



**DIEGO DE AVILA POSPIESZ**

**HÍBRIDOS CRÍPTICOS DE MILHO ORIUNDOS DE  
POPULAÇÕES SUBMETIDAS À SELEÇÃO RECORRENTE  
RECÍPROCA**

**LAVRAS - MG  
2021**

**DIEGO DE AVILA POSPIESZ**

**HÍBRIDOS CRÍPTICOS DE MILHO ORIUNDOS DE POPULAÇÕES SUBMETIDAS  
À SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção de título de Mestre.

Prof. Dr. João Cândido de Souza  
Orientador

**LAVRAS - MG  
2021**

Pospiesz, Diego Avila.

Híbridos crípticos oriundos de populações submetidas à seleção recorrente recíproca de milho/ Diego de Avila Pospiesz. - 2021.

47 p. : il

Orientador: João Cândido de Souza.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de Lavras, 2021.

Bibliografia.

1. Híbridos crípticos. 2. Melhoramento de plantas. 3. Obtenção de linhagens. I. Souza, João Candido. II. Título.

**DIEGO DE AVILA POSPIESZ**

**HÍBRIDOS CRÍPTICOS DE MILHO ORIUNDOS DE POPULAÇÕES  
SUBMETIDAS À SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA**

**CRYPTIC HYBRIDS FROM POPULATIONS OF CORN SUBMITTED TO  
RECIPROCAL RECURRENT SELECTION**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção de título de Mestre.

APROVADO em 31 de maio de 2021

Dr. TIAGO DE SOUZA MARCIAL, UFLA

Dr. JOSÉ RAULINDO GARDINGO, UEPG

Prof. Dr. João Cândido de Souza  
Orientador

**LAVRAS-MG  
2021**

## AGRADECIMENTOS

A Deus, pela oportunidade que me foi dada.

À minha mãe, Maris, por toda a dedicação e pelos ensinamentos.

À Universidade Federal de Lavras, em especial ao programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela estrutura e oportunidade.

Aos professores do programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pelos valiosos ensinamentos

Ao meu orientador, professor João Cândido, por todo o tempo dispendido, por toda a atenção, pela ajuda e pelos ensinamentos.

Ao professor Raulindo, por ter me apresentado a área de estudo, pela amizade, ensinamentos e por participar da banca avaliadora.

Ao professor Tiago, por ter a disponibilidade de participar como parte da banca avaliadora, pela amizade e ensinamentos.

Aos funcionários da Fazenda Vitorinha da UFLA Leonardo, Otávio, pela ajuda e pelo suporte em todas as atividades de campo.

A todos os amigos do programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelos momentos de estudo, compartilhamento de conhecimento, diversão e amizade.

Aos amigos do “programa milho”, Rodolfo, Hilda, Lorena, Paula, Leonardo, por todos os momentos de companheirismo, amizade e colaboração na condução dos trabalhos de pesquisa.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

## RESUMO

O milho possui grande importância no cenário agrícola mundial, sendo o grão mais produzido no mundo. O avanço da agricultura e a crescente demanda por alimentos no mundo fizeram com que diversas técnicas envolvendo o melhoramento genético de milho fossem desenvolvidas, dentre elas está a dos híbridos crípticos que, possui um grande potencial para a síntese de linhagens superiores. Nesse método realiza-se a condução de duas populações simultaneamente, visando a obtenção de linhagens complementares entre elas. Por ser pouco estudado, as informações sobre ele presentes na literatura são escassas. O objetivo desse trabalho foi selecionar dentre os híbridos avaliados, os dois híbridos mais produtivos, principalmente para o caractere peso de espigas despalhadas e severidade a mancha branca, e com base na seleção desses híbridos selecionar os pares de progênies que deram origem a eles para dar continuidade ao programa de híbridos crípticos da Universidade Federal de Lavras. O experimento foi avaliado nos municípios de Lavras, Lambari e Ribeirão Vermelho, nas safras 2019 e 2019/2020. Foram avaliados seis híbridos crípticos oriundos do cruzamento de dez progênies S1, que por sua vez foram retiradas de duas populações do programa de seleção recorrente de milho da UFLA, que já foram submetidas a 5 ciclos de SRR utilizando IG juntamente com as testemunhas os híbridos comerciais: 2B810 e o DKB177. O experimento foi conduzido utilizando o delineamento de blocos casualizados (DBC). As parcelas foram constituídas cada uma por 2 linhas de 4,0 metros espaçadas em 0,6 m e com quatro repetições. Os seguintes caracteres foram avaliados: Peso de espigas despalhadas (PED), número de grãos por espiga (NGE), peso 100 grãos (P100) e severidade de mancha branca (SMB). Os dados foram analisados com o auxílio do software Genes. Foram feitas separadamente as análises para as safras 2019 e 2019/2020 e safrinha, para todos os caracteres exceto (SMB). A análise de variância conjunta foi significativa a 5% de confiança para os caracteres PED, P100, NGF e SMB, tanto para os híbridos, quanto para as híbridos nas safras 2019 e 2019/2020. Foi possível selecionar os melhores híbridos para ambas safras avaliadas, estando entre os três híbridos mais produtivos o A3xB3 e o A4xB4, os quais apresentaram também as menores severidades à mancha branca. Diante desses resultados, recomenda-se dar continuidade ao programa de melhoramento, utilizando às progênies A4, B4, A3 e B3.

**Palavras-chave:** Híbridos crípticos. Melhoramento de plantas. Obtenção de linhagens.

## ABSTRACT

Corn is of great importance in the world agricultural scenario, being the most cultivated grain in the world. The advancement of agriculture and the growing demand for food in the world meant that several techniques involving the genetic improvement of corn were developed, among them is that of cryptic hybrids, which has great potential for the synthesis of superior strains. In this method, two populations are conducted, aiming to obtain complementary strains between them. Because it is poorly studied, information about it in the literature is scarce. The objective of this work was to select among the evaluated hybrids, the two most productive hybrids, mainly for the character of spiked ears and severity to white spot, and based on the selection of these hybrids, select the pairs of progênies that gave rise to them to continue to the cryptic hybrid program at the Federal University of Lavras. The experiment was evaluated in the municipalities of Lavras, Lambari and Ribeirão Vermelho, in the 2018/2019 and 2019/2020 harvests. Six cryptic hybrids from the crossing of ten progênies were evaluated, which in turn were taken from two S1 populations of UFLA's recurrent maize selection program, along with the witnesses the commercial hybrids: 2B810 and DKB177. The experiment was conducted using a randomized block design. The plots were constituted each by 2 lines of 4.0 meters spaced in 0.6 m and with four repetitions. The following characters were evaluated: Grain productivity, weight of spiked ears, number of grains per ear and severity of white spot. The data were analyzed with the aid of the Genes software. Analyzes were made separately for the harvest and off-season, for all characters except. The analysis of joint variance was significant at 5% confidence for the characters weight of unshelled ears, weight of 100 grains, number of grains per row and severity by white spot, there was a significant difference of at least 5% for both hybrids, for off-season progênies, and for harvest. it was possible to select the best hybrids for both the off-season and the crop, being among the three most productive hybrids, both in the crop and in the off-season, the A3xB3 and A4xB4 hybrids, and also presented the lowest severity of the white spot hybrids. In view of these results, it is recommended to continue the breeding program, using progênies A4, B4, A3 and B3.

**Key-words:** Cryptic hybrids. Plant breeding. Lines development.

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Quadrados médios da análise de variância para as médias dos resultados do plantio das progênies na safra 2019/2020 em Lavras e Lambari, referentes aos caracteres, peso de espiga despilhada (PED), peso de 100 grãos (P100), número de grãos por espiga (NGE) e severidade por mancha branca (SMB).....	25
Tabela 2 – Quadrados médios da análise de variância para as médias dos resultados do plantio dos híbridos na safra 2019 2020 em Lavras e Lambari, referentes aos caracteres, peso de espiga despilhada (PED), peso de 100 grãos (P100), número de grãos por espiga (NGE) e severidade por mancha branca (SMB).....	26
Tabela 3 – Quadrados médios da análise de variância para as médias dos resultados do plantio dos híbridos na safra 2019 em Lavras e Ribeirão Vermelho, referentes aos caracteres peso de espiga despilhada (PED), peso de 100 grãos (P100), número de grãos por espiga (NGE) e severidade por mancha branca (SMB).....	27
Tabela 4 – Quadrados médios da análise de variância conjunta entre as safras 2019/2020 em Lavras e Lambari, relativamente aos caracteres, peso de espiga despilhada (PED), peso de 100 grãos (P100) e número de grãos por fileira (NGE).....	29
Tabela 5– Quadrados médios da análise de variância conjunta entre as safras 2019 em Lavras Ribeirão Vermelho, relativamente ao caractere peso de despilhada (PED).....	29
Tabela 6 – Quadrados médios da análise de variância conjunta das progênies na safra 2019/2020 entre Lavras e Lambari, relativamente aos caracteres peso de espiga despilhada (PED), peso de 100 grãos (P100) e número de grãos por fileira (NGE).....	29
Tabela 7 – Quadrados médios da análise de variância conjunta entre as safras 2019 e 2019 2020 em Lavras, relativamente ao caractere Severidade da mancha branca (SMB).....	30
Tabela 8 – Valores médios da análise conjunta do caractere PED, para os Híbridos nas safras 2019 e 2019/2020 .....	31
Tabela 9 – Valores médios da análise conjunta do caractere PED, para as progênies em situação de safra.....	32
Tabela 10 - Valores médios da análise conjunta do caractere SMB, para os Híbridos na safra 2019 e na safra 2019/2020 no município de Lavras.....	33

Tabela 11 – Médias do peso de espigas despalhadas (PED), das progênies e dos híbridos, em t.ha <sup>-1</sup> e heterose em porcentagem, dos experimentos conduzidos na safra 2019/2020 em Lavras e Lambari.....	35
Tabela 12 – Médias do peso de 100 grãos (P100), das progênies e dos híbridos, em gramas e heterose em porcentagem, dos experimentos conduzidos na safra 2019/2020 em Lavras e Lambari.....	36
Tabela 13 – Médias do número de grãos por espiga (NGE), das progênies e dos híbridos, em gramas e heterose em porcentagem, dos experimentos conduzidos na safra 2019/2020 em Lavras e Lambari.....	37
Tabela 14 – Valores médios dos caracteres NGE, PED, P100 e SMB, para os Híbridos na safra 2019 no município de Lavras. ....	45
Tabela 15 – Valores médios do caractere PED, para os Híbridos na safra 2019 no município de Ribeirão Vermelho .....	45
Tabela 16 – Valores médios dos caracteres PED, P100 e SMB, para os Híbridos na safra 2019/2020 safra no município de Lavras. ....	45
Tabela 17 – Valores médios dos caracteres NGE, PED e P100, para os Híbridos na safra 2019/2020 no município de Lambari.....	46
Tabela 18 – Valores médios dos caracteres NGE, PED e SMB para as Progênies na safra 2019 no município de Lavras.....	46
Tabela 19 – Valores médios dos caracteres P100, NGE e PED, para as Progênies na safra 2019 no município de Lambari.....	47
Tabela 20 – Valores médios da análise conjunta dos caracteres NGE, PED e P100, para os Híbridos na safra 2019 nos municípios de Lavras e Lambari .....	47
Tabela 21 – Valores médios da análise conjunta do caractere PED, para os Híbridos na safra 2019 nos municípios de Lavras e Ribeirão Vermelho.....	48
Tabela 22 – Valores médios da análise conjunta dos caracteres NGE, PED e P100, para as progênies na safra 2019 nos municípios de Lavras e Lambari.....	48
Tabela 23 – Valores médios da análise conjunta do caractere SMB, para os Híbridos nas safra 2019 e 2019/2020 nos municípios de Lavras e Ribeirão Vermelho.....	48

## SUMÁRIO

<b>1. INTRODUÇÃO .....</b>	<b>10</b>
<b>2. REFERENCIAL TEÓRICO.....</b>	<b>11</b>
2.1. O milho híbrido .....	11
2.2. Heterose.....	12
2.3. Teste de híbridos em gerações precoces .....	14
2.4. Seleção recorrente recíproca .....	15
2.5. Híbrido críptico .....	16
<b>3. MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>18</b>
3.1. Locais .....	18
3.2. Tratamentos genéticos .....	18
3.3. Características avaliadas.....	19
3.4. Análise estatística .....	20
<b>4. RESULTADOS E DISCUÇÃO.....</b>	<b>22</b>
4.1. Análises individuais.....	22
4.2. Análises conjuntas.....	27
4.3. Heterose.....	33
<b>5. CONCLUSÃO.....</b>	<b>38</b>
<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>39</b>
<b>ANEXO.....</b>	<b>44</b>

## 1. INTRODUÇÃO

O milho possui grande importância no cenário agrícola mundial, sendo o grão mais produzido no mundo, com uma produção segundo o Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA) de 1,52 bilhões de toneladas na safra 2019/20. Já no Brasil a produção desse cereal na safra 2019/2020 foi de 105,167 milhões de toneladas (CONAB, 2021).

O avanço da agricultura e a crescente demanda por alimentos tornam o processo de obtenção de genótipos melhorados de milho um constante desafio para os melhoristas. Neste cenário, quando se trabalha com caracteres quantitativos como a produtividade, existe a necessidade de maximizar o ganhos através do acúmulo de alelos favoráveis (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

O maior sucesso no melhoramento da cultura do milho foi obtido por meio da utilização da heterose no início do século XX, sendo esse evento um marco para a produtividade da cultura (HALLAUER; MIRANDA, 1988). A utilização de híbridos foi tão bem aceita pelos agricultores que, em um intervalo de nove anos após as primeiras áreas demonstrativas o milho híbrido duplo ocupava cerca de 75% da área semeada no “Corn Belt” dos Estados Unidos (MIRANDA FILHO; VIÉGAS, 1987).

Dentre os diversos métodos descritos na literatura está o método dos híbridos crípticos sugerido por Lonquist e Willians (1967) e Hallauer (1967). Este método apresenta teoricamente, potencial para obtenção de híbridos superiores de forma mais rápida (LOPES et al., 2005). No entanto, é um método pouco utilizado, faltando dessa forma informações ao seu respeito na literatura. Devido a isso, torna-se relevante realizar mais trabalhos para disponibilizar informações sobre este método, e assim, possibilitar aos melhoristas avaliar sua eficiência. Portanto, o presente trabalho tem por finalidade realizar um ciclo de seleção utilizando o método de híbridos crípticos para a obtenção de linhagens superiores na cultura do milho.

## 2. REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1. O milho híbrido

Em 1877, Darwin conduziu os primeiros experimentos comparativos de plantas autofecundadas e cruzadas das mesmas espécies. Posteriormente, no início do século XX Shull (1908) e East (1909) verificaram que, quando eram realizadas autofecundações, aumentava-se a homozigose e conseqüentemente ocorria a diminuição do vigor das plantas, porém quando duas linhagens eram cruzadas o vigor era restaurado, gerando plantas mais vigorosas, uniformes e produtivas.

Foi Shull (1909) que apresentou um esquema básico para a produção de sementes de milho híbrido simples que é utilizado até os dias de hoje, que consiste na obtenção de linhagens endogâmicas e a utilização destas linhagens na produção de sementes de milho híbrido. Após o estabelecimento das linhagens, a produção de sementes híbridas é de fácil obtenção e pode ser realizada quando desejado, uma vez que os alelos dos parentais que dão origem ao híbrido já estão fixados.

A produção do milho híbrido apenas se tornou economicamente viável a partir de 1918, quando Jones propôs a utilização dos híbridos duplos, ou seja oriundos de quatro linhagens endogâmicas, o que permitiu a produção de um maior volume de sementes, com um preço de produção mais baixo e mais vigorosas o que aumentou conseqüentemente a utilização do milho híbrido (CROW; DOVE, 1989).

Por volta de 1930 foram produzidos os primeiros híbridos comerciais de milho, nos Estados Unidos (VIÉGAS; MIRANDA FILHO, 1978). Com o passar dos anos, o milho híbrido foi ganhando espaço e substituindo as variedades de polinização aberta de forma gradual. Em 1939 o milho híbrido já ocupava cerca de 75% da área semeada no “Corn Belt” dos Estados Unidos. Em 1960, apenas 5% do total da área semeada nos Estados Unidos utilizavam variedades de polinização aberta (MIRANDA FILHO; VIÉGAS, 1987).

Entre os anos de 1930 a 1960, o aumento médio anual na produtividade foi de  $65 \text{ kg ha}^{-1}$  pela utilização de híbridos duplos nos Estados Unidos. Com a utilização de híbridos simples a partir da década de 60 esse aumento foi ainda maior, com aproximadamente  $110 \text{ kg ha}^{-1} \text{ ano}^{-1}$  (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; TROYER, 1999).

O Brasil foi o segundo país a adotar o milho híbrido. Os primeiros trabalhos envolvendo

o milho híbrido no Brasil foram realizados pelo Instituto Agronômico de Campinas (IAC) e também pela Universidade Federal de Viçosa (UFV) (SAWAZAKI; PATERNINANI, 2004). O primeiro híbrido comercializado no Brasil foi produzido na Escola Superior de Agricultura de Viçosa em 1938, oriundo do cruzamento das variedades Cateto com Amarelão (SOUZA SOBRINHO, 2001).

Sem dúvidas os híbridos de milho são um dos exemplos mais notáveis da exploração do fenômeno da heterose, sendo heterose basicamente conceituada como a superioridade da geração  $F_1$  em relação à média dos seus genitores (HALLAUER, 1990).

## 2.2. Heterose

No início do século XX East e Shull em seus trabalhos desenvolveram o conceito de vigor híbrido ou heterose como sendo a superioridade do híbrido em relação à média dos pais. Shull em 1908 afirma que no processo de obtenção de um híbrido, deve-se procurar linhagens com uma maior capacidade combinatória, e não por seu desempenho “per se”. Podemos observar a heterose em diversos caracteres, como altura de planta, produtividade, entre outros (BERNARDO, 2010).

A heterose tem sido altamente explorada em programas de melhoramento de milho híbrido, participando na identificação das populações divergentes, que serão a base para o desenvolvimento de linhagens endogâmicas, que por sua vez serão empregadas em cruzamentos (SILVA; MIRANDA FILHO, 2003). Estudos demonstram que cruzamentos entre genótipos geneticamente divergentes, proporcionam grande vigor em relação a cruzamentos entre indivíduos semelhantes geneticamente (HALLAUER, 1999). Isso ocorre, pois a heterose e a capacidade específica de combinação entre dois parentais dependem da existência de dominância no controle do caráter e da presença de dissimilaridade entre os genótipos (FALCONER; MACKAY, 1996).

Existem três hipóteses que são mais aceitas para a manifestação da heterose, a da dominância, da sobredominância e a da epistasia. A primeira é a de dominância na qual a heterose ocorre pelo acúmulo, no híbrido de alelos dominantes nos locos dos caracteres de interesse de ambos os pais. Nesse modelo os alelos recessivos que são potencialmente deletérios ficariam ocultos nos heterozigotos e os prejuízos decorrentes da homozigose para esses alelos seriam evitados. A segunda é a teoria da sobredominância, ela sugere que o vigor apresentado pelas plantas  $F_1$  é devido à elevada heterozigosidade, onde a união das duas formas alélicas do

heterozigoto é superior à ação separada de qualquer um dos alelos em homozigose. A terceira hipótese da epistasia atribui a heterose às interações epistáticas interalélicas de dois ou mais locos, envolvendo os efeitos epistáticos aditivo x aditivo, aditivo x dominante e dominante x dominante (POWERS, 1945; GOODNIGHT, 1998; BETRÁN et al., 2004; BIRCHLER et al., 2003, 2006; HOCHHOLDINGER; HOECKER, 2007)

A heterose pode ser calculada pela seguinte fórmula:

$$h = \overline{F1} - \overline{MP}$$

Em que:

$h$  = Estimativa da heterose;

$\overline{F1}$  = Média da geração F1;

$\overline{MP}$  = Média das linhagens parentais.

Já foram realizados diversos trabalhos envolvendo a heterose e a produtividade de grãos na cultura do milho. São relatadas estimativas de heterose que variam de 61,4% a 314,4% (HALLAUER; CARENA, M. J.; HALLAUER, 1976; MIRANDA FILHO, 2010; SOLOMON et al., 2012; FLINT- GARCIA, 2009). Também se encontra na literatura estimativas para a heterose com relação a outros caracteres na cultura do milho, 1,2% a 45,5% para altura de planta, 16% a 30% para altura de inserção da espiga (ASSUNÇÃO et al., 2010; SOLOMON; ZEPPA; MULUGETA, 2012; ZHANG et al., 2017), de 13,6 a 30,05% para altura de planta; de -19,42 a 12,23% para comprimento da espiga; de 10,06 a 37,35% para número de fileiras, de 14,92 a 27,15% para número de grãos por fileira; de 16,33 a 39,34% para número de grãos por espiga; de 27,2 a 37,75% para peso da espiga e 9,66 a 69,71% para peso de 100 grãos (HASSAN et al., 2019).

Segundo Stuber (1994), a exploração da heterose é uma das principais razões do sucesso das empresas de sementes, pois além dos híbridos serem mais produtivos, possuem características como resistência a certas pragas e doença, melhor arquitetura da planta, dentre outros caracteres diretamente relacionados à produção de grãos.

### 2.3. Testes de híbridos em gerações precoces

A realização de sucessivas autofecundações consiste na prática mais utilizada para a formação de linhagens endogâmicas, onde é alcançado o predomínio dos locos em homozigose aproximadamente no sétimo ciclo de autofecundação, correspondendo a aproximadamente 99,2% dos locos em homozigose (PATERNIANI; CAMPOS, 2005). Os sucessivos ciclos de autofecundação tornam a obtenção e avaliação de linhagens uma das etapas mais onerosas e demoradas de um programa de melhoramento de híbridos de milho (MIRANDA FILHO; VIÉGAS, 1987)

Uma estratégia que pode ser adotada, visando diminuir o tempo e o custo de obtenção de híbridos nos programas de melhoramento é a avaliação de híbridos oriundos de linhagens parcialmente endogâmicas. Segundo Amorim e Souza (2005), híbridos oriundos de linhagens parcialmente endogâmicas, são constituídos por linhagens, que passaram por dois ou três ciclos de autofecundação sucessivas. Por necessitarem de um menor número de gerações de autofecundação, menor área para multiplicação das linhagens e pela maior produtividade de grãos comparada com sua correspondente em gerações mais avançadas de endogamia, esses híbridos podem chegar mais rapidamente ao mercado (GOOD; HALLAUER, 1977).

Segundo Jenkins (1935) a capacidade de combinação das linhagens é alcançada precocemente, não necessitando de muitos ciclos de autofecundação para atingí-la, pouco mudando em gerações mais avançadas de endogamia. Souza Junior (2001) relata que a utilização de linhagens parcialmente endogâmicas diminui os problemas decorrentes da depressão por endogamia das linhagens após várias gerações de autofecundação.

Objetivando comparar a variabilidade de híbridos  $S_2 \times S_2$  com suas derivadas  $S_8 \times S_6$ , Stangland e Russel (1981) observaram que o desempenho produtivo dos híbridos  $S_2 \times S_2$  foi comparável ao dos híbridos  $S_8 \times S_6$ , mas para caracteres como altura de plantas, altura de espigas, número de fileiras por espigas e diâmetro de espigas ocorreram diferenças significativas, onde os híbridos  $S_2 \times S_2$  foram mais variáveis.

Carvalho et al. (2003), avaliaram 135 híbridos  $S_2 \times S_2$ , onde foi constatado que 17% dos híbridos apresentaram performance superior ao híbrido simples C-33B e 46% superaram a média do híbrido duplo C-435.

Amorim e Souza (2005) avaliaram a viabilidade em se produzir híbridos intra e interpopulacionais a partir de populações  $S_0$ , oriundas dos híbridos simples comerciais. P30F90,

Dow657 e DKB333B. Nesse trabalho foram identificados híbridos interpopulacionais  $S_0$  superiores aos híbridos comerciais e as gerações  $S_0$ .

Souza Junior (1995) estudou a possibilidade de produção de híbridos a partir de linhagens  $S_3$  oriundas de duas populações divergentes BR105 e BR106. Das 400 progênies  $S_3$  avaliadas, foram selecionadas oito progênies da população BR105 e dez progênies da população BR106. Dos 80 híbridos  $S_3$  interpopulacionais que foram avaliados, seis superaram a testemunha comercial.

Ferreira et al. (2009) avaliaram 27 híbridos oriundos de progênies  $S_3$  cruzadas com o testador IA 33. Foram identificados híbridos top crosses iguais ou superiores às testemunhas IAC 8333 e DKB 350, encontrando cinco híbridos com produtividades superiores a 9,00 t. ha<sup>-1</sup>.

Visando a manutenção das progênies  $S_2$ , Carlone e Russell (1989), demonstraram que o intercruzamento de 10 a 20 plantas por progênies, acompanhado por seleção moderada tem pouco efeito na capacidade de combinação das progênies  $S_2$ , não obtendo diferenças significativas para a produção de grãos.

Os híbridos em geral possuem alto valor agregado, tornando muitas vezes inacessíveis aos pequenos produtores rurais (RAPOSO, 2002). Os híbridos de progênies parcialmente endogâmicas por possuírem um menor custo de produção, e terem uma maior uniformidade que híbridos intervartetais são uma boa opção para a agricultura familiar e de subsistência (ARAÚJO, 2000).

#### **2.4. Seleção recorrente Recíproca**

Proposta por Comstock et al. (1949), a seleção recorrente recíproca (SRR) ou interpopulacional pode ser mais apropriada para o desenvolvimento de híbridos. Ela visa o melhoramento simultâneo de duas populações, capitalizando os efeitos aditivos por meio da concentração dos alelos favoráveis nas populações e também os desvios de dominância, por manter a distância entre as populações (BORÉM, 2009).

Nesse método os genótipos de cada população são avaliados observando principalmente suas capacidades de combinação com a população recíproca, e não por suas produtividades *per se*. Após a realização dos cruzamentos entre as populações, os genótipos que apresentarem melhor capacidade de combinação em cada população são selecionados e recombinados entre si, mantendo assim a identidade de cada população, visando melhorar a heterose do cruzamento

entre elas (SOUZA JÚNIOR, 2001). Por se tratar de um processo cíclico, obtenção, avaliação, seleção e recombinação das progênies, a SRR pode continuar sendo realizada por tempo indeterminado (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988).

Reis et al. (2009), com o intuito de avaliar o progresso genético na obtenção de híbridos com a seleção recorrente recíproca, avaliou híbridos interpopulacionais, oriundos de duas populações, por sua vez originadas de dois híbridos simples comerciais, que passaram por três ciclos de seleção. O híbrido interpopulacional, apresentou desempenho comparável ao melhor híbrido comercial simples, em poucos ciclos de seleção. Foi constatado que a seleção recorrente recíproca foi eficiente em promover o progresso genético por ciclo em 7,9%, evidenciando a eficiência do método em elevar as produtividades de híbridos, a partir de populações F2 de híbridos simples de milho.

Gabriel (2009) avaliou 242 famílias, oriundas das populações CIMMYT e Piranão do programa de melhoramento da Universidade Estadual do Norte Fluminense, selecionando 40 famílias consideradas superiores em suas características morfoagronômicas. Nesse experimento o ganho direto estimado para a produtividade foi de 14,10%, evidenciando que seleção recorrente recíproca é um método efetivo em proporcionar ganhos genéticos e assegurar, assim, o avanço de gerações.

Alves (2014) avaliou progênies do programa de melhoramento de milho da Universidade Federal de Lavras, que estavam no quinto ciclo de seleção recorrente recíproca. No trabalho foram utilizados como testemunhas os híbridos simples comerciais P30F53 e GNZ9501. Foi constatado que 77% das progênies avaliadas obtiveram média produtiva superior a melhor testemunha, evidenciando a eficiência do programa de seleção recorrente recíproca quanto ao caráter produtividade.

## **2.5. Híbrido Críptico**

O método envolvendo híbridos crípticos, também conhecido como irmãos completos foi proposto por Hallauer (1967) e por Lonquist e Willians (1967), visando com o aumento da frequência de alelos complementares a obtenção de híbridos superiores (LOPES et al., 2001). Hallauer (1967) e Lonquist e Willians (1967) ressaltam que para a sua utilização é necessário que as populações utilizadas sejam prolíficas, produzindo mais de uma espiga. A descrição do procedimento é o seguinte:

São realizados cruzamentos entre plantas  $S_0$  individuais e ao mesmo tempo são

realizadas as autopolinizações das plantas envolvidas no cruzamento, visando avançar as gerações. Os híbridos oriundos do cruzamento das plantas  $S_0$  são então avaliados em ensaios de competição, onde a partir dos resultados de rendimento são selecionadas as plantas que produziram os híbridos mais produtivos. Os pares de plantas que produziram os melhores híbridos são plantados agora em linhas lado a lado, onde cada linha consistirá de plantas  $S_1$ , originadas das autopolinizações das plantas  $S_0$  do ciclo passado. O mesmo procedimento descrito anteriormente é novamente utilizado, mas agora os cruzamentos são realizados apenas dentro de cada par. Esse procedimento é repetido até que as progênes das plantas utilizadas nos cruzamentos adquiram um grau satisfatório de homozigose.

Hallauer (1967) avaliou o cruzamento de 144 plantas em 1964 obtendo o rendimento médio de  $5,245 \text{ t.ha}^{-1}$ . Com base nos testes de produtividade, 54 plantas de cada população foram selecionadas. Utilizando essas 54 plantas selecionadas foram realizados 160 cruzamentos, os quais obtiveram um rendimento médio de  $6,064 \text{ t.ha}^{-1}$ , uma diferença de 819 kg com o ciclo anterior.

Lopes et al. (2005), avaliaram o desempenho de 50 progênes em doze localidades, ao longo de seis anos. Constataram ou verificaram que o desempenho de alguns híbridos de progênes  $S_1$  não diferiram estatisticamente daquele de híbridos comerciais, observando assim que logo no primeiro ciclo é possível obter resultados positivos. Também verificaram que os cinco melhores híbridos obtidos pelo método de híbridos crípticos não se diferenciaram estatisticamente das melhores testemunhas, sendo as famílias... progênes de  $S_3$  as que possuíram maior número de híbridos de destaque.

Alves et al. (2012), avaliaram híbridos crípticos oriundos de progênes  $S_1$ , juntamente com testemunhas comerciais. Constataram que os híbridos crípticos foram em média 20,42% mais produtivos que as testemunhas comerciais, e que o melhor híbrido críptico foi 26,13% mais produtivo que o melhor híbrido comercial.

Toppa (2015), em trabalhos realizados com duas populações de mamoneira (*Ricinus communis* L.), avaliou 24 híbridos  $S_4 \times S_4$ , sendo 12 deles obtidos pelo método de híbrido críptico e 12 pelo método genealógico. Os híbridos foram avaliados nos municípios de Lins e Penápolis por três safras. Ao avaliar a produtividade de grãos constatou-se que, os híbridos crípticos superaram os híbridos comerciais com valor médio de  $1,82 \text{ t.ha}^{-1}$  de massa de grãos, 10% mais produtivo que os híbridos obtidos pelo processo convencional, que apresentaram média de  $1,66 \text{ t.ha}^{-1}$  de massa de grãos.

Segundo Toppa (2012), o método dos híbridos crípticos possui uso limitado em

programas de melhoramento, devido principalmente à falta de informações que demonstrem sua viabilidade para os melhoristas, impedindo sua maior utilização.

### **3. MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.2.Locais**

O experimento foi conduzido nos municípios de Lavras, Ribeirão Vermelho e Lambari. Lavras e Ribeirão Vermelho pertencem à mesorregião Campo das Vertentes, onde em Lavras, o experimento foi implantado no Centro de Desenvolvimento Científico em Lavras - MG que está situado a 920 metros de altitude, 21°14' latitude sul e 44°59' longitude oeste, já em Ribeirão Vermelho o experimento foi implantado na propriedade de um produtor rural da região que situa-se a aproximadamente 793 metros de altitude, 21°11' latitude sul e longitude 45°3' longitude oeste. Já no município de Lambari, o experimento foi implantado na Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais. Lambari pertence à mesorregião de sul de sudeste de Minas Gerais, situada a 896 metros de altitude, 21°58' latitude sul e 45°20' longitude oeste. O clima tanto em Lavras quanto em Ribeirão Vermelho segundo a classificação de Köppen é Cwa, e em Lambari é Cwb.

#### **3.3.Tratamentos genéticos**

As populações escolhidas para dar início a este trabalho foram retiradas do quinto ciclo do programa de seleção recorrente recíproca (SRR) do Setor de Genética e Melhoramento de Plantas, da Universidade Federal de Lavras, sendo selecionadas as populações que originaram as três melhores progênies avaliadas no quinto ciclo de SRR.

Os cruzamentos foram realizados na safra 2016/2017, somente entre os genitores que constituíam um par. Um total de 141 cruzamentos foram realizados e prosseguiram para a fase de avaliação. Dos 141 cruzamentos que foram avaliados na safra 2017/2018, foram selecionadas as dez plantas que deram origem aos melhores híbridos, descritos mais precisamente em Ruy (2018).

Cada uma das 10 plantas selecionadas deram origem às 10 progênies do trabalho (as progênies: A3, A6, A5, A4, A2, A1, B4, B1, B3, B5), assim como os 6 melhores híbridos oriundos das mesmas (os híbridos A1xB1, A2xB1, A3xB3, A4xB4, A5xB5 e A6xB5).

As operações para os híbridos foram realizadas em duas safras, ou seja safra 2019 e safra 2019/2020. O primeiro plantio foi realizado no dia 10 de fevereiro de 2019 e o segundo foi realizado no dia 01 de novembro de 2019 em Lavras e dia 27 de novembro de 2019 em Lambari.

Na safra 2019 e na safra 2019/2020 os seis melhores cruzamentos envolvendo as dez plantas selecionadas na safra 2017/2018, foram avaliados, utilizando como testemunha na safra 2019 o híbrido 2B810 e na safra 2019/2020 os híbridos DKB177 e o 2B810. Também na safra 2019/2020 foram semeadas as progênes oriundas das dez plantas selecionadas em 2017/2018. O delineamento experimental ocorreu em blocos casualizados. Cada híbrido e progênie foram semeados em duas linhas de 4 m, sendo quatro sementes por metro linear, e o espaçamento adotado entre linhas foi de 0,6 m e entre plantas, de 0,25 m. Os tratos culturais foram realizados de acordo com as necessidades da cultura. Ao final de cada safra, os híbridos e as progênes (apenas na safra 2019/2020), foram avaliados em conformidade com os caracteres descritos a seguir.

### **3.4. Características avaliadas**

Foram avaliados os seguintes caracteres agronômicos:

- a) peso de espigas despalhadas (PED): peso médio de todas as espigas despalhadas colhidas por parcela, em kg, corrigido pelo teor de umidade de 13% e extrapolado para  $t \cdot ha^{-1}$ , utilizando área útil da parcela de  $4,8 \text{ m}^2$ ;
- b) número de fileiras (NFIL): número médio de fileiras em quatro espigas representativas por parcela;
- c) número de grãos por fileira (NGF): número médio de grãos por fileira em quatro espigas representativas de cada parcela;
- d) Número de grãos por espiga (NGE): correspondente à multiplicação (NFIL x NGF);
- e) peso de 100 grãos (P100): peso, em g, de 100 grãos contados após a debulha das espigas da amostra por parcela, a 13% de umidade.
- f) Severidade da mancha branca (SMB): as avaliações foram realizadas pela escala diagramática para o complexo mancha branca (*Phaeosphaeria maydis* / *Pantoea ananatis*) proposto por Sachs et al. (2011), no estádio fenológico R4. Três plantas de cada parcela foram selecionadas ao acaso, sendo avaliadas três folhas em cada planta

(folha imediatamente abaixo da espiga, folha da espiga e folha imediatamente acima da espiga). Foram dadas notas de 1 a 8, onde as maiores severidades ganhavam a nota 8.

Na safra de 2019 apenas foi possível coletar as informações a respeito dos componentes de produção no município de Lavras. No município de Ribeirão Vermelho apenas o componente PED foi coletado. Já na safra de 2019/2020 não foi possível coletar no município de Lambari o componente SMB, devido a impossibilidade de deslocamento até a área. Levando isso em consideração as análises conjuntas na safra de 2019 foram realizadas utilizando apenas o componente PED, e as avaliações do componente SMB foram realizadas individualmente na safra de 2019, na safra 2019/2020 tanto para as progênies quanto para os híbridos e também foram realizadas as análises conjuntas entre os híbridos plantados na segunda safra e os plantados na safra 2019/2020.

### 3.5. Análise estatística

Os dados dos caracteres foram verificados em relação ao atendimento das pressuposições da análise de variância para as análises individuais. Após verificação da homogeneidade das variâncias residuais das análises individuais, os dados coletados foram submetidos à análise de variância conjunta em relação as safras, a 5% de significância, de acordo com o seguinte modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + a_k + g_{aik} + r_j(k) + e_{ij}(k)$$

Compõem esse modelo os seguintes elementos:

$Y_{ijk}$ : observação referente à progênie  $i$ , na repetição  $j$ , no ambiente  $k$ ;

$\mu$ : constante associada a todas as observações;

$g_i$ : efeito fixo das genótipos  $i$ ;

$a_k$ : efeito fixo do ambiente  $k$ ;

$g_{aik}$ : efeito fixo da interação genótipo x ambientes

$r_k$ : efeito fixo da repetição  $j$  no ambiente  $k$ ;

$e_{ijk}$ : erro experimental aleatório associado à observação  $Y_{ijk}$ ,  $e_{ijk} \sim N(0, \sigma_e^2)$

As análises individuais foram realizadas mediante o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + r_j + e_{ij}$$

Nesse modelo, figuram os seguintes elementos:

- a)  $Y_{ij}$ : observação da parcela que recebeu o tratamento  $i$  dentro da repetição  $j$ ;
- b)  $\mu$ : constante associada a todas as observações;
- c)  $g_i$ : efeito fixo dos genótipos  $i$ ;
- d)  $r_j$ : efeito fixo da repetição  $j$ ;
- e)  $e_{ij}$ : erro experimental aleatório associado à observação  $Y_{ij}$ ,  $e_{ij} \sim N(0, \sigma_e^2)$

Todas as análises foram realizadas no software Genes (CRUZ, 2014)

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1. Análises individuais

Primeiramente foram analisados os pressupostos para a normalidade, onde apenas o caractere P100 das progênies no município de Lavras não atendeu aos pressupostos. Devido a isso os dados referentes a esse caractere foi transformado para atender a normalidade, não somente no município de Lavras, mas também os dados referentes ao município de Lambari, permitindo a análise conjunta envolvendo ambos os ambientes.

A fonte de variância entre híbridos na safra 2019 no município de lavras e Ribeirão Vermelho, foi significativa, para todos os caracteres como exposto na tabela 3. Já em relação aos híbridos na safra 2019/2020 (tabela 2), os caracteres P100, PED e SMB em Lavras (tabela 3) e P100, PED, NGE em Lambari também foram significativas. Com relação as progênies na safra 2019/2020 (tabela 1), os quadrados médios de progênies para os caracteres PED e NGE foram significativos no ambiente Lavras, ao passo, que no ambiente Lambari, observou-se a significância dos caracteres P100, PED e o NGE.

A experimentação no melhoramento genético de plantas é essencial para o contínuo desenvolvimento de novas cultivares. Neste contexto, para se obter sucesso na seleção dos melhores genótipos é desejável que a precisão experimental seja alta para uma boa inferência a respeito dos valores genotípicos dos tratamentos (RESENDE; DUARTE, 2007). A precisão experimental deste trabalho foi avaliada pelo coeficiente de variação experimental ( $CV\%$ ).

Com relação ao coeficiente de variação experimental ( $CV\%$ ), para os caracteres, PED e P100 foram utilizados os intervalos dos coeficientes de variação sugeridos por Scapim et al. (1995), os quais sugeriram intervalos diferentes para cada um dos componentes citados. De acordo com sua escala os  $CV\%$  para o caractere PED o  $CV\%$  foi considerado mediano (entre 10.5 e 22%), para todos os ambientes exceto para as progênies em situação de safra em Lambari, que apresentou um  $CV\%$  de 26,99% (Tabela 1) considerado alto (entre 22 e 27.5%). Já para o caractere P100, em todos os ambientes, os  $CV\%$ s foram considerados medianos (entre 4.5 e 11.5%) (tabela 1 a 3). Para os caracteres NGE e SMB foi utilizado como referência dos

intervalos dos coeficientes de variação sugeridos por Pimentel Gomes (1985). Na safra 2019 em Lavras os híbridos, para o caractere NGE, apresentou baixo *CV%* ( $\leq 10\%$ ), e o caractere SMB apresentou médio *CV%* (entre 10 e 20%) (tabela 3). Na safra 2019/2020 em Lavras o *CV%* do caractere NGE foi considerado mediano e o caractere SMB foi considerado alto (entre 20 e 30%) (tabela 2). Já em Lambari o *CV%* do NGE foi considerado mediano. Para as progênies semeadas em Lavras os caracteres SMB e NGE apresentaram *CV%*'s altos. Já para as progênies semeadas em Lambari os caracteres NGE e SMB apresentaram *CV%*'s medianos (tabela 1).

O *CV%* mede o nível de variação residual como proporção da média do experimento, de modo que quanto maior é o erro, menor é o poder do teste em discriminar os tratamentos (FRITSCH NETO et al., 2012). Já para SMB, *CV%*'s elevados podem estar relacionados a desuniformidade da doença, uma vez que a infecção do patógeno ocorreu de forma natural no campo (COLOMBO et al., 2014). Outros trabalhos na literatura apresentaram *CV%*'s semelhantes aos encontrados neste trabalho, para SMB (AMARAL, 2005; BERGHETTI, 2018) e para PED (NASCIMENTO, 1996; CÂMARA, 2007; BASSOI, 1985).

De acordo com Resende e Duarte (2007), o reduzido número de repetições e a maior variação residual, influenciam nos valores observados de coeficiente de variação. Como em todos os ambientes, os experimentos possuíam o mesmo número de repetições, pode-se atribuir também parte da diferença observada no coeficiente de variação à maior variação residual.

Tabela 1 – Quadrados médios da análise de variância para as médias dos resultados do plantio das progênes na safra 2019/2020 em Lavras e Lambari, referentes aos caracteres, peso de espiga despalhada (PED), peso de 100 grãos (P100), número de grãos por espiga (NGE) e severidade por mancha branca (SMB).

FV	GL	QM							
		P100		PED		NGE		SMB	
		LAVRAS	LAMBARI	LAVRAS	LAMBARI	LAVRAS	LAMBARI	LAVRAS	LAMBARI
<b>Repetição</b>	3	0,3593	0,0168	3,2519	0,1337	3643,9946	10220,8936	1,6916	-
<b>Genotipo</b>	9	0,4200	0,1652*	8,0269**	1,4125**	20700,9669**	11020,1866**	7,3916	-
<b>Resíduo</b>	27	0,2936	0,0560	1,2132	0,2398	6052,7207	3082,5161	1,0064	-
<b>Média</b>		23,966	18,415	4,080	3,120	329,327	388,254	3,325	-
<b>CV%</b>		11,14	5,53	27,00	15,66	23,62	14,30	30,17	-

\*, \*\* - valores significativos pelo teste F a 1% e a 5% respectivamente

Fonte: do autor (2021).

Tabela 2 – Quadrados médios da análise de variância para as médias dos resultados do plantio dos híbridos na safra 2019 2020 em Lavras e Lambari, referentes aos caracteres, peso de espiga despalhada (PED), peso de 100 grãos (P100), número de grãos por espiga (NGE) e severidade por mancha branca (SMB).

FV	GL	QM							
		P100		PED		NGE		SMB	
		LAVRAS	LAMBARI	LAVRAS	LAMBARI	LAVRAS	LAMBARI	LAVRAS	LAMBARI
<b>Repetição</b>	3	16,5573	10,8606	0,5902	1,387	5.295.642	9.459.653	0.3645	-
<b>Genotipo</b>	7	33,1311*	13,8395*	19,5145**	6,6991**	18817.7882**	18300.2778**	4.6026**	-
<b>Resíduo</b>	21	12,0754	5,1970	4,2936	1,7778	42.105.912	31.875.352	0.5074	-
<b>Média</b>		30,887	23,963	11,004	8,131	526.365	507.457	3.468	-
<b>CV%</b>		11,25	9,51	18,82	16,39	12.32	11.12	20.53	-

\*, \*\* - valores significativos pelo teste F a 1% e a 5% respectivamente

Fonte: do autor (2021).

Tabela 3 – Quadrados médios da análise de variância para as médias dos resultados do plantio dos híbridos na safra 2019 em Lavras e Ribeirão Vermelho, referentes aos caracteres peso de espiga despalhada (PED), peso de 100 grãos (P100), número de grãos por espiga (NGE) e severidade por mancha branca (SMB).

FV	GL	QM							
		P100		PED		NGE		SMB	
		LAVRAS	Ribeirão Vermelho	LAVRAS	Ribeirão Vermelho	LAVRAS	Ribeirão Vermelho	LAVRAS	Ribeirão Vermelho
<b>Repetição</b>	3	4.3693	-	1.7773	3.0716	2829.9367	-	0.2261	-
<b>Híbrido</b>	9	25.8816**	-	4.5241*	6.0644**	18962.5517**	-	2.488**	-
<b>Resíduo</b>	27	2.7568	-	1.6744	1.1992	2204.6060	-	0.2817	-
<b>Média</b>		20.037	-	8,226	6.473	479.366	-	3.892	-
<b>CV%</b>		8.28	-	15.73	16.91	9.79	-	13.63	-

\*, \*\* - valores significativos pelo teste F a 1% e a 5% respectivamente.

Fonte: do autor (2021).

Para as análises individuais, também foram realizados os testes de comparação de médias de Scott Knott (SCOTT; KNOTT, 1974), que não serão discutidas nesse trabalho, mas estão presentes no anexo (tabelas 12 a 16). Foi optado discutir apenas as análises conjuntas devido a sua maior confiabilidade em ranquear os tratamentos, pois leva em consideração a média dos dois ambientes e a interação entre tratamento e ambiente, possibilitando uma seleção mais confiável em comparação com as análises realizadas em apenas um ambiente.

#### **4.2. Análise conjunta**

Segundo DURÃES et al. (1995) as condições de cultivo de milho safrinha em comparação com o milho cultivado em safra são mais desfavoráveis para o desenvolvimento da cultura, por afetar principalmente o ciclo e a produtividade de grãos. BRUNINI (1997), ressalta que as sementeiras realizadas na safrinha, após o mês de fevereiro na região sudeste do Brasil, fazem com que o milho aumente seu ciclo, pois os dias mais curtos durante o seu desenvolvimento, farão com que a taxa de acúmulo térmico diária seja muito baixa. Como seu ciclo aumenta, o milho fica por mais tempo exposto a pragas, patógenos e intempéries ambientais, que diminuem sua produtividade final.

Logo, pode-se inferir que as condições de safrinha diminuem consideravelmente a produtividade, quando comparadas às características apresentadas pelas condições de safra, como podemos observar em (GLORIA, 2020), onde a diferença entre as médias de produtividade dos seus experimentos foi de 48% entre os dois períodos. Para esse experimento a média do peso de espigas despalhadas dos híbridos para a safra foi de  $9,567 \text{ t.ha}^{-1}$ , enquanto a safrinha apresentou média de  $7,35 \text{ t.ha}^{-1}$ , um decréscimo de 30,16%. Devido a esses fatores, foi optado nesse trabalho analisar os híbridos em suas épocas de plantio distintas, realizando as análises conjuntas apenas safra 2019 x safra 2019 e safra 2019/2020 x safra 2019/2020.

Com relação ao coeficiente de variação experimental ( $CV\%$ ), foram considerados altos o  $CV\%$  do PED, para as progênies e híbridos em situação de safra (tabela 4) respectivamente. Para os caracteres, PED e NGE foram considerados médios tanto para as safras (progênies e híbridos), quanto para a safra 2019 (tabela 5). Já para o caractere P100, para as progênies (tabela 6), foi considerado baixo e para os híbridos na safra de 2019/2020 foi considerado mediano. Para o caractere SMB, calculado a partir da análise conjunta entre as safras colhidas no município de Lavras para os híbridos, o  $CV\%$  foi considerado mediano.

Tabela 4 – Quadrados médios da análise de variância conjunta entre as safras 2019/2020 em Lavras e Lambari, relativamente aos caracteres, peso de espiga despalhada (PED), peso de 100 grãos (P100) e número de grãos por fileira (NGE).

FV	GL	QM		
		P100	PED	NGE
<b>Blocos / Amb.</b>	6	13.7189	0.9886	2180.8341
<b>Genótipos (G)</b>	7	26.1062*	14.5877**	25796.7195**
<b>Ambientes (A)</b>	1	767.0887**	132.0731**	2208.2656
<b>G x A</b>	7	20.8645*	11.6258**	2994.3404
<b>Resíduo</b>	42	8.6362	3.0357	4719.5133
<b>Média</b>		27.425	9.567	513.331
<b>CV%</b>		10.71	18.21	13.38

\* - valores significativos, pelo teste F (P<0,05).

Fonte: do autor (2021).

Tabela 5 – Quadrados médios da análise de variância conjunta entre as safras 2019 em Lavras Ribeirão Vermelho, relativamente ao caractere peso de despalhada (PED).

FV	GL	QM
		PED
<b>Blocos/Amb</b>	6	2.4244
<b>Genótipos (G)</b>	6	4.7288*
<b>Ambientes (A)</b>	1	43.0493**
<b>GxA</b>	6	5.8597**
<b>Resíduo</b>	36	1.437
<b>Média</b>		7.35
<b>CV%</b>		16.30

\* - valores significativos, pelo teste F (P<0,05).

Fonte: do autor (2021).

Tabela 6 – Quadrados médios da análise de variância conjunta das progênies na safra 2019/2020 entre Lavras e Lambari, relativamente aos caracteres peso de espiga despalhada (PED), peso de 100 grãos (P100) e número de grãos por fileira (NGE).

FV	GL	QM		
		P100	PED	NGE
<b>Blocos/Amb</b>	6	0,1880	1,6928	6932,4441
<b>Genótipos (G)</b>	9	0,4383	6,2904**	27264,5661**
<b>Ambientes (A)</b>	1	6,7370	18,1607*	69449,2048*
<b>GxA</b>	9	0,1468	3,1491**	4456,5874
<b>Resíduo</b>	54	0,1748	0,7265	4567,6184
<b>Média</b>		21,19	3,603	358,791
<b>CV%</b>		9,15	23,65	18,84

\* - valores significativos, pelo teste F (P<0,05),

Fonte: do autor (2021),

Tabela 7 – Quadrados médios da análise de variância conjunta entre as safras 2019 e 2019 2020 em Lavras, relativamente ao caractere Severidade da mancha branca (SMB).

FV	GL	QM PED
<b>Blocos/Amb</b>	6	0,3750
<b>Genótipos (G)</b>	6	6,3690**
<b>Ambientes (A)</b>	1	2,1607
<b>GxA</b>	6	1,4523**
<b>Resíduo</b>	36	0,4027
<b>Média</b>		3,696
<b>CV%</b>		17,169

\* - valores significativos, pelo teste F ( $P < 0,05$ ),

Fonte: do autor (2021),

Para o desenvolvimento de híbridos, as análises revelaram a possibilidade de seleção para todos os caracteres, visto que os componentes de variância genética foram significativos para todos os caracteres avaliados. Esses resultados revelam alta variabilidade genética entre os híbridos para praticar seleção. Todavia, foi realizada seleção apenas para os caracteres PED e SMB devido a sua maior relevância agrônômica para o desenvolvimento de híbridos de milho e também por NGE e P100 serem componentes de rendimento de grãos, ou seja, intimamente ligados a PED. Os testes comparativos de médias para NGE e P100 estão presentes no anexo (tabelas 21 a 23). Em seu trabalho, Ribeiro (2012) observou que apenas os caracteres NGE e P100 tiveram associação direta com a produtividade de grãos, com correlação fenotípica praticamente igual para ambos os caracteres de 0,74.

Para o caractere PED, a média geral apresentada pelos híbridos e pelas testemunhas, relativamente à característica peso de espigas despalhadas (PED) na safra 2019 2020, foi de 9,567 t.ha<sup>-1</sup>, com amplitude de variação de 7,777 t.ha<sup>-1</sup> (testemunha DKB177) até 11,91 t.ha<sup>-1</sup> (testemunha 2B810). Verificou-se, pelo teste Scott Knott, em conformidade com o que se observa na tabela 8 a seguir, a existência de dois grupos entre os híbridos avaliados. A testemunha 2B810 foi o mais produtivo dentre os híbridos do experimento, ficou agrupada no grupo A, juntamente com quatro híbridos do experimento, e a testemunha DKB177 ficou agrupada no grupo B. Retirando-se a testemunha 2B810, dentre os híbridos testados, os híbridos (A4 x B4), (A3 x B3) e (A5 x B5) foram os mais produtivos, com média de 10,306 t.ha<sup>-1</sup>, 10,124 t.ha<sup>-1</sup> e 9,924 t.ha<sup>-1</sup> respectivamente.

Tabela 8 – Valores médios da análise conjunta do caractere PED, para os Híbridos nas safras 2019 e 2019/2020.

Híbrido	Peso de espigas despalhadas	
	Safra 2019(t.ha <sup>-1</sup> )	Safra 2019/2020(t.ha <sup>-1</sup> )
	Médias	Médias
<b>A1 x B1</b>	5,830b	8,234b
<b>A2 x B1</b>	7,507a	8,458b
<b>A3 x B3</b>	8,065a	10,124a
<b>A4 x B4</b>	7,786a	10,306a
<b>A5 x B5</b>	7,589a	9,924a
<b>A6 x B5</b>	7,812a	9,812a
<b>2B810</b>	6,860b	11,910a
<b>DKB177</b>	-	7,772b

As médias contendo a mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott e Knott (1974).

Fonte: do autor (2021),

Na safra 2019, a média geral apresentada pelos híbridos e pela testemunha, relativamente à característica peso de espigas despalhadas (PED) (tabela 8), foi de 7,35 t.ha<sup>-1</sup>, com amplitude de variação de 5,83 t.ha<sup>-1</sup> (testemunha 2B810), até 8,065 t.ha<sup>-1</sup> (híbrido A3 x B3). Verificou-se, pelo teste Scott Knott, em conformidade com o que se observa na tabela 8, a existência de dois grupos entre os híbridos avaliados, onde os híbridos no experimento ficaram todos agrupados no grupo A exceto a testemunha 2B810 e o híbrido (A1 x B1) que ficaram agrupadas no grupo B. O híbrido mais produtivo para na safra 2019 (A3 x B3) foi 20,17% mais produtivo do que a testemunha, produzindo 8,065 t.ha<sup>-1</sup>, seguido pelos híbridos (A6 x B5) e o híbrido (A4 x B4) que produziram 7,812 e 7,786 ton/ha respectivamente. Diversos trabalhos fazem uso dessa característica como um meio de aferição do rendimento, pois ele demonstra alta correlação com a produtividade (REIS, 2009; ALVES, 2014; MATOS, 2018; GAMA et al., 2019). A mensuração desse caráter possui uma série de vantagens quando comparado a mensuração do caráter PROD, como poder ser coletado logo após a colheita das parcelas diretamente no campo, o que possibilita um maior ganho geral de tempo nas operações do experimento, e também grande diminuição das perdas de parcelas ocasionadas pelo transporte, armazenagem e processamento dos grãos.

Para as progênies semeadas na safra 2019 2020, a média geral apresentada por elas, relativo à característica peso de espigas despalhadas (PED), foi de 3,12 t.ha<sup>-1</sup>, com amplitude de variação de 2,471 t.ha<sup>-1</sup> (B3) até 5,156 t.ha<sup>-1</sup> (A2). Verificou-se, pelo teste Scott-Knott, em conformidade com o que se observa na tabela 9 a seguir, a existência de três grupos entre as progênies avaliados, onde as progênies A2 e A6 foram as mais produtivas.

Tabela 9 – Valores médios da análise conjunta do caractere PED, para as progênes em situação de safra.

<b>Linhagem</b>	<b>Média</b>
<b>A2</b>	5,156a
<b>A6</b>	4,859a
<b>A1</b>	4,129b
<b>A4</b>	3,844b
<b>A5</b>	3,327c
<b>A3</b>	3,277c
<b>B1</b>	3,222c
<b>B4</b>	3,072c
<b>B5</b>	2,675c
<b>B3</b>	2,471c

As médias contendo a mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott e Knott (1974).

Fonte: do autor (2021),

Com relação a severidade da mancha branca (SMB), realizada com os híbridos na safra 2019 e na safra 2019 2020 em Lavras, a média geral apresentada pelos híbridos e pelas testemunhas foi a nota 3,69 com amplitude de variação de 2,50 (A4 x B4) até a nota 5,00 (A1 x B1). Verificou-se, pelo teste Scott-Knott, em conformidade com o que se observa na tabela 10 a seguir, a existência de quatro grupos entre as progênes avaliadas, onde o híbrido (A4 x B4) apresentou o menor nível de severidade a mancha branca (2,5) sendo o único no grupamento D, seguido pelos híbridos (A3 x B3), (A2 x B1) e a testemunha 2B810 que obtiveram as notas 3,00, 3,37 e 3,37 respectivamente, sendo agrupadas no grupo C.

A mancha branca é uma das doenças mais economicamente importantes para a cultura do milho, sendo a maior parte das cultivares disponíveis no mercado é suscetível a essa doença (Costa et al., 2017). Em cultivares suscetíveis, a mancha-branca pode reduzir a produção de grãos em até 60% e reduzir a taxa fotossintética líquida em 40% quando as folhas apresentam de 10-20% de severidade, o que resulta queda na produção (Godoy et al., 2001). Segundo Pereira Filho e Borghi (2016), apenas 9% das cultivares recomendadas para a safra 2016-2017 são classificadas como resistentes à mancha-branca. Por esses motivos torna-se de fundamental importância, a seleção de genótipos com maiores níveis de resistência a esse patógeno.

Tabela 10 – Valores médios da análise conjunta do caractere SMB, para os Híbridos na safra 2019 e na safra 2019/2020 no município de Lavras.

<b>Híbrido</b>	<b>Média</b>
<b>A1 x B1</b>	5,000a
<b>A6 x B5</b>	4,625a
<b>A5 x B5</b>	4,000b
<b>2B810</b>	3,375c
<b>A2 x B1</b>	3,375c
<b>A3 x B3</b>	3,000c
<b>A4 x B4</b>	2,500d

As médias contendo a mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott e Knott (1974).

Fonte: do autor (2021),

O uso de populações previamente melhoradas para o método de híbridos crípticos (HC) é recomendado principalmente, pela necessidade de plantas prolíficas nesse método, pois faz-se em uma mesma planta a realização do cruzamentos direcionados e autofecundações. Também, é interessante que as populações escolhidas para dar início a um programa de melhoramento de híbridos Crípticos possuam elevada quantidade de alelos favoráveis fixados nas populações previamente, o que contribuirá para maiores ganhos (LONQUIST; WILLIANS, 1967; TOPPA, 2012). Assim, o potencial da seleção recorrente recíproca (SRR) para a extração de materiais, para uso no método de HC pode ser considerado alto, pois ao longo dos ciclos de SRR ocorre a fixação de alelos favoráveis dentro das populações (BERNARDO, 2010). Desta forma, a SRR proporciona uma capitalização da heterose com o avanço dos ciclos, e através da metodologia de HC esta capitalização poderá ser amplificada.

Foi possível identificar híbridos mais produtivos para a safra 2019 e para a safra 2019/2020, dos quais os híbridos, A4 x B4 e A3 x B3 estão entre os três mais produtivos nas duas safras avaliadas. Esses híbridos são também os que apresentaram as menores notas para severidade por mancha branca, 2,50 e 3,00 respectivamente.

Diante dessas informações, para dar continuidade ao programa de híbridos crípticos, foram selecionadas as progênies genitoras dos híbridos, A4 x B4 e A3 x B3, por terem sido os híbridos com maior chance de um dia se tornarem híbridos comerciais.

### 4.3.Heterose

A heterose foi apenas calculada e comparada com os dados referentes à safra, pois as progênies como dito anteriormente foram apenas semeadas na safra. Foram calculadas as estimativas das heteroses (h), para os caracteres PED, P100 e NGE. As estimativas de h estão em porcentagem, para possibilitar a comparação, especialmente entre os caracteres. Embora houvesse diferença entre os locais na Estimativa de h para os diferentes caracteres, os resultados foram comparados envolvendo a média dos dois locais.

Considerando a média de todos os híbridos, a heterose (h) foi maior para PED (h=165,52%), e menor para P100 (h= 29,42%). A maior estimativa de h para PED foi observada no híbrido A3xB3 (h= 252,00%), sendo ele o segundo híbrido mais produtivo da safra 2019 2020. O híbrido que apresentou a menor estimativa de h foi o A2xB1 (h= 102%), sendo ele o penúltimo híbrido menos produtivo. Solomon, Zeppa e Mulugeta (2012), obtiveram uma heterose média de 61,4%, a partir da avaliação de 45 híbridos simples, uma média bem inferior a deste trabalho. Ribeiro (2012), avaliando a heterose de 10 híbridos, oriundos de 5 linhagens, obteve heterose média para PED de 61,90%, bem inferior à observada no presente trabalho. Para o caractere P100 obteve uma heterose média de 23,20%, inferior a este trabalho (29,42%).

Para o caractere P100 o híbrido A5xB5 apresentou a maior estimativa de h (h= 42,70%), sendo ele o terceiro híbrido mais produtivo da safra 2019 2020 e o híbrido A4xA4 apresentou a menor estimativa de h para esse caractere (h=21,08%) que, por sua vez é o híbrido mais produtivo da safra. Para o caractere NGE, a maior estimativa de h foi para o híbrido A5xB5 (h= 46,7%), e a menor para esse caractere foi a do híbrido A1xB1 (h=33,77%). Ribeiro (2012), constatou em seu trabalho que a heterose para (NGE) foi o caractere que mais contribuiu com a heterose da produção de grãos por planta. Outros trabalhos com cultivares de milhos adaptados ao clima temperado também evidenciam esse fato ( ECHARTE; TOLLENAR, 2006; SEVERINI et al., 2011).

Hassan et al. (2019), obtiveram em seu trabalho, como valores mais altos de heterose para os caracteres NGE, P100, PED, os valores 37,35%, 30,93% e 69,71% respectivamente, inferiores às heteroses mais altas apresentadas nesse trabalho.

Diante desses resultados, é possível notar que os híbridos que apresentaram as maiores produtividades, para PED, também foram os híbridos que apresentaram as maiores porcentagens de heterose para esses mesmos caracteres, reforçando mais ainda a seleção dos mesmos, por seus genitores apresentarem maiores níveis de complementariedades.

Tabela 11- Médias do peso de espigas despalhadas (PED), das progênies e dos híbridos, em t.ha<sup>-1</sup> e heterose em porcentagem, dos experimentos conduzidos na safra 2019/2020 em Lavras e Lambari.

Linhagens	Lavras		Lambari		Média	
	Médias (t.ha <sup>-1</sup> )	h(%)	Médias (t.ha <sup>-1</sup> )	h(%)	Médias (t.ha <sup>-1</sup> )	h(%)
<b>A3</b>	3,855 b	-	2,699 b	-	3,277 c	-
<b>B4</b>	3,814 b	-	2,330 b	-	3,072 c	-
<b>A6</b>	6,067 a	-	3,650 a	-	4,859 a	-
<b>B1</b>	2,801 c	-	3,644 a	-	3,222 c	-
<b>A5</b>	3,948 b	-	2,705 b	-	3,327 c	-
<b>B3</b>	2,139 c	-	2,802 b	-	2,471 c	-
<b>A4</b>	4,414 b	-	3,275 b	-	3,844 c	-
<b>A2</b>	5,995 a	-	4,317 a	-	5,156 a	-
<b>A1</b>	5,416 a	-	2,841 b	-	4,129 b	-
<b>B5</b>	2,346 c	-	3,003 b	-	2,675 c	-
<b>Média geral das linhagens</b>	4,08		3,12		3,603	
<b>Híbridos</b>						
<b>A1 X B1</b>	9,603 b	133,73	6,864 b	111,68	8,234 b	124
<b>A2 X B1</b>	7,659 b	74,140	9,256 a	132,53	8,458 b	102
<b>A3 X B3</b>	12,487 a	316,64	7,761 b	182,16	10,124 a	252
<b>A4 X B4</b>	13,428 a	226,39	7,185 b	338,46	10,306 a	198
<b>A5 X B5</b>	12,094 a	284,30	7,754 b	171,68	9,924 a	231
<b>A6 X B5</b>	10,394 b	147,09	9,230 a	513,97	9,812 a	160
<b>Média geral dos híbridos</b>	11,004	169,70	8,131	160,60	9,567	165,52

Em uma mesma coluna para linhagens ou híbridos, as médias contendo a mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott e Knott (1974).

Fonte: do autor (2021),

Tabela 12- Médias do peso de 100 grãos (P100), das progênies e dos híbridos, em gramas e heterose em porcentagem, dos experimentos conduzidos na safra 2019/2020 em Lavras e Lambari.

Linhagens	Lavras		Lambari		Média	
	Médias (g)	h (%)	Médias (g)	h(%)	Médias (g)	h(%)
<b>A3</b>	29,275 a	-	17,710 b	-	23,492 a	-
<b>B4</b>	27,786 a	-	20,713 a	-	25,250 a	-
<b>A6</b>	23,817 a	-	19,263 a	-	21,540 a	-
<b>B1</b>	23,155 a	-	19,574 a	-	21,364 a	-
<b>A5</b>	17,863 a	-	17,088 b	-	17,475 b	-
<b>B3</b>	24,478 a	-	19,885 a	-	22,181 a	-
<b>A4</b>	24,809 a	-	19,885 a	-	23,347 a	-
<b>A2</b>	23,817 a	-	18,021 b	-	20,918 a	-
<b>A1</b>	20,344 a	-	15,224 b	-	17,784 b	-
<b>B5</b>	24,313 a	-	16,778 b	-	20,545 b	-
<b>Média geral das linhagens</b>	23,966		18,415		21,19	
<b>Híbridos</b>						
<b>A1 X B1</b>	29,771 b	36,88	21,750b	25,00	25,760 b	31,60
<b>A2 X B1</b>	30,763 b	30,98	27,032 a	43,80	28,897 a	36,68
<b>A3 X B3</b>	33,740 a	25,48	25,478 a	35,55	29,600 a	29,66
<b>A4 X B4</b>	35,229 a	33,96	23,614 b	16,33	29,421 a	21,08
<b>A5 X B5</b>	28,778 b	36,46	25,478 a	50,46	27,128 b	42,70
<b>A6 X B5</b>	28,282 b	17,52	23,614 b	31,03	25,948 b	23,31
<b>Média geral dos Híbridos</b>	30,887	28,87	23,963	30,12	27,425	29,42

Em uma mesma coluna para linhagens ou híbridos, as médias contendo a mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott e Knott (1974)

Fonte: do autor (2021),

Tabela 13- Médias do número de grãos por espiga (NGE), das progênes e dos híbridos, em gramas e heterose em porcentagem, dos experimentos conduzidos na safra 2019/2020 em Lavras e Lambari.

Linhagens	Lavras		Lambari		Média	
	Médias	h(%)	Médias	h(%)	Médias	h(%)
<b>A3</b>	411,000 a	-	443,277 a	-	427,138 a	-
<b>B4</b>	292,000 b	-	392,327 a	-	342,163 b	-
<b>A6</b>	415,388 a	-	398,222 a	-	406,805 a	-
<b>B1</b>	242,055 b	-	387,388 a	-	314,722 b	-
<b>A5</b>	424,555 a	-	456,555 a	-	440,555 a	-
<b>B3</b>	256,500 b	-	293,333 b	-	274,916 b	-
<b>A4</b>	301,278 b	-	342,666 b	-	321,972 b	-
<b>A2</b>	366,000 a	-	400,722 a	-	383,361 a	-
<b>A1</b>	338,277 a	-	437,444 a	-	387,861 a	-
<b>B5</b>	246,222 b	-	330,611 b	-	288,416 b	-
<b>Média geral das linhagens</b>	329,327		388,254		358,791	
<b>Híbridos</b>						
<b>A1 X B1</b>	473,250 a	63,09	466,625 a	13,14	469,937 a	33,77
<b>A2 X B1</b>	487,468 a	60,30	485,625 a	23,23	486,546 a	39,39
<b>A3 X B3</b>	493,437 a	47,81	481,281 a	30,67	487,359 a	38,83
<b>A4 X B4</b>	491,718 a	65,73	429,687 a	19,92	460,703 a	38,73
<b>A5 X B5</b>	572,703 a	70,75	496,718 a	26,20	534,710 a	46,70
<b>A6 X B5</b>	496,343 a	50,04	515;031 a	41,33	505,687 a	45,47
<b>Média geral dos Híbridos</b>	526,365	59,83	507,457	30,7	513,331	43,07

Em uma mesma coluna para linhagens ou híbridos, as médias contendo a mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott e Knott (1974).

Fonte: do autor (2021).

## CONCLUSÃO

Foram identificados híbridos com bom desempenho para os caracteres peso de espigas despalhadas e severidade da mancha branca na primeira e na segunda safra, que comparativamente com as médias apresentadas pelas testemunhas neste experimento, apresentam potencial para serem explorados comercialmente,

Os pares de progênies A3 e B3, e A4 x B4 foram selecionados para dar continuidade ao programa de Híbridos Crípticos da UFLA,

## REFERÊNCIAS

- ALVES, N. B. **Avaliação de progênies do quinto ciclo de seleção recorrente recíproca em milho**. Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2014.
- ALVES, N. B et al. Avaliação de híbridos crípticos de milho, **XXIX Congresso nacional de milho e sorgo**. Águas de Lindóia, 2012.
- ALVES, G. F. **Relações entre seleção de testadores de milho e suas divergências genéticas**, Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz da Universidade de São Paulo, 2006.
- AMARAL, A, L, DO. **Etiologia e genética da resistência à Mancha Branca do milho**, Porto Alegre: Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2005.
- AMORIM, E.P.; SOUZA, J. C. Híbridos de milho inter e intrapopulacionais obtidos a partir de populações S0 de híbridos simples comerciais, **Bragantia**, Campinas, v. 64, n.3, p. 561-567, 2005.
- ARAÚJO, P, M, **Dialelo parcial circulante interpopulacional e cruzamento “Top-cross” na avaliação de linhagens parcialmente endogâmicas de milho (*Zea mays* L.)**, 2000, Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, SP.
- ASSUNÇÃO, A, et al, Heterosis performance in industrial and yield components of sweet corn, **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v. 10, n. 4, p. 183–190, 2010.
- BASSOI, M, C, **Avaliação de progênies de meios irmãos de milho em função do tipo de endosperma**, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1987.
- BERGHETTI, J, **Intensidade da Mancha Branca, podridões de colmo e qualidade de grãos em híbridos de milho sob épocas de semeadura e doses de nitrogênio**, Lages: Universidade do Estado de Santa Catarina, 2018.
- BERNARDO, R, **Breeding for quantitative traits in plants**, 2<sup>nd</sup>. Ed, Woodburg: Stemma, 2010.
- BETRÁN, F,J.; MENZ, M.; BÄNZIGER, M, Corn Breeding, In: SMITH, C,W, (Ed.), **Corn: origin, history, technology and production**, **New Jersey: John Wiley & Sons, Inc.**, 2004, P, 305-399.
- BIRCHLER, J,A.; YAO, H.; CHUDALAYANDI, S, Unraveling the genetic basis of hybrid vigor, **Proc, Natl, Acad, Sci.**, Washington, U,S,A., v,103, p,12957-12958, 2006.
- BORÉM, A, M, G, V, **Melhoramento de plantas**, 4, ed, Viçosa: Ed, UFV, 2009.
- BRUNINI, O, Probabilidade de cultivo do milho safrinha no Estado de São Paulo, In: **Seminário sobre a cultura do milho safrinha**, 4., 1997, Assis, Resumos,, Campinas: IAC/ Centro de Desenvolvimento Agropecuário do Médio Vale do Paranapanema, 1997, p, 37-53.
- BUZINARO, R, **Capacidade combinatória de linhagens e seleção de híbridos eficientes no uso de *Azospirillum brasilense* e nitrogênio em milho**, Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2017.
- CÂMARA, T, M, M, Rendimentos de grãos verdes e secos de cultivares de milho, **Revista Ceres**, P, 87-92, 2007.
- CARLONE JR, M,R; RUSSEL, W,A., Evaluation of S2 maize lines reproduced for several

generations by random mating within lines, II, Comparisons for testcross performance of original and advanced S2 and S8 lines, **Crop Science**, v,29, n, 4, p,899-904, 1989.

CARVALHO, A, D, F.; SOUZA, J, C.; RIBEIRO, P, H, Desempenho de híbridos de linhagens parcialmente endogâmicas de milho em regiões dos Estados de Roraima e Minas Gerais, **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v,27, n,8, p,985-990, 2003.

COLOMBO, G, A, et al, Análise dialélica para resistência a ferrugem polissora em milho em diferentes níveis de adubação fosfatada, **Bragantia**, Camp v, 73, n, 1, p, 65–71, 2014.

COMSTOCK, R, E.; ROBINSON, H, F.; HARVEY, P, H, A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability, **Agronomy Journal**, Madison, v, 41, n, 8, p, 360-367, Aug, 1949.

CONAB, **Acompanhamento da safra Brasileira de grãos 2019/2020**, 2020, Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safra/safra-graos/boletim-da-safra-de-graos>>, Acesso em: 24 mai, 2020.

COSTA, R, V.; SILVA, D, D.; COTA, L, V, Evolução dos sintomas da mancha-branca no campo, Sete Lagoas: **Embrapa Milho e Sorgo**, 2017a, 5 p, (Embrapa Milho e Sorgo, Circular Técnica, 229).

CROW, J,F, Alternative hypothesis of hybrid vigor, **Genetics** 33: 477-487, 1948.

CROW, J, F.; DOVE, W, F, The Beginning of Hybrid Maize, **Genetics**, v, 148, n, 3, p, 923–928, 1998.

DARWIN, C, The effects of Cross-and Self-Fertilization in the vegetable kingdom, D, **Appleton and company**, New York, 1877, 482 p.

DA COSTA, R, B; RESENDE, M, D; DE ARAÚJO, A, J, Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético da seringueira, **Pesquisa agropecuária brasileira**, v, 35, n, 2, p, 381-388, 2000.

DURÃES, F,O,M.; MAGALHÃES, P,C.; COSTA, J,D.; FANCELLI, A,L, Fatores ecofisiológicos que afetam o comportamento do milho em semeadura tardia (“safrinha”) no Brasil central, **Scientia Agricola**, Piracicaba, v,52,, p,491-591, 1995.

EAST, E, M, THE DISTINCTION BETWEEN DEVELOPMENT, **American Naturalist**, v, 43, p, 173–181, 1909.

ECHARTE, L.; TOLLENAR, M, Kernel set in maize hybrids and their inbred lines exposed to stress, **Crop Science**, v, 46, p,870-878, Mar/Apr, 2006.

FALCONER, D, S.; MACKAY, R, F, C, **Introduction to quantitative genetics**, London: Longman Malaysia, 1996.

FERNANDO, J.; PINTO, N, **Adaptabilidade e estabilidade em populações de milho**, Jataí: Universidade Federal de Goiás, 2017.

FERREIRA, E, A, et al, 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.

FLINT-GARCIA, S, A, et al, Heterosis Is Prevalent for Multiple Traits in Diverse Maize Germplasm, **PLOS ONE**, v, 4, n, 10, p, 11, 2009.

FRITSCHÉ-NETO, R, et al, Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments, **Acta Scientiarum - Agronomy**, v, 34, n, 1, p, 99–101, 2012.

GABRIEL, A, P, B,.; **Seleção recorrente recíproca de famílias de irmãos completos em milho comum (*Zea mays* L.) monitorada por marcadores moleculares: Avanço de gerações e avaliação de progresso genético**, Tese (doutorado) - Universidade Estadual do Norte Fluminense, 2009.

GAMA, E, et al, Potencial da interpopulação de milho CMS 53 e CMS 61 para melhoramento, In: Anais do **Congresso Nacional de Milho e Sorgo**, Recife, 1998.

GLORIA, H, B, **Progresso genético para produtividade de grãos em um programa de seleção recorrente recíproca em milho**, Dissertação (mestrado)- Universidade Federal de Lavras, 2020.

GODOY, C, V,.; AMORIM, L,.; BERGAMIN FILHO, A, Alterações na fotossíntese e na transpiração de folhas de milho infectadas por *Phaeosphaeria maydis*, **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, DF, v, 26, n, 2, p, 209-215, 2001.

GOOD, R, L,.; HALLAUER, A, R, Inbreeding depression in maize by selfing and full sibbing, **Crop Science**, Madison, v,17, n,6, p,935-940, 1977.

GOODNIGHT, C, G,., Epistasis and the effect of founders events on the additive genetic variance, **Evolution**, Lawrence, 42, n, 2, p, 441-454, Mar./Abr, 1998.

HALLAUER, A, R, Development of single-cross hybrids from two eared populations, **Crop Science**, Madison, v,7, p,192-195, 1967.

HALLAUER, A, R, **Temperate maize and heterosis**, p, 353–361, In: J, Coors and S, Pandey (ed,) Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops, CIMMYT, México City,17–22, ASA, Madison, WI, 1999.

HALLAUER, A, R,.; CARENA, M, J,.; MIRANDA FILHO, J, D, **Quantitative genetics in maize breeding**, 3, ed, New York: Springer-Verlag, 2010

HALLAUER, A, R,.; MIRANDA FILHO, J, B, **Quantitative genetics in maize breeding**, 1, ed, Ames: Iowa State University Press, 1988, 468 p.

HALLAUER, A, R, **Methods used in developing maize inbreds**, Bergamo: Maydica, 1990.

JENKINS, M, T, The effect of inbreeding and of selection within inbred lines of maize upon the hybrids made after successive generations of selfing, **Science**, v, 3, p, 329–450, 1935.

HOCHHOLDINGER, F,.; HOECKER, N, Towards the molecular basis of heterosis, **Trends Ecol, Evol**, v,12, n,9, p, 427-432, 2007.

JONES, D, F, **The effects of inbreeding and crossbreeding upon development**, New Haven: Bulletin of the Connecticut Agricultural Experimental Station, , 1918, (Nota técnica).

LONNQUIST, J, H,.; WILLIAMS, N, E, Development of maize hybrids through among full sib families, **Crop Science**, Madison, n, 7, p, 369-370, 1967.

LOPES, M, T, G,.; VIANA, J, M, S,.; LOPES, R, Adaptabilidade e estabilidade de híbridos de famílias endogâmicas de milho obtidos pelo método dos Híbridos Crípticos, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v, 36, n, 3, p, 483-491, 2001.

- LOPES, M, T, G., VIANA, J,M,S,, LOPES, R, Capacidade produtiva de híbridos de famílias endogâmicas de milho (*Zea mays* L.) obtidos pelo método dos híbridos crípticos, **Revista Ceres**, v,52, n,303, p,613-632, 2005, UFV.
- MARTIN, J, M,.; HALLAUER, A, R, Relation between heterozygosis and yield for four types of maize inbred lines, **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v, 5, p, 119–135, 1976.
- MATOS, D, J, C, **Produtividade e caractereres agrônômicos de milho submetido a diferentes espaçamentos e densidades populacionais**, Goianésia, 2018.
- 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, v,1, p,275-340, 1987.
- NASCIMENTO, M, M, A, **Parâmetros genéticos, fenotípicos e coeficiente de caminhamento em duas populações de milho**, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 1996.
- PATERNIANI, E,.; CAMPOS, M, S, Melhoramento do milho, In: BORÉM, A, (Ed.), **Melhoramento de Espécies Cultivadas**, 2 ed, Viçosa: UFV, 2005, p, 491-552.
- PEREIRA FILHO, I, A,.; BORGHI, E, Mercado de sementes de milho no Brasil safra 2016-2017, Sete Lagoas, **Embrapa Milho e Sorgo**, 2016, 33 p, (Embrapa Milho e Sorgo, Documentos, 202).
- PIMENTEL GOMES, F, **Curso de Estatística Experimental**, São Paulo: Nobel, 1985.
- POWERS, L, An expansion of Jone's theory for the explanation of heterosis, **Am, Nat.**, v, 78, p, 275-280, 1945.
- RAPOSO, F, V, **Seleção recorrente recíproca em populações derivadas de híbridos simples de milho**, 2002, 106f, Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras – UFLA, Lavras.
- REIS, M, C,.; SOUZA, J, C,.; RAMALHO, M, A, P,.; GUEDES, F, L,.; SANTOS, P, H, A, D, Progresso genético com a seleção recorrente recíproca para híbridos interpopulacionais de milho, **Pesq, agropec, bras.**, Brasília, v,44, n,12, p,1667-1672, dez, 2009.
- RESENDE, M,; DUARTE, J, B, Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares, **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v, 37, p, 182-194, 2007.
- RIBEIRO, C, B, **Caracteres que explicam a heterose na produtividade de grãos de milho**, Dissertação (mestrado)- Universidade Federal de Lavras, 2012.
- RUY, M, C, **Híbridos crípticos oriundo de populações submetidas à seleção recorrente recíproca**, Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2018.
- SÁ JÚNIOR, A, **Aplicação da classificação de Köppen para o zoneamento climático do estado de Minas Gerais**, Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2009.
- SAWAZAKI, E,.; PATERNIANI, M,E,A,G,Z, **Evolução dos cultivares de milho no Brasil**, In: GALVÃO, J,C,C,.; MIRANDA, G,V, **Tecnologias de produção do milho**, 20,ed, Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, v,1, p,13-53, 2004.
- SCAPIM, C, A, et al, Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho, **Pesq, agropec, Bras**, Brasília, v, 10, n, 5, p, 683-686, maio 1995.

- SEVERINI, A, D, et, al, Kernel number and jernel weight determination in dent and popcorn maize, **Fied Crops Research**, Amsterdam, v, 120, n, 3, p, 360-369, Feb, 2011.
- SILVA, R,M, da e MIRANDA FILHO, J,B, de, Heterose em cruzamentos entre populações de milho: peso de espigas, **Scientia Agricola**, Piracicaba, v,60, n,3, p,519-524, 2003.
- SHULL, G, H, The composition of a field of maize, **American Breeders Association Report**, v, 4, p, 296–301, 1908.
- SHULL, G, H, **A pure line method of corn breeding**, Washington: Americam Breeders Association Report, 1909.
- SOLOMON, K, F,; ZEPPA, A,; MULUGETA, S, D, Combining ability, genetic diversity and heterosis in relation to F 1 performance of tropically adapted shrunken (sh2) sweet corn lines, **Plant Breeding**, v, 131, n, 3, p, 430–436, 2012.
- SOUZA JÚNIOR, C,L, Melhoria de espécies alógamas, In: NASS et al, (Ed.), **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**, Rondonópolis: Fundação MT, 2001, p,159-200.
- SOUZA SOBRINHO, F, **Divergência genética de híbridos simples e alternativas para a obtenção de híbridos duplos de milho**, Lavras, 2001.
- STANGLAND, G, R,; RUSSEL, W, A, Variability whithin single cross S2 and S8 inbred lines of maize, **Maydica**, Bergamo, v, 26, n, 4, p, 277-238, 1981.
- STUBER, C,W, Heterosis in Plant Breeding, **Plant Breeding Reviews**, New York, v, 12, p, 227-251, 1994.
- TOPPA, E, V, B,, SILVA, C, J,, ZOZ, T,, SILVA, T, M, N, Análise comparativa dos métodos de obtenção de linhagens “standard” e híbridos crípticos, **Revista Verde**, Mossoró, RN, v,7, p, 29 – 32, 2012.
- TOPPA, E,V,B, **Híbridos de mamoneira (*ricinus communis* l.) obtidos por meio da hibridação convencional e do método dos híbridos crípticos**, p 49, Tese (Doutorado) - Universidade Estadual Paulista, 2014.
- TROYER, A, F, Background of U, S, hybrid corn, **Crop Science**, v, 39, n, 3, p, 601–626, 1999.
- VIÉGAS, G,P,; MIRANDA FILHO, J,B, **Melhoramento e Produção do Milho no Brasil**, Campinas: Fundação Cargil, p,257 – 298, 1978.

## Anexo

Tabela 14 – Valores médios dos caracteres NGE, PED, P100 e SMB, para os Híbridos na safra 2019 no município de Lavras.

Híbridos	Médias			
	NGE	PED (t.ha-1)	SMB	P100 (g)
<b>A1 x B1</b>	438,031c	6,439b	4,75a	17,105b
<b>A2 x B1</b>	485,343c	8,735a	4,25a	22,236a
<b>A3 x B3</b>	524,281b	9,432a	3,25b	21,21a
<b>A4 x B4</b>	445,468c	8,727a	3,00b	23,947a
<b>A5 x B5</b>	450,250c	7,885b	4,25a	18,131b
<b>A 6xB5</b>	403,000c	7,315b	4,75a	19,842b
<b>2B810</b>	609,187a	9,052a	3,00b	17,789b

As médias contendo a mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott e Knott (1974).

Fonte: do autor (2021).

Tabela 15 – Valores médios do caractere PED, para os Híbridos na safra 2019 no município de Ribeirão Vermelho.

Híbrido	Média
<b>A6 x B5</b>	8,309a
<b>A5 x B5</b>	7,293a
<b>A4 x B4</b>	6,845a
<b>A3 x B3</b>	6,697a
<b>A2 x B1</b>	6,279a
<b>A1 x B1</b>	5,221b
<b>2B810</b>	4,667b

As médias contendo a mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott e Knott (1974).

Fonte: do autor (2021).

Tabela 16 – Valores médios dos caracteres PED, P100 e SMB, para os Híbridos na safra 2019/2020 safra no município de Lavras.

Híbridos	Médias		
	PED (t.ha-1)	SMB	P100 (g)
<b>A1 x B1</b>	9,603b	5,25a	29,771b
<b>A2 x B1</b>	7,659b	2,50c	30,763b
<b>A3 x B3</b>	12,487a	2,75c	33,740a
<b>A4 x B4</b>	13,428a	2,00c	35,229a
<b>A5 x B5</b>	12,094a	3,75b	28,778b
<b>A 6xB5</b>	10,394b	4,50a	28,282b
<b>2B810</b>	13,561a	3,75b	27,290b
<b>DKB177</b>	8,807b	3,25c	33,244a

As médias contendo a mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott e Knott (1974).

Fonte: do autor (2021).

Tabela 17 – Valores médios dos caracteres NGE, PED e P100, para os Híbridos na safra 2019/2020 no município de Lambari.

Híbridos	Médias		
	PED (t.ha-1)	NGE	P100 (g)
<b>A1 xB1</b>	6,864b	466,625b	21,749b
<b>A2 x B1</b>	9,256a	485,625b	21,750a
<b>A3 x B3</b>	7,761b	481,281b	25,478a
<b>A4 xB4</b>	7,185b	429,687b	23,614b
<b>A5 xB5</b>	7,754b	496,718b	25,478a
<b>A 6xB5</b>	9,230a	515,031b	23,614b
<b>2B810</b>	10,259a	657,781a	22,370b
<b>DKB177</b>	6,738b	526,906b	22,370b

As médias contendo a mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott e Knott (1974).

Fonte: do autor (2021).

Tabela 18 – Valores médios dos caracteres NGE, PED e SMB para as Progênieis na safra 2019 no município de Lavras.

Linhagem	Médias		
	NGE	PED (t.ha <sup>-1</sup> )	SMB
<b>A1</b>	338,277a	5,416a	5,50a
<b>A2</b>	366,000a	5,995a	1,25b
<b>A3</b>	411,000a	3,855b	3,75b
<b>A4</b>	301,278b	4,414b	2,75b
<b>A5</b>	424,555a	3,948b	2,50b
<b>A6</b>	415,388b	6,067a	3,25b
<b>B1</b>	242,055b	2,801c	3,75b
<b>B3</b>	256,500b	2,139c	2,75b
<b>B4</b>	292,000b	3,814b	2,25b
<b>B5</b>	246,222b	2,346c	5,50a

As médias contendo a mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott e Knott (1974).

Fonte: do autor (2021).

Tabela 19 – Valores médios dos caracteres P100, NGE e PED, para as Progenies na safra 2019 no município de Lambari.

Híbridos	Médias		
	PED (t.ha <sup>-1</sup> )	NGE	P100 (g)
<b>A1</b>	2,841b	437,444a	15,224b
<b>A2</b>	4,317a	400,722a	18,021b
<b>A3</b>	2,699b	443,277a	17,710b
<b>A4</b>	3,275b	342,666b	19,885a
<b>A5</b>	2,705b	456,555a	17,088b
<b>A6</b>	3,650a	398,222a	19,263a
<b>B1</b>	3,644a	387,388a	19,574a
<b>B3</b>	2,802b	293,333b	19,885a
<b>B4</b>	2,330b	392,327a	20,713a
<b>B5</b>	3,003b	330,611b	16,778b

As médias contendo a mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott e Knott (1974).

Fonte: do autor (2021).

Tabela 20 – Valores médios da análise conjunta dos caracteres NGE, PED e P100, para os Híbridos na safra 2019 nos municípios de Lavras e Lambari.

Híbridos	Médias		
	PED (t.ha <sup>-1</sup> )	NGE	P100 (g)
<b>A1 x B1</b>	8,234b	534,710b	25,760b
<b>A2 x B1</b>	8,458b	522,140b	28,897a
<b>A3 x B3</b>	10,124a	505,687b	29,609a
<b>A4 x B4</b>	10,306a	487,359b	29,421a
<b>A5 x B5</b>	9,924a	486,546b	27,128b
<b>A 6xB5</b>	9,812a	469,937b	25,948b
<b>2B810</b>	11,91a	639,562a	24,830b
<b>DKB177</b>	7,772b	460,703b	27,807a

As médias contendo a mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott e Knott (1974).

Fonte: do autor (2021).

Tabela 21– Valores médios da análise conjunta do caractere PED, para os Híbridos na safra 2019 nos municípios de Lavras e Ribeirão Vermelho.

Híbrido	Média
<b>A3 x B3</b>	8,065a
<b>A6 x B5</b>	7,812a
<b>A4 x B4</b>	7,786a
<b>A5 x B5</b>	7,589a
<b>A2 x B1</b>	7,507a
<b>2B810</b>	6,860b
<b>A1 x B1</b>	5,830b

As médias contendo a mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott e Knott (1974).

Fonte: do autor (2021).

Tabela 22 – Valores médios da análise conjunta dos caracteres NGE, PED e P100, para as progênies na safra 2019 nos municípios de Lavras e Lambari.

Híbridos	Médias		
	PED (t.ha-1)	NGE	P100 (g)
<b>A1</b>	4,129b	387,861a	17,784b
<b>A2</b>	5,156a	383,361a	20,918a
<b>A3</b>	3,277c	427,138a	23,492a
<b>A4</b>	3,844b	321,972b	22,347a
<b>A5</b>	3,327c	440,555a	17,475b
<b>A6</b>	4,859a	406,805a	21,540a
<b>B1</b>	3,222c	314,722b	21,364a
<b>B3</b>	2,471c	274,916b	22,181a
<b>B4</b>	3,072c	342,163b	25,25a
<b>B5</b>	2,675c	288,416b	20,545a

As médias contendo a mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott e Knott (1974).

Fonte: do autor (2021).

Tabela 23 – Valores médios da análise conjunta do caractere SMB, para os Híbridos nas safra 2019 e 2019/2020 nos municípios de Lavras e Ribeirão Vermelho.

Híbrido	Média
<b>A1 x B1</b>	5,000a
<b>A6 x B5</b>	4,625a
<b>A5 x B5</b>	4,000b
<b>2B810</b>	3,375c
<b>A2 x B1</b>	3,375c
<b>A3 x B3</b>	3,000c
<b>A4 x B4</b>	2,500d

As médias contendo a mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott e Knott (1974).

Fonte: do autor (2021).