

TEOR DE PROTEÍNA NO GRÃO EM POPULAÇÕES DE MILHO DE ALTA QUALIDADE PROTÉICA E SEUS CRUZAMENTOS¹

Jaison Pereira de Oliveira², Lázaro José Chaves², João Batista Duarte²,
Edward Madureira Brasil², Leonides Teodoro Ferreira Junior² e Keyla de Oliveira Ribeiro²

ABSTRACT

KERNEL PROTEIN CONTENT IN QUALITY PROTEIN MAIZE POPULATIONS AND THEIR CROSSES

Corn is employed in animal feed as an energy source, but as a protein source it is deficient in lysine and triptophan. Thus, the present study evaluated open pollinated populations of quality protein maize (QPM) and their crosses for total grain protein. The heterosis and its components were quantified as useful parameters for breeding these populations. The analyses were carried out on 96 hybrids, derived from eight populations of dent grains (group 1) and thirteen of flint grains (group 2), including their parents in a partial diallel intergroup design. Kjeldahl's method was used to analyse total protein content. Variance analysis results were significant for all effects, revealing heterogeneity among and within the groups, as well as the presence of heterosis. The total protein content means of group 1 and group 2 were 9.67 g/100g and 10.51 g/100g, respectively, and the mean of hybrid combinations was 11.86 g/100g. The general mean involving all parents and crosses was 11.61 g/100g. The average heterosis was 17.58%, revealing the superiority of the hybrids over the parents. As far as general combining ability and yield mean are concerned, the best parents were CMS 454, CMS 474 and ZQP 103 (group 1) and CMS 453, BR 473, CMS 463, CMS 458 and ZQP 102 (group 2). These populations are recommended for QPM composites with high protein content.

KEY WORDS: *Zea mays*, protein, nutrition quality, QPM, diallel.

RESUMO

O milho é um alimento de alto valor energético e de baixo valor protéico. Além disso, apresenta uma carência em aminoácidos essenciais como lisina e triptofano. O objetivo deste trabalho foi avaliar populações de milho de alta qualidade protéica (QPM) e seus cruzamentos, quanto ao teor de proteína total no grão, determinando-se a heterose e seus componentes, como subsídio para programas de melhoramento genético. As análises foram executadas em 96 híbridos, provenientes de oito populações de grãos dentados e treze de grãos duros, incluindo os genitores, em um esquema dialélico parcial intergrupos. A proteína total em amostras de grãos foi determinada utilizando-se o método de Kjeldahl. Os resultados da análise de variância apresentaram significância para todos os efeitos do modelo, revelando heterogeneidade entre e dentro dos grupos, além da existência de heterose. Com relação ao teor de proteína total, a média do grupo dentado foi de 9,67 g/100g e a do grupo duro, de 10,51 g/100g, enquanto nas combinações híbridas a média foi de 11,86 g/100g. A média geral, envolvendo todos os genitores e cruzamentos, foi de 11,61 g/100g. A heterose média correspondeu a 17,58%, revelando uma superioridade média dos híbridos em relação aos genitores. Os melhores genitores quanto à capacidade geral de combinação foram CMS 454, CMS 474 e ZQP 103 (dentados) e o CMS 453, BR 473, CMS 463, CMS 458 e ZQP 102 (duros). Tais genótipos são os potencialmente indicados para formação de compostos QPM com alto teor de proteína.

PALAVRAS-CHAVE: *Zea mays*, proteína, qualidade nutricional, QPM, diallelo.

INTRODUÇÃO

O milho é largamente empregado na alimentação humana e animal como fonte energética, devido ao seu alto conteúdo em amido, disponível numa forma facilmente digerível e de baixo custo. No entanto, em termos de fonte protéica, seu produto deixa a desejar, pois além de possuir baixo teor médio (cerca de 10%), sua proteína é de baixa qualidade, princi-

palmente em relação aos aminoácidos essenciais (Mendes 1972).

O grão de milho é composto por endosperma (82,3%), embrião (11,5%), pericarpo (5,3%) e ponta (0,8%). Nessas porções da semente são encontradas as proteínas, que em média representam 8,5% do endosperma, 18,5% do embrião, 5,0% do pericarpo e 9,1% da ponta. A soma desses valores é que propor-

1. Parte da tese de doutorado do primeiro autor, apresentada à Universidade Federal de Goiás. Apoio: SECTEC- GO, Funape/UFG. Trabalho recebido em jun./2003 e aceito para publicação em jun./2004 (registro nº 595).

2. Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, C. Postal 131, CEP 74001-970, Goiânia, GO.
E-mail: jaison@gmail.com; lchaves@agro.ufg.br; jbduarte@agro.ufg.br; ebrasil@agro.ufg.br

ciona um valor médio de proteína, no grão, de aproximadamente 10%, o que pode variar com o tipo de grão, fertilidade do solo e condições climáticas (Tosello 1987). As proteínas do milho podem ser divididas em várias classes, sendo agrupadas de acordo com suas solubilidades. Embora existam diversas versões de como se dividem essas proteínas, atualmente pode-se afirmar que várias frações podem ser encontradas e, entre elas, a α -zeína é a de maior concentração em milho normal, representando entre 50% e 60% do total de proteína (Tosello 1987).

No milho, as frações protéicas do grão não são constantes e variam de acordo com o tipo de grão, podendo ser alteradas por genes mutantes. São conhecidos vários genes capazes de modificar as frações protéicas do endosperma (Bjarnasan & Vasal 1992). O gene opaco-2 é o mais popularmente conhecido e possui a característica de provocar uma diminuição significativa na síntese de α -zeína, implicando num aumento das frações de β -zeína. Isso constitui numa vantagem do ponto de vista nutricional, uma vez que a α -zeína é pobre em aminoácidos essenciais como a lisina e o triptofano, enquanto a β -zeína, sendo de melhor digestibilidade, disponibiliza mais prontamente esses aminoácidos, conferindo ao grão um alto valor biológico (Moro *et al.* 1996).

A descoberta do mutante opaco-2 no milho (Mertz *et al.* 1964) e de outros genes mutantes para proteínas de alta qualidade nutricional, despertou inicialmente um acentuado entusiasmo entre pesquisadores no mundo todo. Essa atividade de pesquisa, entretanto, declinou-se à medida que o milho opaco-2 não conseguiu aceitação no mercado, em virtude de sua inferioridade agrônômica; especificamente, associada à produtividade de grãos, ao fenótipo do grão (farináceo e de baixa densidade), à vulnerabilidade a insetos e a organismos causadores de podridões da espigas, à menor velocidade de secagem e maior incidência de danos mecânicos aos grãos, por ocasião da colheita (Alexander 1988, Mertz 1994).

Embora o interesse mundial pela pesquisa com os milhos opaco-2 tivesse declinado, o *Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo* (CIMMYT) manteve esse interesse, tendo conseguido superar os principais problemas agrônômicos, com a introdução de genes modificadores de endosperma e seleção contínua para grãos vítreos e de maior densidade. Surgiu, então, as variedades de milho denominadas "Quality Protein Maize" ou simplesmente QPM, que reúnem as boas qualidades do milho normal, ou seja, grãos vítreos e de maior densidade, e com

qualidade protéica similar ao milho opaco-2 (Saldivar & Rooney 1994).

O maior valor biológico da proteína desses milhos implica também em seu melhor aproveitamento metabólico por animais monogástricos como suínos, aves, peixes e eqüídeos. Em muitos casos, o milho opaco-2 pode ser utilizado como fonte única de proteína. Neste caso, pode-se reduzir os gastos com concentrados protéicos e, devido à melhor eficiência de sua conversão alimentar, obtêm-se ganhos de peso significativos (Pacheco *et al.* 1999).

No que se refere à alimentação humana, os milhos QPM têm mostrado superioridade em relação ao milho normal, representando uma excelente fonte protéica não só para crianças desnutridas como também para as fenilcetonúricas (Robinson 1975). Estudos de nutrição infantil, comparando o uso de milho QPM e milho comum, como fontes únicas de proteína na dieta de crianças desnutridas, revelam que a retenção de nitrogênio proveniente de milho QPM é 50% maior que a de milho comum (National Research Council 1988).

No Brasil, os estudos sobre melhoramento genético de milho para alto teor e qualidade de proteína são relativamente recentes. Merece destaque o trabalho desenvolvido pela Embrapa Milho e Sorgo. Em 1984, a partir da introdução de 23 populações QPM oriundas do CIMMYT, iniciaram-se as pesquisas em que se destacou a variedade de grãos brancos CMS 451, a qual, após três ciclos de seleção, foi lançada como BR 451, a primeira variedade brasileira de milho QPM. Em 1994, esse mesmo programa de melhoramento liberava no mercado outra variedade QPM, a BR 473, e em 1997, o híbrido duplo QPM BR 2121, ambos de grãos amarelos (Pacheco *et al.* 1999). Embora essas pesquisas tenham dado grande contribuição, uma lacuna ainda permanece no que concerne à associação, num mesmo cultivar, de características agrônômicas e nutricionais. Nesse sentido, Rodrigues (2000) investigou componentes da heterose em populações de milho QPM e seus cruzamentos, para caracteres de produtividade e resistência a doenças. O autor encontrou vários genótipos que não diferiram da testemunha, o híbrido BR 2121, em termos de produtividade média de grãos. Destacaram-se também populações como CMS 474, ZQP 101, CMS 453 e BR 473.

Nessa linha de pesquisa, o presente trabalho objetivou avaliar populações de polinização livre de milho, de alta qualidade protéica (QPM), e seus cruzamentos, quanto ao teor de proteína total no grão,

determinando-se a heterose e seus componentes, como subsídio para o melhoramento destas populações *per se* ou visando à formação de compostos para um programa de seleção recorrente.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas 21 populações de milho QPM, de grãos amarelos, em equilíbrio de Hardy-Weinberg, oriundas de bancos de germoplasma da Embrapa Milho e Sorgo (CNPMS) e da empresa Zeneca Sementes Ltda. Procurando-se estabelecer grupos heteróticos distintos, as populações foram divididas de acordo com o tipo de grão, em grupo 1, com oito populações de grãos mais dentados, e grupo 2, com treze populações de grãos mais duros. Elas foram cruzadas em esquema dialélico parcial intergrupos, conforme Miranda Filho & Geraldi (1984), obtendo-se 104 híbridos. Desse total, oito foram descartados devido a problemas de insuficiência de sementes. Pelo mesmo motivo foram descartadas as populações CMS 456, CMS 464 e CMS 466, todas do grupo 1. As

características das populações estudadas estão apresentadas na Tabela 1.

As dezoito populações parentais e 96 híbridos F_1 foram plantados na safra 2000/2001, em área experimental da Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos (Universidade Federal de Goiás), município de Goiânia-GO (latitude de 16°35'12" S, longitude de 49°21'14" W e altitude de 730 m). A adubação seguiu as recomendações gerais para a cultura do milho. As parcelas foram de uma fileira de plantas, de 10 m de comprimento e com cinco plantas por metro (50 plantas). Em cada fileira as plantas foram polinizadas manualmente com uma mistura de pólen de, pelo menos, cinco plantas da mesma fileira, protegendo-as individualmente da contaminação por pólen oriundo de outros materiais. Esse procedimento permitiu a obtenção de grãos da geração F_2 de cada híbrido (tipo de grão colhido pelo agricultor) e a renovação de sementes das populações parentais.

Para determinação do teor de proteína foram utilizadas amostras de 100 g de grãos, de cada material, livres da presença de insetos, fungos e podridões, de danos mecânicos de qualquer natureza e com umidade uniforme. 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 de 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 de cada material.

Para a análise dialélica dos dados, o número total de entradas foi: $N = p + q + pq - k$, sendo k o número de dados perdidos. No presente caso, encontrou-se $N = 114$ ($p = 8$; $q = 13$, com três genitores e oito cruzamentos perdidos). O modelo estatístico adotado foi o de Miranda Filho & Geraldi (1984), para dialélico parcial, adaptado do modelo de Gardner & Eberhart (1966) para dialélico completo. Nesse modelo, a média de um cruzamento envolvendo um genitor i ($i = 1, 2, \dots, p$) e um genitor j ($j = 1, 2, \dots, q$), de dois grupos fixos de variedades (grupos 1 e 2), é dada por:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha d + \frac{1}{2} (v_i + v_j) + \theta (\bar{h} + h_i + h_j + s_{ij}) + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

em que:

μ é o ponto médio entre as médias dos dois grupos de variedades; d é a diferença entre as médias dos dois

Tabela 1. Caracterização das populações de milho QPM amarelo utilizadas, oriundas de bancos ativos de germoplasma (BAG) da Embrapa Milho e Sorgo e da empresa Zeneca Sementes Ltda.

Ordem	Identificação no BAG	Identidade	Tipo do grão	Procedência ¹
1	CMS 453	Population 65 - Yellow Flint QPM	Duro	CIMMYT
2	CMS 454	Population 66 - Yellow Dent QPM	Dentado	CIMMYT
3	CMS 455	Pool 25 QPM	Duro	CIMMYT
4	CMS 455c	Sintético do 455	Duro	CNPMS
5	CMS 456	Pool 26 QPM	Dentado	CIMMYT
6	CMS 458	Amarillo Cristalino QPM	Duro	CIMMYT
7	CMS 463	Population 69 - Templado Amarillo QPM	Duro	CIMMYT
8	CMS 464	Population 70 - Templado Amarillo QPM	Dentado	CIMMYT
9	CMS 465	Pool 33 QPM	Duro	CIMMYT
10	CMS 466	Pool 34 QPM	Dentado	CIMMYT
11	CMS 467	Amarillo del Bajío QPM	Dentado	CIMMYT
12	CMS 468	Amarillo Subtropical QPM	Duro	CIMMYT
13	CMS 470	Obregón 7941	Duro	CIMMYT
14	CMS 471	Across 7941	Duro	CIMMYT
15	CMS 472	San Jerónimo 7941	Duro	CIMMYT
16	CMS 473 ²	Sintético Amarelo QPM	Duro	CNPMS
17	CMS 474	(75%) CMS454 : (25%) BR-106	Dentado	CNPMS
18	CMS 52 ³	Sintético Superprecoce Amarelo QPM	Duro	CNPMS
19	ZQP 101 ⁴	Population 89/Yellow dent QPM	Dentado	Zeneca
20	ZQP 102 ⁴	Population 91/HDI	Duro	Zeneca
21	ZQP 103 ⁴	Population 88/4876 – pop. 66	dentado	Zeneca

¹- CIMMYT (Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo); Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), da Embrapa, e empresa Zeneca Sementes Ltda.

²- Lançada como BR 451; ³- Lançada como BR 473; ⁴- Populações pertencentes a empresa Zeneca sementes Ltda.

grupos de variedades; v_i e v_j são os efeitos varietais relativos aos grupos 1 e 2, respectivamente; $\bar{h}$ é a heterose média de todos os cruzamentos; h_i e h_j são os efeitos de heterose varietal relativos aos grupos 1 e 2, respectivamente; s_{ij} é a heterose específica do cruzamento entre as variedades ou populações i e j ; e $\bar{\epsilon}_{ij}$ é o erro experimental médio associado às médias observadas Y_{ij} , assumido com distribuição normal, média nula e variância constante σ^2 . As variáveis indicadoras α e θ assumem os valores: $\alpha = 0$ e $\theta = 1$, para os híbridos; $\alpha = 1$ e $\theta = 0$, para as variedades parentais do grupo 1, com $Y_{ij} = Y_{ii}$; ou $\alpha = -1$ e $\theta = 0$, para as variedades do grupo 2, com $Y_{ij} = Y_{jj}$. Ademais, foram assumidas as seguintes restrições paramétricas:

$$\sum_i v_i = \sum_j v_j = \sum_i h_i = \sum_j h_j = 0 \quad \text{e} \quad \sum_i s_{ij} = \sum_j s_{ij} = 0.$$

Para a estimativa dos efeitos do modelo e de suas respectivas somas de quadrados, utilizou-se o método dos quadrados mínimos, a partir do sistema de equações, com solução matricial: $\hat{\beta} = (X'X)^{-1}X'Y$, em que, $\hat{\beta}$ é o vetor com as estimativas dos parâmetros do modelo, X é a matriz informação de coeficientes dos efeitos no modelo e Y é o vetor das médias observadas.

Como a tabela dialélica não era completa (alguns tratamentos perdidos), para se avaliar a contribuição de cada fonte de variação para a variabilidade total nos dados, optou-se pelo ajuste sequencial de modelos. Oito 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 geral: $SQ = \hat{\beta}'X'Y$, com tantos graus de liberdade quantos forem os parâmetros do modelo considerado. 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 (g_i e g_j), correspondente ao método 4 de Griffing (1956), utilizando-se as expressões:

$$\hat{g}_i = \frac{1}{2}\hat{v}_i + \hat{h}_i \quad \text{e} \quad \hat{g}_j = \frac{1}{2}\hat{v}_j + \hat{h}_j.$$

Todos os cálculos estatísticos foram implementados no sistema computacional SAS (*Statistical Analysis System*), por meio de seu procedimento IML (SAS Institute 2002).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados da análise de variância para o teor de proteína total no grão, obtidos do ajuste do modelo dialélico parcial de Miranda Filho & Geraldi (1984), são apresentados na Tabela 2. Observa-se que houve significância para todos os efeitos do modelo. A significância dos quadrados médios das fontes de variação de parentais, para os dois grupos (G_1 e G_2), indica a existência de divergência entre populações dentro dos grupos. Isso é de grande relevância pois revela a existência de diversidade genética significativa entre variedades de cada grupo, o que é importante para o aproveitamento da heterose em compostos varietais. No presente caso, observa-se uma maior variação entre as médias do teor de proteína total no grupo 2 do que no grupo 1.

Observou-se ainda, a existência de variação significativa dos comportamentos médios entre os grupos de genitores (G_1 vs G_2), com vantagem para o grupo 2 (grãos duros). A existência de variação entre grupos e entre populações dentro dos grupos indica a possibilidade de seleção de populações

Tabela 2. Análise de variância segundo o modelo de dialélico parcial de Miranda Filho & Geraldi (1984), para o teor de proteína total no grão (g/100g), envolvendo genitores do grupo 1 (QPM amarelo de grãos dentados) e grupo 2 (QPM amarelo de grãos duros) de milho com alta qualidade protéica e suas combinações híbridas

Fontes de Variação	GL	QM
Repetições	2	0,5742
Tratamentos	113	1,5111 **
Variedades Grupo 1 (G_1)	4	0,6322 **
Variedades Grupo 2 (G_2)	12	1,4051 **
G_1 vs G_2	1	1,2424 **
Heterose (h)	96	1,5634 **
Heterose Média	1	40,3674 **
Heterose Grupo 1	4	1,9861 **
Heterose Grupo 2	12	1,3247 **
Heterose específica	79	1,0788 **
Resíduo/r ¹	226	0,0603
Coefficiente de variação (%)	-	3,6613

¹ - Erro experimental em nível de médias de tratamentos (número de repetições igual a 3);

** - valores significativos a 1% de probabilidade, pelo teste F.

parentais de ambos os grupos, para início de um programa de seleção recorrente intrapopulacional. Para um programa de seleção interpopulacional, a formação de populações base a partir de genitores de cada grupo seria recomendável, tendo em vista a manutenção dos grupos heteróticos.

Para o estudo da heterose em dialelos parciais, que envolvem dois grupos de genitores e suas respectivas combinações híbridas, a heterose total (h) é desdobrada em heterose média ($\bar{h}$), heterose do grupo 1 (h_1), heterose do grupo 2 (h_2) e heterose específica (s_{ij}). Esses parâmetros foram todos significativos para os dois grupos. A significância para a heterose média indica uma diferença das médias dos híbridos em relação à média dos parentais. Segundo Vencovsky (1970), esta significância conduz à aceitação de que existe dominância e que a divergência das frequências gênicas entre as variedades dos dois grupos é suficientemente grande, pelo menos, em parte dos locos com dominância. As variedades nessas condições são, portanto, suficientemente divergentes nestes locos.

As heteroses de grupos e a heterose específica dependem da natureza ou características das divergências genéticas entre as variedades. Neste caso, tem-se uma variação suficiente nos efeitos heteróticos dos cruzamentos, dada pela significância, tanto no quadrado médio da heterose dos dois grupos de genitores, como no quadrado médio da heterose específica. Isso equivale dizer que a contribuição de cada genitor para o desempenho dos híbridos é variada, indicando dispersão nas frequências alélicas das populações, em cada grupo. Existem ainda, complementações específicas entre pares de genitores, contribuindo para o melhor desempenho de híbridos particulares.

Entende-se por complementação, o fenômeno em que dois genitores envolvidos num cruzamento se completam, um suprimindo as deficiências genômicas do outro (Vencovsky & Barriga 1992). Quando no conjunto dos locos, um dos genitores possui alguns deles com baixa frequência de alelos favoráveis e, justamente nestes locos, o outro tem frequências alélicas elevadas, então ocorre a complementação. Isto, porém, só ocorre nos locos que apresentarem algum efeito de dominância alélica, pois o parâmetro heterose específica não capta efeitos de divergência em locos sem dominância (Vencovsky 1987).

As estimativas dos componentes de médias da tabela dialélica permitem identificar as variedades ou populações mais promissoras para serem usadas como genitores em programas de melhoramento. As médias, bem como os seus componentes, relativos à variável estudada, estão relacionados nas Tabelas 3 e 4. Observou-se grande variabilidade entre as médias, tanto entre os genitores dos dois grupos, quanto entre as suas combinações híbridas (Tabela 3). Nota-se que, entre os genitores, os valores variaram de 8,35 g/100g a 11,69 g/100g, sendo que no grupo 1 a média foi de 9,67 g/100g e, no grupo 2, 10,51 g/100g. Nas combinações híbridas, foram encontrados valores entre 8,99 g/100g e 14,40 g/100g, com média (11,86 g/100g) superior à dos genitores. A média geral, envolvendo todos os genitores e cruzamentos, foi de 11,61 g/100g.

Esses resultados aproximam-se de valores frequentemente encontrados na literatura (Mendes 1972, Mittelman 2001). Os autores reportam que o teor de proteína em milhos normais do Brasil, entre milhos duros e dentados, pode variar de 8,68 g/100g a 12,5 g/100g; porém, valores acima de 10,50 g/100g não são comuns nesses milhos.

Tabela 3. Médias¹ do teor de proteína total na matéria seca (g/100g), em populações de milho de alta qualidade protéica (QPM) e seus cruzamentos

G ₁ /G ₂ ^{2/}	CMS453	CMS455	CMS455c	CMS458	CMS463	CMS465	CMS468	CMS470	CMS471	CMS472	ZQP102	CMS52	BR473	$\bar{Y}_0$
CMS454	-	-	-	-	13,3783	12,1504	13,6467	12,3953	12,4586	12,0265	11,0883	13,1466	11,5584	9,9265
CMS456	-	-	-	-	11,1004	11,4038	11,2683	11,3683	11,1889	11,3895	9,7065	10,8879	11,5913	-
CMS464	13,3557	10,5746	11,5234	13,5545	14,0663	10,0758	12,5372	10,9994	10,2693	11,8938	11,3989	13,0220	12,9989	-
CMS466	12,1925	9,6243	12,1250	11,3772	11,4249	12,4669	10,9627	13,5976	12,4517	9,9277	12,5007	10,5352	13,4392	-
CMS467	12,0712	12,5546	12,4175	11,6317	12,1538	10,7112	10,9505	11,6030	12,5171	11,6624	11,6212	11,9236	12,6399	8,9582
ZQP101	11,4438	11,0890	11,5682	11,7601	11,9518	11,4808	11,3110	10,6998	11,7573	11,6869	12,6910	10,1790	11,6236	10,6330
ZQP103	12,1459	13,2839	12,4434	12,0930	13,6038	10,1850	11,5802	11,0317	12,0503	8,9904	12,8393	10,6901	13,7545	10,4974
CMS474	13,6651	13,4498	11,5745	12,9343	11,7209	10,0440	13,4153	11,9506	9,9730	12,3077	14,3988	11,6694	12,6835	8,3499
$\bar{Y}_0$	11,1524	9,4115	8,7031	9,9551	10,4680	10,1760	9,0218	10,5046	10,9698	11,6865	11,6674	11,4964	11,3960	11,6123 ^{3/}

¹- Cada valor constitui uma média de três repetições laboratoriais.

²- G₁: genitores do grupo 1 (dentados); G₂: genitores do grupo 2 (duros); $\bar{Y}_0$: média dos genitores de G₁; $\bar{Y}_{01}$: média dos genitores de G₂.

³- Média geral.

Tabela 4. Estimativas dos efeitos da heterose específica ($\hat{s}_{ij}$), de variedades ($\hat{v}_i$ e $\hat{v}_j$), de heterose varietal ($\hat{h}_i$ e $\hat{h}_j$), capacidade geral de combinação ($\hat{g}_i$ e $\hat{g}_j$), média dos grupos varietais, desvio entre grupo e heterose média ($\hat{\mu}$, $\hat{d}$ e $\bar{h}$, respectivamente)¹ para o caráter teor de proteína total (g/100g) em populações de milho de grãos amarelos de alta qualidade protéica (QPM)

G _i /G _j	CMS453	CMS455	CMS455c	CMS458	CMS463	CMS465	CMS468	CMS470	CMS471	CMS472	ZQP102	CMS52	BR473	$\hat{v}_i$	$\hat{h}_i$	$\hat{g}_i$
CMS454	-	-	-	-	0,3235	0,4559	1,0579	0,0598	0,2456	0,1611	-1,5721	1,0101	-1,6075	0,3066	0,4910	0,6443
CMS456	-	-	-	-	-1,1757	0,4879	-0,5418	-0,1885	-0,2455	0,3028	-2,1752	-0,4699	-0,7960	-	-	-
CMS464	0,9450	-1,1198	-0,3503	1,3977	1,7902	-0,8401	0,7271	-0,5574	-1,1651	0,8071	-0,4828	1,6642	0,6116	-	-	-
CMS466	-0,2182	-2,0701	0,2513	-0,7796	-0,8512	1,5510	-0,8474	2,0408	1,0173	-1,1590	0,6190	-0,8226	1,0519	-	-	-
CMS467	-0,4548	0,7449	0,4285	-0,6404	-0,2376	-0,3199	-0,9748	-0,0691	0,9675	0,4604	-0,3757	0,4505	0,1374	-0,6617	0,3291	-0,0017
ZQP101	-0,6810	-0,3195	-0,0196	-0,1108	-0,0384	0,8509	-0,2132	-0,5711	0,6089	0,8861	1,0952	-0,8929	-0,4777	1,0131	-0,9095	-0,4029
ZQP103	-0,3981	1,4563	0,4365	-0,1971	1,1944	-0,8641	-0,3631	-0,6584	0,4827	-2,2296	0,8244	-0,8010	1,2340	0,8775	-0,4225	0,0162
CMS474	0,7292	1,2302	-0,8244	0,2523	-1,0804	-1,3970	1,0800	-0,1314	-1,9866	0,6958	1,9919	-0,2136	-0,2290	-1,2700	1,0432	0,4082
$\hat{v}_j$	0,6440	-1,0969	-1,8053	-0,5533	-0,0404	-0,3324	-1,4866	-0,0038	0,4614	1,1781	1,1590	0,9880	0,8876	-	-	-
$\hat{h}_j$	0,3335	0,4876	1,0211	0,6782	0,5384	-0,6759	0,7954	-0,1993	-0,5543	-1,2603	-0,4558	-0,8941	0,1855	-	-	-
$\hat{g}_j$	0,6555	-0,0608	0,1185	0,4016	0,5182	-0,8421	0,0521	-0,2011	-0,3236	-0,6712	0,1237	-0,4001	0,6293	-	-	-

¹- $\hat{\mu} = 10,0641$; $\hat{d} = -0,4442$; $\bar{h} = 1,7691$ (17,58%).

No presente estudo, nota-se que os materiais QPM, embora tenham apresentado as mesmas variações no teor de proteína observadas em milhos normais, mostraram, para as combinações híbridas, valores médios em sua maioria superiores aos valores descritos na literatura. Isso caracteriza uma potencialidade dos genitores QPM utilizados neste estudo, para o melhoramento genético do milho, visando alto teor de proteína, via aproveitamento da heterose. Como critério adicional da seleção de genitores seria desejável a análise do perfil de aminoácidos essenciais, o que representa um bom indicador da qualidade protéica, com variabilidade genética sabidamente conhecida entre genótipos de milho QPM (Naves *et al.* 2004).

Na estimação da heterose média, a sua significância reflete o potencial dos genitores de cada grupo em combinações híbridas. Nesse caso, o seu valor foi de 1,77, o que corresponde a 17,58% em relação à média dos grupos de genitores (Tabela 4). Este valor é considerável pois corresponde à superioridade média dos híbridos em relação aos genitores.

Observando-se as estimativas dos efeitos de variedade ($\hat{v}_i$ e $\hat{v}_j$), da heterose varietal ($\hat{h}_i$ e $\hat{h}_j$) e da capacidade geral de combinação ($\hat{g}_i$ e $\hat{g}_j$), nota-se grande heterogeneidade entre os genitores (Tabela 4). Nesse aspecto, os genitores CMS 454 (grupo 1) e CMS 453 (grupo 2) são potencialmente os melhores, em razão de suas estimativas positivas e de maior magnitude para os efeitos de variedades (0,31 g/100g

e 0,64 g/100g, respectivamente) e para a heterose varietal (0,49 g/100g e 0,33 g/100g, respectivamente). Esses valores resultaram também nas maiores estimativas de capacidade geral de combinação para esses genitores (0,64 g/100g e 0,66 g/100g, respectivamente). Neste aspecto, destacaram-se ainda os genitores CMS 474 (0,41 g/100g) e ZQP 103 (0,02 g/100g), no grupo 1, e no grupo 2, os genitores BR 473 (0,63 g/100g), CMS 463 (0,52 g/100g), CMS 458 (0,40 g/100g) e ZQP 102 (0,12 g/100g).

Entre os híbridos, destacaram-se com maior heterose específica às combinações CMS 466 x CMS 470 (2,04 g/100g), CMS 474 x ZQP 102 (1,99 g/100g), CMS 464 x CMS 463 (1,79 g/100g), CMS 464 x CMS 52 (1,66 g/100g) e CMS 466 x CMS 465 (1,55 g/100g). Enfim, o híbrido com a maior estimativa para o teor de proteína total no grão (Tabela 3) foi aquele resultante do cruzamento de CMS 474 x ZQP 102 (14,40g/100g), o que resulta da combinação de valores positivos para os diferentes efeitos do modelo. Pode-se inferir, portanto, que esse híbrido apresenta elevado potencial de reunir efeitos genéticos positivos decorrentes do cruzamento de seus dois genitores.

CONCLUSÕES

1. Existe variabilidade genética entre os materiais estudados, populações e híbridos, quanto ao teor de proteína no grão. Isso indica ser possível a seleção de populações superiores para início de seleção recorrente e/ou híbridos intervarietais para utilização imediata.

2. Há manifestação de heterose para o caráter avaliado, indicando a existência de dominância e uma heterose média positiva. Isso caracteriza uma potencialidade dos genitores QPM utilizados neste estudo, para o melhoramento genético do milho, visando alto teor de proteína, via aproveitamento dessa heterose.
3. Para a formação de compostos QPM com teor mais elevado de proteína no grão, são indicadas as populações CMS 454, CMS 474 e ZQP 103, do grupo dentado, e CMS 453, BR 473, CMS 463, CMS 458 e ZQP 102, do grupo duro. Com relação às combinações híbridas, destaca-se o cruzamento CMS 474 x ZQP 102, que apresentou a maior capacidade específica de combinação.

REFERÊNCIAS

- Alexander, D. E. 1988. Breeding special nutritional and industrial types. p. 869-880. In G.F. Sprague & J.W. Dudley (Ed.). Corn and corn improvement. ASA, CSSA, and SSSA, Madison, WI.
- AOAC (Association of Official Analytical Chemists). 1995. Vitamins and other nutrients. cap. 45, p. 58-61. In AOAC. Official methods of analysis. 16. ed. Vol. II. AOAC International, Arlington.
- Bjarnason, M. & S.K. Vasal. 1992. Breeding of quality protein maize (QPM). Plant Breeding Reviews, 9 (2): 181-216.
- Gardner, C. O. & S. A. Eberhart. 1966. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. Biometrics, 22 (set.): 439-452.
- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Australian Journal of Biological Science, 9: 463-493.
- Mendes, D. D. 1972. Estudo químico comparativo das variedades de milho cultivadas em diversas regiões do país. Boletim Técnico do Centro de Tecnologia Agrícola e Alimentar, n. 4. Rio de Janeiro.
- Mertz, E. T., L. S. Bates & O. E. Nelson. 1964. Mutant gene that changes protein composition and increases lysine content of maize endosperm. Science, 145: 279-280.
- Mertz, E. T. 1994. Thirty years of opaque-2 maize p. 1-9. In B. A. Larkins & E. T. Mertz (Ed). Quality protein maize: 1964-1994. USA: Purdue University Press.
- Miranda Filho, J. B. & I. O. Geraldi. 1984. An adapted model for the analysis of partial diallel crosses. Revista Brasileira de Genética, 7 (4): 677-688.
- Mittelmann, A. 2001. Variação genética para qualidade nutricional em milho com endosperma normal. Tese de Doutorado. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Piracicaba, Universidade de São Paulo. 93p.
- Moro, G.L., J. E. Habben, B. R. Hamaker & B. A. Larkins. 1996. Characterization of variability in lysine content for normal and opaque 2 maize endosperm. Crop Science, 36 (6): 1651-1659.
- National Research Council. 1988. Quality protein maize. Washington National Academy Press, 100 p.
- Naves, M. M. V., M. S. Silva, F. M. Cerqueira & M. C. D. Paes. 2004. Avaliação química e biológica da proteína do grão em cultivares de milho de alta qualidade protéica. Pesquisa Agropecuária Tropical, 34 (1): 1-8.
- Pacheco, C. A. P., P. E. O. Guimarães, S. N. Parentoni, M. A. Lopes, M. X. Santos, E. E. G. Gama, M. J. V. Vasconcelos, L. A. Correa & W. F. Meirelles. 1999. O desenvolvimento de milho de alta qualidade nutricional no Brasil p. 13-25. In Reunión Latinoamericana Del Maiz, 18. Sete Lagoas, Minas Gerais.
- Robinson, D. 1975. Utilizing opaque-2 maize in food products. In High Quality Protein Maize. Purdue Univ. e CIMMYT, editores. Halsted Press.
- Rodrigues, M. C. 2000. Heterose e seus componentes em cruzamentos de populações de milho com alta qualidade protéica. Tese de Doutorado. Escola de Agronomia. Goiânia, Goiás. 232 p
- Saldivar, S. O. S. & L. W. Rooney. 1994. Quality protein maize processing and perspectives for industrial utilization. p. 89-120. In B. A. Larkins & E. T. Mertz (Ed). Quality Protein Maize: 1964-1994. USA: Purdue University Press.
- SAS Institute. 2002. SAS/STAT Software: changes and enhancements through release 8.2. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Tosello, G. A. 1987. Milhos especiais e seu valor nutritivo. v. 2. p. 375-408 In E. Paterniani & G. P. Viégas. Melhoramento e produção do milho. Fundação Cargill. Campinas.
- Vencovsky, R. 1970. Alguns aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos de variedades. Tese de Livre-Docente. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Piracicaba, São Paulo. 59 p.
- Vencovsky, R. 1987. Herança quantitativa. v. 2, p. 137-216. In E. Paterniani & G. P. Viégas (Ed) Melhoramento e produção do milho. Fundação Cargill. Campinas.
- Vencovsky, R. & P. Barriga. 1992. Modelos biométricos no fitomelhoramento. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto. 496 p.
- Villegas, E., E. Ortega & R. Bauer. 1985. Métodos químicos usados en el CIMMYT para determinar la calidad de proteína de los cereales. Centro Internacional de Mejoramiento de Maiz y Trigo. México, D.F. 34 p.