



## DESEMPENHO DE HÍBRIDOS TOP CROSSES DE LINHAGENS $S_3$ DE MILHO

**Bruna Elaine de Almeida Silva<sup>(1)</sup>, Edésio Fialho dos Reis<sup>(2)</sup> e Jefferson Oliveira Silva<sup>(3)</sup>**

### 1. Introdução

O Brasil destaca-se na cadeia produtiva do milho, como terceiro maior produtor mundial. De acordo com os dados da CONAB (2017), sua produção no ano agrícola 2016/2017, foi de 30,151 milhões de toneladas, sendo que para o milho safrinha, a estimativa é de 63,522 milhões de toneladas, evidenciando necessidades de programas de melhoramento, que na grande maioria usa híbridos de linhagem.

O melhoramento genético do milho para a obtenção de híbridos envolve várias etapas que demandam tempo e recursos humanos e financeiros (Silveira & Moro, 2009). Dentre as etapas, encontram-se as relacionadas à produção e avaliação das linhagens. As linhagens endogâmicas constituem-se na base para o desenvolvimento de um programa de sementes de milho híbrido (Miranda Filho & Viégas, 1987). Esta pode ser obtida através da técnica de autofecundação. Além de focalizar características específicas, seu desenvolvimento depende do grau de sensibilidade aos efeitos da depressão por endogamia. Nesse contexto, a seleção dessas linhagens deve ser feita utilizando metodologias que permitam a avaliação das mesmas em diferentes combinações.

O cruzamento em topcrosses, que segundo Miranda Filho & Viégas (1987) refere-se a um esquema de avaliação do comportamento de linhagens endogâmicas ou parcialmente endogâmicas visando a discriminação quanto á performance dos híbridos gerados com testadores que podem ser de base genética ampla ou restrita. Para estimar a capacidade geral de combinação, usa-se um testador de base genética ampla, possibilitando identificar as linhagens com maior concentração de alelos de efeito aditivo.

O objetivo do trabalho foi avaliar o comportamento de progênies  $S_3$  de milho em topcrosses, visando obter populações base, síntese de variedades sintética e informações experimentais sobre o potencial produtivo e agrônômico das combinações híbridas.

### 2. Material e Métodos

No presente trabalho foram utilizadas progênies endogâmicas  $S_3$ , originárias de progênies  $S_2$ , produzidas de população com florescimento precoce, originada de híbrido

<sup>(1)</sup>Graduando em Agronomia, Universidade Federal de Goiás (UFG), Jataí – GO. E-mail: [jeffersonsilva95@hotmail.com](mailto:jeffersonsilva95@hotmail.com)

<sup>(2)</sup>Engenheiro Agrônomo, Professor Associado, UFG, Jataí – GO. E-mail: [edesiofr7@gmail.com](mailto:edesiofr7@gmail.com)

<sup>(3)</sup>Engenheira Agrônoma, Mestranda em Agronomia, UFG, Jataí – GO. E-mail: [brunae\\_as@hotmail.com](mailto:brunae_as@hotmail.com)





comercial. Foram instaladas três linhas de 10,0 m das sementes do primeiro ciclo de autofecundação, sendo produzidas 22 espigas de sementes  $S_2$ . As 22 espigas foram semeadas na safrinha de 2016 para o avanço da endogamia. Cada espiga formou uma linha de 4,0 m onde foi efetuado a autofecundação, com a produção das progênes  $S_3$ . Em cada linha, 10 plantas com bom desempenho agrônomico foram autofecundadas. Na colheita, as espigas foram avaliadas e selecionadas 97 famílias  $S_3$  para dar sequência ao trabalho. Essas progênes foram cruzadas com um testador de base genética ampla (geração  $F_2$  do híbrido comercial AG 6040) e foram semeadas em julho, utilizando para tal, área isolada e irrigação por gotejamento. Para realização dos cruzamentos, foram semeadas sementes das famílias  $S_3$  em uma linha de 5,0 m e a cada três linhas foram semeadas uma linha do testador. No momento do florescimento masculino, foi feito o despendoamento das famílias  $S_3$ , de forma que tenha pólen apenas do testador que foi o genitor masculino. Cada linha foi colhida individualmente e as espigas debulhadas conjuntamente, formando os híbridos topcross.

O experimento de avaliação dos híbridos topcrosses foi conduzido na safrinha de 2017 em delineamento em blocos ao acaso com três repetições. As parcelas foram de uma linha de 5,0 m espaçadas de 0,9 m entre linhas e 0,2 m entre plantas. Foi intercalado dois híbridos comerciais como testemunhas (AG1051 e SHS5050), além da população  $F_2$  do testador. Em cada parcela foi utilizada uma amostra de cinco plantas para avaliação dos seguintes caracteres: altura da planta (AP), altura da espiga (AE), comprimento da espiga (CE) e diâmetro da espiga (DE). Foi, ainda, avaliado o número de dias para florescimento masculino (FM), número de dias para florescimento feminino (FF), o peso total de espigas da parcela em  $t\ ha^{-1}$  (PE), peso total de grãos em  $t\ ha^{-1}$  (PG) e peso hectolítrico (PH).

A análise da variância para os caracteres mensurados (AP, AE, CE, DE) foi feita com médias de parcelas. O PE e PG analisado com o total da parcela, transformado em  $t\ ha^{-1}$  e corrigido para o número de espigas ideal (20 espigas) de acordo com o método da covariância (Vencovsky & Barriga, 1992). A análise de variância foi feita de acordo com o modelo em blocos ao acaso (Cruz et al., 2012). Todas as análises estatísticas e genéticas foram realizadas com o auxílio do programa computacional GENES (Cruz, 2013).

Foi estimada a capacidade geral de combinação ( $\hat{g}_i$ ), utilizando o modelo estatístico-genético, conforme citado por Ferreira et al. (2009):  $Y_{ij} = m + g_i + e_{ij}$

Onde:

$m$  = média geral;

$g_i$  = efeito da capacidade geral de combinação da linhagem  $i$ ;

$e_{ij}$  = erro experimental médio.





A estimativa da capacidade geral de combinação foi obtida diretamente pelo contraste  $\hat{c}_i = T_i - m$ , conforme Miranda Filho et al. (2012). Sendo,  $\hat{c}_i$  = é o efeito da capacidade geral de combinação das linhagens;  $T_i$  = é a média de cada híbrido;  $m$  = é a média geral dos híbridos topcrosses.

### 3. Resultados e Discussão

Na análise de variância (Tabela 1) nota-se variabilidade para os caracteres avaliados, exceto para altura de espigas, proporcionando menores riscos de acamamento e quebramento de colmos. Para peso de espigas e peso de grãos, nota-se valores médios superiores ao híbrido comercial SHS5050 e média de híbrido com maior produção superior a 6,0 t ha<sup>-1</sup>, o que indica boa performance das linhagens na combinação híbrida.

**Tabela 1.** Análise de variância dos caracteres avaliados e valores da média, coeficiente de variação (CV), mínima (M<sub>min</sub>) e média máxima (M<sub>max</sub>) em 97 híbridos topcrosses de milho e médias de dois híbridos comerciais e do testador. Jataí – GO (safrinha de 2017).

FV	GL	Quadrados médios								
		FM	FF	APM	ESP	DE	CE	PE	PG	PH
Bloco	2	0,66	2,07	0,02	0,05	0,47	7,15	16,36	14,05	596,03
Híbridos	96	1,69**	1,28**	0,02**	1,00 <sup>ns</sup>	0,08**	1,60**	2,12**	1,52**	29,09**
Resíduo	192	0,74	0,62	0,01	0,01	0,03	0,96	0,78	0,55	17,86
Média		54,50	55,50	1,69	0,92	4,28	15,96	5,29	4,31	67,62
CV (%)		1,59	1,42	5,78	9,36	4,09	6,15	16,60	17,17	6,25
M <sub>min</sub>		53,33	54,33	1,48	0,77	3,80	14,47	2,87	2,27	50,93
M <sub>max</sub>		56,67	57,00	1,87	1,11	4,60	17,60	7,26	6,12	73,00
F <sub>2</sub>		53,00	54,00	1,44	0,81	4,00	15,60	2,54	1,96	64,80
AG6040AG1		58,67	58,00	1,81	1,07	4,73	16,47	8,86	7,37	73,17
051SHS5050		58,67	59,00	1,74	1,08	4,27	18,27	5,31	4,07	65,00

\*\* , ns: significativo a 1% e não significativo, respectivamente.

Quanto aos valores médios, mínimos e máximos observados para os diferentes caracteres, nota-se que os híbridos topcrosses apresentaram ciclo precoce comparado aos híbridos comerciais, sendo de grande importância para a fase reprodutiva diminuindo risco aos fatores abióticos. Nota-se que a existência de diferenças significativas entre os híbridos indica a possibilidade de seleção de linhagens parcialmente endogâmicas, pois as mesmas apresentaram diferenças e indica diversidade genética.



Na Tabela 2 encontram-se as estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação ( $\hat{g}_i$ ) para os nove caracteres avaliados dos 97 híbridos topcross de milho, considerando os que mais se destacaram.

**Tabela 2.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação ( $\hat{g}_i$ 's) para os nove caracteres avaliados em 97 híbridos topcrosses de milho. Jataí – GO (safrinha de 2017).

Híbrido	FM	FF	APM	AESP	DE	CE	PE	PG	PH
3	-0.498	-1.168	-0.073	-0.103	-0.009	-0.898	-0.863	-0.790	-1.891
4	-0.832	-0.502	0.013	-0.107	-0.009	1.102	0.837	0.720	0.943
5	-0.832	-0.835	0.001	-0.118	-0.009	0.768	-0.355	-0.380	0.209
6	-0.165	-0.502	-0.192	-0.023	-0.009	-0.165	-0.809	-0.750	-6.657
7	-0.165	0.498	0.052	0.081	-0.142	1.368	0.441	0.409	2.809
9	0.168	0.498	-0.127	-0.027	-0.142	-1.098	-0.630	0.331	-4.424
10	-0.498	-0.168	-0.203	-0.059	-0.076	0.368	-0.730	-0.639	-3.524
11	-1.165	-0.835	0.001	0.062	-0.342	0.235	-0.750	-0.613	-1.157
13	-1.165	-0.502	-0.057	-0.033	-0.476	0.635	-1.046	-0.760	-0.157
20	0.168	0.498	-0.124	-0.001	-0.342	-0.632	-1.371	-1.181	2.376
22	0.168	0.165	0.016	-0.017	0.058	1.102	-0.034	0.000	2.243
24	0.168	0.832	0.115	0.086	0.058	0.302	1.337	1.034	5.376
25	0.502	0.498	0.009	-0.004	0.258	0.435	0.270	0.211	1.309
26	-0.832	-0.168	0.137	0.090	0.258	0.568	0.825	0.773	2.909
27	-0.165	-0.168	0.058	0.033	0.324	0.635	1.970	1.803	2.776
28	-0.498	-0.835	0.043	-0.025	0.124	0.635	1.858	1.516	3.576
29	-0.498	-0.168	0.004	-0.007	-0.076	-1.232	0.045	-0.003	4.709
30	-0.832	-0.835	0.042	0.023	0.124	-0.965	1.225	1.046	0.076
31	-0.498	-0.168	-0.143	-0.084	-0.142	0.235	-0.392	-0.353	1.709
32	-0.498	-0.502	-0.006	-0.035	0.058	-0.365	0.500	0.450	4.876
33	-1.165	-0.835	-0.097	-0.093	-0.142	-0.698	0.695	0.507	-16.691
34	-0.832	-0.168	-0.001	-0.074	0.058	-0.632	0.591	0.458	0.643
36	-0.498	0.498	-0.128	-0.153	-0.142	-0.498	0.104	-0.002	1.676
38	-1.165	-1.168	-0.001	-0.089	-0.009	-0.032	0.054	0.122	4.076
39	0.168	-0.168	0.014	-0.011	-0.142	-0.232	1.091	0.295	3.376
42	0.168	0.832	0.035	-0.031	-0.009	0.835	-0.325	-0.337	4.476
60	-0.165	-1.168	0.006	0.027	-0.276	0.302	0.041	-0.301	-2.091



**Tabela 3.** Continuação...

Híbrido	FM	FF	APM	AESP	DE	CE	PE	PG	PH
63	0.502	0.165	-0.169	-0.059	0.324	0.235	-0.909	-0.721	-2.224
66	-0.165	-0.168	-0.033	0.031	-0.009	-0.698	1.075	0.875	1.976
67	-1.165	-0.502	0.065	0.068	0.058	0.902	0.937	0.807	1.276
68	-0.498	-0.168	-0.109	-0.087	-0.209	0.168	-0.259	-0.191	-1.924
75	0.168	0.165	0.131	-0.023	0.324	1.502	0.295	0.190	3.509
77	-0.165	-0.502	-0.112	-0.081	0.258	0.702	-2.417	-1.900	1.476
79	-0.498	-0.168	0.050	0.061	0.324	-0.032	-0.005	0.068	-0.424
80	-0.165	-0.502	0.061	0.001	0.324	0.435	1.012	0.970	-2.924
81	-0.832	-1.168	0.082	-0.009	0.058	1.635	1.470	1.157	2.676
82	-0.832	-0.835	-0.002	-0.002	0.191	1.235	1.237	0.529	2.409
83	0.168	0.165	-0.007	0.033	0.258	0.968	-0.434	-0.284	4.309
84	0.168	0.165	0.037	-0.006	-0.009	1.035	-2.409	-2.045	1.309
89	0.835	0.498	-0.022	0.019	0.258	1.635	0.204	0.168	1.276
90	-0.165	-0.168	0.059	-0.038	0.124	0.102	1.808	1.618	0.309
92	-0.498	-0.168	-0.045	0.005	-0.076	-0.432	-0.109	0.010	5.176

\* Caracteres – FM: florescimento masculino (dias), FF: florescimento feminino (dias), AP: altura da planta (m), AE: altura da espiga (m), DE: diâmetro da espiga (cm), CE: comprimento da espiga (cm), PE: peso de espigas (t ha<sup>-1</sup>), PG: peso de grãos (t ha<sup>-1</sup>), PH: peso hectolítrico.

Dos caracteres avaliados apenas altura da espiga não apresentou diferenças significativas entre os híbridos, indicando ser essa característica uniforme geneticamente. No entanto, os demais caracteres avaliados apresentaram diferenças significativas ( $P < 0,01$ ), indicando possibilidade de seleção de híbridos para formação de população base para futuros programas de melhoramento. Além de formação de populações por recombinação, é possível a geração de sintéticos que agregam maior frequência de alelos com efeito aditivo. Quanto à capacidade geral de combinação, as linhagens que formaram os híbridos 27, 90, 28, 88, 81, 30, 24, 80, 66 e 67 despontaram como de maior frequência de alelos de efeito aditivo para produção de grãos, podendo ser indicadas para formação de sintético.

#### 4. Conclusões

Os resultados obtidos permitem concluir que existe variabilidade entre os híbridos considerando os caracteres avaliados, indicando a possibilidade de sucesso com a seleção das linhagens que originaram os híbridos.



## Referências

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**: safra 2016/2017, nono levantamento, junho 2017. Brasília: Conab, 2017.

CRUZ, C.D. GENES - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v.35, n.3, p.271-276, 2013.

CRUZ C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. Viçosa - MG: UFV, 2012. p.55 - 109.

FERREIRA, E.A.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; DUARTE, A.P.; GALLO, P.B.; SAWAZAKI, E.; AZEVEDO FILHO, J.A.; GUIMARÃES, P.S. Desempenho de híbridos top crosses de linhagens S3 de milho em três locais do Estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v.68, n.2, p.319-327, 2009.

MIRANDA FILHO, J.B.; REIS, E.F.; OLIVEIRA, A.S.; RODRIGUES, L.O. Desenvolvimento de sintéticos de milho para o Sudoeste de Goiás. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 29., 2012. Águas de Lindóia, **Anais...** Sete Lagoas: Associação Brasileira de Milho e Sorgo, 2012. p.2710-2716.

MIRANDA FILHO, J.B.; VIÉGAS, G.P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. (Eds.). **Melhoramento e produção do milho**. 2.ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.277-326.

SILVEIRA, F.T.; MORO, J.R. Utilização de linhagens parcialmente endogâmicas S<sub>3</sub> para obtenção de híbridos simples de milho. **Revista Biociências**, Taubaté, v.15, n.2, p.10-14, 2009.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

