melhoramento nutricional do milho tornaram-se mais viáveis com o advento da engenharia genética, bioquímica e biologia molecular. Entretanto, mesmo com o avanço tecnológico dos últimos anos, tem-se percebido queda na qualidade do milho brasileiro e, também, poucos projetos buscando avaliar e melhorar a qualidade nutricional do milho. A abordagem do melhoramento da qualidade nutricional do milho de endosperma normal tem grande potencial de sucesso, o que pode impactar em aumento de rentabilidade, tanto para os pecuaristas como para os produtores de grãos.

O objetivo deste trabalho foi avaliar populações de milho de endosperma normal e seus cruzamentos,

quanto ao teor de proteína total nos grãos, determinando-se a heterose e seus componentes, como subsídio para o melhoramento dessas populações, no que diz respeito à qualidade nutricional dos grãos.

## MATERIAL E MÉTODOS

O material experimental do presente trabalho constituiu-se de quinze populações (geração  $F_2$ ), derivadas de híbridos comerciais (Tabela 1). Além desses genitores, foram também avaliadas as gerações  $F_1$  de 99 dos cruzamentos biparentais entre eles. Seis das combinações híbridas e um genitor foram perdidos. As populações utilizadas neste trabalho são parte de um dialelo de 23 populações desenvolvido por Pinto (2002).

As populações parentais e os híbridos foram plantados na safra 2002/2003, na área experimental da Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos da UFG, localizada no município de Goiânia-GO (latitude 16°35'12" S, longitude 49°21'14" W e altitude de 730 m).

Na realização dos cruzamentos, seguiram-se alguns procedimentos para evitar que os materiais se cruzassem ao acaso, ou que houvesse contaminações. Assim, encobriram-se as espigas, antes que estas liberassem suas inflorescências, e repetiu-se esse procedimento quando os pendões já se encontravam em intensa liberação de pólen. Em seguida, as plantas foram cruzadas artificialmente,

Tabela 1. Híbridos comerciais que originaram os materiais utilizados nesta pesquisa.

Material	Empresa ou marca comercial
1- C747	Braskalb
2- Aventis A-2601	Aventis
3- Agromen 3050	Agromen
4- P30K75	Pioneer
5- AG-6016	Agrocerec
6- AG-9010	Agrocerec
7- Exceler	Novartis Seeds
8- Agromen 2012	Agromen
9- SH-4040	Santa Helena Sementes
10- Traktor	Novartis Seeds
11- DK-909	Dekalb
12- ZN-8392	Dow Agrociencia
13- ZN-8486	Dow Agrociencia
14- C-444	Braskalb
15- AG-6690	Agrocerec

planta a planta, dentro de cada linha, sendo realizado um número mínimo de vinte polinizações. Esse procedimento permitiu a renovação das populações parentais, fato importante, pois algumas populações já apresentavam baixos níveis de germinação.

Após a colheita e triagem cuidadosa dos grãos, foram retiradas amostras, ao acaso, das populações parentais e dos híbridos, com o propósito de verificar o teor de proteína total nos grãos. Para isso, foram utilizadas amostras de 100 g de grãos, de cada material, com umidade uniforme, livres de insetos, fungos, podridões e outros danos mecânicos. As sementes foram moídas em moinho tipo Willye e, em seguida, fez-se a tamização, empregando-se peneira com abertura de 0,42 mm (ABNT 40 ou Tyler 35). O pó assim obtido foi acondicionado em recipiente plástico e armazenado em "freezer", até a execução das análises laboratoriais. Empregou-se o método Kjeldahl (AOAC 1995) para determinação de nitrogênio total, com conversão à proteína bruta por meio do fator 6,25 (Villegas et al. 1985). Neste caso, as determinações foram realizadas na matéria seca, utilizando-se três repetições laboratoriais por amostra.

O modelo estatístico adotado foi o de Gardner & Eberhart (1966), para dialelo completo. Particularidades deste modelo encontram-se descritas detalhadamente em Miranda Filho & Chaves (1996). Como a tabela dialélica não foi completa (alguns cruzamentos perdidos), para se avaliar a contribuição de cada fonte de variação para a variabilidade total nos dados, optou-se pelo ajuste seqüencial de modelos. Quatro modelos (sub-modelos do modelo original), com inclusão sucessiva de parâmetros associados a cada fonte de variação, foram considerados. Suas respectivas somas de quadrados (SQ) foram calculadas pela fórmula:  $SQ = \hat{\beta}' X' Y$ , com tantos graus de liberdade quantos forem os parâmetros do modelo considerado. Nesta expressão,  $\hat{\beta}$  é o vetor com as estimativas de quadrados mínimos dos parâmetros do modelo, calculadas como  $\hat{\beta} = (X' X)^{-1} X' Y$ , onde  $X$  é a matriz informação de coeficientes dos efeitos do modelo e  $Y$  o vetor das médias observadas. Assim, a soma de quadrados relativa a cada fonte de variação, na análise de variância, foi calculada pela diferença entre as somas de quadrados do modelo, com inclusão da respectiva fonte e aquele reduzido para o mesmo efeito. Foi estimada, ainda, a capacidade geral de combinação

de cada genitor, correspondente ao método 4 de Griffing (1956), utilizando-se a expressão:

$\hat{g}_i = \frac{1}{2} \hat{v}_i + \hat{h}_i$ . Todos os cálculos estatísticos foram implementados no sistema computacional SAS (*Statistical Analysis System*), por meio de seu procedimento IML – *Interactive Matrix Language* (SAS Institute 2002).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados da análise de variância para a variável teor de proteína total no grão, obtidos do ajuste do modelo dialélico de Gardner & Eberhart (1966), são apresentados na Tabela 2. Observa-se que houve significância para todos os efeitos do modelo. Tais significâncias indicam, de forma geral, que houve diferenças genéticas entre os materiais analisados para esse teor de proteína. Portanto, observou-se que os quadrados médios, associados aos efeitos de genitores e de heterose para o caráter, foram significativos, evidenciando que os genitores não constituem um grupo homogêneo. Como consequência, houve manifestação da heterose em seus cruzamentos. Em decorrência do quadrado médio da heterose ter sido significativo, este foi desdobrado em: heterose média ( $\hat{h}$ ), heterose de genitores ( $\hat{h}_i$ ) e heterose específica ( $\hat{s}_{ii}$ ).

Para todos os componentes da heterose, detectaram-se efeitos significativamente diferentes de zero. De acordo com Brasil (1998), a significância dos componentes de heterose evidencia que os híbridos intervarietais não tiveram comportamentos similares às variedades, para o caráter em questão, o que reflete a existência de dominância no controle

Tabela 2. Análise de variância pelo modelo de dialelo de Gardner & Eberhart (1966), para teor de proteína total no grão (g/100 g), em genitores de milho com endosperma normal e suas combinações híbridas.

Fonte de Variação	Grau de Liberdade	Quadrado Médio
Tratamentos	112	1,4546**
Variedades	13	9,6494**
Heterose	99	0,3785**
Heterose média ( $\hat{h}$ )	1	0,0118**
Heterose de variedades ( $\hat{h}_i$ )	13	0,2028**
Heterose específica ( $\hat{s}_{ii}$ )	85	0,4097**
Resíduo/r <sup>1</sup>	224	0,000023
Coefficiente de variação (%)	-	5,0595

<sup>1</sup>- Resíduo da análise de variância em nível de médias, em que quadrado médio foi dividido pelo número de repetições.

\*\* : valores significativos a 1% de probabilidade.

genético do caráter. Sendo assim, a presença de efeitos significativos para a heterose indica que os genitores tiveram comportamentos heterogêneos nos cruzamentos.

A significância de heterose média (Tabela 2) indicou a existência de diferenças entre as médias dos híbridos e dos genitores. De acordo com Vencovsky (1970), a significância do quadrado médio relativo a  $\bar{h}$  detecta a existência de heterogeneidade nos valores das frequências gênicas entre as populações. Ainda, segundo o mesmo autor, contribuirão mais para a heterose média aqueles locos que apresentarem maior dominância e para os quais as variedades difiram mais nas frequências gênicas.

As significâncias de heterose de genitores ( $\hat{h}_i$ ) e heterose específica ( $\hat{s}_{ii}$ ) indicaram que existe uma variação suficiente nos efeitos heteróticos dos cruzamentos. A heterose de genitores mede a contribuição geral de cada um deles para os desvios da heterose total, em relação à heterose média. Já a significância da heterose específica é um indicativo de que existem diferenças suficientemente grandes entre as frequências gênicas médias de, pelo menos, parte dos genitores ou graus de complementação de suas frequências.

As estimativas dos componentes que explicam a heterogeneidade das médias na tabela dialélica permitiram identificar as populações mais promissoras

Tabela 3. Matriz de médias (g/100) do teor de proteína total no grão, em populações de milho com endosperma normal (na diagonal) e seus cruzamentos (fora da diagonal).

Genótipos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1	11,18	11,28	-	10,72	10,33	10,79	10,75	10,15	11,19	11,14	10,49	11,43	11,54	10,79	10,19
2		11,21	10,74	10,81	11,36	10,83	10,75	10,71	11,27	10,15	9,57	10,22	11,35	11,59	11,44
3			9,78	10,93	10,31	10,19	10,01	10,62	10,11	9,44	10,14	10,90	-	10,49	9,31
4				10,96	12,25	9,46	10,44	11,75	10,67	10,50	9,81	10,97	9,83	11,25	11,32
5					-	10,10	9,96	10,52	10,20	10,85	10,94	11,28	10,94	11,78	10,24
6						9,84	10,55	10,79	11,99	10,81	9,85	10,23	10,22	10,02	10,65
7							9,89	10,57	10,68	11,60	10,14	10,54	10,08	9,54	10,30
8								10,11	10,62	9,63	11,01	11,71	11,29	11,19	10,95
9									10,72	10,75	11,21	11,63	10,69	8,98	9,90
10										10,04	9,74	-	-	-	-
11											10,45	10,79	11,39	10,96	10,42
12												11,00	9,74	10,97	11,90
13													11,44	10,89	10,71
14														11,15	11,95
15															11,98

Tabela 4. Matriz das estimativas dos efeitos da heterose específica ( $\hat{s}_{ii}$ ), de variedades ( $\hat{v}_i$ ), de heterose varietal ( $\hat{h}_i$ ), da capacidade geral de combinação ( $\hat{g}_i$ ), das médias de variedades ( $\hat{\mu}$ )<sup>1</sup> e heterose média ( $\hat{h}$ )<sup>1</sup>, para o caráter teor de proteína total no grão (g/100 g), em populações de milho com endosperma normal.

Genótipos	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	$\hat{v}_i$	$\hat{h}_i$	$\hat{g}_i$
1	0,26	-	-0,20	-0,61	0,20	0,20	-0,83	0,34	0,51	-0,10	0,33	0,72	-0,15	-0,66	0,48	-0,20	0,05
2		0,28	-0,18	0,34	0,17	0,13	-0,33	0,35	-0,55	-1,09	-0,95	0,46	0,58	0,52	0,51	-0,08	0,17
3			0,58	-0,07	0,16	0,03	0,20	-0,18	-0,63	0,11	0,37	-	0,12	-0,97	-0,92	0,08	-0,38
4				1,34	-1,09	-0,07	0,81	-0,15	-0,09	-0,74	-0,09	-0,95	0,35	0,50	0,26	-0,05	0,09
5					-0,48	-0,58	-0,45	-0,65	0,22	0,35	0,19	0,13	0,85	-0,60	-4,44	0,27	0,00
6						0,36	0,17	1,49	0,53	-0,38	-0,51	-0,24	-0,56	0,17	-0,86	0,42	-0,01
7							0,00	0,24	1,37	-0,04	-0,16	-0,34	-1,00	-0,14	-0,81	0,28	-0,12
8								-0,26	0,39	0,58	0,45	0,22	0,07	-0,59	0,93	0,63	
9									0,21	0,72	0,63	-0,03	-1,86	-0,85	0,02	0,07	0,08
10										-0,53	-	-	-	-	-0,65	0,30	-0,02
11											0,06	0,94	0,38	-0,07	-0,25	-0,19	-0,31
12												-1,23	-0,12	0,90	0,31	0,28	0,43
13													0,08	0,00	0,74	-0,72	-0,35
14														1,11	0,46	-0,19	0,04
15															1,29	-1,20	-0,56

<sup>1</sup> -  $\hat{\mu} = 10,6964$ ;  $\hat{h} = -0,0643$  (-0,60%).

como parentais, para o programa de melhoramento. As médias, bem como os componentes de médias, relativos aos parâmetros estudados, estão apresentadas nas Tabelas 3 e 4. Uma observação importante é que, como neste trabalho foi utilizada a geração  $F_2$ , as estimativas dos componentes de heterose se reduzem à metade, isto é, a heterose é máxima quando se utiliza a geração  $F_1$ . A utilização da geração  $F_2$  é um fato interessante, porque esta é a mesma que os produtores agrícolas colhem no campo e, conseqüentemente, é essa semente que será utilizada, tanto para o consumo humano, como o consumo animal.

Os resultados para o caráter teor de proteína total das médias variaram muito, pois observaram-se os intervalos de 9,78 (g/100 g) a 11,98 (g/100 g) para os genitores (diagonal da tabela 3), e de 8,98 (g/100 g) a 12,25 (g/100 g) para os cruzamentos fora da diagonal, com uma média geral de 10,78 (g/100 g). Esses resultados são compatíveis com os outros da literatura, pois diversos autores citam que o teor de proteína em grãos de milho normais brasileiros pode variar de 8,68 g/100 g a 12,5 g/100 g. Porém, valores acima de 10,50 g/100 g não são encontrados com facilidade (Tosello & Geraldí 1980, Bellaver & Lima 1998, Lima et al. 2000, Mittelman 2001).

As análises evidenciaram, ainda, que os genitores 15 (AG-6690), com 11,98 g/100 g, e 13 (ZN-8486), com 11,44 g/100 g, foram os de maiores valores médios, enquanto os genitores 3 (Agromen 3050), com 9,78 g/100 g, e 6 (AG-9010), com 9,84 g/100 g, foram os de valores mais baixos. Logo, as populações derivadas de AG-6690 e de ZN-8486 são consideradas as mais ricas em proteína total (Tabela 3). Já a melhor combinação foi proporcionada pelo cruzamento 4 x 5, isto é, entre P30K75 e AG-6016, com 12,25g/100 g de proteína total. Oliveira (2004), trabalhando com milho QPM, encontrou um valor médio do teor de proteína de 11,40 g/100 g, na variedade BR 473. O autor reporta que este valor é superior aos encontrados por outros autores.

Para a escolha de compostos a serem sintetizados, utilizaram-se os maiores valores da capacidade geral de combinação (Tabela 4). É interessante ressaltar que esses compostos podem ser usados em programas de melhoramento que visem a praticar seleção recorrente. Portanto, para o caráter teor de proteína total no grão, sugere-se a formação do composto (2, 4, 8, 9 e 12), cuja média foi 11,27 g/100 g.

Outro parâmetro de grande relevância é a heterose média, cuja significância para a sua estimativa reflete o potencial dos genitores em combinações híbridas. Para o caráter teor de proteína total, esse valor foi de -0,0643 (Tabela 4). Na presença desse resultado negativo, mesmo com um valor relativamente baixo, percebe-se um decréscimo de 0,60% no teor de proteína total, ou seja, há certo declínio no teor de proteína dos grãos.

Pela análise das estimativas dos efeitos de genitores ( $\hat{v}_i$ ), de heterose varietal ( $\hat{h}_i$ ) e da capacidade geral de combinação ( $\hat{g}_i$ ), nota-se que as estimativas desses efeitos variaram de forma considerável (Tabela 4). Isso já havia sido constatado na análise de variância dialélica (Tabela 2). As estimativas  $\hat{v}_i$  variaram de -0,92 g/100 g a 1,29 g/100 g;  $\hat{h}_i$ , de -0,72 g/100 g a 0,93 g/100 g; e  $\hat{g}_i$ , de -0,56 g/100 g a 0,63 g/100 g.

Pelos valores de  $\hat{v}_i$ , conclui-se que os genitores 15 (AG-6690) e 13 (ZN-8486) apresentam maior potencial de uso "*per se*". Combinações híbridas mais heteróticas são esperadas a partir dos genitores 8 (Agromen 2012) e 6 (AG-9010), cujos valores de  $\hat{h}_i$  foram os de maior magnitude. Um dos objetivos do melhoramento de plantas é encontrar combinações híbridas entre genitores de bom potencial genético e divergentes. Assim, as escolhas do genitor 15 (AG-6690), pelo seu desempenho médio, e do genitor 8 (Agromen 2012), pela sua divergência em relação aos demais genitores, devem satisfazer a este objetivo. É interessante ressaltar que os valores positivos dos efeitos de variedades e de heterose varietal foram de magnitudes superiores ao encontrados por Oliveira (2004), em milho QPM. Neste estudo, os valores de  $\hat{v}_i$  variaram entre 0,31 g/100 g e 0,64 g/100 g, enquanto os de  $\hat{h}_i$ , entre 0,49 g/100 g e 0,33 g/100 g. Este fato reforça a possibilidade de sucesso do melhoramento do milho com endosperma normal, para teor de proteína total no grão.

Pelas estimativas da capacidade geral de combinação, destacam-se os genitores: 8, Agromen 2012 (0,6329 g/100 g); 12, ZN-8392 (0,4314 g/100 g); 2, Aventis A-2601 (0,1720 g/100 g); e 4, P30K75 (0,0850 g/100 g). Estes foram os que mais contribuíram, em ordem decrescente, para aumentar o teor de proteína total no grão em combinações híbridas. Assim, estes são potencialmente os melhores parentais para o caráter. Isso decorre dos valores

positivos do efeito de homozigotos e de heterose nas médias dos cruzamentos em que esses genitores participaram. É interessante ressaltar que a capacidade geral de combinação (CGC) representa uma boa aproximação da contribuição de cada população na formação de compostos ou sintéticos (Miranda Filho & Chaves 1991). Oliveira (2004) encontrou valores que variaram de 0,02 g/100 g a 0,64 g/100 g, em milho QPM. Esses valores, apesar de serem praticamente iguais aos deste trabalho, devem ser considerados em dobro para efeito de comparação, pois o coeficiente condicional para híbridos, utilizado no trabalho com QPM, foi 1, enquanto, no trabalho atual, esse coeficiente condicional foi 0,5.

As maiores heteroses específicas, como pode-se observar na Tabela 4, foram apresentadas pelos cruzamentos 6 x 9 (1,49 g/100 g), 7 x 10 (1,37 g/100 g), 4 x 5 (1,34 g/100 g), 11 x 13 (0,94 g/100 g). De acordo com Vencovsky (1970), a significância da heterose específica indica a existência de diferenças nas frequências gênicas médias de, pelo menos, parte das variedades. Para as médias do teor de proteína total no grão (Tabela 3), as melhores combinações híbridas foram: 4 x 5 (12,25 g/100 g), 6 x 9 (11,99 g/100 g) e 14 x 15 (11,95 g/100 g).

No Brasil, os estudos sobre qualidade nutricional de milho encontram-se em fase incipiente, especialmente no que se refere aos componentes de heterose. Dessa forma, a análise genética dessas populações pode revelar populações base para a formação de compostos e sintéticos a serem incluídos em programas de melhoramento.

## CONCLUSÕES

1. Existe diversidade genética entre as populações estudadas, com efeitos significativos de heterose e seus componentes.
2. Houve manifestação de heterose para o caráter teor de proteína total, indicando a existência de dominância no seu controle genético, com heterose média negativa.
3. Genótipos com elevados teores médios de proteína foram identificados, indicando a possibilidade de manipulação genética de certas populações.
4. Os melhores genitores foram as populações derivadas de AG-6690 e ZN-8486, e P30K75 x AG-6016 foi a melhor combinação híbrida.

## REFERÊNCIAS

- ANFAR / SINDIRAÇÕES. *Matérias-primas para alimentação animal*: Padrão, Sindrirações/ANFAR. São Paulo: Ministério da Agricultura e Reforma Agrária, 1999.
- ASSOCIATION OF OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTS (AOAC). *Official methods of analysis of AOAC International*. 16. ed. Washington: AOAC, 1995.
- BELLAVER, C.; LIMA, G. J. M. M. Milhos de qualidade superior na alimentação de suínos. In: WORKSHOP SOBRE QUALIDADE DO MILHO, 23., 1998, Dourados. *Anais...* Dourados: Embrapa – CPAO, 1998. p. 78.
- BRASIL, E. M. *Variabilidade genética, heterose e efeitos de endogamia em populações de milho em cultivo normal e "safrinha"*. 1998. 106 f. Tese (Doutorado em Agronomia)-Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 1998.
- DUDLEY, J. W. Seventy-six generations of selection for oil and protein percentage in maize. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 1., 1977, Ames. *Proceedings...* Ames: Iowa State University Press, 1977. p. 459-473.
- DUDLEY, J. W.; LAMBERT, R. J. Ninety generations of selection for oil and protein in maize. *Maydica*, Bergamo, v. 37, n. 1, p. 81-87, 1992.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA (Embrapa). *Tabela de composição química e valores energéticos de alimentos para suínos e aves*. 3. ed. Concórdia: Embrapa – CNPSA, 1991. (Documento, 19)
- GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of variety cross diallel and related populations. *Biometrics*, Raleigh, v. 22, n. 3, p. 439-452, 1966.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, Collingwood, v. 9, n. 4, p. 463-493, 1956.
- LIMA, G. J. M. M. et al. Classificação do milho, quanto à composição em alguns nutrientes, através do emprego de análise de conglomerados. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 23., 2000, Uberlândia. *Anais...* Uberlândia: ABMS, 2000. p. 318.
- MIRANDA FILHO, J. B.; CHAVES, L. J. Methodology analysis of diallel crosses with F2 generations. *Brazilian Journal of Genetics*, Ribeirão Preto, v. 19, n. 1, p. 127-132, 1996.
- MIRANDA FILHO, J. B.; CHAVES, L. J. Procedures for selecting composites based on prediction methods.

*Theoretical and Applied Genetics*, Belfast, v. 81, n. 2, p. 265-271, 1991.

MISEVIC, D.; ALEXANDER, D. E. Twenty-four cycles of phenotypic recurrent selection for percent oil in maize. I. Per se and test-cross performance. *Crop Science*, Madison, v. 29, n. 2, p. 320-324, 1989.

MITTELMANN, A. *Varição genética para qualidade nutricional em milho com endosperma normal*. 2001. 47 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

OLIVEIRA, J. P. et al. Teor de proteína no grão em populações de milho de alta qualidade protéica e seus cruzamentos. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiânia, v. 34, n. 1, p. 45-51, 2004.

PINTO, G. R. C. *Potencial genético de vinte e três populações de milho, quanto ao ataque de insetos, praga e reação a doenças foliares, com ênfase em cercospora zae-maydis*. 2002. 45f. Dissertação (Mestrado em Agronomia)-Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2002.

SAS INSTITUTE. *SAS/STAT Software: changes and enhancements through release 8.2*. Cary, NC: SAS Institute, 2002.

SONG, T. M. et al. Eleven cycles of single kernel phenotypic recurrent selection for percent oil in Zhongzong no. 2 maize synthetic. *Journal of Genetics and Breeding*, Roma, v. 53, n. 1, p. 31-35, 1999.

TOSELLO, G. A.; GERALDI, I. O. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para caracteres da planta e da qualidade do grão na população de milho ESALQ-VO opaco. In: \_\_\_\_\_. *Relatório científico do Departamento de Genética*. Piracicaba: ESALQ/USP, 1980. p. 183-189.

VENCOVSKY, R. *Alguns aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos de variedades*. 1970. 30f. Tese de Livre Docência. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1970.

VILLEGAS, E.; ORTEGA, E.; BAUER, R. *Métodos químicos usados en el CIMMYT para determinar la calidad de proteína de los cereales*. Cidade do México, DF: Centro Internacional de Mejoramiento de Mays y trigo, 1985.