

**EMILY LIRA SIMÕES**

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES ENDOGÂMICAS DE MILHO TROPICAL COM BASE  
NO CRUZAMENTO COM DOIS TESTADORES DE BASE GENÉTICA ESTREITA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima

**VIÇOSA - MINAS GERAIS  
2021**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade  
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

S593s  
2021 Simões, Emily Lira, 1996-  
Seleção de progênies endogâmicas de milho tropical com  
base em cruzamento com dois testadores de base genética  
estreita / Emily Lira Simões. – Viçosa, MG, 2021.  
36 f. : il. ; 29 cm.

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.  
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.  
Referências bibliográficas: f. 32-36.

1. *Zea mays*. 2. Milho - Melhoramento genético. 3. Milho  
híbrido. I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de  
Agronomia. Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia.  
II. Título.

CDD 22. ed. 633.152

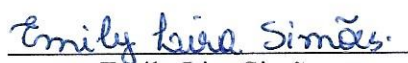
EMILY LIRA SIMÕES

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES ENDOGÂMICAS DE MILHO TROPICAL  
COM BASE NO CRUZAMENTO COM DOIS TESTADORES DE BASE  
GENÉTICA ESTREITA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 18 de março de 2021.

Assentimento:

  
\_\_\_\_\_  
Emily Lira Simões  
Autor

  
\_\_\_\_\_  
Rodrigo Oliveira de Lima  
Orientador

*À minha mãe Josélia Almeida Lira e ao meu pai Antônio Marcos da Silva Simões, por todo carinho, amor, apoio e incentivo durante essa jornada. Aos meus irmãos por todo amor e companheirismo.*

**DEDICO**

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus pela oportunidade que me foi dada, por guiar meu caminho, me dando forças, permitindo que essa conquista fosse possível.

Aos meus pais, Josélia Almeida Lira e Antônio Marcos da Silva Simões, meus irmãos Kamilla e Marcos Vinícius, aos meus avós e a todos os familiares por todo apoio, incentivo, carinho, amor e compreensão.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia pela oportunidade da realização do curso e enorme contribuição em minha formação profissional e pessoal.

Ao Professor Rodrigo Oliveira de Lima por toda orientação, oportunidade, paciência, atenção e ensinamentos.

Aos membros da comissão avaliadora, Professora Flaviane Ribeiro, Professor Renato Rosado e Dra. Lisandra Moura, por terem aceitado participar da banca e pelas sugestões.

Aos professores dos departamentos de Biologia Geral, Fitotecnia e Estatística que colaboraram em minha formação acadêmica.

A todos os professores que contribuíram para a minha formação até o presente momento, em especial à Professora Flaviane de Oliveira Ribeiro por toda paciência e ajuda nas análises estatísticas.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao CNPq, FAPEMIG e CAPES pelo suporte financeiro para realização deste trabalho.

Aos integrantes do Programa Milho-UFV, estagiários, bolsistas de iniciação científica e pós-graduandos, pelo apoio, amizade e ajuda na execução do projeto, pois sem eles não seria possível a condução dos experimentos.

Aos meus amigos de graduação, pós-graduação e amigas de moradia, Jheniffer, Luísa, Maria Clara e Sarah, pelo companheirismo, conversas, apoio e ajuda prestada.

A todos os meus amigos que sempre acreditaram em mim, que me apoiaram e incentivaram no decorrer da minha jornada.

**MUITO OBRIGADA!**

## **BIOGRAFIA**

Emily Lira Simões, filha de Josélia Almeida Lira e Antônio Marcos da Silva Simões, nasceu em Canutama – AM, em 08 de setembro de 1996.

Em 2013 ingressou na Universidade Federal do Amazonas onde se graduou em Agronomia, obtendo o título de Engenheira Agrônoma em janeiro de 2019.

Em março de 2019 iniciou o curso de Mestrado no Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa.

*“Melhoramento Genético de Plantas é a arte, a ciência e o negócio de alteração genética das plantas para benefício do homem.”*

*(Rex Bernardo)*

## RESUMO

SIMÕES, Emily Lira, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, março de 2021. **Seleção de progênies endogâmicas de milho tropical com base no cruzamento com dois testadores de base genética estreita.** Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.

No Brasil, a maior parte da área cultivada com milho é plantada com cultivares do tipo híbridos. No desenvolvimento de híbridos, a seleção de linhagens é a etapa mais onerosa e demorada. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar e selecionar progênies endogâmicas ( $S_1$ ) de milho com base em seus comportamentos em cruzamento com dois testadores de base genética estreita. Foram realizados dois experimentos, um para a avaliação de 784 híbridos testcrosses (TC) provenientes do cruzamento com o testador VML090, e outro para avaliação de 663 híbridos TC provenientes do testador VML024. Os híbridos TC juntamente com 4 testemunhas foram avaliados nas Unidades de Ensino, Pesquisa e Extensão, pertencentes à UFV, situadas em Coimbra/MG e Viçosa/MG, na safra 2019/20. Em ambos experimentos o delineamento foi o de blocos aumentados. Os caracteres avaliados foram: florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm), e produtividade de grãos (PG,  $\text{kg ha}^{-1}$ ). Para estimativa dos componentes de variância e dos valores genotípicos dos híbridos foi adotada a metodologia de modelos mistos via REML/BLUP (máxima verossimilhança/melhor predição linear não-viesada). As estimativas dos coeficientes de variação variaram de 1,49 (FM) a 16,63% (PG) com VML090 e de 1,52 (FM) a 14,12% (PG) com VML024, indicando média a alta precisão experimental. O efeito de híbridos foi significativo para todos os caracteres avaliados com ambos testadores ( $P < 0,05$ ). Quase todos os caracteres apresentaram estimativas de herdabilidade superiores a 0,50, com exceção do FM (0,29) e FF (0,34) com a VML090. A interação  $G \times A$  foi significativa apenas para os caracteres FM e AE ( $P < 0,05$ ). Para a seleção foi adotada uma intensidade de seleção (IS) de aproximadamente 0,06%, em relação à quantidade de progênies oriunda de cada população. As progênies selecionadas apresentaram média para PG de 11.005,55  $\text{kg ha}^{-1}$  (VML090) e 12.008,15  $\text{kg ha}^{-1}$  (VML024). As médias de PG obtidas nos melhores cruzamentos foram próximas e algumas superiores às médias das testemunhas utilizadas no experimento. Conclui-se que houve diferença no comportamento das progênies  $S_1$  quando avaliadas em cruzamentos e não há concordância entre as progênies selecionadas com base nos diferentes testadores.

Palavras-chave: *Zea mays* L. Híbridos. Testcross. Linhagens.

## ABSTRACT

SIMÕES, Emily Lira, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, March 2021. **Selection of inbreeding progenies of tropical maize based on crossing with two narrow genetic-based testers.** Advisor: Rodrigo Oliveira de Lima.

In Brazil, most of the area cultivated with maize is with hybrid cultivars. And in the development of hybrids, the selection of lineages is the most costly and time-consuming stage. Therefore, the objective of this work was to evaluate and select inbreeding progenies ( $S_1$ ) of maize based on their behavior when crossing with two narrow genetic base testers. Two experiments were performed, one for the evaluation of 784 testcrosses hybrids (TC) resulting from the cross with the VML090 tester, and the other one to evaluate 663 TC hybrids resulting from the VML024 as tester. The TC hybrids along with 4 controls were evaluated at the Unidades de Ensino, Pesquisa e Extensão, belonging to UFV, located in Coimbra/MG and Viçosa/MG, in the harvest of 2019/20. Both experiments were arranged on an augmented block design. The evaluated characters were: male flowering (MF, days), female flowering (FF, days), plant height (PH, cm), ear height (EH, cm) and grain yield (GY,  $\text{kg ha}^{-1}$ ). To estimate the components of variance and the hybrid genotypic values, the mixed model methodology was adopted via REML/BLUP (Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Prediction). The estimates of the coefficients of variation ranged from 1.49 (MF) to 16.63% (GY) with VML090 and from 1.52 (MF) to 14.12% (GY) with VML024, indicating medium to high experimental precision. The hybrid effect was significant for all evaluated characters for both testers ( $P < 0.05$ ). Almost all characters had estimates of heritability above 0.50, except for the MF (0.29) and the FF (0.34) with the VML090. The GxE interaction was significant only for the MF and EH characters ( $P < 0.05$ ). For the selection, a selection intensity (SI) of approximately 0.06% was adopted, in relation to the number of progenies arising from each population. The selected progenies presented an average for GY of 11,005.55  $\text{kg ha}^{-1}$  (VML090) and 12,008.15  $\text{kg ha}^{-1}$  (VML024). The GY averages obtained with the best crossings were close and some higher than the control averages obtained in the experiment. It is concluded that there was a difference in the behavior of the  $S_1$  progenies when evaluated in crosses and there is no accordance between the progenies selected based on the different testers.

Keywords: *Zea mays* L. Hybrids. Testcross. Lineages.

## SUMÁRIO

<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	10
<b>2. REFERENCIAL TEÓRICO</b> .....	12
2.1. A cultura do milho .....	12
2.2. Desenvolvimento de linhagens .....	13
2.3. Testcross .....	16
<b>3. OBJETIVO GERAL</b> .....	18
<b>4. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	19
4.1. Material Genético .....	19
4.2. Execução experimental .....	19
4.3. Caracteres avaliados .....	20
4.4. Análises genético-estatísticas .....	21
<b>5. RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	23
5.1. Amplitude, média dos valores genotípicos e coeficiente de variação .....	23
5.2. Componentes de variância e estimativas de herdabilidade.....	24
5.3. Correlações .....	25
5.4. Seleção de progênies $S_1$ .....	27
<b>6. CONCLUSÕES</b> .....	31
<b>7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	32

## 1. INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) é uma das culturas mais antigas e importantes do mundo. A sua importância econômica se deve às diversas formas de utilização. Esse cereal pode ser utilizado tanto na alimentação humana quanto animal. Além disso, também é empregado como fonte de matéria-prima para a fabricação de diferentes produtos, apresenta mais de 3.500 formas de utilização direta e indireta, como em seguimentos para produção de etanol (MÔRO; FRITSCHÉ-NETO, 2015). Na safra 2019/2020, foram produzidos aproximadamente 102,3 milhões de toneladas de grãos de milho no Brasil (CONAB, 2020). O país se destaca como o terceiro maior produtor dessa cultura e o segundo maior exportador (USDA, 2020).

A cultivar é o principal insumo de uma lavoura. No caso do milho, uma planta alógama, propagada por sementes e com alto nível de heterose, a cultivar é denominada variedade ou híbrido (SOUZA, 2018). As variedades de polinização aberta (VPAs) são cultivadas em regiões onde a adoção do milho híbrido é inviável devido às condições econômico-sociais e baixa tecnologia, além do uso em sistemas de produção agroecológicos ou orgânicos, sendo responsável por aproximadamente 10% da área plantada no Brasil (SOUZA, 2018). Os híbridos de milho podem ter diferentes denominações em função dos genitores envolvidos para sua obtenção. Os híbridos podem ser intervarietais, topcross, híbrido duplo, híbrido triplo modificado, híbrido triplo, híbrido simples modificado e híbrido simples. Atualmente, em aproximadamente 90% da área plantada com milho no Brasil as cultivares são do tipo híbridos, principalmente simples e triplos, por apresentarem maiores produtividades e uniformidade (SOUZA, 2018).

Para obtenção dos híbridos de milho é necessário o desenvolvimento de linhagens, que são utilizadas como seus parentais (GUIMARÃES et al., 2018). As linhagens endogâmicas podem ser obtidas por meio da tecnologia de duplo-haploides (DHs) ou pelo processo tradicional de desenvolvimento de linhagens ( $S_n$ ). Em programas modernos de melhoramento de milho, que visam a produção de linhagens completamente endogâmicas, tem sido empregada a tecnologia de linhagens duplo-haploides (PRIGGE; MELCHINGER, 2011). O processo tradicional para o desenvolvimento de linhagens envolve polinizações controladas em sucessivas gerações. Durante o processo de obtenção de linhagens, é realizada uma seleção visual em campos de polinização. Entretanto, a seleção de progênies superiores para caracteres de herança mais complexa, como a produtividade de grãos, deve ser feita por meio da avaliação dos híbridos dessas progênies em experimentos de campo (GUIMARÃES et al., 2018).

Em um programa de melhoramento, o desenvolvimento de híbridos envolve a escolha de populações, a obtenção e avaliação de linhagens, e testes extensivos de combinações híbridas, sendo a avaliação de linhagens a mais onerosa e demorada (PATERNIANI; CAMPOS 1999; PATERNIANI et al., 2010). Assim, um processo vantajoso é o cruzamento de progênes parcialmente endogâmicas ( $S_1$ ,  $S_2$ ,  $S_3$  e  $S_4$ ) com testadores para reduzir o número de progênes a serem avaliadas e, conseqüentemente, diminuir a mão de obra e os custos para produção de híbridos. O testcross é um dos métodos mais eficientes para avaliar o mérito relativo das linhagens em cruzamentos com testadores (DAVIS, 1927). Através desse método é possível eliminar as de desempenho agrônômico inferior, o que torna mais racional e eficiente o desenvolvimento de híbridos (MIRANDA FILHO; GORGULHO, 2001; MARCONDES et al., 2015). Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar e selecionar progênes endogâmicas de milho com base no comportamento em cruzamentos com dois testadores de base genética estreita.

## 2. REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1. A cultura do milho

O milho é uma gramínea alógama, anemófila, monoica e protândrica, com  $2n=2x=20$  cromossomos. Classificada botanicamente no reino Plantae; divisão Anthophita; classe Monocotiledonae; ordem Poales; família Poaceae; subfamília Panicoideae; tribo Maydeae; gênero *Zea* e espécie *Zea mays* L. (BEADLE, 1978). Sua provável origem é no continente americano, no México, baseada em evidências atuais de que o teosinto se restringe a essa área e evidências arqueológicas de que o milho é mais antigo no México (BEADLE, 1978; WILKES, 1967). Há evidências de que a domesticação dessa espécie teve início há mais de 10.000 anos, sendo o principal cultivo de civilizações antigas, como os astecas, maias e incas (PATERNIANI; CAMPOS, 2005).

A domesticação do milho ocorreu por meio da seleção feita pelo homem, com o objetivo de obter maior produção de alimento e facilitar a colheita. Houve um aumento das subunidades colhidas (tamanho e número de grãos e fileiras; comprimento de sabugo), visando maior produção de alimento (VON PINHO et al., 2015). Durante o processo de domesticação, houve a seleção de características da planta de milho que atendiam às necessidades do homem. A redução do número de espigas, a presença de palhas, a transformação para uma ráquis, assim como a presença e hábito anual e de único colmo também foram obtidas através de seleções feitas pelo homem primitivo, visando facilitar a colheita (GALVÃO et al., 2015). Essas características foram se acumulando, e todo esse processo contribuiu para a obtenção da planta de milho conhecida atualmente como “milho moderno”. Ao longo dos anos o milho foi se tornando dependente do homem para sua perpetuação e sobrevivência, sendo atualmente uma espécie domesticada (MÔRO; FRITSCHÉ-NETO, 2015).

O grão de milho é do tipo cariopse e seu peso individual varia, em média, de 0,25 a 0,3 g. Ele pode ser dividido em pedicelo, pericarpo, embrião e endosperma. O milho comum tem como principal componente do grão o endosperma, que apresenta alto teor de amido, o que o classifica como cereal. O grão é composto principalmente de amido (72%), proteínas (6%), fibras (10%) e óleo (5%) (PAES, 2006). Os grãos de milho podem ser classificados quanto à textura em semidentado, dentado, semiduro e duro, farináceo e pipoca (VON PINHO et al., 2015).

O principal uso do milho é na forma de ração para animais monogástricos. Embora a sua principal utilização seja como fonte de energia pelo uso do amido dos grãos, o milho pode

ser empregado como matéria-prima em diferentes segmentos e produtos. Cerca de 15% da produção mundial é destinada para alimentação humana, na forma de diversos produtos, o que torna o milho uma espécie indispensável para a humanidade (MÔRO; FRITSCHÉ-NETO, 2015).

No cenário mundial, o Brasil é o terceiro maior produtor e o segundo maior exportador de milho (34 milhões de toneladas). Em produção, o país fica atrás somente dos Estados Unidos (345,9 milhões de toneladas) e da China (260,8 milhões de toneladas; USDA, 2020). A estimativa de produção na safra 2019/20 foi de 102,5 milhões de toneladas, o que representa um acréscimo de 2,5% em relação à safra anterior. A produtividade média do Brasil é estimada em 5.533 kg ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2020). A produtividade brasileira varia muito nas diferentes regiões do país, sendo esse fator o que contribui para uma baixa média nacional. A baixa produtividade média pode ser devido a fatores climáticos específicos, mas o que também contribui é a falta de adoção de tecnologias por esses produtores, como a não utilização de cultivares melhoradas, baixa população de plantas, não uso de fungicidas etc. Apesar do aumento da produção de milho no Brasil, há um grande desafio em ampliar a aceitação de novas tecnologias no emprego da biotecnologia aplicada ao desenvolvimento de híbridos, na adesão de práticas modernas de manejo e na otimização dos recursos naturais (MÔRO; FRITSCHÉ-NETO, 2015). Os ganhos de produção obtidos no decorrer dos anos estão relacionados diretamente com o desenvolvimento de híbridos mais responsivos e ao uso adequado de práticas agrônômicas de acordo com a adaptação aos diferentes ambientes.

## **2.2. Desenvolvimento de linhagens**

A obtenção de híbridos em um programa de melhoramento envolve pelo menos quatro etapas: a escolha de populações, a obtenção de linhagens, a avaliação de linhagens e testes extensivos das combinações híbridas obtidas (MARCONDES et al., 2015). Para o sucesso de um programa de melhoramento, a definição das fontes de extração de linhagens é de grande importância. A escolha das fontes de variabilidade para a extração de linhagens determina o potencial máximo de melhoramento que se pode alcançar no programa, enquanto o esquema de melhoramento determina quanto pode ser alcançado em relação ao potencial máximo do germoplasma (HALLAUER et al., 2010).

Para a formação de população-base não é esperado acessos de bancos de germoplasma, compostos ou variedades antigas. Esses materiais, apesar de apresentar ampla variabilidade genética, conserva alta frequência de alelos deletérios e as linhagens derivadas apresentam

baixo vigor e baixa produtividade *per se*. Consequentemente seus híbridos apresentam várias características agronomicamente indesejáveis. Atualmente, as fontes preferenciais para extração de novas linhagens são formadas a partir de materiais-elite, dentro de cada grupo heterótico (GUIMARÃES et al., 2018).

As linhagens podem ser obtidas através do cruzamento de populações biparentais. Nesse processo, as linhagens são obtidas de materiais que pertencem ao mesmo grupo heterótico, maximizando a exploração da heterose. Populações biparentais têm sido formadas a partir de “reciclagem de linhagens”, onde as linhagens-elite do programa de melhoramento são cruzadas entre si, em ciclos subsequentes, respeitando os grupos heteróticos. Nesse processo são obtidas novas linhagens com caracteres superiores aos seus parentais devido ao aumento da frequência de alelos favoráveis, à correção de defeitos em linhagens-elite e maior nível de heterose quando realizado o cruzamento entre linhagens de grupos heteróticos diferentes e complementares (GUIMARÃES et al., 2018).

No Brasil, a Lei de Proteção de Cultivares (Lei nº 9.456/1997) permite o uso de cultivares para pesquisa e desenvolvimento de novas cultivares, podendo ser incremento de variabilidade para formação de novas fontes para extração de linhagens (GUIMARÃES et al., 2018). As cultivares comerciais têm como vantagens de ser fonte de extração de linhagens por possuir características fenotípicas desejáveis, serem adaptadas e possuírem alto potencial produtivo devido ao acúmulo de alelos favoráveis, apesar de serem obtidas de materiais de grupos heteróticos diferentes (OLIBONI et al., 2013).

Para obtenção de linhagens, indivíduos que apresentam aproximadamente 100% dos locos em homozigose, podem ser usados dois métodos: método tradicional e o método de duplo haploides. No método de duplo haploides, busca-se a obtenção de indivíduos haploides e posterior duplicação de seu genoma, de forma natural ou artificial (PRIGGE; MELCHINGER, 2011). Há diferentes metodologias para a produção de haploides em milho, como ocorrência espontânea; hibridação interespecífica; polinização tardia; uso do calor; indução por tratamentos químicos; cultura de anteras e, ou, pólen (indução *in vitro*) e indução *in vivo* (WEBER, 2014). O procedimento mais utilizado tem sido a indução *in vivo*, devido à maior facilidade de implementação nos programas de melhoramento. Nessa metodologia, são demandados o uso de genótipos indutores de haploidia; um sistema para identificação de haploides; aplicação de protocolos para duplicação cromossômica; aclimação para mudas em estufa; transplante de plantas sobreviventes para o campo; minimização de estresse na condução da primeira geração (D0) em campo e autofecundação de plantas D0 adultas (GUIMARÃES et al., 2018).

A eficiência do processo de produção de linhagens DH depende da taxa média de indução observada para os indutores de haploidia, quando cruzados com uma série de genótipos-fonte, da quantidade de pólen produzidas pelos indutores, do número total de cruzamentos efetuados entre indutor e população-fonte, da ausência de inibidores de antocianina nos genótipos-fonte, da eficácia do processo de duplicação cromossômica e de cuidados no manejo e na autofecundação da população D0 (GUIMARÃES et al., 2018).

Entre os desafios do uso do método DH é que a taxa mínima deve ser 6% para indução de haploidia e de 5% para o processo de duplicação cromossômica, para que haja sucesso em programas de melhoramento de milho que visam à produção de linhagens DHs em escala comercial (PRASANNA et al., 2012). Em escala comercial aproximadamente de uma a cinco linhagens DHs são obtidas de cada população-fonte (RÖBER et al., 2005). Para garantir o sucesso na produção de DHs, o ideal é elevar a eficiência do processo para valores de 12 a 30% para frequência de indução e duplicação, respectivamente (CHANG & COE, 2009). Na aplicação da tecnologia de DHs para obtenção de linhagens, perde-se a oportunidade de realizar seleção para eliminar caracteres indesejáveis em fases intermediárias, como ocorre no método Pedigree (GUIMARÃES et al., 2018).

No processo tradicional, a obtenção de linhagens envolve polinizações em sucessivas gerações, onde diversos tipos de cruzamentos podem ser utilizados para produção de linhagens endogâmicas como autofecundações, cruzamentos entre progênies de meios-irmãos ou de irmãos completos, cruzamentos entre progênies endogâmicas e seus parentais mais recentes e retrocruzamentos. Entretanto, há diferenças nas taxas de aumento da homozigose nas sucessivas gerações, sendo a autofecundação a que promove a mais rápida fixação de alelos (HALLAUER, 2010). O avanço da endogamia aumenta a variabilidade entre os indivíduos da população, o que permite uma maior eficiência no processo de seleção de plantas superiores, pois as plantas portadoras de alelos recessivos desfavoráveis podem ser eliminadas quando se tornam homozigotas para estes *loci* no decorrer do processo (HALLAUER, 2010). O avanço de gerações associado ao método do *pedigree* permite a seleção de linhagens, o descarte de plantas com características indesejáveis e a fixação de alelos desejáveis em plantas superiores, o que reduz o efeito de depressão por endogamia (GUIMARÃES et al., 2018).

As linhagens são o principal ativo genético em programas de melhoramento de milho. O desenvolvimento de linhagens promove grande esforço para que a cada ano sejam adquiridas linhagens superiores às suas genitoras, além de alocação em grupos heteróticos definidos e complementares para o desenvolvimento de híbridos de alto desempenho agrônomico. A simples obtenção de linhagens não garante o sucesso no desenvolvimento de híbridos

superiores, sendo necessário um processo de seleção para aquisição de sementes e avaliação das capacidades combinatórias, geral e específica, para diversos caracteres (GUIMARÃES et al., 2018). A etapa de avaliação de linhagens é a mais onerosa e demorada, além de demandar muitos investimentos de recursos humanos e financeiros.

Durante o processo de obtenção de linhagens, é feita a seleção visual de plantas superiores no decorrer do avanço de gerações. Entretanto, essa seleção só é eficiente para caracteres de alta herdabilidade. Assim, a seleção de progênies superiores para caracteres de herança mais complexa, como produtividade de grãos, deve ser realizada com base em cruzamentos (GUIMARÃES et al., 2018). Metodologias foram desenvolvidas para avaliação de desempenho e seleção de linhagens em combinações híbridas. Desde os primeiros avanços no desenvolvimento de híbridos de milho, já era conceituado o termo capacidade de combinação. As linhagens endogâmicas disponíveis para a utilização em híbridos já eram avaliadas em todas as combinações possíveis, segundo o esquema que ficou conhecido como dialélico (JENKINS, 1978). Outro tipo de cruzamento foi o esquema testcross proposto por Davis (1927) para avaliar a capacidade de combinação de linhagens em cruzamentos com testador comum. Nesse método, progênies endogâmicas de milho são cruzadas com testadores para produção de híbridos testcrosses (TC) que serão avaliados em experimentos de campo. Informações sobre o desempenho e a capacidade de combinação de linhagens podem ser úteis para seleção prévia nas primeiras gerações, com uma boa previsão do desempenho em gerações avançadas (GUIMARÃES et al., 2012).

### **2.3. Testcross**

Um dos maiores problemas enfrentados pelos melhoristas de milho que trabalham com híbridos de linhagens é a avaliação das linhagens genitoras. Para um número elevado de linhagens, a avaliação de todos os cruzamentos possíveis, como prevê o dialelo completo, torna-se impraticável (PATERNIANI et al., 2010). Além disso, o desempenho *per se* em rendimento de grãos de famílias endogâmicas possui baixa correlação com seu desempenho produtivo em cruzamento (MIHALJEVIC, 2005).

Para contornar esses desafios, foi proposto por Davis (1927) o teste de desempenho de linhagens, que consiste na avaliação de um grande número de progênies parcialmente endogâmicas, a partir de seus cruzamentos com um testador comum. A ausência de polinizações manuais permite a obtenção de um grande número de híbridos topcrosses. Esse esquema ficou conhecido como método testcross. O testcross é realizado em campo isolado, no qual apenas o

testador atua como genitor masculino, sendo a fonte de pólen, as demais linhagens são despendoadas e as progênes de cada linhagem, meio-irmãos, são avaliadas no ano seguinte em campo (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017). Com o passar do tempo, o esquema testcross expandiu-se rapidamente e tornou-se um processo padrão em programas de melhoramento (HALLAUER, 1990).

No esquema testcross, pressupõe o uso de um testador com o qual serão cruzadas as progênes endogâmicas de uma população. A escolha correta de um testador pode ter grande influência no sucesso do processo de seleção. Um bom testador é aquele que combina simplicidade de uso com o máximo de informações sobre as linhagens, quando elas são testadas em outras combinações (MATZINGER, 1953). Além disso, um bom testador deve promover que classifiquem corretamente o mérito relativo das linhagens, permitindo a maximização dos ganhos genéticos (HALLAUER, 1975). Hallauer e Miranda Filho (1988) sugerem que linhagens recessivas ou populações com baixa frequência de genes favoráveis para características importantes sob seleção, devem ser testadores efetivos no programa de melhoramento.

Por outro lado, o caso mais simples é quando o testador já é conhecido pelas suas propriedades. É o caso em que já se dispõe de um genitor feminino (linhagem ou híbrido simples) no programa de desenvolvimento de linhagens e híbridos, que o credencia como testador pelas suas qualidades agrônômicas, como produtividade e quantidade de sementes produzidas (MIRANDA FILHO, 2018). Nesse caso, o progresso do programa fica restrito ao desenvolvimento de linhagens ou híbridos a serem utilizados como machos e que terão boa combinação com a fêmea (MIRANDA FILHO, 1985; HALLAUER, 1990).

Uma limitação para o uso do método testcross é a necessidade de que as linhagens sejam endogâmicas. Davis (1927) propôs o testcross precoce, que consiste no uso de progênes parcialmente endogâmicas ( $S_1$ ,  $S_2$ ,  $S_3$ ), obtidas pelo método genealógico, pertencentes a um grupo heterótico, cruzadas com um testador de grupo heterótico diferente e complementar. O uso de progênes parcialmente endogâmicas permite a identificação precoce de linhagens com provável desempenho superior quando suas linhagens forem completamente endogâmicas. Dessa forma, com base no desempenho, serão selecionadas as que continuarão no processo de autofecundação. Bernardo (1991) estudando a correlação do desempenho de um testcross de progênes parcialmente endogâmicas, obteve que a correlação média do desempenho de linhagens  $S_1$ ,  $S_2$  e  $S_3$ , em relação à geração  $S_\infty$ , seria 0,71, 0,87 e 0,94, respectivamente.

### **3. OBJETIVO GERAL**

Avaliar e selecionar progênies endogâmicas de milho com base no comportamento em cruzamentos com dois testadores de base genética estreita.

## **4. MATERIAL E MÉTODOS**

### **4.1. Material Genético**

Foram avaliados híbridos testcrosses (TC) obtidos do cruzamento de progênies endogâmicas ( $S_1$ ) com dois testadores de base genética estreita: as linhagens VML090 e VML024. As progênies parcialmente endogâmicas foram obtidas a partir da autofecundação de três populações de base genética ampla (BR105; BR 106 e BRSM) e de sete híbridos comerciais (2B280, 2B707, 30A95, 30K75, DKB390, P30S31, P4042) (Tabela 1). As linhagens testadoras foram escolhidas por apresentarem o tipo de grão bem definido e produzirem boa quantidade de pólen para polinização. A linhagem VML090 possui tipo de grão dentado e a VML024 o tipo de grão duro, e elas pertencem a grupos heteróticos diferentes (REZENDE, 2020).

Os híbridos TC foram obtidos em campos isolados, no ano anterior, na safra 2018/2019. Para obtenção desses híbridos, as progênies endogâmicas foram utilizadas como fêmeas e os testadores como machos, na proporção de 4 linhas de fêmeas para 2 de machos. As linhas de fêmeas foram despendoadas antes do florescimento masculino. Esse método garante a fecundação somente com pólen oriundo dos testadores e tem como vantagem não necessitar de cruzamentos manuais. Foram realizados dois experimentos utilizando os híbridos TC para avaliação e obtenção dos dados experimentais. Além disso, foram utilizados como testemunhas, quatro híbridos comerciais de milho disponíveis no mercado (BG7049YH, BM270, BM709PRO2 e DKB230PRO3).

### **4.2. Execução experimental**

Na safra 2019/2020, foram realizados dois experimentos, um para a avaliação de 784 híbridos testcrosses (TC) provenientes do cruzamento com o testador VML090, e outro experimento para avaliação de 663 híbridos TC provenientes do testador VML024, e 4 testemunhas (híbridos comerciais: BG7049YH, BM270, BM709PRO2 e DKB230PRO3). Ambos foram avaliados nas Unidades de Ensino, Pesquisa e Extensão (UEPE) de Coimbra (20°50'30"S, 42°48'30"W, altitude de 720 m) e UEPE Horta Nova (20°45'14"S e 42°52'55"W, altitude de 648m) pertencentes ao Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), situada em Coimbra – MG e Viçosa – MG, respectivamente (Tabela 1).

**Tabela 1:** Descrição da quantidade de progênies usadas para cruzamentos com os testadores VML090 e VML024.

<b>Progênies</b>	<b>VML090</b>	<b>VML024</b>
2B280	26	28
2B707	114	109
30A95	74	70
30K75	9	8
BR105	105	91
BR106	135	69
BRSM	89	86
DKB390	99	90
P30S31	56	45
P4042	77	67
<b>Total</b>	<b>784</b>	<b>663</b>

Os experimentos foram realizados no delineamento de blocos aumentados de Federer (1956), sem repetição para os híbridos TC dentro do mesmo local. Cada parcela foi constituída de uma linha de 4 m de comprimento, espaçadas entre si em 0,80 m e 0,2 m entre plantas. A semeadura foi realizada na segunda quinzena de outubro de 2019. Aproximadamente 25 dias após o plantio foi realizado o desbaste a fim de obter uma população de plantas aproximada de 62.250 plantas ha<sup>-1</sup>. Todos os tratamentos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do milho na região (GALVÃO et al., 2015).

#### **4.3. Caracteres avaliados**

Para ambos experimentos foram avaliados os seguintes caracteres: altura de planta (AP, cm) e altura de espiga (AE, cm), obtidas das médias das medidas da distância do nível do solo até a inserção da folha bandeira e do nível do solo até a inserção da espiga superior, respectivamente; florescimento masculino (FM, dias) e florescimento feminino (FF, dias), foram realizados contando os dias a partir do plantio até o florescimento, pela observação visual quando 50% das plantas da parcela apresentaram pelo menos 2/3 do pendão (flores masculinas) liberando pólen e estilo-estigma (flores femininas) visíveis, respectivamente; a produtividade de grãos (PG, kg ha<sup>-1</sup>), foi obtida por meio da colheita manual de todas as espigas que compõem a parcela, separadamente, e debulha em debulhadores elétricos. Os grãos das parcelas foram

pesados e imediatamente após a pesagem foi mensurada a umidade. Os dados de produção por parcela foram expressos em quilograma por hectare, com umidade corrigida para 14,5%.

#### 4.4. Análises genético-estatísticas

Após a coleta e tabulação dos dados fenotípicos, os valores genotípicos e os parâmetros genéticos dos híbridos testcrosses (TC) foram estimados com emprego da metodologia de modelos mistos via REML/BLUP (máxima verossimilhança/melhor predição linear não-viesada). A metodologia de modelos mistos via REML/BLUP, combina o procedimento de predição de valores genéticos de médias BLUP (melhor predição linear não-viesada) com o procedimento de estimação de componentes de variância REML (máxima verossimilhança), avaliando a existência de variabilidade genotípica entre os híbridos TC. Para testar os componentes de variância foi utilizado o teste de razão de verossimilhança (LRT) contrastando o modelo completo com os modelos reduzidos.

Foram realizadas análises individuais para cada testador em cada ambiente, assim como uma análise conjunta para cada testador considerando os dois locais de realização do experimento.

Os dados foram analisados com o auxílio do software R segundo o modelo estatístico para a análise individual apresentado a seguir (Eq. [1]):  $y_{ij} = \mu + g_{i'} + g_{i(j)} + b_j + e_{ij}$  [1], em que:  $Y_{ij}$  é valor observado do  $i$ -ésimo tratamento regular ou o  $i'$ -ésimo tratamento comum dentro do  $j$ -ésimo bloco;  $\mu$  é uma constante associada a todas as observações;  $g_{i'}$  é o efeito fixo do  $i'$ -ésimo tratamento comum,  $i' = 1, 2, 3, 4$ ;  $g_{i(j)}$  é o efeito aleatório do  $i$ -ésimo tratamento regular dentro do  $j$ -ésimo bloco, sendo  $i = 4, 5, \dots, r + c$ , em que  $r$  é o número de tratamentos regulares considerados e  $c$  é o número de tratamentos comuns;  $b_j$  é o efeito do  $j$ -ésimo bloco, sendo  $j = 1, 2, \dots, b$ , em que  $b$  é o número de blocos; e  $e_{ij}$  é o erro aleatório associado à observação  $Y_{ij}$ .

Para análise conjunta, usou-se o seguinte modelo (Eq. [2]):  $y_{ijk} = \mu + g_{i'} + g_{i(j)} + a_k + g_{a_{ik}} + b_{j(k)} + e_{ijk}$  [2], em que:  $Y_{ijk}$  é valor observado do  $i$ -ésimo tratamento regular ou o  $i'$ -ésimo tratamento comum dentro do  $j$ -ésimo bloco, dentro do  $k$ -ésimo ambiente;  $\mu$  é uma constante associada a todas as observações;  $g_{i'}$  é o efeito fixo do  $i'$ -ésimo tratamento comum,  $i' = 1, 2, 3, 4$ ;  $g_{i(j)}$  é o efeito aleatório do  $i$ -ésimo tratamento regular dentro do  $j$ -ésimo bloco, sendo  $i = 4, 5, \dots, r + c$ , em que  $r$  é o número de tratamentos regulares considerados e  $c$  é o número de tratamentos comuns;  $a_k$  é o efeito fixo do  $k$ -ésimo ambiente ( $k = 1, 2$ );  $g_{a_{ik}}$  é o efeito aleatório da interação do  $i$ -ésimo genótipo com o  $k$ -ésimo ambiente;  $b_{j(k)}$  é o efeito aleatório do

j-ésimo bloco no k-ésimo ambiente, sendo  $j = 1, 2, \dots, b$ , em que  $b$  é o número de blocos; e  $e_{ijk}$  é o erro aleatório associado à observação  $Y_{ijk}$ .

O coeficiente de variação (CV) foi utilizado como medida de precisão experimental. As estimativas do coeficiente de variação foram obtidas pelo estimador proposto por Pimentel-Gomes (1985) (Eq. [3]):  $CV = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}^2}}{\bar{x}} * 100$  [3], em que  $\hat{\sigma}^2$  e  $\bar{x}$  é a estimativa da variância residual e da média geral.

As estimativas de herdabilidades ( $\hat{h}^2$ ) foram obtidas de acordo com o estimador proposto por Hallauer et al. (2010) (Eq. [4]):  $\hat{h}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_{ga}^2}{n} + \frac{\hat{\sigma}^2}{n}}$

[4], em que:  $\hat{\sigma}_g^2$ : Estimativa de variância genotípica;  $\hat{\sigma}_{ga}^2$ : Estimativa de variância da interação genótipos x ambientes;  $\hat{\sigma}^2$ : Estimativa da variância residual;  $n$ : Número de ambientes.

Para ambos os testadores foi estimada a matriz dos coeficientes de correlação de Pearson entre vetores de valores genéticos dos caracteres avaliados, e também a correlação de Spearman entre os diferentes testadores para cada caractere. Para a seleção das progênes  $S_1$  foi adotada a intensidade de seleção (IS) de aproximadamente 0,06%, em relação à quantidade total de progênes dentro de cada população.

As análises estatísticas pela metodologia REML/BLUP foram realizadas com auxílio do pacote “lme4” implementado no software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2015).

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1. Amplitude, média dos valores genotípicos e coeficiente de variação

A amplitude dos valores genotípicos evidencia a existência de variação genética entre os híbridos TC (Tabela 2). Nos cruzamentos com a VML090, os valores mínimos e máximos foram de 60,15 a 64,93 dias para FM; de 60,17 a 63,62 dias para FF; de 207,22 a 281,71 cm para AP e de 104,05 a 164,35 cm para AE. Nos cruzamentos com a VML024, os valores mínimos e máximos foram de 58,50 a 67,77 dias para FM; de 58,64 a 66,41 dias para FF; de 208,98 a 281,06 cm para AP e de 119,30 a 239,01 cm para AE. A PG foi o caractere que apresentou maior diferença entre os valores máximos e mínimos, variando de 5.414,45 a 11.766,24 kg ha<sup>-1</sup> e de 3.988,29 a 13.272,09 kg ha<sup>-1</sup> com a VML090 e VML024, respectivamente. Nos experimentos com ambos testadores, houve considerável amplitude nos valores genotípicos para PG, o que indica a existência de variabilidade genética entre os materiais estudados para produtividade.

A média de produtividade dos híbridos TC foram 9.025,36 kg ha<sup>-1</sup> com VML090 e 9.403,85 kg ha<sup>-1</sup> com VML024. As médias de produtividades dos híbridos TC foram inferiores às obtidas pelos híbridos comerciais, entretanto entre as progênies avaliadas, 31 e 46 progênies cruzadas com os testadores VML090 e VML024, respectivamente, superaram as testemunhas comerciais. Alguns híbridos TC obtiveram respostas satisfatórias com produtividade média acima da média das testemunhas, o que comprova o elevado potencial produtivo de alguns materiais. Esses valores nesses cruzamentos, podem estar relacionados aos efeitos de genes não aditivos (dominância e epistasia) ou efeitos de complementação intragênico e intergênico e está relacionada com a divergência gênica entre as progênies utilizadas nos cruzamentos e os testadores (SANTOS et al., 2019).

Os valores de coeficiente de variação (CV) variaram de 1,49 (FM) a 16,63% (PG) com VML090 e de 1,52 (FM) a 14,12% (PG) com VML024. De acordo com os critérios de classificação de CV proposto por Fritsche Neto et al. (2012) para a cultura do milho, para a maioria dos caracteres, os valores de CV foram de baixo a intermediário, para ambos os ambientes e testadores, à exceção da PG que apresentou CV elevado (16,63%) nos cruzamentos com a VML090 (Tabela 2). Portanto, os resultados obtidos no presente estudo evidenciam uma boa precisão experimental para os caracteres avaliados, em todos os experimentos.

## 5.2. Componentes de variância e estimativas de herdabilidade

Em programas de melhoramento, as estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos são informações importantes e úteis para ajudar o melhorista nas tomadas de decisões (RODRIGUES et al., 2011). Os efeitos estimados de híbridos ( $\hat{\sigma}_g^2$ ) foram significativos ( $P < 0,01$ ) para todos os caracteres avaliados em ambos testcrosses (Tabela 2). Esses resultados evidenciam a existência de variabilidade genética entre os híbridos TC, indicando grande potencial para seleção e obtenção de ganhos genéticos. Quanto à interação híbridos TC x ambientes ( $\hat{\sigma}_{ga}^2$ ), observou-se efeito significativo ( $P < 0,05$ ) apenas para os caracteres FM e AE, com ambos testadores, o que indica que há um comportamento diferencial para esses caracteres frente as variações ambientais.

A herdabilidade permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção, uma vez que ela reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada, ou seja, mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor genotípico (CRUZ, 2005). As estimativas de herdabilidade ( $\hat{h}_x^2$ ) para os híbridos TC (Tabela 2) variaram de 0,29 para FM (VML090) a 0,74 para AP (VML024). Todos os caracteres apresentaram herdabilidades superiores a 0,50 e foram classificadas como moderadas a altas, com exceção do FM (0,29) e FF (0,34) com a VML090. As estimativas das variâncias genotípicas foram menores para esses caracteres, FM (0,46) e FF (0,43) e as estimativas de herdabilidade de FM e FF dos cruzamentos com a VML090 foram classificadas como baixas. As estimativas de herdabilidades para PG foram de 0,56, nos testcrosses do cruzamento com a VML090 e 0,67 com a VML024. Por ser um caractere quantitativo, essas estimativas são consideradas satisfatórias, pois o caractere produtividade de grãos é muito influenciado pelo ambiente e, em geral, apresenta valores mais baixos de herdabilidade. Esses valores são devido ao controle genético da produtividade de grãos que é resultante da atuação de vários genes de efeito pequeno sobre o fenótipo e influência das mudanças de ambiente (ALLARD, 1971).

**Tabela 2:** Estimativas de variância genotípica ( $\hat{\sigma}_g^2$ ), variância da interação híbrido x ambiente ( $\hat{\sigma}_{gxa}^2$ ), variância do erro ( $\hat{\sigma}^2$ ), variância do bloco ( $\hat{\sigma}_b^2$ ), herdabilidade ( $\hat{h}_x^2$ ) e coeficiente de variação (CV) para os caracteres avaliados em híbridos TC experimentais de milho tropical na safra 2019/20.

Caracteres <sup>1/</sup>	FM (dias)	FF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	PG (kg ha <sup>-1</sup> )
VML090					
$\hat{\sigma}_g^2$	0,46***	0,43***	119,72***	109,62***	1.424.194,00***
$\hat{\sigma}_{gxa}^2$	1,44***	0,34	16,28	23,69*	1,09x10 <sup>-7</sup>
$\hat{\sigma}^2$	0,83	1,35	100,02	70,28	2.252.052,00
$\hat{\sigma}_b^2$	0,17	0,13	12,59	4,55	87.603,38
$\hat{h}_x^2$	0,29	0,34	0,67	0,70	0,56
CV	1,49	1,88	3,97	6,09	16,63
Mínimo	60,15	60,17	207,22	104,05	5.414,45
Média	61,25	61,68	251,64	137,57	9.025,36
Máximo	64,93	63,62	281,71	164,35	11.766,24
VML024					
$\hat{\sigma}_g^2$	1,60***	1,35***	133,97***	124,41***	1.819.981,00***
$\hat{\sigma}_{gxa}^2$	0,73***	0,09	22,74	94,14***	1,34x10 <sup>-8</sup>
$\hat{\sigma}^2$	0,88	1,41	73,01	80,14	1.763.408,00
$\hat{\sigma}_b^2$	0,20	0,11	3,20	3,49	5.267,62
$\hat{h}_x^2$	0,67	0,64	0,74	0,59	0,67
CV	1,52	1,94	3,35	6,04	14,12
Mínimo	58,50	58,64	208,98	119,30	3.988,29
Média	61,62	61,26	255,33	148,19	9.403,85
Máximo	67,77	66,41	281,06	239,01	13.272,09

<sup>1/</sup>FM, florescimento masculino; FF, florescimento feminino; AP, altura de planta; AE, altura de espiga e PG, produtividade de grãos. <sup>2/</sup>\*\*\* e \*\* significativo a 0,1% e 1% de probabilidade, respectivamente, e sem asterisco não significativos (p<0,05).

### 5.3. Correlações

O conhecimento da associação entre caracteres é de grande importância nos trabalhos de melhoramento, principalmente se a seleção para um deles apresenta dificuldades, em razão de baixa herdabilidade e, ou, tenha problemas de medição e identificação (CRUZ et al., 2012). As correlações são importantes ao melhorista, pois essas associações quantificam a

possibilidade de ganhos indiretos pela seleção em caracteres correlacionados. Além disso, caracteres de baixa herdabilidade têm a seleção mais eficiente quando realizada sobre caracteres que lhe são correlacionados, quando há alta correlação e a herdabilidade maior para o caractere secundário do que para o caractere de interesse (CRUZ; REGAZZI, 2001). As estimativas de correlações de Pearson entre vetores de valores genéticos dos caracteres com ambos testadores foram significativas (Tabela 3), com exceção de FF x PG (VML090:  $\rho = 0,02$ ; VML024:  $\rho = -0,03$ ). Os caracteres AP e AE ( $\rho = 0,81$ ) com a VML090 e FM e FF ( $\rho = 0,68$ ) com a VML024 apresentaram fortes correlações. As demais estimativas de correlações entre os caracteres, em ambos testadores, foram de baixa magnitude. Foi identificado que caracteres de FM associado a PG, apesar de ser significativo ( $P < 0,05$ ), possui fraca correlação em ambos cruzamentos (VML090:  $\rho = -0,08$ ; VML024:  $\rho = 0,14$ ).

Em relação às estimativas de correlações de Spearman entre testadores, representadas na diagonal (Tabela 3), foram positivas e significativas ( $P < 0,01$ ). Porém, apresentaram valores relativamente baixos, indicando que a avaliação em cruzamento foi suficiente para reduzir substancialmente a correlação dos caracteres entre os cruzamentos com a VML090 e VML024.

O desempenho dos híbridos TC dependeram do testador utilizado para o cruzamento. Esses resultados concordam com outros trabalhos na literatura, como o de Elias et al. (2000) que estimaram os coeficientes de correlação de Spearman para famílias  $S_2$  de milho, onde obtiveram diferentes classificações das famílias de acordo com o testador utilizado. Com isso, a seleção de progênies  $S_1$  de milho deve ser baseada com base em cruzamentos utilizando-se diferentes testadores, pois o testador influencia na seleção de diferentes progênies.

**Tabela 3:** Estimativas de correlações entre testadores para vetores de valores genéticos dos caracteres de florescimento masculino (FM, dias), florescimento feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm), altura de espiga (AE, cm) e produtividade de grãos (PG,  $\text{kg ha}^{-1}$ ) avaliados em híbridos TC experimentais de milho tropical, na safra 2019/20.

Caracteres <sup>1/</sup>	FM	FF	AP	AE	PG
FM (dias)	<b>0,33**</b>	0,31**	0,21**	0,20**	-0,08*
FF (dias)	0,68**	<b>0,28**</b>	0,25**	0,25**	0,02
AP (cm)	0,27**	0,25**	<b>0,48**</b>	0,81**	0,46**
AE (cm)	0,35**	0,35**	0,47**	<b>0,54**</b>	0,40**
PG ( $\text{kg ha}^{-1}$ )	0,14**	-0,03	0,26**	0,30**	<b>0,17**</b>

<sup>1/\*\*</sup> e \* significativo a 1% e a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t. Acima da diagonal – correlações Pearson para o testador VML090, abaixo da diagonal – correlações Pearson para o testador VML024 e diagonal – correlações de Spearman entre os testadores.

#### 5.4. Seleção de progênies S<sub>1</sub>

Com base nos valores estimados para produtividade de grãos (PG) foi realizada uma seleção de 15 híbridos TC para cada testador de acordo com a classificação geral (Tabela 4). Após a seleção, foi observado que as progênies selecionadas são oriundas de materiais-fonte diferentes. Para os cruzamentos com a VML024 foram selecionados um maior número de populações quando comparado com a VML090. Para os cruzamentos com a VML090 foram selecionadas progênies oriundas de 5 populações diferentes, enquanto que progênies de 6 populações foram selecionadas com a VML024.

As médias de PG obtidas nos melhores cruzamentos foram próximas às médias das testemunhas utilizadas no experimento, ou até mesmo superior como foi o caso da média das selecionadas com a VML024. As progênies selecionadas apresentaram média de 11.005,55 kg ha<sup>-1</sup> (VML090) e 12.008,15 kg ha<sup>-1</sup> (VML024). Esses resultados concordam com trabalhos como os de Paterniani et al. (2006); Ferreira et al. (2009); Marcondes et al. (2015), que ao avaliar progênies parcialmente endogâmicas cruzadas com testadores de base genética estreita, em esquema testcross, relataram híbridos TC com produtividade de grãos superior à de híbridos comerciais utilizados como testemunhas. A avaliação de progênies parcialmente endogâmicas (S<sub>1</sub>) baseia-se na pressuposição de que a capacidade de combinação de uma linhagem é determinada durante os estágios iniciais de autofecundação e não muda substancialmente com o avanço da endogamia (JENKINS, 1935; SPRAGUE, 1946; BERNARDO, 1991). Ferreira et al. (2009) relatam em seus trabalhos que as integridades genéticas de progênies parcialmente endogâmicas foram mantidas após cinco gerações de manipulação.

O bom desempenho dos híbridos TC também pode ser justificado pela extração das progênies S<sub>1</sub> a partir da autofecundação de híbridos comerciais. Os híbridos comerciais possuem a vantagem de já terem sido testados em vários ambientes e de apresentarem *loci* favoráveis já fixados, portanto, aumentam as chances de sucesso em combinações híbridas (PATERNIANI et al., 2010).

As progênies selecionadas pelos melhores desempenhos com um testador apresentaram desempenhos inferiores na classificação para o outro testador, a exceção da progênie. Desse modo, não houve concordância entre as progênies selecionadas com base nos dois testadores. Isso indica que é importante avaliar as progênies com base no desempenho com testadores diferentes. Essas informações justificam o uso de testadores de base genética estreita, pertencentes a grupos heteróticos distintos (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988). A avaliação de progênies com testadores de diferentes grupos heteróticos permite a identificação

de combinações híbridas mais promissoras entre linhagens de diferentes grupos (FAN et al., 2010). Além disso, permite a seleção de progênies promissoras que poderiam não ser selecionadas se fossem avaliadas com apenas um testador. A avaliação preliminar permite que progênies que não apresentam um bom desempenho sejam descartadas antecipadamente e direciona o dispêndio de recursos humanos e financeiros nas progênies mais promissoras dentro do programa de melhoramento (GUIMARÃES et al., 2018).

As informações de desempenho das  $S_1$  podem ser utilizadas para direcionar os cruzamentos a serem avaliados em testes futuros de combinações híbridas, dando continuidade nas etapas que visam a obtenção de híbridos do Programa Milho®. Esses resultados também são importantes para direcionar o avanço de gerações das progênies  $S_1$  selecionadas, por indicar as progênies que serão avançadas no processo de endogamia para obtenção da linhagem final pelo método tradicional (MARCONDES et al., 2015).

Para não diminuir a base genética dos materiais avaliados, também foi feita a seleção de progênies em cada população de origem com base nos valores médios de PG, obtendo-se 10 híbridos TC para cada testador (Tabela 5). Para essa seleção foi usada a intensidade de seleção (IS) de aproximadamente 0,06%, em relação à quantidade de progênies dentro de cada população. Após a seleção realizada dentro de cada material de origem observou-se que algumas progênies foram comuns em comparação à classificação geral. Todavia, permitiu-se a seleção de progênies  $S_1$  oriundas de outros materiais, as quais não seriam selecionadas pela classificação geral. Essa seleção evita o descarte de materiais promissores e amplia a base genética para direcionamento de cruzamentos com melhores desempenhos dentro do programa de melhoramento.

**Tabela 4:** Classificação dos 15 híbridos TC experimentais com base na estimativa de produtividade de grãos, em cruzamento com os testadores VML090 e VML024, na safra 2019/20.

Híbridos	FM <sup>1/</sup> (dias)	FF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	PG (kg ha <sup>-1</sup> )	Rank com VML024
VML090						
BR106-153	60,88	61,63	260,35	140,48	11.766,24	254
BR106-103	61,41	61,73	255,37	147,92	11.324,07	146
BR106-31	61,52	61,67	257,27	145,56	11.185,40	196
BR106-17	61,36	61,70	266,29	146,62	11.142,55	-
DKB390-61	61,54	61,89	265,32	140,51	11.111,05	23
BR106-5	60,86	61,11	256,45	144,44	11.039,45	-
DKB390-49	60,98	61,74	254,70	141,20	10.989,98	126
BR106-57	61,39	61,67	272,29	163,20	10.858,68	11
BR106-49	61,64	62,18	274,88	150,57	10.840,26	-
P4042-37	61,31	61,75	259,53	139,79	10.829,45	47
P4042-17	61,41	61,79	256,92	144,01	10.827,00	233
BR105-56	61,19	61,62	257,03	136,90	10.823,81	223
BR106-10	61,79	62,33	253,42	145,30	10.822,23	-
BR106-68	61,16	61,56	258,60	138,25	10.794,40	164
P30S31-51	60,92	61,67	262,47	144,47	10.728,70	598
Média Seleccionadas	61,29	61,74	260,73	144,62	11.005,55	
BM709PRO2	63,53	64,06	266,00	153,00	12.265,00	
BM270	61,73	61,70	257,00	142,00	10.719,00	
BG7049YR	63,41	64,06	261,00	135,00	10.712,00	
DKB230PRO3	59,23	58,75	248,00	121,00	10.425,00	
VML024						
2B707-21	62,28	61,45	263,03	154,06	13.272,09	187
P4042-2	62,85	61,55	260,37	154,97	12.826,07	551
P4042-40	61,39	61,13	259,34	149,72	12.496,43	505
P4042-42	62,92	62,04	260,08	153,21	12.052,59	59
P30S31-2	61,91	61,82	259,78	147,69	12.028,68	90
P4042-32	61,91	61,30	258,89	151,61	12.008,75	28
2B707-65	60,41	59,95	254,90	140,80	11.949,97	564
2B707-7	61,87	60,85	254,75	145,04	11.820,22	266
DKB390-74	63,44	62,70	259,93	153,20	11.801,33	86
30A95-32	61,08	60,78	256,97	146,20	11.700,27	72
BR106-57	61,93	61,27	262,89	153,36	11.691,07	8
P4042-7	62,33	61,63	253,42	141,53	11.658,08	225
BR106-219	62,86	62,92	261,85	161,98	11.608,74	98
2B707-43	61,44	61,04	258,15	152,71	11.608,35	691
P4042-25	63,27	62,55	262,59	161,56	11.599,59	100
Média Seleccionadas	62,13	61,53	259,13	151,17	12.008,15	.
BM709PRO2	62,69	63,29	279,00	162,00	11.651,00	.
BM270	62,11	60,86	264,00	149,00	11.567,00	.
DKB230PRO3	58,15	57,82	258,00	130,00	10.596,00	.
BG7049YR	63,08	63,14	260,00	136,00	10.085,00	.

<sup>1/</sup>FM, florescimento masculino; FF, florescimento feminino; AP, altura de planta; AE, altura de espiga e PG, produtividade de grãos.

**Tabela 5:** Classificação dos 10 híbridos TC experimentais, de acordo com o material de origem, com base na estimativa de produtividade de grãos, em cruzamento com os testadores VML090 e VML024, na safra 2019/20.

Híbridos	FM <sup>1/</sup> (dias)	FF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	PG (kg ha <sup>-1</sup> )	Rank VML090/VML024
VML090						
BR106-153	60,88	61,63	260,35	140,48	11.766,24	1/252
DKB390-61	61,54	61,89	265,32	140,51	11.111,05	4/23
P4042-37	61,31	61,75	259,53	139,79	10.829,45	7/47
BR105-56	61,19	61,62	257,03	136,90	10.823,81	9/221
P30S31-51	60,92	61,67	262,47	144,47	10.728,70	11/588
2B707-29	61,32	61,58	261,08	136,33	10.438,74	35/67
30A95-34	61,18	61,48	254,39	127,18	10.434,48	36/499
30K75-1	61,40	61,72	242,67	130,28	10.398,65	39/623
BRSM-73	61,30	61,63	250,96	146,05	10.324,64	47/323
2B280-20	60,70	60,91	235,48	125,34	9.485,59	179/227
<b>Média Selecionadas</b>	61,17	61,59	254,93	136,73	10.634,13	
VML024						
2B707-21	62,28	61,45	263,03	154,06	13.272,09	146/1
P4042-2	62,85	61,55	260,37	154,97	12.826,07	445/2
P30S31-2	61,91	61,82	259,78	147,69	12.028,68	70/5
DKB390-74	63,44	62,70	259,93	153,20	11.801,33	66/9
30A95-32	61,08	60,78	256,97	146,20	11.700,27	56/10
BR106-57	61,93	61,27	262,89	153,36	11.691,07	6/11
BR105-48	61,44	61,58	261,11	162,41	10.824,08	60/53
BRSM-60	61,40	61,58	261,70	155,90	10.364,40	412/123
2B280-30	58,50	58,64	249,28	135,03	10.137,00	514/158
30K75-7	60,01	61,04	250,46	128,23	9.031,95	646/431
<b>Média Selecionadas</b>	61,48	61,24	258,55	149,10	11.367,69	

<sup>1/</sup>FM, florescimento masculino; FF, florescimento feminino; AP, altura de planta; AE, altura de espiga e PG, produtividade de grãos.

## 6. CONCLUSÕES

Há variabilidade genética entre as progênies  $S_1$  de milho em cruzamento com ambos os testadores.

Houve diferença no comportamento das progênies  $S_1$  quando avaliadas em cruzamentos com testadores de tipos de grãos diferentes;

Não há concordância entre as progênies selecionadas com base nos dois testadores;

Os híbridos TC com o testador VML024 tendem a apresentar média produtiva superior aos híbridos TC de VML090;

É possível selecionar um conjunto de linhagens com cada testador e cruzá-las entre si para obtenção de híbridos simples superiores no Programa de Melhoramento de Milho da UFV, Programa Milho®.

## 7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALLARD, R. W. Princípios do melhoramento genético de plantas. São Paulo: **Edgard Lucher**, 1971, 381p.
- BEADLE, G.W. Teosinte and the origin of maize. In: Walden, D.B (ed.) **Maize breeding and genetics**. New York, Jhon Wiley and Sons, 8:113-141, 1978.
- BERNARDO, R. Correlation between testcross performance of lines at early and late selfing generations. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 82, n. 1, p. 17-21, 1991.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 7. ed. rev. e ampl. Viçosa: Editora UFV, 2017. 523 p.
- CHANG, M. T.; COE, E. H. Doubled haploids. In: KRIZ, A. L.; LARKINS, B. A. (Ed.). **Molecular genetic approaches to maize improvement**. Springer, Berlin, Heidelberg, 2009. V. 63, p. 127-142.
- CONAB. **Acompanhamento Da Safra Brasileira De Grãos Safra 2019/20 – Oitavo Levantamento, Maio 2020**. Disponível em: [www.conab.gov.br](http://www.conab.gov.br) Acesso em: 06 jun. 2020.
- CONAB. **Acompanhamento Da Safra Brasileira De Grãos Safra 2019/20 – Décimo Segundo Levantamento, Setembro 2020**. Disponível em: [www.conab.gov.br](http://www.conab.gov.br). Acesso em: 21 set. 2020.
- CRUZ, C. D. Princípios de genética quantitativa. Viçosa, MG: **Editora UFV**, 2005. 394p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4 ed. Viçosa, MG, **Editora UFV**, v. 1, 2012. 514p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2 ed. Viçosa, MG: **Editora UFV**, 2001. 390p.
- DAVIS, R. L. Report of the plant breeder. Rep. Puerto Rico: **Agricultural Experiments Annual Report**. P. 14-14, 1927.
- ELIAS, H. T.; CARVALHO, S. P.; ANDRÉ, C. G. M. Comparação de testadores na avaliação de famílias S2 de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 6, p. 1135-1142, 2000.
- FAN, X. M.; ZHANG, Y. D.; LIU, L.; CHEN, H. M., YAO; W. H., KANG, M.; YANG, J. Y. Screening tropical germplasm by temperate inbred testers. **Maydica**, v. 55, n. 1, p. 55, 2010.

FEDERER, W. T. Augmented (or Hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters Records**, Aiea, v. 55, p. 191-208, 1956.

FERREIRA, E. A.; PATERNIANIM, E. A. G.; DUARTE, A. P.; GALLO, P. B.; SAWAZAKI, E.; AZEVEDO FILHO, J. A.; GUIMARÃES, P. S. Desempenho de híbridos *top crosses* de linhagens S<sub>3</sub> de milho em três locais do Estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 2, p. 319-327, 2009.

GALVÃO, J. C. C.; BORÉM, A.; PIMENTEL, M. A. **Milho do Plantio à Colheita**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. 351 p.

GUIMARÃES, L. J. M.; MIRANDA, G. V.; DELIMA, R. O.; MAIA, C.; OLIVEIRA, L. R. D.; SOUZA, L. V. D. Performance of testers with different genetic structure for evaluation of maize inbred lines. **Ciência Rural**, v. 42, n. 5, 2012. p. 770-776.

GUIMARÃES, L. J. M.; TRINDADE, R. S.; PARENTONI, S. N.; GUIMARÃES, P. E. O. Cultivares. In: DELIMA, R. O.; BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de milho**. Viçosa: Editora UFV, 2018. p. 102-129.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative Genetics in Maize Breeding**, 2nd ed. Ames. Iowa State University Press, v. 10, 1988. 468 p.

HALLAUER, A. R. Relation of gene action and type of tester in maize breeding procedures. Proc. Annu. Corn and Sorghum Res. Conf. Washigton, DC. 30: 150-165, 1975.

HALLAUER, A. R. FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. (1996) Introduction to quantitative genetics. 4th Ed. Longman Hallow, London. **Maydica**, v. 35, n. 1, pág. 1-16, 1990.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. D. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3th ed. New York: Springer Science & Business Media, 2010. 663 p.

JENKINS, M. T. Maize breeding during the development and early years of hybrid maize. In: WALDEN, D. B. (Ed.). **Maize breeding and genetics**. New York: John Wily and Sons, 1978. 794 p.

JENKINS, M. T. The effect of inbreeding and of selection within inbred lines of maize upon the hybrids made after successive generations of selfing. **Iowa State Colt J Sci** 3:429 450, 1935.

MARCONDES, M. M.; FARIA, M. V.; NEUMANN, M.; MARCONDES, M. M.; SILVA, C.

A., VASCOSKI, V. L.; RIZZARDI, D. A. Desempenho agrônômico e forrageiro de linhagens S<sub>4</sub> de milho em *topcrosses* com híbrido simples. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 36, n. 4, p. 2395-2406, 2015

MATZINGER, D. F. Comparison of three types of testers for evaluation of inbreed lines. *Agronomy Journal*, Madison, 45: 493-95, 1953.

MIHALJEVIC, R., SCHÖN, C. C., UTZ, H. F., & MELCHINGER, A. E. Correlations and QTL correspondence between line per se and testcross performance for agronomic traits in four populations of European maize. **Crop science**, v. 45, n. 1, p. 114-122, 2005.

MIRANDA FILHO, J. B. Breeding methodologies for tropical maize. In: BRANDOLINI, A.; SALAMINI, F. (Ed.). *Breeding strategies for maize production improvement in the tropics*. Firenze, Italy: **Inst. Agron. per l'Oltremare**, 1985. p. 177-206.

MIRANDA FILHO, J. B. Testadores e dialelos. In: DELIMA, R. O.; BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de milho**. Viçosa: Editora UFV, 2018. p. 130-158.

MIRANDA FILHO, J. B.; GORGULHO, E. P. Cruzamentos com testadores e dialelos. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Org.). *Recursos genéticos e melhoramento de plantas*. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 649-672.

MÔRO, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. Importância e usos do milho no Brasil. In: GALVÃO, J. C. C.; BORÉM, A.; PIMENTEL, M. A. (Ed.). **Milho: do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2015. p. 9-25.

OLIBONI, R.; FARIA, M. V.; NEUMANN, M.; RESENDE, J. T. V.; BATTISTELLI, G. M.; TEGONI, R. G.; OLIBONI, D. F. Análise dialélica na avaliação do potencial de híbridos de milho para a geração de populações-base para obtenção de linhagens. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 34, n. 1, p. 7-17, 2013.

PAES, M. C. D. **Aspectos Físicos, Químicos e Tecnológicos dos Grãos do Milho**. Sete Lagoas: EMBRAPA-CNPMS, 2006. 6 p. (Circular Técnica n. 75).

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. p. 429-486.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2 ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2005. p. 491-552.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; LÜDERS, R. R.; DUARTE, A. P.; GALLO, P. B.; SAWAZAKI, E. Desempenho de híbridos triplos de milho obtidos de *top crosses* em três locais do Estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 65, n. 4, p. 597-605, 2006.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; FERREIRA, E. A.; DUARTE, A. P.; GALLO, P. B. Potencial de híbridos *top crosses* de milho no estado de São Paulo. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 9, n. 2, p. 163-176, 2010.

PIMENTEL-GOMES, F. Curso de estatística experimental. 1 ed. São Paulo: Piracicaba, **Nobel**, 1985. 467p.

PRASANNA, B. M.; CHAIKAM, V.; MAHUKU, G. (Ed.). Doubled haploid technology in maize breeding: theory and practice. Mexico, D. F.: CIMMYT, 2012. 50 p

PRIGGE, V.; MELCHINGER, A. E. Production of haploids and doubled haploids in maize. In: LOYOLA-VARGAS, V. M.; OCHOA-ALEJO, N (Ed.). **Plant cell culture protocols**. 3th ed. Totowa, New Jersey: Humana Press – Springer Verlag, 2011.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria, 2015.

REZENDE, W. M. **Capacidade de combinação entre linhagens de milho tropical em diferentes condições ambientais**. 2020. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento Genético) – Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2020.

RÖBER, F. K.; GORDILLO, G. A.; GEIGER, H. H. In vivo haploid induction in maize. Performance of new inducers and significance of doubled haploid lines in hybrid breeding [*Zea mays* L.]. **Maydica**, v. 50, p. 275-283, 2005.

RODRIGUES, F.; VON PINHO, R. G.; ALBUQUERQUE, C. J. B.; VON PINHO, E. V. R. Índice de seleção e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para características relacionadas com a produção de milho-verde. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 35, n. 2, p. 278-286, 2011.

SOUZA, J. C. Cultivares. In: DELIMA, R. O.; BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de milho**. Viçosa: Editora UFV, 2018. p. 295-306.

SPRAGUE, G. F. Early testing of inbred lines of corn. **J Am Soc Argon** 38:108-117, 1946.

USDA. KENNER, BART AND HUI JIANG. **Outlook for U.S. Agricultural Trade**, AES-

112, USDA, Economic Research Service and Foreign Agricultural Service, May 29, 2020.

VON PINHO, R. G.; SANTO, A. O.; VON PINHO, I. V. Botânica. In: GALVÃO, J. C. C.; BORÉM, A.; PIMENTEL, M. A. (Ed.). **Milho do Plantio à Colheita**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. p. 26-49.

WEBER, D. F. Today's use of haploids in corn plant breeding. In: SPARKS, D. L. (Ed). **Advances in agronomy**. Dublin: Academic Press, 2014. p. 123-144.

WILKES, H. G. Teosinte: The closest relative of maize. Cambridge: **Bussey Institute**, 1967. 64p.