



MARIANE CRISTINA BIANCHI

**ALTERNATIVAS PARA OBTENÇÃO DE HÍBRIDOS
INTERVARIETAIS DE MILHO**

**LAVRAS - MG
2022**

MARIANE CRISTINA BIANCHI

**ALTERNATIVAS PARA OBTENÇÃO DE HÍBRIDOS INTERVARIETAIS DE
MILHO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Doutor.

Prof. Dr. Adriano Teodoro Bruzi
Orientador

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho
Coorientador

**LAVRAS – MG
2022**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Bianchi, Mariane Cristina.

Alternativas para obtenção de híbridos intervarietais de milho /
Mariane Cristina Bianchi. - 2022.

49 p. : il.

Orientador(a): Adriano Teodoro Bruzi.

Coorientador(a): Magno Antônio Patto Ramalho.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2022.

Bibliografia.

1. *Zea mays*. 2. Segunda safra. 3. Híbridos intervarietais. I.
Bruzi, Adriano Teodoro. II. Ramalho, Magno Antônio Patto. III.
Título.

MARIANE CRISTINA BIANCHI

**ALTERNATIVAS PARA OBTENÇÃO DE HÍBRIDOS INTERVARIETAIS DE
MILHO**

ALTERNATIVES FOR OBTAINING INTERVARIETAL HYBRIDS OF CORN

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 11 de julho de 2022.

Dr. Adriano Teodoro Bruzi	UFLA
Dr. José Maria Vilela Pádua	UFLA
Dr. Gustavo Andrade Cardoso	BAYER
Dr. Deoclécio Domingos Garbuglio	IAPAR
Dr. João Candido de Souza	UFLA

Prof. Dr. Adriano Teodoro Bruzi
Orientador

Prof. Dr. Magno Antonio Patto Ramalho
Coorientador

**LAVRAS – MG
2022**

*Aos meus pais, Angela e Adilson (in memoriam), ao meu marido Igor e à minha irmã
Marcela, pelo amor, carinho, compreensão, confiança, e pela oportunidade que me foi dada.*

Com todo o amor, respeito, admiração e gratidão.

Dedico

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço a Deus, pois nem a folha de uma árvore cai se Ele não permitir.

À Universidade Federal de Lavras e ao Departamento de Agricultura, pela oportunidade concedida para a realização do doutorado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos. Código de Financiamento 001.

Aos meus pais, Angela e Adilson (*in memoriam*), e à minha irmã Marcela, pelo apoio incondicional e valores transmitidos.

Ao meu marido Igor, pelo amor, dedicação e companheirismo em todos os momentos.

Ao Professor Doutor Adriano Teodoro Bruzi, pela orientação, amizade, total disponibilidade, e ensinamentos que me acompanharão por toda a vida.

Ao Professor Doutor Magno Antonio Patto Ramalho, pelos conselhos valorosos e toda a ajuda.

A todos os amigos e amigas do grupo Pesquisa Soja, pela maravilhosa convivência e por toda a ajuda na condução desse experimento.

Sem vocês esse sonho não seria possível!

Muito obrigada!

RESUMO

A semeadura na segunda safra se estende de janeiro até o final de março, contudo, ela deve ser realizada mais antecipadamente possível, haja vista que as condições climáticas, especialmente a precipitação pluviométrica, reduz acentuadamente a partir de março, aumentando assim, o risco do cultivo do milho em sucessão à soja. Neste sentido, os produtores têm optado por alocar menor investimento nesta modalidade de cultivo de sequeiro, minimizando os riscos econômicos com o uso de sementes de menor custo. Dentre as opções de sementes de menor custo está o emprego de híbridos intervarietais (HI). Ante o exposto, objetivou-se avaliar alternativas de obtenção dos genitores, visando a produção de híbridos intervarietais, a partir de informações do programa de seleção recorrente recíproca envolvendo as populações A e B ou C e D. Para a realização do trabalho foram utilizadas quatro populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg. Em 2018 foram obtidos os quatro campos A, B, C e D. Por ocasião do florescimento, foram identificadas as plantas prolíficas, e de cada planta, obteve-se progênies S_1 e FS. Na segunda safra de 2019 foram avaliadas as progênies FS em dois locais: Lavras e Nazareno-MG. Após a análise conjunta dos dados da produtividade de grãos das progênies de FS, de ambas as populações, AxB e CxD, foram identificadas as 20 melhores. O intercruzamento foi realizado simultaneamente, obtendo as populações intrapopulacional e interpopulacional. Na obtenção dos genitores (intrapopulacional) considerou-se as diferentes proporções de progênies endogâmicas (1, 2, 5, 10, 15 e 20). Simultaneamente, procedeu-se o intercruzamento dos pares de plantas das diferentes populações (A, B, C e D) para a obtenção dos HI's. Na safra 2020/21 foram implantados os experimentos de avaliação dos híbridos. Os seis híbridos intervarietais (HI) obtidos de cada população, foram avaliados em experimentos contíguos AB e CD, adotando testemunhas comuns. Avaliou-se, dez tratamentos em delineamento de blocos casualizados completos com três repetições em quatro ambientes: Lavras, Nazareno, Ijaci e Lambari-MG. Os dados de cada local das populações AB e CD, foram submetidos à análise combinada. Foram conduzidos outros experimentos na mesma safra, com 18 tratamentos, visando obter a estimativa da heterose: seis HI's e os 12 parentais obtidos de acordo com o número de progenies endogâmicas envolvidas na obtenção dos genitores. Constatou-se que as estimativas da variância genética entre as progênies de *Full Sib* (FS) foram significativas, indicando a existência de variabilidade entre as progênies e a possibilidade de sucesso com a seleção. Embora, não se tenha observado diferença significativa entre os HI's, observou-se tendência de o HI com um menor número de genitores apresentar uma melhor *performance*, inclusive alguns deles com produtividade equivalente à HS comercial amplamente cultivado na região. As estimativas da heterose, manifestada em cada HI foi maior quando utilizado o menor número de progênies para constituir a população genitora do híbrido. A associação dos programas de SRR e obtenção de HI's é promissora, pois, simultaneamente, pode-se obter novos HI's superiores aos pré-existentes e dar continuidade à SRR, visando a melhoria da heterose entre as populações.

Palavras-chave: *Zea mays*. Segunda safra. Melhoramento genético. Híbridos intervarietais.

ABSTRACT

Sowing in the second crop extends from January to the end of March, however, it should be carried out as early as possible, given that weather conditions, especially rainfall, sharply reduce from March onwards, thus increasing the risk of cultivation. of corn in succession to soybean. In this sense, producers have chosen to allocate less investment in this modality of rainfed cultivation, minimizing the economic risks with the use of lower cost seeds. Among the lowest cost seed options is the use of intervarietal hybrids (HI). In view of the above, the objective was to evaluate alternatives for obtaining the parents aiming at the production of intervarietal hybrids, based on information from the reciprocal recurrent selection program involving populations A and B or C and D. Four populations were used to carry out the work in Hardy-Weinberg equilibrium. In 2018, the four fields A, B, C and D were obtained. At the time of flowering, prolific plants were identified and from each plant S1 and FS progenies were obtained. In the second crop of 2019, the FS progenies were evaluated in two locations: Lavras and Nazareno -MG. After joint analysis of grain yield data from FS progenies, from both populations, AxB and CxD, the 20 best were identified. The intercrossing was performed simultaneously, obtaining the intrapopulation and interpopulation populations. In obtaining the parents (intrapopulation) the different proportions of inbred progenies (1, 2, 5, 10, 15 and 20) were considered. Simultaneously, the pairs of plants from the different populations (A, B, C and D) were intercrossed to obtain the HI's. In the 2020/21 harvest, the hybrid evaluation experiments were implemented. The six intervarietal hybrids (HI) obtained from each population were evaluated in contiguous AB and CD experiments, using common controls. Ten treatments were evaluated in a complete randomized block design with three replications in four environments: Lavras, Nazareno, Ijaci and Lambari-MG. Data from each location of the AB and CD populations were subjected to combined analysis. Other experiments were carried out in the same season, with 18 treatments, in order to obtain an estimate of heterosis: six HI's and the 12 parents obtained according to the number of inbred progenies involved in obtaining the parents. It was found that the estimates of genetic variance among the Full Sib (FS) progenies were significant, indicating the existence of variability among the progenies and the possibility of success with selection; Although no significant difference was observed between the HI's, there was a tendency for the HI with a smaller number of parents to present a better performance, including some of them with productivity equivalent to commercial HS widely cultivated in the region; The heterosis estimates, manifested in each HI, were higher when a smaller number of progenies was used to constitute the parent population of the hybrid; The association of SRR programs and obtaining HI's is promising because simultaneously it is possible to obtain new HI's superior to the pre-existing ones and to continue the SRR aiming at improving the heterosis between populations.

Keywords: *Zea mays*. Second crop. Plant breeding. Intervarietal hybr

SUMÁRIO

	CAPÍTULO 1 INTRODUÇÃO GERAL	9
1	INTRODUÇÃO.....	9
2	REFERENCIAL TEÓRICO	10
2.1	Aspectos morfológicos da planta de milho	10
2.2	O Fenômeno da heterose	10
2.3	Tipos de híbrido de milho	11
2.4	Obtenção de linhagens (colocar métodos tradicionais e destacar os DH)	13
2.5	Seleção recorrente recíproca na cultura do milho.....	14
	REFERÊNCIAS.....	18
	CAPÍTULO 2 POTENCIAL DE HÍBRIDOS INTERVARIETAIS	
	PROVENIENTES DE SRR NA CULTURA DO MILHO	23
1	INTRODUÇÃO.....	25
2	MATERIAL E MÉTODOS	27
3	RESULTADOS	33
4	DISCUSSÃO	39
5	CONCLUSÃO.....	45
	REFERÊNCIAS.....	46

CAPÍTULO 1 INTRODUÇÃO GERAL

1 INTRODUÇÃO

No Brasil, na segunda safra de 2020/21, por exemplo, foram colhidas 60 milhões de toneladas de grãos de milho, o que representa 70% da produção total deste cereal na última safra, que foi de 85 milhões de toneladas (CONAB, 2021). A região do Sul de Minas, que tradicionalmente tem a cafeicultura, pecuária leiteira e a cultura do milho como suas principais atividades, direciona atualmente o interesse para a cultura da soja, que tem o milho como perfeito aliado na rotação de culturas. Nesse contexto, uma estratégia relevante se perfaz na identificação de híbridos de milho com bom desempenho na segunda safra (safrinha).

No sul de Minas e Alto Paranaíba, a semeadura na segunda safra se estende de janeiro até o final de março, contudo, ela deve ser realizada o mais precocemente possível, haja vista que as condições climáticas, especialmente a precipitação pluviométrica, reduz acentuadamente a partir de março. Diante disso, o risco do cultivo do milho em sucessão a soja é grande. O risco climático associado a esta época de cultivo pode ser bem caracterizado no contexto da safrinha de 2021 no Brasil, em que a área semeada teve incremento de 8,6%, contudo, a produtividade foi de apenas de 3,9 t.ha⁻¹ devido à seca nas principais regiões produtoras (CONAB, 2021).

Logo, os produtores têm optado por alocar menor investimento na segunda safra, modalidade de cultivo de sequeiro, minimizando os riscos econômicos com o uso de sementes de menor custo (MONTEIRO *et al.*, 2017). Dentre as opções de sementes de menor custo estão o emprego de variedades – população de polinização aberta – e híbridos intervarietais (HI). Uma outra opção de híbridos ainda não utilizados comercialmente são aqueles derivados de progênies com menor endogamia como S₃ x S₃, S₂ x S₂ ou até mesmo S₁ x S₁. Utilizando essas progênies com menor endogamia, a manutenção e multiplicação dos genitores deve ser mais fácil.

Em um programa de SRR poder-se-ia avaliar outras alternativas de obtenção de híbridos, neste caso HI, em que os genitores envolvidos fossem oriundos de diferentes números de progênies endogâmicas, cruzadas aos pares, para compor a população base de cada genitor do híbrido intervarietal, visando a maximização da heterose. Infelizmente não foram encontrados na literatura, relatos a este respeito, bem como estudos que verificaram a eficiência dos HI em condições de cultivo de maior risco. Ante o exposto, objetivou-se avaliar alternativas de obtenção dos genitores visando a produção de híbridos intervarietais, a partir de informações do programa de seleção recorrente recíproca.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Aspectos morfológicos da planta de milho

O milho é uma das plantas cultivadas em que se dispõe de maior informação, quanto a sua origem, estrutura e variação. Botanicamente, é uma gramínea pertencente à família Poaceae (Gramineae). É uma espécie monoica, alógama, tendo sua via de fotossíntese C4; anual, robusta, ereta e diploide com $2n=2x=20$ cromossomos (PATERNIANI, 1980). Seu ciclo é bastante variado, mas nas condições brasileiras, as cultivares completam o seu ciclo em 120 a 160 dias (FANCELLI; DOURADO NETO, 2004).

O milho possui raízes fasciculadas em que estão presentes raízes primárias e seminais, adventícias e de suporte. As folhas são longas e lanceoladas, com nervura central em forma de canaleta, bem vigorosa; as folhas são invaginantes e inserem-se por nós do colmo, apresentando pilosidades. O colmo suporta as folhas e partes florais, além de servir como órgão de reserva (FORNASIERI FILHO, 2007).

A inflorescência masculina (pendão), encontra-se na extremidade superior da planta, após a folha bandeira, posicionada perfeitamente para dispersão de pólen pelo vento. Possui ramificações primárias, secundárias e até terciárias, finalizando com a ramificação principal, também conhecida por eixo central. As anteras ficam no interior da espiguetta estaminal, protegida pela pálea, lema e glumas (FORNASIERI FILHO, 2007).

A inflorescência feminina (espiga) encontra-se na extremidade do rachis, que cresce no nó do fuste, podendo ocorrer a produção de mais de uma espiga, uma principal (a superior) e uma ou mais espigas secundárias (inferiores). O florescimento se dá pela emergência dos estilos estigmas na extremidade da palha e ocorre entre dois e três dias após a antese (GOODMAN; SMITH, 1987).

2.2 O fenômeno da heterose

O termo heterose (h) ou vigor híbrido, foi proposto por Shull (1948) e representa a superioridade da geração F1 em relação à média dos genitores. Todavia, para fins práticos e comerciais, a heterose é medida em relação ao genitor superior (heterobeltiose) ou de maior importância econômica (PATERNIANI, 1974).

Várias hipóteses têm sido propostas para explicar a heterose como: a dominância, que atribui à heterose um efeito cumulativo de alelos que apresentam dominância completa ou

parcial (JONES, 1918) e; a sobredominância, que atribui ao genótipo heterozigoto a superioridade em relação a ambos os parentais homozigotos e não apenas à média dos homozigotos (SHULL, 1908; EAST, 1936).

As evidências obtidas na era molecular continuam a apontar a dominância como a principal causa da heterose, e o fenômeno se mostra altamente quantitativo, com características que interagem em vias complexas para produzir um determinado fenótipo (ANDORF *et al.*, 2019). Recentes estudos com marcadores moleculares associados a locos que controlam características quantitativas (QTL), têm indicado que, quando duas linhagens possuem diferentes conteúdos de DNA, isto é, divergência genética para locos de importância agrônômica, a heterose ocorre de maneira expressiva (FU; DOONER, 2002). Por exemplo, com características quantitativas complexas, os dados genômicos ligaram a heterose aos efeitos combinados de vários locos (GIRAUD *et al.*, 2017).

As hipóteses da sobredomiância e epistasia, embora demonstrem menor efeito sobre a heterose, também estão presentes, tornando cada vez mais evidente que o fenômeno é resultante da interação dos fatores e não do efeito de apenas um fator atuando isoladamente (KAEPPLER, 2012).

2.3 Tipos de híbrido de milho

Após os trabalhos de Shull (1908) e East (1919), sobre endogamia e heterose, fomentou-se os estudos e a exploração do milho híbrido. Shull (1908) observou que a autofecundação reduzia a produção e o vigor das plantas de milho, e quando duas linhagens eram cruzadas o vigor era restaurado. Posteriormente, delineou a metodologia para a obtenção de sementes de híbrido simples, que em essência, é usada até hoje (SHULL, 1908).

Alguns anos depois, Jones (1918) sugeriu que se cruzasse os produtos do hibridação de duas linhagens (híbridos simples), entre si, obtendo-se os híbridos duplos, a fim de se contornar o problema do custo de produção das sementes híbridas. A produção de sementes, agora obtida a partir de híbridos simples, já com bom comportamento agrônômico, passou a viabilizar a sua comercialização, dando início à grande escalada de aceitação do milho híbrido nos EUA.

A adoção dessa tecnologia, foi rápida em todos os estados do *corn belt*. No estado de Iowa, a área cultivada utilizando sementes híbridas passou de 10% em 1935, para 90% em 1939 (CROW, 1998). Já no Brasil, o segundo país a adotar esta tecnologia, o primeiro programa de melhoramento de milho foi desenvolvido no Instituto Agrônômico - IAC, em Campinas. No IAC, Krug, Viegas e Paolieri (1932), produziram o primeiro híbrido duplo brasileiro. No

entanto, em 1935, Gladstone e Antônio e Secundino iniciaram trabalhos de pesquisas em milho na Universidade Federal de Viçosa, produzindo, em 1938, o primeiro híbrido comercial, sendo um cruzamento entre as variedades Cateto e Amarelão. Os trabalhos destes pesquisadores tiveram continuidade com a fundação da companhia Sementes Agrocere S/A (PATERNIANI; CAMPOS, 2013).

Com o tempo, a realidade econômica da agricultura, principalmente nos EUA, gerou a necessidade de se obter o máximo de produtividade por hectare, fazendo com que as companhias de sementes abandonassem os híbridos duplos, passando aos híbridos triplos, aos híbridos simples modificados e, finalmente, aos híbridos simples (PATERNIANI; CAMPOS, 2013).

Sawazaki e Paterniani (2004) descreveram os seguintes tipos de híbridos: top-cross, híbridos simples, híbridos simples modificados, híbridos triplos, híbridos triplos modificados, híbridos duplos e híbridos intervarietais. As descrições detalhadas a respeito destes híbridos estão relatadas em Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010) e Paterniani e Campos (2013).

Os híbridos intervarietais, de particular interesse neste estudo, são resultantes do cruzamento de duas variedades, populações e equilíbrio de Hardy & Weimberg. Os mesmos podem ser utilizados comercialmente, pois permitem a exploração da heterose sem a necessidade de obtenção de linhagens. Apresentam como vantagens uma maior capacidade de adaptação, devido a maior variabilidade genética em relação aos híbridos de linhagens, e maior facilidade de obtenção.

A obtenção e a manutenção das linhagens, aliadas à sua baixa performance na produção de sementes, o que onera o produto, são alguns dos problemas no emprego de híbridos. Por essa razão foi proposta a obtenção de híbridos a partir de linhagens parcialmente endogâmicas ($0 < F < 1$), visando diminuir os problemas relacionados com a depressão por endogamia surgida com as sucessivas gerações de autofecundação, que levam à redução do vigor e conseqüente queda de produtividade (SOUZA JÚNIOR, 2001). É reportado na literatura, que as diferenças entre a variância genética dos híbridos simples de linhagens S_2 e de linhagens S_∞ são muito pequenas, especialmente as variâncias aditivas (TABELA 1). O modelo usado para descrever os componentes da variância genética interpopulacional produzido pelo cruzamento de duas populações 1 e 2 é fornecido pela seguinte expressão:

$$\sigma_{G12}^2 = \frac{1}{2}(\sigma_{A12}^2 + \sigma_{A21}^2) + \sigma_{D12}^2 \quad (1)$$

Nessa expressão, σ_{A12}^2 é a variância genética aditiva interpopulacional com a população 1 de referência, σ_{A21}^2 é a variância genética aditiva interpopulacional com a população 2 de referência e σ_{D12}^2 é a variância genética dominante interpopulacional.

Tabela 1 - Coeficiente de variâncias genéticas interpopulacionais de híbridos simples, duplos e triplos obtidos de linhagens completamente endogâmicas, comparados com híbridos simples obtidos com linhagens com diferentes graus de endogamia.

Tipos de progenies	F ^{1/}	Variância Genética		
		σ_{A12}^2	σ_{A21}^2	σ_{D12}^2
S ₁ (HS)	0,00	0,2500	0,2500	0,2500
S ₂ (HS)	0,50	0,3750	0,3750	0,5625
S ₃ (HS)	0,75	0,4375	0,4375	0,7656
S [∞] (HS)	1,00	0,5000	0,5000	1,0000
S [∞] (HT)	1,00	0,2500	0,5000	0,5000
S [∞] (HD)	1,00	0,2500	0,2500	0,2500

HS: híbrido simples, HT: híbrido triplo e HD: híbrido duplo.

^{1/}Coeficiente de Endogamia

Fonte: Adaptada de Carvalho, Souza e Ribeiro (2003).

2.4 Obtenção de linhagens

As etapas envolvidas em programas de melhoramento em que o objetivo é a obtenção de híbridos são: seleção de populações base; o melhoramento das populações; a obtenção de linhagens; a avaliação da capacidade de combinação; e o teste intensivo dos híbridos obtidos entre o cruzamento das linhagens elite (PATERNIANI; CAMPOS, 2013).

O sucesso de um programa de melhoramento está na obtenção de linhagens superiores e na capacidade destas linhagens transferirem as características desejáveis para os híbridos (SOUZA JÚNIOR, 2001). A obtenção e avaliação das linhagens é uma das etapas do programa de melhoramento mais trabalhosa e onerosa, juntamente com o teste das combinações das linhagens (MIRANDA FILHO; VIÉGAS, 1987).

Os principais métodos convencionais para obtenção de linhagens endogâmicas são o método padrão e o método genealógico (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Uma alternativa disponível na cultura do milho, para acelerar a obtenção de linhagens, consiste

na produção de linhagens homozigotas pelo uso de haploides duplicados, que são denominados duplo-haploides ou di-haploides (DH) (CHASE, 1952). Neste método, é possível a obtenção de linhagens com apenas dois ciclos da cultura, um para a obtenção dos haploides e o outro para a autofecundação das linhagens DH obtidas.

A grande vantagem da utilização de DH sob o ponto de vista do melhoramento é a maior exploração da variância aditiva. Para explicar isso, considerando apenas dois pares de locos independentes segregando entre os genitores com genótipo AAbb e aaBB, o genótipo recessivo aabb ocorre com uma frequência de 1/16, em uma população F₂, considerando um processo normal de autofecundação. Entretanto, com a indução da haploidia e posterior duplicação cromossômica, o mesmo genótipo ocorrerá com uma frequência maior de 1/4 na população. Isso ocorre pela ausência dos heterozigotos, prevalecendo assim, apenas os genótipos AABB, AAbb, aaBB e aabb (PIERRE *et al.*, 2011). Dessa maneira, a variância aditiva é maximizada e a seleção de características quantitativas pode ser facilitada (BORDES *et al.*, 2006). Segundo Prasanna (2012), por isso, pode-se também, acelerar o desenvolvimento de híbridos superiores pela rápida piramidação de alelos favoráveis para caracteres poligênicos, como a produtividade e a resistência a estresses ambientais.

Outra grande vantagem da utilização dessa tecnologia está relacionada à eficiência e precisão da seleção, que pode ser melhor para alguns caracteres agronômicos, especialmente quando combinada com o uso de marcadores moleculares (PRASANNA, 2012). Além disso, facilita o acesso ao germoplasma presente dentro de linhagens femininas e masculinas de híbridos de milho, principalmente com o auxílio de marcadores moleculares (HECKENBERGER; BOHN; MELCHINGER, 2005) e fornece oportunidade de estudos de associação de QTLs, introgressão de genes via marcadores moleculares (FORSTER; THOMAS, 2005), estudos de genômica funcional, citogenética molecular e engenharia genética (WIJNKER *et al.*, 2007). Contudo, a utilização de DH requer mais atenção e cuidado dos pesquisadores na condução dos experimentos, uma vez que, em geral, as linhagens duplo-haploides apresentam menor vigor, sendo assim, mais sensíveis às mudanças nas condições ambientais.

2.5 Seleção recorrente recíproca na cultura do milho

A seleção recorrente interpopulacional, ou seleção recorrente recíproca (SRR), foi proposta originalmente por Comstock, Robinson e Harvey (1949), com o objetivo de melhorar a capacidade de combinação entre duas populações.

Na SRR, duas populações são utilizadas e avaliadas em cruzamentos recíprocos, nos quais uma população é utilizada como testadora da outra. Os genótipos de cada população que apresentarem melhor capacidade de combinação com a população recíproca são recombinados entre si e isolados da outra população, para gerarem as populações melhoradas. Deste modo, são obtidas progênies autofecundadas (S_1) e FS do cruzamento entre plantas das duas populações. Assim, são identificadas as melhores progênies FS, as quais são recombinadas utilizando as progenies S_1 , após a avaliação em experimentos de competição (SOUZA JUNIOR, 2011). Neste tipo de processo, são necessários dois tipos de progênies, uma para a avaliação (interpopulacional) e outra para a recombinação (intrapopulacional). A SRR depende, portanto, do melhoramento *per se* das populações, bem como do melhoramento da heterose entre o cruzamento das populações (CHEN *et al.*, 2019).

Devido ao longo prazo e a quantidade de cruzamentos manuais, algumas alterações do método original proposto por Comstock, Robinson e Harvey (1949) foram elaboradas no intuito de obter maiores ganhos esperados por tempo de duração dos ciclos ou por aumentar a intensidade de seleção. Hallauer e Eberhart (1970) propuseram o uso de progênies de irmãos completos obtidos em plantas prolíficas (RRSFS). Paterniani e Vencovsky (1977; 1978) propuseram o uso de cruzamentos testes com progênies de meios-irmãos (RRSTS) e o uso de progênies de meios-irmãos obtidos de plantas prolíficas (RRSHSP), respectivamente.

A metodologia de Hallauer e Eberhart (1970) é baseada em pares de plantas, o que torna necessário fazer muitas anotações, e a perda de uma espiga autofecundada causa a perda do par do cruzamento, reduzindo a quantidade de material avaliado. O uso de *testcross* de meios-irmãos na avaliação, e de meios-irmãos para recombinação (PATERNIANI; VENCOVSKY, 1977) faz com que os ganhos com a seleção sejam muito baixos. O uso de plantas prolíficas para a obtenção de meios-irmãos (PATERNIANI; VENCOVSKY, 1978) é um processo relativamente fácil, pois as progênies podem ser obtidas de forma simples, e existe a possibilidade de completar um ciclo por ano, contudo, o ganho é baixo, já que também são utilizadas as progênies de meios-irmãos na recombinação. É oportuno comentar que esses esquemas que utilizam meios-irmãos como unidade de recombinação apresentam a vantagem de manter maior tamanho efetivo das populações, quando comparados a outros esquemas, na mesma intensidade de seleção (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Os esquemas em que se utilizam progênies de meios-irmãos e de irmãos germanos como unidades de seleção exploram as mesmas quantidades de variâncias aditivas, quando são utilizadas progênies S_1 na unidade de recombinação. O desvio fenotípico de médias de progênies de irmãos germanos é superior ao de meios-irmãos e a resposta à seleção com o

esquema de meios-irmãos é superior à de irmãos germanos. Contudo, quando se utiliza progênes de irmãos germanos, é necessário apenas a metade da área para avaliação requerida com progênes de meios-irmãos. Portanto, no esquema com progênes de irmãos germanos, pode-se avaliar o dobro de progênes, considerando a mesma área experimental, sendo possível duplicar a intensidade de seleção. Assim, o esquema seletivo com progênes de irmãos germanos pode ser superior ao de progênes de meios-irmãos (SOUZA JUNIOR, 2001).

Souza Júnior (1987) propôs um método de seleção recorrente recíproca baseado em progênes de meios-irmãos obtidas alternadamente de plantas S_0 e S_1 (RRSHSS $_0$ S $_1$), em que as fases de recombinação e obtenção das progênes para o próximo ciclo são realizadas ao mesmo tempo. Esse método permite a conclusão de um ciclo por ano, se houver a possibilidade de realização da recombinação no período de inverno. As comparações teóricas feita pelo autor mostraram maior eficiência do método proposto em relação aos métodos RRSFS e RRSHP.

É preciso enfatizar, que o emprego da seleção recorrente recíproca em programas comerciais de melhoramento, apesar de auxiliar em problemas técnicos, envolve mais dificuldades do que simples questões práticas. Em diversas situações, os métodos de seleção interpopulacional têm elevado significativamente a resposta no híbrido e, em uma das populações, com resposta não satisfatória, e até mesmo negativa na outra população (SOUZA JUNIOR, 1999). Este é um empecilho genético, uma vez que o desempenho das linhagens depende diretamente do desempenho das populações do qual foram extraídas (BISON, 2001).

Com a finalidade de resolver este problema, foi proposto o método *testcross half-sib selection* (SOUZA JUNIOR, 1993). Este método consiste em utilizar a população com menor média como testadora de ambas as populações. Assim, são avaliadas progênes *testcross* (interpopulacionais) e progênes *half-sib* (meios irmãos intrapopulacionais). Comparações teóricas realizadas considerando a decomposição da variância genética aditiva interpopulacional, em variância dos desvios aditivos intrapopulacionais por interpopulacionais, demonstraram a maior eficiência do método em melhorar híbridos interpopulacionais e populações com menor frequência de alelos favoráveis. Porém, sua maior eficiência não foi constada para populações com elevadas frequências de alelos favoráveis e para elevar a heterose.

A seleção recorrente recíproca já foi amplamente aplicada em várias espécies, por exemplo, em café (*Coffea canephora*) (MONTAGNON *et al.* 2008), cacau (*Theobroma cacao* L.) (POKOU *et al.*, 2009), dendezeiro (*Elaeis guineensis*) (BAKOUME; GALDIMA; TENGOUA, 2010), e milho (*Zea mays* L.) (PINTO *et al.*, 2003; BUTRUILLE *et al.*, 2004; HINZE *et al.*, 2005; TARDIN *et al.*, 2007; ROMAY *et al.*, 2011; CUNHA *et al.*, 2012;

BERILLI *et al.*, 2011; 2013; GALVÃO *et al.*, 2015; CARDOSO, 2018). Com o milho, os primeiros resultados de seleção recorrente recíproca foram relatados por Hallauer (1973), que observou ganho em produção de 10,1% no híbrido interpopulacional, depois de um ciclo de seleção envolvendo as populações 'Iowa Two Ear Synthetic ' e 'Pioneer Ear Composite'. Hallauer (1985), ao trabalhar com famílias de irmãos-completos, também obteve resultados favoráveis em sete ciclos de seleção, com as populações BS10 e BS11. A resposta direta na população híbrida foi de 2,1% por ciclo, para a produção, e as respostas correlacionadas nos parentais BS10 e BS11 foram de 2,7 e 2,4%.

Na Universidade Federal de Lavras há um programa de seleção recorrente recíproca em milho, em que vários ciclos seletivos já foram efetuados. Reis *et al.* (2012), avaliaram o progresso genético de híbridos interpopulacionais de milho e inferiram que a seleção recorrente recíproca é eficiente em elevar a produção dos híbridos obtidos a partir de populações F₂ de híbridos simples de milho. Alves *et al.* (2015), ao estudarem o quinto ciclo de seleção recorrente recíproca em milho, obtiveram alto rendimento médio de grãos e observaram que as progênes apresentaram potencial para serem exploradas comercialmente.

REFERÊNCIAS

- ALVES, N. B. *et al.* Evaluation of progenies from the fifth reciprocal recurrent selection cycle in maize. **Genetics and Molecular Research**, [S.l.], v. 14, n. 3, p. 8236-8243, 2015.
- ANDORF, C.; BEAVIS, W.D.; HU ORD, M.; SMITH, S.; WALTER P. SUZA, W.P.; WANG, K.; WOODHOUSE, M.; YU, J.; LÜBBERSTEDT, T. Technological advances in maize breeding: past, present and future. **Theoretical and Applied Genetics**, [S.l.], v. 132, n. 3, p. 817-849, 2019.
- BAKOUME, C.; GALDIMA, M.; TENGOUA, F. F. Experimental modification of reciprocal recurrent selection in oil palm in Cameroon. **Euphytica**, [S.l.], p. 171:235-240, 2010.
- BERILLI, A.P.C.G.; PEREIRA, M.G.; GONÇALVES, L.S.A.; DA CUNHA, K.S. Use of molecular markers in reciprocal recurrent selection of maize increases heterosis effects. **Genetics and Molecular Research**, [S.l.], v. 10, p. 2589-2596, 2011.
- BERILLI, A.P.C.G.; PEREIRA, M.G.; TINDADE, R.S.; DA COSTA F. R. Response to the selection in the 11th cycle of reciprocal recurrent selection among full-sib families of maize. **Acta Scientiarum**, [S.l.], v. 35, p. 435-441, 2013.
- BISON, O. Potencial de híbridos simples de milho para extração de linhagens. 2001. 73 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2001.
- BORDES, J. *et al.* Doubled haploid versus S₁ family recurrent selection for testcross performance in a maize population. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 112, n. 6, p. 1063-1072, Sept. 2006.
- BUTRUILLE, D.V.; SILVA, H.D.; KAEPLER, S.M.; COORS, J.G. Response to selection and genetic drift in the three populations derived from golden glow maize population. **Crop Science**, [S.l.], v. 44, p. 1527-1534, 2004.
- CARDOSO, G.A. **Progresso genético e análise de trilha na seleção recorrente em milho**. 2018. 85 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, 2018.
- CARVALHO, A. D. F. de; SOUZA, J. C. De; RIBEIRO, P. H. E. 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. 5, p. 985-990, 2003.
- CHASE, S. S. **Monoploids in maize**. Ames: Iowa State College Press, 1952. p. 399.
- CHEN, Z. *et al.* Effects of Reciprocal Recurrent Selection on Grain Yield in Two Tropical-Temperate Maize Synthetic Populations Tuxpeno-Reid and Suwan-Lancaster. **American Journal of Plant Sciences**, [S.l.], v. 10, n. 02, p. 298-308, 2019.
- 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, 1949.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos: safra 2020/2021**. Brasília: Conab, 2021.

CROW, J. F. 90 years ago: the beginning of hybrid maize. **Genetics**, Austin, v. 148, n. 3, p. 923-928, Mar. 1998.

CUNHA, K.S.; PEREIRA, M.G.; GONÇALVES, L.S.A.; BERILLI, A.P.C.G. Full-sib reciprocal recurrent selection in the maize populations Cimmyt and Piranão. **Genetics and Molecular Research**, [S.l.], v. 11, p. 3398-3408, 2012.

EAST, E. M. Heterosis. **Genetics**, Bethesda, v. 21, p. 375-397, July 1936.

_____. **Endogamia e exogamia: seu significado genético e sociológico**. Filadélfia: 26 JB Lippincott Company, 1919.

FANCELLI, A. L.; DOURADO NETO, D. **Produção de milho**. 2. ed. Guaíba: Agropecuária, 2004. 360 p.

FORNASIERI FILHO, D. **Manual da cultura do milho**. Jaboticabal: Funep, 2007. p.576.

FORSTER, B. P.; THOMAS, W. T. B. Doubled haploids in genetics and plant breeding. **Plant Breeding Reviews**, New York, v. 25, n. 3, p. 57-88, Mar./Apr. 2005.

FU, H.; DOONER, H. K. Intraspecific violation of genetic colinearity and its implications in maize. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Washington, v. 99, n. 14, p. 9573-9578, July 2002.

GALVÃO, K.S.C.; RAMOS, H.C.C.; SANTOS, P.H.A.D.; ENTRINGER, G.C.; VETTORAZZI, J.C.F.; PEREIRA, M.G. Functional molecular markers (EST-SSR) in the full-sib reciprocal recurrent selection program of maize (*Zea mays* L.). **Genetics and Molecular Research**, [S.l.], v. 14, p. 7344-7355, 2015.

GIRAUD, H.; BAULAND, C.; FALQUE, M.; MADUR, D.; COMBES, V.; JAMIN, P.; MONTEIL, C.; LABORDE, J.; PALAFFRE, C.; GAILLARD, A.; BLANCHARD, P.; CHARCOSSET, A.; MOREAU, L. Reciprocal genetics: identifying QTLs for general and specific combining abilities in hybrids between multiparental populations from two maize (*Zea mays* L.) heterotic groups. **Genetics**, [S.l.], v. 207, p.1167-1180, 2017.

GOODMAN, M. M.; SMITH, J. S. C. Botânica. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Org.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 41-78.

HALLAUER, A.R. Hybrid development and population improvement in maize by reciprocal fullsib selection. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, [S.l.], v. 2, p. 8410, 1973.

_____. Compendium of recurrent selection methods and their application. **Critical Reviews in Plant Sciences**, [S.l.], v. 3, p. 1-33, 1985.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. Quantitative genetics in maize breeding. [S.l.], Springer, 2010. 663 p.

HALLAUER, A. R.; EBERHART, S. A. Reciprocal full-sib selection. **Crop Science**, Madison, v. 10, n. 3, p. 315-316, 1970.

HECKENBERGER, M.; BOHN, M.; MELCHINGER, A. E. Identification of essentially derived varieties obtained from biparental crosses of homozygous lines: I., simple sequence repeat data from maize inbreds. **Crop Science**, Madison, v. 45, n. 2, p. 1120-1131, Feb. 2005.

HINZE, L.L.; KRESOVICH, S.; NASON, J.D.; LAMKEY, K. R. Population genetic diversity in a maize reciprocal recurrent selection program. **Crop Science**, Madison, v. 45, p. 2435-2442, 2005.

JONES, D.F. The effects of inbreeding and crossbreeding upon development. **Connecticut Agricultural Experiment Station Bulletin**, New Haven, v. 207, p. 5-100, 1918.

KAEPPLER S. Heterosis: many genes, many mechanisms-end the search for an undiscovered unifying theory. International Scholarly Research Network. **ISRN Botany**, [S.l.], v. 2012, [S.n.], p. 12, 2012.

KRUG, C.A.; VIÉGAS, G.P.; PAOLIERI, L. Híbridos comerciais de milho. **Bragantia**, Campinas, v. 3, p. 367-551, 1943.

MIRANDA FILHO, J.B.; VIÉGAS, G.P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. V. 2.

MONTAGNON, C.; LEROY, T.; CILAS, C.; LEGNATE, H.; CHARRIER, A. Heterozygous genotypes are efficient testers for assessing between-population combining ability in the reciprocal recurrent selection of *Coffea canephora*. **Euphytica**, [S.l.], v. 160, p. 101-110, 2008.

MONTEIRO, J. E. B. A.; ASSAD, E. D.; SENTELHAS, P. C.; COSTA AZEVEDO, L. Modeling of corn yield in Brazil as a function of meteorological conditions and technological level. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [S.l.], v. 52, n. 3, p. 137-148. 2017.

PATERNIANI, E. **Estudos recentes sobre heterose (Boletim n. 1)**. São Paulo: Fundação Cargill, 1974. p. 36.

PATERNIANI, E. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1980. p. 650.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. Melhoramento do Milho. In: Bórem, A. (Ed.). **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2013. Cap. 13, p. 491-552.

PATERNIANI, E.; VENCOSKY, R. Reciprocal recurrent selection based on half sib progenies and prolific plants in maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, Bergamo, v. 23, n. 4, p. 209-219, Oct./Dec. 1978.

_____. Reciprocal recurrent selection in maize (*Zea mays* L.) based on testcross of half-sib families. **Maydica**, Bergamo, v. 22, n. 2, p. 141-152, 1977.

- PIERRE, P. M. O. *et al.* Duplo-haplóides: estratégias para obtenção e importância no melhoramento genético do milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 10, n. 1, p. 1-16, jan. 2011.
- PINTO, L.R.; VIEIRA, M.L.C.; SOUZA JUNIOR, C.L.; SOUZA, A.P. Genetic diversity by microsatellites in tropical maize populations submitted to a high-intensity reciprocal recurrent selection. **Euphytica**, [S.l.], v. 134, p. 277-286, 2003.
- POKOU, N. D. *et al.* Recurrent selection of cocoa populations in Cote d'Ivoire: comparative genetic diversity between the first and second cycles. **Plant Breed**, [S.l.], v. 128, p. 514-520, 2009.
- PRASANNA, B. M. Doubled haploid (DH) technology in maize breeding: an overview. *In: Doubled haploid technology in maize breeding theory and practice*. Mexico: CIMMYT, 2012, p. 1-8.
- REIS, M. C. *et al.* Reciprocal recurrent selection in maize enhances heterosis and ears yield. **Euphytica**, Wageningen, v. 187, p. 955-965, 2012.
- ROMAY, M.C.; ORDAS, B.; REVILLA, P.; ORDAS, A. Three cycles of fullsib reciprocal recurrent selection in two Spanish maize populations. **Crop Science**, Madison, v. 51, p. 1016-1022, 2011.
- 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: UFV, 2004. V. 1, p.13-53.
- SHULL, G. H. The composition of a field of maize. **American Breeders Association Report**, Washington, v. 4, p. 296-301, 1908.
- _____. What is "heterosis"? **Genetics**, Bethesda, v. 33, p. 439-446, Sept. 1948.
- SOUZA JÚNIOR, C. L. de. Cultivar development of allogamous crops. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [S.l.], v. 11, p. 8-15, 2011.
- _____. Melhoramento de espécies alógamas. *In: NASS, L. L. et al. Recursos genéticos e melhoramento: plantas*. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 159-199.
- _____. Recurrent selection and heterosis. *In: COORS, J. C.; PANDEY, S. (Ed.). Genetics and exploitation of heterosis in crops*. Madison: American Society of Agronomy, 1999. p. 524.
- _____. Comparisons of intra-interpopulation and modified recurrent selection methods. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 1, p. 91-105, jan./abr. 1993.
- _____. Reciprocal recurrent selection with half-sib progenies obtained alternately from noninbred (S_0) and inbred (S_1) plants in maize. **Maydica**, Bergamo, v. 22, n. 1, p. 19-31, Jan./Mar. 1987.

TARDIN, F.D.; PEREIRA, M.G.; GABRIEL, A.P.C.; AMARAL JUNIOR, A.T.; FILHO, G.A.S. Selection index and molecular markers in reciprocal recurrent selection in maize. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [S.l.], v. 7, p. 225-233, 2007.

WIJNKER, E. *et al.* Reverse breeding: reproduction of F1 hybrids by RNAi- induced asynaptic meiosis. **Chromosome Research**, Oxford, v. 15, n. 2, p. 87- 88, Aug. 2007.

CAPÍTULO 2 POTENCIAL DE HÍBRIDOS INTERVARIETAIS PROVENIENTES DE SRR NA CULTURA DO MILHO

RESUMO

O cultivo do milho na segunda safra, após a soja, apresenta riscos de ocorrência de déficit hídrico. Assim, uma alternativa visando a sustentabilidade do sistema de produção é a utilização de sementes híbridas que associem boa produtividade, porém, de menor custo. Uma possibilidade seria o emprego de híbridos intervarietais. Ante o exposto, objetivou-se avaliar alternativas de obtenção dos genitores visando a produção de híbridos intervarietais, a partir de informações do programa de seleção recorrente recíproca. Para a realização do trabalho foram utilizadas quatro populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg, divididas em pares AxB e CxD. Em agosto de 2018, as mesmas foram semeadas em duas áreas contíguas. Por ocasião do florescimento, foram identificadas as plantas prolíficas e de cada planta obteve-se progênies S₁ e FS. Em janeiro de 2019 foram avaliadas as progênies FS em Lavras e Nazareno –MG. Foram avaliados os seguintes caracteres: Altura de plantas; Altura de inserção da primeira espiga e Produtividade de grãos. Simultaneamente, a avaliação das progênies de FS_{INT} foram obtidas as progênies S_{0.2}. Após a análise conjunta dos dados das progênies de FS, de ambas as populações, foram identificadas as 20 melhores e, posteriormente, recombinadas. A recombinação foi realizada utilizando progênies S_{0.2}. Utilizou-se diferentes números de progênies para serem recombinadas, ou seja, 1, 2, 5, 10, 15 e 20. O intercruzamento foi realizado simultaneamente, obtendo as populações intrapopulacional e interpopulacional. Na safra 2020/21 foram implantados os experimentos de avaliação dos híbridos. Os seis híbridos intervarietais (HI) obtidos de cada população foram avaliados em experimentos contíguos AB e CD, adotando testemunhas comuns. Avaliou-se dez tratamentos em delineamento de blocos casualizados completos com três repetições, em 4 ambientes: Lavras, Nazareno, Ijaci e Lambari-MG. Foi avaliada a produtividade de grãos determinada a partir da colheita das parcelas. Os dados de cada local das populações AB e CD foram submetidos à análise combinada. Posteriormente, procedeu-se a análise de variância conjunta e estimativa de heterose. Todas as análises foram realizadas com o auxílio do software R. As estimativas da variância genética entre as progênies de *Full Sib* (FS) evidenciam a existência de variabilidade entre as progênies e a possibilidade de sucesso com a seleção. A variância da interação genótipos x ambientes foi significativa apenas para o caráter inserção da primeira espiga evidenciando a condição favorável para a utilização das médias dos dois ambientes. Todas as progênies avaliadas apresentaram bom desempenho agrônômico, com produtividade superior à média nacional. As estimativas da heterose, entre os híbridos HI com diferentes números de genitores, evidenciou que a maior heterose sempre foi obtida quando se utilizou menor número de progênies para constituir a população genitora do híbrido HI. Constatou-se que as estimativas da heterose dos híbridos da população AB, foram de maior magnitude do que a CD, independente do número de genitores envolvidos. O emprego de híbridos intervarietais figura-se como alternativa interessante por associarem boa performance produtiva e estabilidade fenotípica.

Palavras-chave: *Zea mays*. Melhoramento genético. Seleção Recorrente Recíproca.

ABSTRACT

The cultivation of corn in the second crop, after soybean, presents risks of water deficit. Thus, an alternative aimed at the sustainability of the production system is the use of hybrid seeds that are associated with good productivity, but at a lower cost. One possibility would be the use of intervarietal hybrids. In view of the above, the objective was to evaluate alternatives for obtaining the parents aiming at the production of intervarietal hybrids, based on information from the reciprocal recurrent selection program. In this work, four populations in Hardy-Weinberg equilibrium were used, divided into pairs AxB and CxD. In August 2018 they were sown in two contiguous areas. At flowering, prolific plants were identified and S1 and FS progenies were obtained from each plant. In January 2019, the FS progenies were evaluated in Lavras and Nazareno -MG. The following traits were evaluated: Height of the plants; Height of insertion of the first ear and Grain yield. Simultaneously, the evaluation of the FS_{INT} progenies, the S_{0.2} progenies were obtained. After the joint analysis of the data from the FS progenies, from both populations, the 20 best were identified and subsequently recombined. Recombination was performed using S_{0.2} progenies. Different numbers of progenies were used to be recombined, that is, 1, 2, 5, 10, 15 and 20. The intercrossing was performed simultaneously, obtaining the intrapopulation and interpopulation populations. In the 2020/21 harvest, the hybrid evaluation experiments were implemented. The six intervarietal hybrids (HI) obtained from each population were evaluated in contiguous AB and CD experiments, using common controls. Ten treatments were evaluated in a complete randomized block design with three replications in 4 environments: Lavras, Nazareno, Ijaci and Lambari-MG. Grain yield determined from the harvest of the plots was evaluated. Data from each location of the AB and CD populations were subjected to combined analysis. Subsequently, joint analysis of variance and heterosis estimation were performed. All analyzes were performed using the R software. Estimates of genetic variance among Full Sib (FS) progenies show the existence of variability among progenies and the possibility of successful selection. The variance of the genotypes x environments interaction was significant only for the insertion character of the first ear, evidencing the favorable condition for the use of the means of the two environments. All evaluated progenies showed good agronomic performance, with productivity above the national average. The heterosis estimates, among HI hybrids with different number of parents, showed that the greatest heterosis was always obtained when the smallest number of progenies was used to constitute the parent population of the HI hybrid. It was found that the heterosis estimates of the hybrids of the AB population were of greater magnitude than the CD, regardless of the number of parents involved. The use of intervarietal hybrids appears as an interesting alternative because they associate good yield performance and phenotypic stability.

Keywords: *Zea mays*. Plant Breeding. Reciprocal Recurrent Selection.

1 INTRODUÇÃO

A utilização da heterose na cultura do milho no início do século XX, foi responsável pelo surgimento da indústria sementeira e também pelo enorme incremento na produtividade de grãos nos últimos anos (DUVICK *et al.*, 1997). Desde o início, constatou-se que a alternativa de perpetuar a heterose em plantas de propagação sexuada seria por meio de genitores endogâmicos e posterior obtenção da geração F₁ entre eles.

No Brasil, até o final dos anos 80 do século passado, o cultivo do milho era realizado predominantemente em apenas uma safra. Na região sudeste, a semeadura ocorria do final do mês setembro até novembro (CONAB, 2021). A partir desta época foi constatado que o atraso na semeadura acarretava em redução expressiva na produtividade de grãos (RIBEIRO, 1998)

Com a expansão do cultivo da soja no Brasil, e sobretudo com o objetivo de se otimizar o sistema de produção, alguns agricultores passaram a cultivar o milho após a leguminosa. Inicialmente, no estado do Paraná, e posteriormente no cerrado brasileiro, sobretudo, no estado do Mato Grosso. Alguns anos após, surpreendentemente, a produção de milho na 'safrinha' se tornou mais importante do que na primavera-verão (CONAB, 2021). Contudo, o cultivo do milho na segunda safra, após a soja, apresenta risco de frustação de safra maior do que na primeira. É oportuno destacar que este risco varia de região para região. Considerando o Sul de Minas Gerais/Campo das Vertentes, o cultivo do milho após a soja é crescente, entretanto, o risco de ocorrência de déficit hídrico, principalmente no florescimento, é notório (ANDREA *et al.*, 2019).

Assim, uma alternativa visando a sustentabilidade do sistema de produção é reduzir o custo de produção da cultura do milho de segunda safra. Neste sentido, uma das alternativas é a utilização de sementes híbridas que associem boa produtividade, porém, de menor custo. Existem alternativas reportadas na literatura visando a produção de sementes híbridas que não necessariamente sejam derivadas de linhagens (SOUZA SOBRINHO; RAMALHO, 2001).

Comumente, é empregado nos programas de melhoramento de milho, populações derivadas de híbridos simples comerciais (RAPOSO; RAMALHO, 2004; REIS *et al.*, 2012) Isto devido a estes genótipos possuírem ampla adaptação e elevado potencial produtivo em diferentes ambientes. Muitas dessas populações apresentam também boa capacidade de combinação, e assim, são amplamente utilizadas pelos melhoristas. Uma das opções que tem sido reportada na literatura, em programas de melhoramento de milho, é a seleção recorrente recíproca, utilizando dois híbridos simples comerciais quem maximizem a heterose em cruzamento (SOUZA SOBRINHO; RAMALHO, 2001).

Utilizando os programas de seleção recorrente recíproca (SRR) tem-se alternativas para se obter cultivares que podem ser comercializadas junto aos produtores com menor custo, e sobretudo adaptadas à segunda safra nas regiões Sul de Minas/Campo das Vertentes. Uma possibilidade seria o emprego de híbridos intervarietais. Neste sentido, um questionamento que se tem é qual seria o número de progênies para compor a população base de cada genitor do híbrido intervarietal, para se maximizar a exploração da heterose. Infelizmente não foram encontrados na literatura relatos a este respeito.

Assim, objetivou-se avaliar alternativas de obtenção dos genitores visando a produção de híbridos intervarietais, a partir de informações do programa de seleção recorrente recíproca.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Para a realização do trabalho foram utilizadas quatro populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg, denominadas de populações A, B, C e D, originárias de híbridos simples comerciais. As populações A e B são convencionais e as populações C e D possuem a tecnologia RR (*Roundup Ready*) e BT (*Bacillus thuringiensis*). Nas populações A e B já foram realizados sete ciclos de seleção recorrente recíproca (SRR). Por seu turno, as populações C e D estavam em equilíbrio de Hardy-Weinberg, e ainda não foram submetidas à SRR. Para a condução das populações e a obtenção das progênies adotou-se procedimento semelhante ao apresentado por Reis *et al.* (2012).

Tomando como referência a população A e B inicialmente, as mesmas foram semeadas em duas áreas contíguas, sob irrigação, em agosto de 2018. Por ocasião do florescimento foram identificadas as plantas prolíficas, sendo a segunda espiga autofecundada, e a primeira obtida as progênies de irmão completo interpopulacional (FS). Desse modo, de cada planta obteve-se progênies S₁ e FS. Ao final, foram identificadas 96 progênies da população A e B com S₁, da mesma planta. Análogo ao que foi descrito anteriormente, para as populações A e B, foram obtidas 45 progênies das populações C e D, FS, com S₁ correspondente (FIGURA 1).

Em janeiro de 2019 foram implantados os experimentos de avaliação dos FS AB e CD, conduzidos em dois ambientes:

- i) No Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária - Fazenda Muquém, situada à latitude de 21°14' S, longitude 45°00' W e altitude de 918 m, em ambiente irrigado, Lavras-MG.
- ii) Na Fazenda Grupo G7, situada à latitude de 21°12'59" S, longitude 44°36'41" W, e altitude de 935 m, Nazareno-MG.

O delineamento experimental utilizado foi o de látice triplo 10 x 10 (96 progênies + 4 testemunhas) para a população AB, e o látice triplo 7 x 7 (45 progênies + 4 testemunhas) para a CD. Utilizou-se como testemunha as respectivas populações e os híbridos comerciais DKB 230 PRO3 e SHS 4070. As parcelas foram constituídas de uma linha de três metros, com espaçamento de 0,60 metros entre linhas e 0,25 metros entre plantas, cada parcela totalizou 12 plantas após desbaste.

A adubação utilizada por ocasião do plantio foi de 350 kg. ha⁻¹ da fórmula 08N-28P₂O₅-16K₂O, no sulco de semeadura. A adubação nitrogenada, em cobertura, foi realizada aos 25 dias após a emergência, perfazendo-se o emprego de 400 kg.ha⁻¹ de uréia. Os demais tratamentos culturais foram realizados de acordo com a necessidade e recomendação para a cultura do milho

na região.

Foram avaliados os seguintes caracteres:

- i) Altura de plantas: altura, em centímetros, do solo até a inserção da folha bandeira;
- ii) Altura de inserção da primeira espiga: altura, em centímetros, do solo até a inserção da primeira espiga;
- iii) Produtividade de grãos: determinada a partir da colheita das parcelas. Após a padronização da umidade de grãos para 13%, foi definida a produtividade, em sc.ha⁻¹.

Simultaneamente, a avaliação das progênies de FS_{INT} foram obtidas as progênies S_{0:2} pela autofecundação das plantas de cada progênie (S_{0:1}) das quatro populações. Por ocasião da colheita, as sementes obtidas, pela autofecundação de cada progênie, foram misturadas (Figura 1).

As análises individuais foram realizadas utilizando modelo misto, considerando progênies como aleatório e repetição como fixo. Posteriormente, procedeu-se a análise conjunta dos ambientes considerando o modelo:

$$y_{ijkl} = \mu + p_i + r_{j(l)} + b_{k(jl)} + a_l + (ta)_{il} + e_{ijkl} \quad (2)$$

em que:

y_{ijkl} : observação referente a progênie i , na repetição j , no bloco k , no ambiente l ;

μ : constante geral associada a todas as observações;

p_i : efeito aleatório da progênie i ;

$r_{j(l)}$: efeito aleatório da repetição j dentro do ambiente l ;

$b_{j(kl)}$: efeito aleatório bloco k dentro da repetição j no ambiente l ;

a_l : efeito fixo do ambiente l ;

$(ta)_{il}$: efeito aleatório da interação progênies x ambientes;

e_{ijkl} : erro experimental aleatório associado à observação y_{ijkl} .

Após a análise conjunta dos dados das progênies de irmãos completos interpopulacional, de ambas as populações, foram identificados os 20 melhores. A recombinação foi realizada em agosto de 2019, utilizando as progênies S_{0:2}. Foram utilizados seis campos de cruzamentos para cada população. Utilizou-se diferente número de progênies para serem recombinadas, ou seja, um, dois, cinco, dez, quinze e vinte. O inter cruzamento foi realizado simultaneamente, obtendo a população intrapopulacional, cruzamentos aos pares dentro da mesma população, e a interpopulacional, híbrido intervarietal (HI), do cruzamento aos pares das plantas envolvendo as progênies S_{0:2}, de cada proporção (FIGURA 1).

Os seis híbridos intervarietais (HI) obtidos de cada população, foram avaliados em experimentos contíguos AB e CD, adotando testemunhas comuns. Avaliou-se dez tratamentos em delineamento de blocos casualizados completos com três repetições, sendo os seis híbridos, as populações originais A e B (CVII), e dois híbridos comerciais como testemunhas (DKB 230 e RB 9077). O mesmo procedimento foi adotado para as populações C e D e as mesmas testemunhas comerciais. Isto é, seis híbridos, as populações originais (C0) e as testemunhas comerciais (DKB 230 PRO3 e RB 9077).

Na safra de primavera-verão de 2020/2021 foram implantados os experimentos de avaliação dos híbridos (HI), conduzidos em quatro ambientes:

- i) Lavras e Nazareno-MG, conforme descrição apresentada anteriormente;
- ii) No Centro de Desenvolvimento e Transferência de Tecnologia da UFLA - Fazenda Palmital, situada à latitude de 21°34' S, longitude 45°12' W e altitude de 832 m, Ijaci-MG;
- iii) No Campo Experimental da EPAMIG, situada à latitude de 21°31' S, longitude 45°22' W e altitude de 845 m, Lambari-MG.

As parcelas foram constituídas de duas linhas de quatro metros, com espaçamento de 0,60 metros entre linhas e 0,25 metros entre plantas. Os tratos culturais foram realizados de acordo com a necessidade e recomendação para a cultura do milho na região, adotando o mesmo procedimento apresentado anteriormente. Foi avaliado a produtividade de grãos determinada a partir da colheita das parcelas. Após a padronização da umidade de grãos para 13%, foi definida a produtividade, em $sc.ha^{-1}$.

Os dados de cada local das populações AB e CD, foram submetidos à análise combinada (PIMENTEL-GOMES, 2009). Posteriormente, procedeu-se a análise de variância conjunta adotando o modelo apresentado a seguir:

$$y_{ijl} = \mu + t_i + r_{j(k)} + a_l + (ha)_{il} + e_{ijl} \quad (3)$$

em que:

y_{ijl} : observação referente ao tratamento i , na repetição j , no ambiente l ;

μ : constante geral associada a todas as observações;

h : efeito fixo do tratamento i ;

$r_{i(l)}$: efeito aleatório da repetição j dentro do ambiente l ;

a_l : efeito fixo do ambiente l ;

$(ha)_{il}$: efeito fixo da interação híbridos x ambientes;

e_{ijl} : erro experimental aleatório associado à observação y_{ijl}

Para se estimar a heterose dos híbridos foi conduzido outro experimento na safra 2020/2021 em Lavras-MG (FIGURA 1). Foram avaliados 36 tratamentos, sendo:

- i) seis híbridos da população UFLA AB;
- ii) seis híbridos da população UFLA CD;
- iii) seis parentais UFLA A;
- iv) seis parentais UFLA B;
- v) seis parentais UFLA C;
- vi) seis parentais UFLA D, obtidos pela recombinação nas diferentes proporções (FIGURA 1).

Adotou-se o delineamento de blocos casualizados (DBC), com seis repetições, em quatro áreas contíguas, sendo:

- i) composto pelos híbridos HI AB;
- ii) composto pelos parentais A e B;
- iii) composto pelos híbridos HI CD;
- iv) composto pelos parentais C e D.

As parcelas foram constituídas de duas linhas de quatro metros, com espaçamento de 0,60 metros entre linhas e 0,25 metros entre plantas. Os tratos culturais foram realizados de acordo com a necessidade e recomendação para a cultura do milho na região, adotando o mesmo procedimento apresentado anteriormente. Os dados de produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$) corrigidos para 13% de umidade, foram submetidos à análise de variância de acordo com o seguinte modelo:

$$y_{ij} = \mu + t_i + r_j + e_{ij} \quad (4)$$

em que:

y_{ijk} : observação da parcela que recebeu o tratamento i na da repetição j ;

μ : constante geral associada a todas as observações;

p_i : efeito fixo do tratamento i ;

r_j : efeito aleatório da repetição j ;

e_{ij} : erro experimental aleatório associado à observação y_{ij} .

A heterose, foi estimada adotando o seguinte estimador (HALLAUER, CARENA, MIRANDA FILHO, 2010).

$$h = "F_1" - \left[\left(\frac{P_1 + P_2}{2} \right) \right] \quad (5)$$

em que:

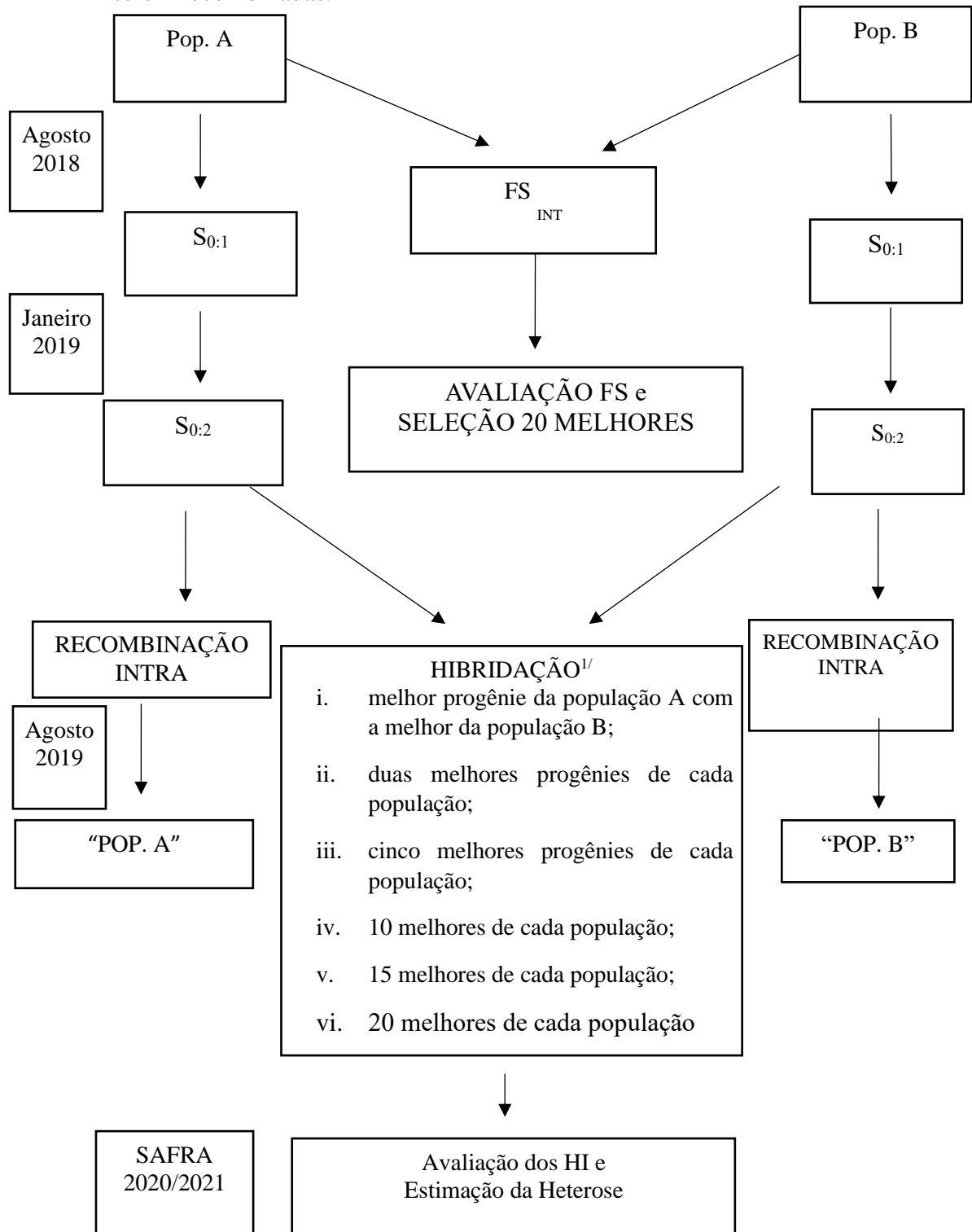
F₁: Média do híbrido intervarietal HI;

P₁: Média do genitor 1, do respectivo híbrido intervarietal;

P₂: Média do genitor 2, do respectivo híbrido intervarietal.

Todas as análises foram realizadas com o auxílio do software R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2020). O esquema que representa a condução das populações, obtenção das progênes, obtenção e avaliação dos híbridos para as populações AB e CD, está apresentado na Figura 1.

Figura 1 - Representação esquemática da condução das populações, obtenção das progênes, obtenção e avaliação dos HI para as populações AB e CD.^{1/} Seis campos de cruzamentos para cada população, utilizando diferente número de progênes para serem recombinadas.



Fonte: Da autora (2022).

3 RESULTADOS

As estimativas da variância genética entre as progênes de *Full Sib* (FS) foram significativas para todas as características avaliadas, com exceção do caráter altura de planta em Lavras, na população CD. Esse fato permite inferir que existe diferença significativa entre as progênes, uma vez que as estimativas da variância genética foram diferentes de zero (TABELA 1). Condição essa, indispensável para a condução do presente estudo. A variância da interação genótipos x ambientes foi significativa apenas para o caráter inserção da primeira espiga das progênes AB, evidenciando, em sua grande maioria, um comportamento coincidente das FS nos ambientes avaliados, para os diferentes caracteres, bem como condição favorável para a utilização das médias dos dois ambientes.

Considerando a produtividade de grãos, a média dos FS da população AB, em Nazareno, foi 5% superior a obtida em Lavras (TABELA 1). Considerando a média geral, a superioridade foi ainda maior, 37%, quando se compara o resultado de Nazareno com Lavras. Independentemente do local, a média das progênes FS AB foram 16,8% superior à CD. A maior média da população AB, em relação à CD, também ocorreu para altura de plantas e de espiga.

A variabilidade genética entre FS nos dois locais para os caracteres avaliados, já relatada anteriormente, pode ser comprovada para distribuição de frequência apresentada na Figura 2. Observa-se por exemplo, que a progênie de menor produtividade da população AB, para os dois locais, foi de 93 scs.ha⁻¹ e a maior de 191 scs.ha⁻¹. Isto é, amplitude de variação de 73,6%, em relação a média de todas as progênes. Para a população CD a variação observada foi menor, de apenas 5,3%.

Para o caráter Altura de plantas, as médias fenotípicas variaram entre 238,00 cm e 270,00 cm nas progênes AB, e entre 212,00 cm e 249,00 cm, nas progênes CD. Por seu turno, os valores médios de Inserção da 1ª espiga das progênes AB foram compreendidos entre 110,00 cm e 138,00 cm. As progênes CD apresentaram valores de Inserção da 1ª espiga entre 101,00 cm e 126,00 cm (FIGURA 2).

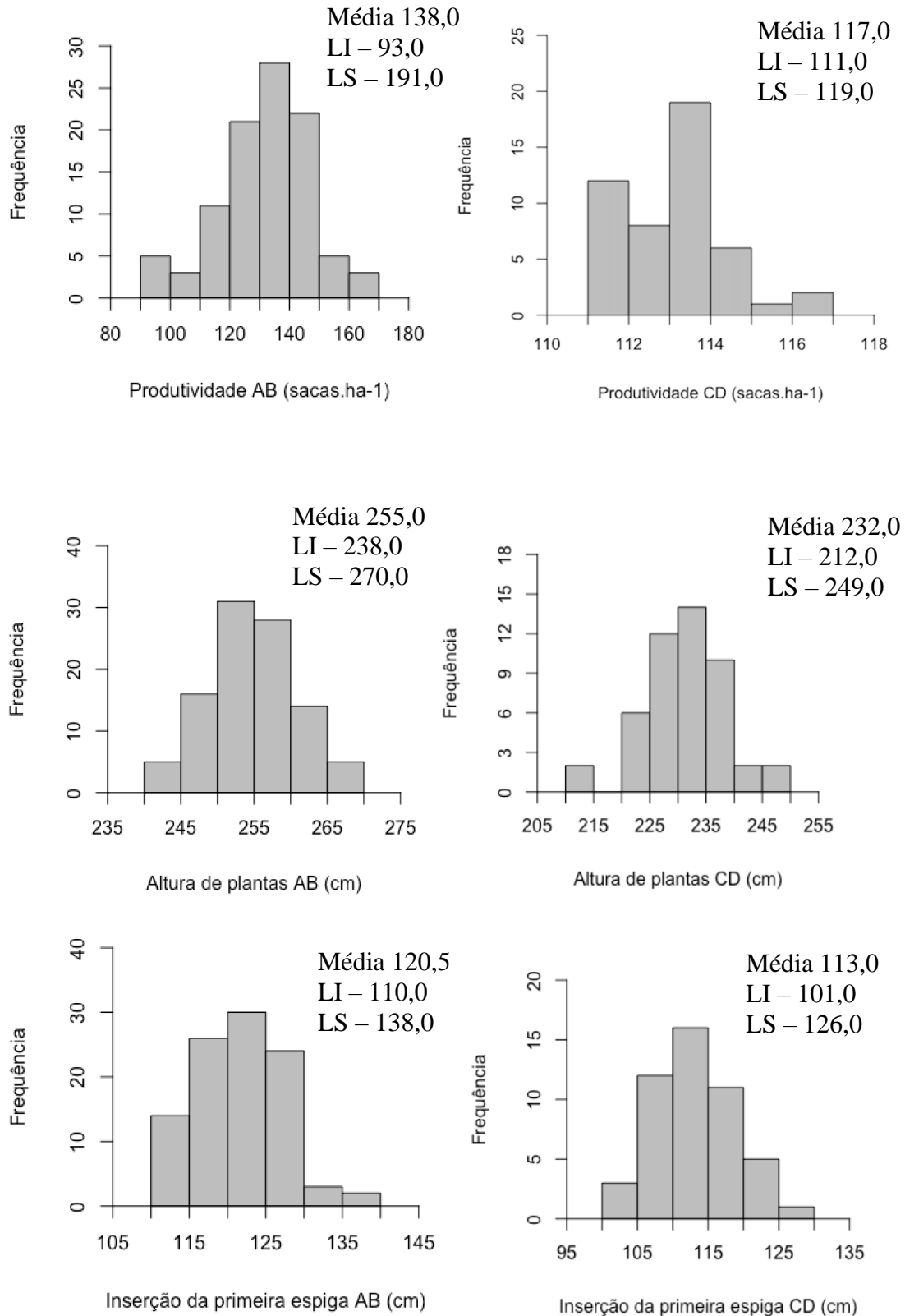
Tabela 1 - Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres produtividade de grãos (Prod.), altura de plantas (Alt.), inserção da 1ª espiga (Ins). Dados referentes às progênes AB e CD nos locais Lavras – MG e Nazareno – MG, e Conjunta.

Nazareno	Prod. (scs.ha⁻¹) AB	Prod. (scs.ha⁻¹) CD	Alt. (cm) AB	Alt. (cm) CD	Ins. (cm) AB	Ins. (cm) CD
$\hat{\sigma}_{Gp}^2$	298,40***	284,00*	83,26 ***	83,33***	66,85***	47,43***
$\hat{\sigma}_{Ep}^2$	350,00	355,70	170,26	133,49	119,91	119,80
h²	0,71	0,70	0,59	0,65	0,62	0,54
r_{gg}%	85,00	82,95	77,00	78,64	79,00	72,74
Lavras	Prod. (scs.ha⁻¹) AB	Prod. (scs.ha⁻¹) CD	Alt. (cm) AB	Alt. (cm) CD	Ins. (cm) AB	Ins. (cm) CD
$\hat{\sigma}_{Gp}^2$	392,94***	215,16***	113,70***	33,70	77,30***	28,47*
$\hat{\sigma}_{Ep}^2$	239,41	214,32	288,40	187,91	140,02	95,72
h²	0,83	0,75	0,54	0,35	0,62	0,47
r_{gg}%	91,17	83,83	73,61	57,16	78,96	67,07
Conjunta	Prod. (scs.ha⁻¹) AB	Prod. (scs.ha⁻¹) CD	Alt. (cm) AB	Alt. (cm) CD	Ins. (cm) AB	Ins. (cm) CD
$\hat{\sigma}_{Gp}^2$	323,62**	186,30***	69,19***	68,14**	53,44***	42,93*
$\hat{\sigma}_{GxA}^2$	22,32	235,80	29,87	37,69	18,05*	16,53
$\hat{\sigma}_{Ep}^2$	295,58	606,20	229,50	105,66	131,52	61,58
h²	0,84	0,31	0,56	0,53	0,59	0,68

$\hat{\sigma}_{Gp}^2$ - variância genética; $\hat{\sigma}_{GxA}^2$ - variância da interação genótipos x ambientes; $\hat{\sigma}_{Ep}^2$ - variância ambiental; h² – herdabilidade; r_{gg}% - acurácia; *** Significativo a 0,1% de probabilidade pelo teste de razão de máxima verossimilhança; * Significativo a 5% de probabilidade pelo teste de razão de máxima verossimilhança.

Fonte: Da autora (2022).

Figura 2 - Distribuição de frequência para médias BLUP's, Limite inferior (LI) e Limite Superior (LS). Dados referentes às progênie AB e CD na análise conjunta de Lavras – MG e Nazareno – MG.



Fonte: Da autora (2022).

As estimativas da herdabilidade também possibilitam inferir a existência de variabilidade e a possibilidade de sucesso com a seleção. Para a produtividade de grãos, quando se considera a média dos dois ambientes, as estimativas de h^2 foi maior para a população AB em relação a CD. O mesmo fato, contudo, não foi constatado para os caracteres altura de plantas e inserção da 1ª espiga.

A partir das médias das progênies de FS foram identificadas as melhores progênies. Essas foram recombinadas utilizando diferentes proporções visando identificar aquelas com maior potencial para serem empregadas como parentais de híbrido intervarietal. Uma alternativa ao uso de linhagens homozigóticas na produção de híbridos de milho, pois os genitotes são mantidos mediante cruzamentos aleatórios (intercruzamentos). Assim, no presente estudos foram obtidos híbridos de S_2 oriundos de programas de seleção recorrente recíproca (FIGURA 1).

Constatou-se na análise combinada das duas populações, envolvendo os quatros locais, que ocorreu diferença significativa dos tratamentos ajustados (dados não apresentados). O mesmo fato foi observado para a interação entre tratamentos x locais. Utilizando as médias dos quatro ambientes, constatou-se por meio do teste de Scott e Knott (1974), a formação de quatro grupos (TABELA 2). Merece destaque no grupo de melhor desempenho a população C. Deve-se salientar que essa é uma população em equilíbrio de Hardy-Weimberg derivada de um híbrido simples comercial. Já o tratamento RB 9070, corresponde à geração F_1 , de um híbrido duplo, utilizado comercialmente.

É oportuno comentar que no segundo grupo estão incluídos potenciais híbridos intervarietais (HI), com diferente número de genitores envolvido na sua obtenção. Veja que os dois HI, envolvendo apenas um genitor de cada população foram incluídos neste grupo. Destaque também para o desempenho dos HI envolvendo diferente número de genitores, tanto da população AB quanto para a CD, com produtividade estatisticamente igual ao DKB 230, híbrido simples comercial de ciclo precoce mais plantado na região Sul de Minas/Campo das Vertentes. Em princípio, pode-se inferir que é possível obter HI, mesmo com poucos genitores, com produtividade equivalente à alguns híbridos simples que são comercializados atualmente no Brasil.

Ao contrário do que ocorreu com o genitor C da população CD, a produtividade dos genitores D, A e B foi classificada nos dois últimos grupos. É oportuno destacar que a população A apresentou performance de produtividade em sacas por hectare superior ao da população B.

Tabela 2 - Médias fenotípicas ajustadas para o caráter produtividade de grãos em scs.ha⁻¹. Dados Referentes aos Híbridos Intervarietais obtidos a partir das populações A,B, C e D, nos locais: Lavras – MG, Ijaci – MG, Nazareno – MG e Lambari- MG.

Tratamentos	Lavras	Ijaci	Lambari	Nazareno	Média
A (CVII)	123,12	95,51	146,02	176,72	135,34 c
AB1	173,76	115,75	140,65	179,41	152,39 b
AB2	168,99	111,44	154,68	190,27	156,35 b
AB5	150,76	117,19	139,75	188,15	148,96 b
AB10	142,59	134,11	154,30	159,05	147,51 b
AB15	149,44	121,78	159,61	199,30	157,53 b
AB20	153,17	118,25	145,37	180,09	149,22 b
B (CVII)	114,65	62,93	113,19	106,15	99,23 d
C (C0)	213,33	116,63	173,56	202,34	176,46 a
CD1	160,18	120,26	167,68	160,22	152,08 b
CD2	189,10	100,66	133,79	145,15	142,18 b
CD5	170,44	93,16	124,92	134,01	130,63 c
CD10	186,79	88,64	138,49	142,33	139,06 b
CD15	162,23	84,09	137,89	117,36	125,39 c
CD20	261,59	74,38	93,52	105,18	133,67 c
D (C0)	170,74	100,44	127,95	109,28	127,10 c
DKB230 PRO3	199,96	111,06	172,33	106,00	147,34 b
RB9070	196,63	132,67	180,19	179,10	172,15 a

As médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott (1974) adotando $\alpha=0,05$.

Fonte: Da autora (2022).

As estimativas da heterose entre os híbridos HI com diferente número de genitores, evidenciou que a maior heterose sempre foi obtida quando se utilizou menor número de progênies para constituir a população genitora do híbrido HI (TABELA 3). Constatou-se que as estimativas da heterose dos híbridos da população AB, foram de maior magnitude do que a CD, independente do número de genitores envolvidos. No caso da população CD algumas estimativas da heterose foram negativas, o que não era esperado.

Tabela 3 - Heterose (%) para o caráter produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$). Dados referentes aos híbridos intervarietais AB e CD, em Lavras – MG, safra 2020/2021.

Híbridos HI	$\bar{X}_{GenitorA}$	$\bar{X}_{GenitorB}$	<i>Média HI</i>	<i>h (%)</i>
AB1	1456,69	1415,91	3713,86	158,57
AB2	2223,89	1680,96	2836,71	45,29
AB5	1622,11	1939,21	3091,37	73,61
AB10	1613,05	1901,40	2854,85	62,46
AB15	1717,80	1651,94	3188,46	89,24
AB20	2223,63	1919,96	2717,58	31,17
Híbridos HI	$\bar{X}_{GenitorC}$	$\bar{X}_{GenitorD}$	<i>Média HI</i>	<i>h (%)</i>
CD1	2188,97	1760,54	3328,52	68,55
CD2	2558,90	2702,70	2663,97	1,26
CD5	1971,00	2521,32	2141,87	-4,64
CD10	1989,63	2209,23	2188,98	4,27
CD15	2487,34	3044,52	2583,58	-6,59
CD20	2587,34	2725,25	2050,57	-22,80

Fonte: Da autora (2022).

4 DISCUSSÃO

As quatro populações utilizadas no presente estudo são oriundas de híbridos simples (HS) comerciais, amplamente utilizados na região. A média de um HS é obtida pela expressão (RAMALHO *et al.*, 2012; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992) $HS = m+a+d$. Em que: $m+a$ é a contribuição dos locos em homozigose-média das linhagens parentais- e d , a contribuição dos locos em heterozigose, ou seja, é a heterose. Existem relatos comparando HS antigos e os modernos. Resultados evidenciam que a contribuição relativa da média das linhagens têm crescido proporcionalmente, mais do que a heterose (DUVICK *et al.*, 1997; TROYER; WELLIN, 2009; LI *et al.*, 2014).

Considerando que os HS comerciais já foram avaliados em vários locais é esperado que eles possam originar populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg, que associem maior frequência de alelos favoráveis e média fenotípica alta (SOUZA SOBRINHO; RAMALHO, SOUZA, 2001). Tem sido constatado na literatura, que algumas combinações de HS, de diferentes empresas, apresentam heterose quando cruzadas (RAPOSO; RAMALHO, 2004; REIS *et al.*, 2012). Nessa condição, o emprego de duas populações derivadas de HS, com boa heterose entre elas, é uma situação ideal para a condução de uma programa de SRR, cujo objetivo principal é aumentar a heterose entre as duas populações (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

As populações A e B, derivadas de dois HS convencionais, foram obtidas com esse objetivo e já foram submetidas a sete ciclos de SRR. Por seu turno, as populações C e D, também oriundas de HS comerciais, são geneticamente modificadas possuindo gene de resistência à herbicida e insetos, e ainda não foram submetidas a SRR. A Lei de proteção de cultivares no Brasil (BRASIL, 1997), não apresenta nenhuma restrição na utilização de populações derivadas de cultivares comerciais para fins de melhoramento. Contudo, no caso de HS com eventos transgênicos, o produto do melhoramento genético envolvendo esses híbridos só poderá ser disponibilizado aos agricultores, após a término do período de proteção da patente.

Na SRR, duas populações são avaliadas em cruzamentos recíprocos, nos quais cada população é utilizada como testadora da outra. As progênies de cada população, em cruzamentos com a recíproca, que apresentar capacidade de combinação superior, são selecionadas e os genótipos são recombinados para gerar as populações melhoradas (SOUZA JÚNIOR, 2001). Dessa maneira, a avaliação é feita entre as populações e a recombinação é feita dentro de cada população, mantendo assim, a identidade de cada população. Portanto,

neste tipo de processo, são necessárias dois tipos de progênies, uma para a avaliação (interpopulacional) e outra para a recombinação (intrapopulacional) (SOUZA JÚNIOR, 2001).

Na região Sul de Minas/Campo das Vertentes, para se conduzir um ciclo de SRR, as populações devem ser semeadas em julho/agosto para a obtenção das progênies. Nessa condição, mesmo com a irrigação suplementar é difícil suprir toda a necessidade de água da cultura do milho devido a baixa umidade relativa que predomina, especialmente, nos primeiros meses após a semeadura. Além do mais, podem ocorrer outros estresses devido as baixas ou altas temperaturas em diferentes fases da cultura. Por essa razão, nos campos de obtenção das progênies, mesmo as plantas sendo mais espaçadas, torna-se difícil obter duas espigas por planta, e assim, produzir as progênies S₁ e FS. No caso da população AB foram obtidas 96 progênies. Entretanto, na CD esse número foi menor (45).

Os resultados obtidos evidenciaram que os FS derivados da população C e D tiveram desempenho inferior em produtividade de grãos à população A e B (FIGURA 2, TABELA 1). Como já mencionado a população A e B foi submetida a sete ciclos de seleção recorrente, e a C e D ainda não. Este fato evidencia a eficácia dos ciclos repetidos de seleção e recombinação (XUE *et al.*, 2017). Tendo como referência o caráter produtividade, o experimento conduzido em Nazareno foi em média 5% superior ao de Lavras para população A e B e 37% para a C e D. Deve-se ressaltar que muito embora em Nazareno não se tenha utilizado a irrigação adicional suplementar, dados climatológicos reportam que a ocorrência de neblina diária, na referida região, equivale a 2 mm de chuva. É interessante destacar também, que o experimento de FS em Nazareno foi instalado em área de fertilidade construída, o que possivelmente propiciou uma maior disponibilidade de macro e micro nutrientes, bem como maior palhada, que por consonância garante maior umidade e retenção de água no solo (PEIXOTO *et al.*, 2018; SANTOS *et al.*, 2021).

As estimativas das variâncias genéticas foram significativas ($p \leq 0,01$) pelo teste de razão de máxima verossimilhança para todos os caracteres, em todos os ambientes avaliados, evidenciando assim, a existência de variação genética nas observações fenotípicas, fator este essencial para que os objetivos do presente estudo fossem atingidos (TABELA 1). Esses resultados são confirmados pela distribuição de frequência das médias BLUP's para os três caracteres (FIGURA 2). No caso da população A e B, estimativas de parâmetros genéticos foram obtidas para o C0 (RAPOSO; RAMALHO, 2004) e CIII (REIS *et al.*, 2012). Corroborando o presente estudo, outros trabalhos realizados no Brasil confirmam a manutenção da variabilidade genética mesmo após os ciclos repetidos de seleção e recombinação (TARDIN *et al.*, 2007; SANTOS *et al.*, 2005; PINTO *et al.*, 2003). As estimativas de h^2 reafirmam a

existência de variabilidade. Deve ser comentado, contudo, que os autores Raposo e Ramalho (2004) e Reis *et al.* (2012), constataram que a estimativa de h^2 foi de magnitude inferior à observada nesse estudo. Deve ser enfatizado também que o caráter considerado foi o de espigas despalhadas e a precisão na avaliação dos experimentos foi menor do que neste trabalho.

O foco principal desse trabalho foi o de verificar qual o número de progênes que devem estar envolvidas nos genitores, visando a obtenção de híbridos intervarietais. Assim, na avaliação dos HI ênfase foi dada na produtividade de grãos, não considerando os caracteres altura de plantas e altura de inserção da primeira espiga. Tendo como referência os seis tipos de HI tanto de A e B, quanto C e D, está evidente que os HI's envolvendo apenas um genitor, em valor absoluto, apresentou maior produtividade de grãos que os demais. Contudo, considerando os quatro ambientes, a média dos HI das populações AB, foram classificadas no mesmo grupo, independente do número de genitores envolvidos. Raposo e Ramalho (2004) e Reis *et al.* (2012), também evidenciaram ampla divergência entre as populações A e B, isto é, grande heterose. Deve ser enfatizado que a produtividade média das populações AB que originaram as progênes foi de 117,3 scs.ha⁻¹ e a média dos seis HI de 157,0 scs.ha⁻¹ (TABELA 2). Esses valores indicam que os HI apresentaram média 30% superior ao da população de sete ciclos de seleção recorrente.

Merece salientar ainda, que esses HI foram classificados no mesmo grupo do híbrido comercial DKB 230 PRO3. Híbrido Simples de ciclo precoce, elevado potencial produtivo e amplamente cultivado nas regiões Sul de Minas/Campo das Vertentes. Deve-se destacar também, que esses HI podem ser comercializados a um menor custo que os híbridos obtidos de linhagens. Especialmente, no cultivo do milho segunda safra, em que o risco associado à cultura, é maior, o emprego de HI figura-se como alternativa para a redução dos custos no sistema de produção, o que é vantajoso para os produtores. As sementes dos híbridos intervarietais podem ser produzidas a menor custo. Assim, são particularmente indicadas para condições de maior risco de cultivo, para empresas de sementes regionais, pesquisadores com recursos limitados ou até mesmo quando se refere a produtores de baixo nível econômico (BARETTA *et al.*, 2019).

Era esperado que, quanto menor o número de genitores envolvidos na obtenção dos HI, maior deveria ser a média fenotípica. Embora em valor absoluto, o HI oriundo de apenas uma progênie como genitor fosse superior aos demais, estes foram classificados no mesmo grupo. Algumas hipóteses podem ser aventadas para explicar essa observação. A primeira é que, com a precisão experimental obtida não foi possível classificar os HI em mais grupos. A segunda, é semelhante a anterior, contudo, refere-se à classificação dos FS na etapa de avaliação. As

médias de FS selecionadas na etapa anterior foram classificadas no mesmo grupo. Uma outra possibilidade é a ocorrência da interação progênes x anos agrícolas na cultura do milho, que pode ter alterado o desempenho relativo das progênes FS nos dois anos. A ocorrência da interação genótipos x ambientes em programas de SRR é comumente relatada na literatura (REMBE *et al.*, 2021).

Infelizmente, não foi encontrado na literatura, nenhum relato reportando o número de progênes envolvidos na obtenção de genitores para sintetizar os HI's. Relatos existem no que tange ao número de progênes S_1 , a serem recombinadas visando a obtenção da população melhorada para a continuidade do programa de seleção recorrente. Isto é, a importância do tamanho efetivo populacional (SOUZA JÚNIOR, 2001; REZENDE; SOUZA JÚNIOR, 2000). No presente trabalho, a obtenção dos HI's é totalmente independente da continuidade do programa de seleção recorrente. Inclusive, sugere-se que a cada três ciclos seletivos de SRR, obter novos HI a partir da avaliação de FS. Assim, a melhoria da população poderia ser periodicamente capitalizada nos HI.

Embora os genitores tenham sido obtidos a partir de progênes $S_{0,2}$, os mesmos não são endogâmicos. Isso devido a recombinação, que tem a representação de uma progênie derivada de S_0 . Isto é, cada progênie é representada teoricamente por esta população em equilíbrio. Segundo Souza Júnior (2001), a variância explorada pela seleção de entre híbridos intervarietais (VHI), com diferentes níveis de endogamia dos genitores é obtido por:

$$V_{HI} = \frac{1}{4}(1 + F)V_{A12} + \frac{1}{4}(1 + F)V_{A21} + \frac{1}{4}(1 + F)^2V_{D12} \quad (6)$$

Em que V_{A12} e V_{A21} é a variância genética aditiva interpopulacional, tendo como referência os genitores 1 e 2. V_D é a variância de dominância interpopulacional. F é o coeficiente de endogamia referente a planta que deu origem ao genitor do híbrido. Por exemplo, para um híbrido $S_1 \times S_1$, o coeficiente de endogamia não é da S_1 , mais da S_0 . Se fosse por exemplo $S_2 \times S_2$, o coeficiente de endogamia seria $F = \frac{1}{2}$ (geração de referência S_1), e a expressão do ganho, considerando, $V_{A12} = V_{A21}$, seria $V_{HI} = \frac{1}{2}(1 + F)V_{A12} + \frac{1}{4}(1 + F)^2V_{D12}$, isto é, $V_{HI} = \frac{3}{4}V_{A12} + \frac{9}{16}V_{D12}$. Assim tem-se que $V_{HS0 \times S0} = \frac{1}{4}V_{A12} + \frac{1}{4}V_{D12}$, $V_{HS1 \times S1} = \frac{1}{2}V_{A12} + \frac{1}{4}V_{D12}$ e $V_{HS2 \times S2} = \frac{1}{2}V_{A12} + \frac{1}{2}V_{D12}$. (7)

$$\text{Considerando linhagens, por exemplo, } V_{HL} = V_{A12} + V_{D12} \quad (8)$$

Ou seja, toda a variância genética possível. Veja que o híbrido $S_2 \times S_2$, exploraria, 75% da variação se fosse utilizada linhagens. Qual seria a estratégia para se obter híbridos de $S_2 \times S_2$? Progênes FS devem ser avaliadas e identificadas as melhores. As sementes $S_{0:1}$, de cada progênie das duas populações devem ser semeadas. As plantas devem ser autofecundadas, obtendo-se plantas S_2 ($S_{1:2}$) e cruzadas para obter o FS ($S_{1A} \times S_{1B}$). Cada FS nesse caso, será um HI $S_2 \times S_2$. A planta S_{2A} e S_{2B} deveriam ter seus descendentes inter cruzados obtendo os genitores em equilíbrio, para posteriormente serem multiplicados e obter novamente o HI. Este procedimento é semelhante ao que é denominado de híbridos crípticos (MIRANDA FILHO; VIÉGAS, 1987).

Está evidente que a medida que se aumenta a endogamia, mais a variação disponível se aproxima da obtida envolvendo linhagens. Contudo, quanto menor o nível de endogamia dos genitores, menor será a uniformidade das plantas de HI em condições de cultivo. Por outro lado, deve-se enfatizar que muito embora se explore menor variabilidade em genitores com menor nível de endogamia, não implica em não ser possível obter HI (genitores não endogâmicos) com produtividade análoga ao híbrido de linhagens, fato este, reportado no presente estudo (TABELA 2).

Assim, levando-se em consideração os fatores descritos anteriormente e os resultados obtidos neste trabalho, pode-se estabelecer uma comparação entre a produção de sementes. Para o híbrido simples de linhagens foi considerado uma produtividade de $2,0 \text{ t.ha}^{-1}$. Para o híbridos intervarietais, no mínimo, 20% a mais. Verifica-se que, no caso do híbridos simples, são necessários 2000 e 4000 plantas, da linhagem macho e fêmea, respectivamente, para se produzir 1000 kg de semente. No entanto, são requeridas somente 58% dessa área para semear os genitores macho e fêmea, respectivamente, do híbrido intervarietal, visando produzir a mesma quantidade mencionada anteriormente.

Igualmente, salienta-se que no caso de híbridos de linhagens tem-se genitores endogâmicos, que por consonância associam menor produtividade e requerem maior proporção de genitores masculino nos campos de produção de sementes visando atender a demanda de produção de pólen. Por outro lado, quando se utiliza genitores com níveis menores de endogamia, tem-se uma maior variabilidade nos parentais, perfazendo-se necessário um maior número de repasse quando do despendimento. Por outro lado, Castro, Ramalho e Camargos (2014), enfatizam que a contaminação decorrida em campos de produção de sementes de

híbridos intervarietais é menos prejudicial quando comparada ao autopólem em campos de produção de híbridos de linhagens.

Resulta claro, portanto, que um programa de melhoramento de híbridos intervarietais é menos oneroso do que um programa de híbridos com linhagens, pois o tempo e o custo para selecionar e obter os HI's são menores. Nas regiões de clima tropical de altitude, em que as adversidades climáticas são frequentes (ANDREA *et al.*, 2019), sobretudo na segunda safra, o emprego de HI figura-se como alternativa interessante, por associarem boa performance produtiva (BARETTA *et al.*, 2019).

5 CONCLUSÃO

As estimativas da heterose entre os híbridos HI, com diferente número de genitores, evidenciou que a maior heterose sempre foi obtida quando se utilizou menor número de progênies para constituir a população genitora do híbrido HI.

A associação dos programas de SRR e obtenção de HI's é promissora, pois simultaneamente, pode-se obter novos HI's superiores aos preexistentes e dar continuidade à SRR visando a melhoria da heterose entre as populações.

O emprego de híbridos intervarietais figura-se como alternativa interessante por associarem boa performance produtiva, e os genitores podem ser obtidos a partir da recombinação de poucos progênies endogâmicas.

AGRADECIMENTOS

Este trabalho foi financiado por: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Financiamento Code 001; Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq / MCTIC, por meio de concessão da bolsa de Produtividade do orientador Adriano Teodoro Bruzi. Agradecemos também às empresas e parceiros que auxiliaram na condução de experimentos.

REFERÊNCIAS

- ANDREA, M.C.S.; DALLACORT, R.; BARBIERI, J.D.; TIEPPO, R.C. Impacts of Future Climate Predictions on Second Season Maize in an Agrosystem on a Biome Transition Region in Mato Grosso State. **Revista Brasileira de Meteorologia**, [S.l.], v. 34, p. 335-347, 2019.
- BARETTA, D.; NARDINO, M.; CARVALHO, I.R.; PELEGRIN, A.J. de; FERRARI, M.; OLIVEIRA, V.F. de; SZARESKI, V.J.; OLIVEIRA, A.C. de; BARROS, W.S.; SOUZA, V.Q. de; MAIA, L.C. da. Heterosis and genetic distance in intervarietal corn hybrids. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [S.l.], v. 54, p. e00265, 2019.
- BRASIL. Presidência da República. Casa Civil. Subchefia para Assuntos Jurídicos. **Lei Nº. 9.456, de 25 de abril de 1997**. Institui a Lei de Proteção de Cultivares e dá outras providências. Brasília, 1997
- CASTRO, C. E. C. de; RAMALHO, M. A. P.; CAMARGOS, R. B. Consequências da contaminação na produção de sementes de híbridos duplos de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 13, n. 3, p. 364-370, 2014.
- CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos: safra 2020/2021**. Brasília: Conab, 2021.
- DUVICK, D.N.; BÄNZIGER, M.; MICKELSON, H.R.; PEÑA-VALDIVIA, C.B. What is heterosis? In: EDMÉADES, G.O. (Eds). **Developing Drought and Low – N Tolerant Maize**: Proc. Symp. El Batan, Mexico: CIMMYT, 1997. p. 25-29.
- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. [S.l.], Springer, 2010. 663 p.
- LI, Y. *et al.* Contributions of parental inbreds and heterosis to morphology and yield of single-cross maize hybrids in China. **Crop Science**, Madison, v. 54, n. 1, p. 76-88, Nov. 2014.
- MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS G. P. Milho Híbrido In: PARTENIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. V 1, p. 275-340.
- PEIXOTO, M. J. A.; CARNEIRO, M. S. DE S.; AMORIM, D. S.; EDVAN, R. L.; PEREIRA, E. S.; COSTA, M. R. G. Características agronômicas e composição química da palma forrageira em função de diferentes sistemas de plantio. **Archivos de Zootecnia**, [S.l.], v. 67, p. 35-39, 2018.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: Fealq, 2009. 451 p.
- PINTO, L. R.; VIEIRA, M. L. C.; SOUZA JUNIOR, C. L.; SOUZA, A. P. Reciprocal recurrent selection effects on the genetic structure of tropical maize populations assessed at microsatellite loci. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 26, n. 3, p. 355-364, 2003.

PRASANNA, B. M. Doubled haploid (DH) technology in maize breeding: an overview. *In: Doubled haploid technology in maize breeding theory and practice*. Mexico: CIMMYT, 2012. p. 1-8.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. 1. ed. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.

RAPOSO, F. V.; RAMALHO, M. A. P. Componentes de variância genética de populações derivadas de híbridos simples de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, [S.l.], v. 3, n. 3, p. 402-413, 2004.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: A Language and Environment for Statistical Computing**. Vienna, Austria: R Foundation for statistical Computing, 2020

REIS, M. C. *et al.* Reciprocal recurrent selection in maize enhances heterosis and ears yield. **Euphytica**, Wageningen, v. 187, p. 955-965, 2012.

REMBE, M. *et al.* Reciprocal Recurrent Genomic Selection Is Impacted by Genotype-by-Environment Interactions. **Front Plant Sci.**, [S.l.], v. 24, n. 12, Sep. 2021.

REZENDE, G. S. P.; SOUZA JÚNIOR, C. L. A reciprocal recurrent selection procedure outlined to integrate hybrid breeding programs in maize. **Journal of Genetics & Breeding**, [S.l.], v. 54 p. 57-66.

RIBEIRO, P. H. E. **Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de milho em diferentes épocas de semeadura, níveis de adubação e locais do Estado de Minas Gerais**. 1998. 126 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1998.

SANTOS, M. F. *et al.* Responses to reciprocal recurrent selection and changes in genetic variability in IG-1 and IG-2 maize populations. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 28, n. 4, p. 781-788, Oct./Nov. 2005.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v. 30, n. 3, p. 507-512, 1974.

SOUZA JÚNIOR, C. L. de. Melhoramento de espécies alógamas. *In: NASS, L. L. et al. Recursos genéticos e melhoramento: plantas*. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 159-199.

SOUZA SOBRINHO, F. ; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, J. C. de . Genetic diversity and inbreeding potential of maize commercial hybrids. **Maydica**, Bergamo v. 46, p. 171-175, 2001.

TARDIN, F. D. *et al.* Selection index and molecular markers in reciprocal recurrent selection in maize. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 7, p. 225-233, 2007.

TROYER, A. F.; WELLIN, E, J. Heterosis decreasing in hybrids: yield test inbreds. **Crop Science**, Madison, v. 49, n. 6, p. 1969-1976, Nov. 2009.

XUE, J.; XIE, R.; ZHANG, W.; WANG, K.; HOU, P.; MING, B.; GOU, L.; LI, S. Research progress on reduced lodging of high-yield and density maize. **Journal of Integrative Agriculture**, Beijing, v. 16, n. 12, p. 2717-2725, 2017.

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