



GUSTAVO ANDRADE CARDOSO

**AVALIAÇÃO *PER SE* E EM *TOPCROSS* DE
PROGÊNIES DE MILHO**

LAVRAS – MG

2014

GUSTAVO ANDRADE CARDOSO

AVALIAÇÃO *PER SE* E EM *TOPCROSS* DE PROGÊNIES DE MILHO

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

Orientador

Dr. João Cândido de Souza

LAVRAS – MG

2014

**Ficha Catalográfica Elaborada pela Coordenadoria de Produtos e
Serviços da Biblioteca Universitária da UFLA**

Cardoso, Gustavo Andrade.

Avaliação *Per Se* e em *Topcross* de progênes de milho /
Gustavo Andrade Cardoso. – Lavras : UFLA, 2014.
60 p. : il.

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2014.
Orientador: João Cândido de Souza.
Bibliografia.

1. Progênes endogâmicas. 2. Heterose. 3. Correlação. I.
Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 633.1523

GUSTAVO ANDRADE CARDOSO

AVALIAÇÃO *PER SE* E EM *TOPCROSS* DE PROGÊNIES DE MILHO

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

APROVADA em 26 de julho de 2014.

Dr. Messias Gonzaga Pereira UENF

Dr. Magno Antônio Patto Ramalho UFLA

Dr. João Cândido de Souza
Orientador

LAVRAS – MG

2014

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus.

Agradeço a meus Pais, Mauda e Edmar pela confiança e sempre acreditar e apoiar meus sonhos.

Ao meu irmão Ramon, pelo companheirismo, amizade e apoio.

A minha namorada Kellen, por tudo que tem me representado estando sempre ao meu lado, principalmente nos momentos mais difíceis. Obrigado por tudo!

A Universidade Federal de Lavras, em especial ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelas oportunidades e fomento concedidos.

Ao professor doutor João Cândido de Souza, pela orientação, confiança, apoio, firmeza e paciência durante a realização deste trabalho.

Ao professor doutor Magno Antonio Patto Ramalho pelo estímulo, exemplo profissional, amizade e incansável esforço em transmitir seus conhecimentos.

Ao Ricardo pelas valiosas contribuições principalmente na análise dos dados.

Aos membros da banca examinadora, pelas valiosas contribuições ao trabalho;

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelos ensinamentos transmitidos;

Aos colegas do “milho”, pela colaboração nos trabalhos e amigável convivência, em especial aos amigos Bia, Tião Galinha, Marcinha, Zé Maria, Lucas, Breno, Kaio.

Aos companheiros de republica, Vinicius, Ramon, Carlos Henrique, Lucas, Rodrigo e Indalécio, por proporcionar grandes momentos e constituírem minha segunda família.

Aos demais colegas do GEN pela agradável convivência, em especial aos amigos Guedinho, Rafael, Braulio, Rita, Sheila, Bruna, Renato, Narjara, Otávio, Danilo, Lala, Cinthia.

RESUMO

Este trabalho foi realizado com o objetivo de verificar a correlação existente entre o desempenho *Per se* e em *Topcross* bem como identificar a melhor estratégia de seleção de progênies endogâmicas em milho. Para este propósito, foram obtidos 168 *Topcross* de 168 progênies, oriundas de uma mesma população, com uma linhagem elite, ambos pertencentes ao programa de melhoramento da Universidade Federal de Lavras (UFLA), na safra 2011/2012. Os híbridos *Topcross*, juntamente com as progênies que lhe deram origem, foram avaliados no delineamento de blocos casualizados em faixa, com três repetições, em dois locais no sul de Minas Gerais, na safra 2012/2013. Os tratamentos foram avaliados quanto ao caráter produtividade de grãos. Foi estimada a heterose (%), presente em cada *Topcross*, a correlação entre o desempenho *Per se* com a heterose e a média do *Topcross* e os componentes de variância, herdabilidade e herdabilidade realizada. As estimativas de heterose (%) variaram de 49,29% a 68,08% na conjunta. Os *Topcross* apresentaram menor variação comparada às progênies *Per se*, fato este comprovado pela maior estimativa de variância genética e maior número de classes distintas pelo teste Scott Knott. As correlações entre o desempenho das progênies em *Per se* e em *Topcross*, foi de 0,20 na conjunta. A estimativa de herdabilidade realizada, quando foi selecionado, com base no desempenho *Per se* e ganho no *Topcross*, foi baixa, refletindo a baixa variação dos *Topcross* e a existência de interação entre tipos x progênies. As estimativas de herdabilidade, em todos os casos, foram superiores nas avaliações *Per se*. A correlação entre o desempenho *Per se* e em *Topcross* é de baixa magnitude e positiva, concluindo que é possível selecionar progênies com bom desempenho *Per se* e em *Topcross*, sendo importante a seleção *Per se* antes de se realizar o *Topcross*.

Palavras-chave: Progênies endogâmias. Heterose. Correlação.

Formatado: Inglês (EUA)

ABSTRACT

Formatado: Inglês (EUA)

Formatado: Fonte: Não
Negrito, Inglês (EUA)

This work was conducted with the objective of verifying the correlation between the performance *Per se* and on *Topcross* as well as identify the best strategy for selecting inbred progenies in maize. For this purpose, we obtained 168 *Topcross* from 168 progenies derived from the same population, with an elite line, both belonging to the breeding program of the Universidade Federal de Lavras (UFLA), in the 2011/2012 harvest. The *Topcross* hybrids along with the progenies from which they originated, were evaluated in a randomized block design in strips, with three replicates, in two locations in southern Minas Gerais, Brazil, in the 2012/2013 harvest. The treatments were evaluated regarding grain productivity characteristic. We estimated the heterosis (%) present in each *Topcross*, the correlation between performance *Per se* with heterosis and the *Topcross* mean, and the variance components, heritability and realized heritability. The heterosis (%) estimations ranged from 49.29 % to 68.08 % in the joint. The *Topcross* showed smaller variation when compared to progenies *Per se*, a fact confirmed by the highest estimate of genetic variance and larger number of distinct classes by the Scott Knott test. The correlations between the performance of the progenies in *Per se* and in *Topcross*, were 0.20 in the joint. The heritability estimation performed when selection based on *Per se* performance and *Topcross* gain was low, reflecting the low *Topcross* variation and the existence of interaction between types x progenies. The heritability estimations, in all cases, were superior in the *Per se* evaluations. The correlation between performance on *Topcross* and *Per se* is of low magnitude and positive, concluding that it is possible to select progenies with good performance on *Topcross* and *Per se*, considering the importance of selecting *Per se* prior to performing the *Topcross*.

Keywords: Inbreeding progenies. Heterosis. Correlation.

LISTA DE FIGURAS

APÊNDICE A

- Figura 1 Distribuições de frequência para as médias *Topcross* por locais e na conjunta. Avaliação de progênies de milho em Lavras, safra 2012/2013.....58
- Figura 2 Distribuições de frequência para as médias *Per se* por locais e na conjunta. Avaliação de progênies de milho em Lavras, safra 2012/201359
- Figura 3 Distribuições de frequência para as médias *Per se* por locais e na conjunta. Avaliação de progênies de milho em Lavras, safra 2012/201360

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Resumo das análises da variância conjunta, da produtividade de grãos em kg/parcela. Dados de avaliação de progênes <i>Topcross</i> e <i>Per se</i> de milho nos dois locais de avaliação, safra 2012/2013.....	35
Tabela 2	Resumo das análises da variância conjunta, por tipo, da produtividade de grãos em kg/parcela. Dados de avaliação de progênes <i>Topcross</i> e <i>Per se</i> de milho em dois ambientes. Safra 2012/2013.....	36
Tabela 3	Estimativas de herdabilidade (h^2), variância genética (VG), média em kg/parcela e heterose em %. Dados de avaliações de progênes <i>Topcross</i> e <i>Per se</i> de milho em dois ambientes. Safra 2012/2013.....	37
Tabela 4	Estimativas das herdabilidades realizadas, quando se seleciona pelo desempenho <i>Per se</i> ou <i>Topcross</i> , para as médias por ambiente e na análise conjunta.	38
Tabela 5	Estimativas das correlações de Pearson, para as médias de produtividade em kg/parcela do desempenho <i>Topcross</i> e <i>Per se</i> das progênes e a heterose em porcentagem.	38
Tabela 6	Resumo do teste de agrupamento de médias Scott Knott 5%, para caráter produtividade em kg/parcela, das médias por local e conjunta	39

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	11
2	REFERENCIAL TEÓRICO	13
2.1	Milho Híbrido	13
2.2	Heterose	17
2.3	Obtenção e avaliação de linhagens	20
3	MATERIAIS E MÉTODOS	25
3.1	População	25
3.2	Obtenção das progênies	25
3.3	Avaliações das progênies	26
3.3.1	Locais	26
3.3.2	Delineamento experimental	26
3.3.3	Caráter avaliado	27
3.4	Análise dos dados	27
3.4.1	Análise da variância	28
3.4.2	Correlações de Pearson	29
3.4.3	Heterose (%)	29
3.4.4	Componentes da variância	29
3.4.5	Herdabilidade	31
3.4.6	Herdabilidade realizada (h_r)	32
4	RESULTADOS	34
5	DISCUSSÕES	40
6	CONCLUSÕES	46
	REFERÊNCIAS	47
	APÊNDICE	56

1 INTRODUÇÃO

O aproveitamento comercial da heterose em milho é, sem dúvida, uma das maiores contribuições da ciência para o agronegócio mundial. O incremento em produtividade de grãos que ocorreu, baseando-se no emprego dos híbridos em milho, foi evidenciado em vários países, contribuindo para um aumento expressivo na produtividade dessa cultura (DUVICK; SMITH; COOPER, 2004; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

A estimativa de heterose, na cultura do milho, é responsável em média por 64,7% da produtividade de grãos de híbridos simples (RAMALHO et al., 2012). Contudo, essa proporção varia entre os híbridos e há uma tendência de que a contribuição das linhagens tenha maior participação. Com isso, fica claro a necessidade de avaliar o desempenho das linhagens *Per se* e em cruzamentos.

Desde que foi proposto por Davis (1927), o método de *Topcross* facilitou e propiciou a avaliação de um grande número de linhagens quanto à capacidade de combinação, em programas de híbridos e é utilizado de forma única e unânime na avaliação de progênies endogâmicas nos programas de melhoramento genético da cultura do milho.

Questiona-se é que o desempenho *Per se* das linhagens é pouco avaliado. Muitas vezes a avaliação é apenas visual. Considerando a importância do desempenho das linhagens, na produtividade de um híbrido, seria importante verificar o comportamento das linhagens *Per se* e não só sua capacidade de combinação por meio de *Topcross*. Além disso, as avaliações do desempenho *Per se* são mais fáceis de serem realizadas, quando comparado com *Topcross*, permitindo a avaliação de um maior número de progênies em mais locais e, ao final, em gerações mais avançadas, avalia-se a capacidade de combinação, como é preconizado por alguns autores (DUVICK, 2005; TROYER; WELLIN, 2009).

A baixa utilização do desempenho *Per se* das linhagens, para avaliação das mesmas, pode ser justificada, porque a correlação entre a performance das linhagens e de seus respectivos híbridos é muito baixa para ter algum valor preditivo.

Entretanto, todas as estimativas de correlação, apresentadas na literatura, são positivas, o que indica que se podem obter linhagens superiores, que apresentem alta produtividade associado a uma alta capacidade de combinação, resultando em híbridos produtivos.

Em estudos do progresso na produtividade de grãos do milho indicam-se que o aumento no desempenho dos híbridos nos últimos anos foi em razão, principalmente, do melhor desempenho das linhagens parentais e não somente do aumento da heterose. Esses resultados comprovam a importância do melhoramento de populações para posterior obtenção das linhagens (DUVICK, 2005; TROYER; WELLIN, 2009).

Deve-se ressaltar que a viabilidade econômica da produção de sementes híbridas está diretamente relacionada com a capacidade produtiva das linhagens parentais, levando muitas vezes ao rejeite de híbridos produtivos em virtude da baixa produtividade das mesmas.

Diante do exposto, o presente trabalho foi realizado com o objetivo de verificar a correlação entre o desempenho *Per se* e em *Topcross* de progênies de milho oriundas de uma mesma população e identificar a melhor estratégia de seleção de progênies endogâmicas.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Milho Híbrido

O milho (*Zea mays* L.) é uma espécie diploide ($2n=2x=20$), monoica e de polinização cruzada (alógama), pertencente à família das Poaceae. Estudos arqueológicos sugerem que o milho se originou no México há, aproximadamente, 7.000 anos (MIRANDA FILHO; VIÉGAS, 1987).

Várias hipóteses foram propostas, quanto à origem do milho, porém as mais consistentes são as que demonstram o milho como descendente do teosinte, sendo este uma planta pertencente à família das poáceas, a qual apresenta várias espigas sem sabugo e pode cruzar, naturalmente, com milho produzindo descendentes férteis (GALINAT, 1995).

A domesticação do milho, iniciada por tribos indígenas mexicanas, contribuiu efetivamente com o seu desenvolvimento evolutivo, submetendo a cultura a um constante processo de melhoramento genético, selecionando plantas, agronomicamente superiores, o que resultou em uma espécie de grande importância econômica mundial, porém extremamente dependente do homem (MIRANDA FILHO; VIÉGAS, 1987). Esta dependência é resultado do alto grau de especialização da inflorescência feminina o que impede a possibilidade de disseminação natural das sementes (FARNHAM, 2003).

O melhoramento de plantas desempenhou e desempenha um papel fundamental para o aumento da produtividade e a maior adaptabilidade das espécies cultivadas. Dentre suas contribuições para a humanidade e a agricultura, a descoberta da heterose se destaca tendo permitido expressivos aumentos na produtividade de grãos na cultura do milho em todo o mundo e com repercussão em todas as espécies cultivadas (HALLAUER, 1990).

A cultura do milho é, sem dúvida, o exemplo mais notável da utilização do processo da hibridação em função do fenômeno da heterose. O milho híbrido pode ser definido como a geração F_1 , proveniente do cruzamento entre variedades de polinização aberta, linhagens endogâmicas ou outras populações geneticamente divergentes (ALLARD, 1971).

Darwin (1877) foi o primeiro a realizar experimentos comparando o desempenho de plantas autofecundadas e cruzadas de uma mesma espécie. O trabalho de Beal (1880) definiu a hibridação, como um método de aumentar a produtividade em milho. O autor realizou hibridações entre variedades de polinização aberta, obtendo produtividade do híbrido intervarietal superior a dos parentais (VIÉGAS; MIRANDA FILHO, 1978).

Shull (1909) mostrou que, ao autofecundar a planta por sucessivas gerações, ela produzia descendentes menos vigorosos, contudo, essas plantas passavam a gerar descendentes, geneticamente, semelhantes, chamadas linhas puras. Shull, também, verificou que, ao se cruzar duas linhas puras e geneticamente diferentes, seus descendentes apresentavam grande vigor, o qual foi definido como vigor híbrido ou heterose. Este processo definido por Shull para produção de sementes híbridas há mais de um século é válido até hoje. Em 1919, Henry A. Wallace, um beneficiador de sementes norte-americano, foi o primeiro melhorista de empresa privada a efetuar trabalhos de autofecundações, para obtenção de linhagens de milho, sendo que, por volta de 1930, apareceram os primeiros híbridos comerciais de milho, nos Estados Unidos (VIÉGAS; MIRANDA FILHO, 1978; TROYER, 2006).

Inicialmente, a proposta baseava-se no uso de híbrido simples, tal inovação não foi adotada de imediato em decorrência das linhagens apresentarem reduzido vigor e baixa produtividade, aumentando expressivamente o preço das sementes inviabilizando a produção de sementes híbridas de milho (PATERNIANI; CAMPOS, 1999). Em 1918, Jones sugeriu o

uso de híbridos duplos, resultantes do cruzamento de dois híbridos simples. Este evento fez com que as desvantagens da produção de sementes de híbridos simples fossem superadas e, baseando-se neste episódio, o uso comercial de sementes de milho híbrido foi aceito (DARRAH; MCMULLEN; ZUBER, 2003).

Nos Estados Unidos, entre as décadas de 20 e 30, foi avaliado o primeiro híbrido duplo comercial, o qual foi superior às variedades cultivadas na época. Revolucionando o cultivo de milho neste país e, em seguida, em outras partes do mundo. Em 1950, aproximadamente 100% da área cultivada com milho na região do “Corn Belt” eram ocupadas com híbridos duplos. Os aumentos na produtividade foram atribuídos ao uso de híbridos, inicialmente com os híbridos duplos e, posteriormente, com híbridos simples (HALLAUER, 1990; NUMBERG, 2000).

Em 1932, no Instituto Agrônomo - IAC, em Campinas, teve início o primeiro programa de melhoramento de milho no Brasil, em que Krug e colaboradores produziram o primeiro híbrido duplo brasileiro. Gladstone e Antonio Secundino, em 1935, começaram trabalhos de pesquisas em milho híbrido na Universidade Federal de Viçosa e, em 1938, foi produzido o primeiro híbrido comercial brasileiro, oriundo do cruzamento entre as variedades Cateto e Amarelão. Os trabalhos destes pesquisadores tiveram continuidade com a fundação de uma empresa particular de sementes, a companhia Sementes Agrocere S/A (PATERNIANI; CAMPOS, 1999).

A contribuição desta tecnologia, juntamente com melhorias no manejo, mecanização entre outras, para o desenvolvimento do agronegócio no Brasil, é inquestionável. Estimativas do progresso genético têm sido obtidas em algumas situações e foram encontrados valores médios de $71,2 \text{ kg ha}^{-1}\text{ano}^{-1}$ (VENCOVSKY; RAMALHO, 2000).

Entre as vantagens da utilização do vigor híbrido ou heterose estão: 1) associar características de distintos genitores, em um curto espaço de tempo; 2) obter genótipos superiores num prazo relativamente curto; 3) utilizar interações gênicas na geração híbrida; 4) produzir genótipos uniformes; 5) menor interação dos híbridos x ambientes na geração F_1 e 6) produzir semente de milho híbrido em escala comercial, com reflexos favoráveis sobre a economia da região (PATERNIANI, 1978).

Quando se refere à cultura do milho, de acordo com Miranda Filho e Viégas (1987), há uma classificação incluindo diversos tipos de híbridos que podem ser sintetizados. São eles:

- a) Híbrido simples: obtido mediante o cruzamento de duas linhagens endogâmicas;
- b) Híbrido simples modificado: segue o mesmo esquema do híbrido simples, utilizando como parental feminino o cruzamento de duas linhagens aparentadas ($A \times A'$) e com parental masculino outra linhagem (B);
- c) Híbrido triplo: obtido pelo cruzamento de um híbrido simples ($A \times B$) com uma terceira linhagem (C);
- d) Híbrido triplo modificado: semelhante ao híbrido triplo, substituindo-se apenas a linhagem masculina (C) por um cruzamento entre linhagens aparentadas ($C \times C'$);
- e) Híbrido duplo: resultante do cruzamento de dois híbridos simples, ou seja, proveniente de quatro linhagens;
- f) Híbrido “top cross”: obtido do cruzamento entre híbridos x variedades e entre variedades x linhagens;
- g) Híbrido intervarietal: resultante do cruzamento de duas variedades.

Os híbridos simples, em comparação com os demais, são, teoricamente, mais produtivos, apresentando grande uniformidade de plantas e de espigas. Porém, possuem custo mais elevado, pois são produzidos nas linhagens que, por serem endogâmicas, exibem baixa produtividade (MIRANDA FILHO; VIEGAS, 1987). Os híbridos modernos toleram melhor as altas densidades e os estresses bióticos e abióticos do que os híbridos mais antigos (BÉTRAN; MENZ.; BÄNZIGER, 2004).

Os híbridos simples e triplos de milho representam a maior fatia de opções de sementes híbridas de milho disponíveis no mercado. Considerando todas as cultivares (transgênicas e convencionais) disponíveis na safra 2012/2013, 60,96 % são híbridos simples; 21,50 são híbridos triplos, 10,23% são híbridos duplos e 7,31% são variedades. Predominam as cultivares de ciclo precoce (70,98%), seguidas pelas cultivares de ciclo superprecoce ou hiperprecoce (22,33%). As cultivares de ciclo semiprecoce ou normais representam apenas 6,69% (CRUZ; QUEIROZ; PEREIRA FILHO, 2012).

Os sistemas de produção de milho no Brasil são muito heterogêneos, visto que variam desde cultivo altamente tecnificado ao de subsistência, fato este que explica a baixa produtividade brasileira. No Brasil, a utilização de híbridos está associada ao tamanho da propriedade, à renda per capita do produtor, à infraestrutura e ao investimento na pesquisa; o uso reduzido de híbridos pelos produtores de subsistência está associado, basicamente, ao elevado preço das sementes (ROSINHA, 2000).

2.2 Heterose

Uma das maiores contribuições na história do melhoramento de plantas, sem dúvida, foi a descoberta do fenômeno da heterose, também, conhecido como vigor híbrido. Este fenômeno foi, primeiramente, definido por Shull em

1909 para designar o vigor híbrido manifestado em gerações heterozigotas derivadas de cruzamento entre indivíduos endogâmicos e geneticamente divergentes.

De uma maneira mais simples, a heterose pode ser definida como o comportamento superior de plantas híbridas F_1 , comparado com a média de seus parentais homozigotos para uma mesma característica (FALCONER; MACKAY, 1996).

O fenômeno da heterose, também, é definido como sendo a superioridade do híbrido, comparativamente, com a média dos pais e pode ser observado em diversos caracteres presentes na planta, como altura, produtividade, competitividade, entre outros (DESTRO; MONTALVÁN, 1999).

A heterose pode ser considerada um fenômeno oposto à depressão gerada pela endogamia, resultado de sucessivas autofecundações. Linhas endogâmicas, quando cruzadas, restauram seu vigor e desempenho, reduzidos pelas autofecundações sucessivas (FALCONER, 1987). A heterose tem sido altamente explorada em programas de melhoramento de milho híbrido em todo mundo (SILVA; MIRANDA FILHO, 2003).

Muitas hipóteses têm sido propostas para explicar a ação gênica responsável pela manifestação da heterose. De acordo com Zachary et al. (2006), as duas principais teorias são: (1) dominância, que explica a heterose pelo acúmulo, no híbrido, de alelos dominantes oriundos de ambos os pais. Neste segmento, os alelos recessivos, que são potencialmente deletérios, ficariam ocultos nos heterozigotos obtidos em F_1 e os prejuízos decorrentes da homozigose para esses alelos seriam evitados; e (2) sobredominância, teoria que acredita que o vigor apresentado pelas plantas F_1 é em virtude da ação separada de qualquer um dos alelos em homozigose. A união das duas formas alélicas do heterozigoto é superior à ação separada de qualquer um dos alelos em homozigose.

De acordo com Maluf (2001), as duas teorias não são exclusivas e admite-se que os genes envolvidos tenham um grau médio de dominância diferente de zero, isto é, que a ação gênica não seja exclusivamente aditiva. Segundo o mesmo autor, as interações inter-alélicas (epistasia), também, podem explicar a heterose em alguns cruzamentos.

Outras teorias para explicar o fenômeno da heterose têm surgido ultimamente como: complementação gênica (HOCHHOLDINGER; HOECKER, 2007); e a teoria multiplicativa, onde a heterose é resultado da soma dos efeitos das heteroses presentes em subclasses ou componentes da produção (SCHNELL; COCKERHAM, 1992).

A expressão da heterose depende de genes com algum grau de dominância (parcial, completa ou sobredominância) (FALCONER; MACKAY, 1960), ou seja, a expressão da heterose é função do grau de dominância do(s) gene(s) que controlam o caráter (SILVA; MIRANDA FILHO, 2003). Como exemplo, o fenômeno da heterose para o caráter produtividade de grãos em híbridos de milho é resultado da existência de genes com grau parcial a completo de dominância que controla o caráter e, também, dependente do nível de divergência entre os parentais, ou seja, é necessário que existam diferenças nas frequências alélicas para expressão da heterose (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1995). Estudos desvendam que cruzamentos entre genótipos divergentes, apresentam grande vigor em relação àqueles cruzamentos entre genótipos semelhantes (HALLAUER, 1999). Tal acontecimento transcorre, porque a heterose e a capacidade específica de combinação entre dois parentais dependem da existência de dominância no controle do caráter e da presença de dissimilaridade entre os genótipos (FALCONER; MACKAY, 1960).

Ante a necessidade de divergência genética entre os parentais, faz-se necessário estimar esta para otimizar a escolha das populações com maior heterose. Este procedimento pode ser realizado por meio de medidas de

distâncias genéticas, obtidas considerando padrões enzimáticos, caracteres morfológicos ou fisiológicos associados às medidas multivariadas e análise de *pedigrees* (FUZATTO et al., 2002).

A exploração da heterose é uma das fundamentais causas do sucesso das empresas de sementes, resultante do desenvolvimento de novas e melhores cultivares, que proporcionem alta produtividade e apresentem características favoráveis como resistência a pragas e doenças, melhor arquitetura, em meio a outros atributos favoráveis à produção de grãos (STUBER, 1994).

Entretanto, aumentos na heterose não têm sido os principais responsáveis pelas altas produtividades alcançadas. Em alguns trabalhos têm sido demonstrado que a heterose se manteve constante ao longo dos anos. Dessa forma, o desenvolvimento de híbridos superiores tem sido atribuído ao progresso genético com o melhoramento das linhagens endogâmicas (DUVICK, 2001; TROYER, 2006; TROYER; WELLIN, 2009).

2.3 Obtenção e avaliação de linhagens

O desenvolvimento de híbridos exige do melhorista rigor nos trabalhos de seleção, sobretudo na escolha do germoplasma que melhor atende a seus propósitos. Embora se utilize um número limitado de linhagens, existe uma grande variabilidade genética para caracteres de expressão econômica que pode ser usada nos programas de melhoramento de milho (GAMA et al., 2003).

Em um programa de Melhoramento Genético da cultura do milho, onde se visa à obtenção de híbridos, estão envolvidas pelo menos quatro etapas: a escolha das populações, a obtenção das linhagens, a avaliação da capacidade de combinação das mesmas e o teste extensivo das combinações híbridas obtidas (PATERNIANI; CAMPOS, 1999).

A escolha de populações promissoras, para extração de linhagens, está diretamente relacionada com a obtenção de híbridos superiores. A obtenção de linhagens e o seu comportamento em combinações híbridas (capacidade de combinação), bem como o potencial *per se* é um dos objetivos básicos num programa de melhoramento genético, em consequência de seu emprego na formação de híbridos comerciais (LEMOS et al., 2002).

O emprego de híbridos simples comerciais como fonte de linhagens é uma excelente opção para se iniciar um programa. Esse método é muito utilizado nos Estados Unidos (TROYER, 1999). Por possuírem baixa frequência de genes deletérios e grande proporção de locos favoráveis já fixados, principalmente, para alta produtividade, os híbridos comerciais se mostram promissores para este fim. Ao mesmo tempo, já foram avaliados, em um grande número de ambientes, onde foi selecionado para resistência a pragas e doenças. Assim, inúmeras são as vantagens apresentadas pelas linhagens oriundas de híbridos simples comerciais (BISON; RAMALHO; RAPOSO, 2003; AMORIN; SOUZA, 2005; FERREIRA et al., 2010; LIMA; SOUZA; RAMALHO, 2000).

Segundo Koshima (2009), a obtenção de novas linhagens é uma técnica dominada por muitos, assim sendo, milhares de linhagens podem ser geradas por ano em um programa de melhoramento, porém um número muito reduzido consegue aliar boas características *Per se* à capacidade específica ou geral de combinação, resultando no lançamento de novos híbridos no mercado.

A correlação entre o desempenho das linhagens e de seus respectivos híbridos é muito baixa para ter algum valor preditivo, isto é, não é possível utilizar o desempenho das linhagens “*per se*” para se prever os dos híbridos (HALLAUER; LOPES-PEREZ, 1979; SMITH, 1986; MIHALJEVIC et al., 2005). Deste modo, a avaliação da capacidade combinatória das linhagens é imprescindível para que se obtenham boas combinações, culminando em híbridos de alto desempenho. Neste contexto, os cruzamentos dialélicos

constituem um dos métodos mais aplicados para a obtenção de informações a respeito do desempenho das linhagens em cruzamentos (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1995). Entretanto, o grande número de linhagens a serem avaliadas limita o seu uso (MIRANDA FILHO; GERALDI, 1984).

Para contornar o problema, Davis (1927) propôs o método do *Topcross*, que consiste na avaliação de um grande número de linhagens com um testador comum. A utilização de híbridos simples como testadores é um processo muito empregado, pois permite avaliar um número grande de linhagens e fornecer informações de uso mais imediato (MIRANDA FILHO; VIÉGAS, 1987).

Um questionamento que tem sido feito sobre a utilização dos *Topcross*, desde que foi proposto, refere-se ao testador utilizado. Em programas de melhoramento genético de empresas o uso de híbridos simples ou linhagens elites tem sido amplamente utilizado, por apresentarem uma série de características desejáveis e permite um uso direto de seus resultados, produzindo híbridos simples ou triplos conforme o testador utilizado (SOUZA JUNIOR et al, 2001). Em geral, as correlações envolvendo a seleção das linhagens *Per se* e os *Topcross* tem despertado o interesse de alguns pesquisadores.

Smith (1986) estudou, por meio de simulações, a relação entre linhagens *Per se* e o comportamento dos *Topcross* para examinar as possíveis razões para os baixos valores das correlações. Os resultados indicaram que, para caracteres condicionados por um grande número de locos, mostrando dominância completa, espera-se que as correlações entre linhagens *Per se* e o comportamento dos *Topcross*, sejam menores que 0,5. A baixa correlação entre as linhagens *Per se* e o comportamento dos *Topcross* pode indicar que a quantidade de ação gênica não aditiva está afetando o comportamento dos *Topcross*.

Outros pesquisadores (KOBLE; RINKE, 1963; LONNQUIST; LINDSEY, 1964; DUCLOS; CRANE, 1968; MORERA, 1989; ARIAS;

TAKEDA; SOUZA JÚNIOR, 1994), seguiram outra linha de pesquisa tentando correlacionar progênies endógamas S1 e S2 com seus respectivos *Topcross*, com o intuito de prever, antecipadamente, a produção e outros caracteres agrônômicos. Todos encontraram correlações significativas entre os métodos de avaliação *Per se* e em *Topcross* para as variáveis peso de grãos e altura de planta.

Cabrera (2001), comparando linhagens S3 *Per se* e seus *Topcross*, encontrou correlações baixas e não significativas para o caráter peso de grãos e peso de espigas despalhadas. Contrário ao trabalho anterior, Souza, Santos e Carvalho (2001), trabalhando com famílias S1 e em *Topcross*, encontraram correlações significativas para peso de espigas despalhadas.

Li et al. (2014), estudando a contribuição das linhagens parentais e a heterose em híbridos simples utilizados na China, durante 1964 a 2001, descreveram que a heterose contribui, em média, com 67% para produtividade de grãos e, em ambientes sob stress, a maior contribuição da heterose foi para o peso de espigas.

Outros estudos realizados identificaram valores elevados para correlações entre o desempenho *Per se* e *Topcross* de caracteres que apresentam controle genético do tipo aditivo, contudo, para caracteres que apresentam algum grau de dominância, como exemplo produtividade em milho, apresenta valores intermediários abaixo para a estimativa de correlação. Entretanto, deve-se ressaltar que, em todos os casos, a correlação entre o desempenho *Per se* e em *Topcross* foi positiva (PRADO et al., 2013; GEIGER; GORDILLO; KOCHI, 2013).

Duvick (2005), TroyerWellin (2009), estudando os híbridos de milho utilizados no EUA, chegaram à conclusão de que a heterose, presente nos híbridos, está estabilizada com uma leve tendência de declínio. As melhorias em

produtividades presente nos híbridos atuais é em decorrência de melhorias no desempenho das linhagens parentais.

Como se pode observar, não há um consenso quando se compara o desempenho *Per se* e em *Topcross*, contudo, todas as correlações devem ser interpretadas com cuidado, em função do pequeno número de observações empregadas nas estimativas, não podendo ser extrapoladas para novas populações (LUDERS, 2003).

3 MATERIAIS E MÉTODOS

3.1 População

A população base utilizada para extração das progênes é oriunda do cruzamento das populações “Cristal” e “Tuxpeño”. A população “Cristal” apresenta ótima capacidade geral de combinação, contudo apresenta porte muito alto e grãos com endosperma branco (FUZATTO, 1999). Com base nessa informação, foi realizado o cruzamento e, posteriormente, o retrocruzamento com a população “Tuxpeño”, com o intuito de obter uma população de porte intermediário, com boas capacidades de combinação e apresentar grãos com endosperma amarelo.

Após atingir o equilíbrio, a população foi conduzida pelo método genealógico até a geração $S_{2,3}$. Nessa geração, foram obtidas 168 progênes, as quais foram utilizadas neste trabalho. As sementes obtidas foram divididas em duas partes. Uma foi direcionada à obtenção do *Top cross* e a segunda autofecundada por mais uma geração, obtendo progênes $S_{2,4}$. Esta etapa é de grande importância, pois as sementes apresentaram a mesma idade fisiológica no experimento de avaliação.

3.2 Obtenção das progênes

Na safra 2011/2012 foram obtidas as combinações híbridas em esquema *Topcross*, utilizando 168 progênes $S_{2,3}$, esta etapa foi realizada no Centro de Desenvolvimento Tecnológico em Agropecuária da UFLA. Como testador, foi utilizada a linhagem “WJ”. Esta linhagem é oriunda do programa de Genética e Melhoramento do milho da UFLA e possui desempenho superior quanto à

produtividade de grãos e outros caracteres, sendo esta não relacionada com a população que originou as progênies.

O campo, para obtenção dos *Topcross*, foi disposto de acordo com o método Irlandês (PATERNIANI; CAMPOS, 1999), com uma linha de macho (testador) para quatro de fêmeas (progênies). As linhas do testador foram semeadas em três épocas, para que existisse disponibilidade de pólen, durante um período maior, coincidindo com o florescimento de todas as progênies. As linhas femininas (Progênies) foram emasculadas na fase de emborrachamento.

Simultaneamente foi semeado um campo com as mesmas 168 progênies $S_{2.3}$ na Universidade Federal de Lavras, as quais foram autofecundadas para obtenção da geração $S_{2.4}$, as quais foram utilizadas nas avaliações *Per se* das progênies.

[F1] Comentário: inserir um texto logo após este subtítulo ou retira-lo

3.3 Avaliações das progênies

3.3.1 Locais

As avaliações foram realizadas em dois locais, na Fazenda Xavier pertencente à Senhora no município de Lavras e na fazenda experimental da EPAMIG situada no município de Lambari-MG.

3.3.2 Delineamento experimental

Os experimentos, para avaliação das 168 progênies, foram instalados em blocos casualizados (DBC), em faixas com três repetições, segundo metodologia proposta por Gomes (2009). As parcelas foram constituídas de duas linhas de seis metros espaçadas, em 0.6 metros entrelinhas, com quatro plantas por metro

após o desbaste. Cada subparcela foi constituída de duas linhas de três metros, sendo a distância entre as faixas de 0.5 metros. Na primeira faixa foram colocadas as progênies do *Topcross* e na outra a progênie corespondente $S_{2;4}$. Na faixa destinada aos *Topcross*, foi utilizado o híbrido simples GNZ-9501, pertencente à empresa Geneze Sementes como testemunha, a linhagem “WJ” foi utilizada como testemunha na avaliação das progênies $S_{2;4}$, sendo esta a mesma linhagem utilizada como testadora no *Topcrosss*.

Os tratos culturais, realizados nos experimentos, foram os mesmos recomendados para a cultura na região.

3.3.3 Caráter avaliado

- **Produtividade:** peso de espigas despalhadas em kg.parcela⁻¹. Os dados referentes a esta característica foram corrigidos para a umidade padrão de 13%, utilizando a seguinte expressão:

$$P_{13} = \frac{Pc(100 - U)}{87}$$

P_{13} : é o peso de espigas despalhadas corrigido para a umidade padrão de 13%;

PC: é o peso de espigas da parcela;

U: é a umidade dos grãos na ocasião da pesagem das espigas, em porcentagem.

Para a obtenção da umidade dos grãos, foram amostradas as parcelas de uma repetição no momento da pesagem.

[F2] Comentário: idem anterior

3.4 Análise dos dados

3.4.1 Análise da variância

Os dados obtidos de todas as características por local foram submetidos à análise da variância utilizando o seguinte modelo:

$$Y_{ijkq} = m + r_{j(k)} + t_q + l_k + p_i + rt_{qj} + pr_{ij(k)} + pt_{iq} + pl_{ik} + tl_{qk} + rt_{qj(k)} + ptl_{iqk} + ptr_{ijj(k)}$$

Y_{ijkq} : é a observação da progênie i , do tipo q , na repetição j no local k ;

m : é a média geral;

$r_{j(k)}$: é o efeito da repetição j ($j = 1, 2, 3$), no ambiente k ;

l_k : é o efeito do local k ($k = 1, 2$);

t_q : é o efeito do tipo q (*Topcross* ou $S_{2:4}$);

p_i : é o efeito da progênie i ($i = 1, 2, \dots, 169$);

pt_{iq} : é a interação da progênie i com o tipo q ;

pl_{ik} : é a interação da progênie i com o local k ;

tl_{qk} : é a interação do tipo q com o local k ;

rt_{qj} : é o erro experimental associado à parcela que recebeu o tipo q , na repetição j ;

$pr_{ij(k)}$: é o erro experimental associado à parcela que recebeu a progênie i , na repetição j no ambiente k ;

ptl_{iqk} : é o erro experimental associado à parcela que recebeu a progênie i , do tipo q , no local k .

$ptr_{ijj(k)}$: é o erro associado à parcela que recebeu a progênie i , do tipo q , na repetição j dentro do ambiente k .

As médias dos tratamentos foram agrupadas utilizando o teste Scott Knott (1974), segundo metodologia descrita em Ramalho et al.,(2012)

3.4.2 Correlações de Pearson

O grau de associação entre o desempenho de uma progênie em *Topcross* e *Per se* ou do *Topcross* x Heterose, foi avaliado utilizando a estimativa de correlação de Pearson (r). Este coeficiente varia de -1 a 1, o sinal indica a direção positiva ou negativa da relação entre as características e o valor sugere a força da relação entre as variáveis (FIGUEIREDO FILHO; SILVA JUNIOR, 2010).

3.4.3 Heterose (%)

Para se ter uma heterose diretamente comparável, esta foi estimada com base na diferença do desempenho de cada *Topcross* com a média *Per se* de todas as 168 progênies, segundo a expressão a seguir:

$$h_i = \frac{[(m)_{Topcrossi} - m]}{m_{Topcrossi}}$$

h_i = heterose relativa ao *Topcross* “ i ” em %;

$m_{Topcrossi}$ = média do *Topcross* “ i ”;

m = média de todas as progênies *Per se*.

3.4.4 Componentes da variância

Para estimar os componentes de variância genéticos e fenotípicos, foram considerados os efeitos do erro e de progênies sempre como aleatórios e de

locais e médias fixos, utilizando metodologias propostas por Ramalho et al. (2012). Mesmo utilizando o método genealógico para obtenção das progênies, estas foram consideradas aleatórias, pelo grande número de progênies utilizadas e a baixa eficiência da seleção visual, durante o avanço de gerações, concluindo que as progênies representam a população em estudo.

O erro associado a estimativas de variância genética foram estimados com base nas metodologias relatadas por Snedecor e Cochran (1980); Barbin (1993).

$$LI = \frac{nt\sigma_T^2}{\chi^2_{nt,0.975}}$$

$$LS = \frac{nt\sigma_T^2}{\chi^2_{nt,0.025}}$$

LI = limite inferior;

LS = limite superior;

nt = número de graus de liberdade associado à estimativa da variância genética de tratamentos;

σ_T^2 = variância genética de tratamentos;

χ^2 = qui-quadrado tabelado.

O valor de nt foi obtido pelo método de Satterthwaite, empregado para calcular o número de graus de liberdade, associado a uma estimativa de variância, obtida da combinação linear de dois quadrados médios, referentes a duas fontes de variação, com números de graus de liberdade conhecidos (BARBIN, 1993).

$$r_{11} = \frac{[(QM)_T - QM_{ERRO}]^2}{\frac{QM_T^2}{f_1} + \frac{QM_{ERRO}^2}{f_2}}$$

QM_T = quadrado médio de tratamentos;

QM_{ERRO} = quadrado médio do erro (análise por local), da interação (conjunta).

f_1 = número de graus de liberdade de tratamentos;

f_2 = número de graus de liberdade do erro (análise por local), da interação (conjunta).

3.4.5 Herdabilidade

A estimativa de herdabilidade foi realizada, com base na variância entre as progênes, obtidas baseando-se nas esperanças dos quadrados médios das análises da variância individuais. Para a estimativa na análise conjunta, quando foram considerando os dois locais, a variância de progênie foi obtida considerando a covariância entre as médias de progênes dos dois locais (RAMALHO et al., 2012). A estimativa da herdabilidade foi estimada segundo o estimador a seguir:

$$h^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2}$$

Em que:

h^2 - estimativa da herdabilidade;

σ_G^2 - variância genética;

σ_F^2 - variância fenotípica.

O erro associado à estimativa da herdabilidade foi estimado com base na expressão de Knapp et al. (1985). Esta expressão fornece o limite inferior (LI) e o limite superior (LS) de um intervalo de confiança, com um nível (α) pré-estabelecido de probabilidade (RAMALHO et al., 2012). Segundo a expressão a seguir:

$$LI = \left\{ 1 - \sqrt{\left[\frac{Q_1}{Q_2} F_{1-\alpha/2}(GL_2; GL_1) \right]} \right\}$$

$$LS = \left\{ 1 - \sqrt{\left[\frac{Q_1}{Q_2} F_{\alpha/2}(GL_2; GL_1) \right]} \right\}$$

LI - limite inferior;

LS - limite superior;

Q_1 - quadrado médio de tratamentos;

Q_2 - quadrado médio do erro (análise individual), quadrado médio da interação Progênes x Locais (análise conjunta);

GL_1 - graus de liberdade associados a tratamentos;

GL_2 - graus de liberdade associados ao erro (análise individual), associado à interação Progênes x Locais (análise conjunta).

3.4.6 Herdabilidade realizada (h_r)

As estimativas da herdabilidade realizada (h_r) foram obtidas, semelhantes a metodologias propostas por Ramalho et al. (2012), quando se

realiza a seleção em uma geração e deseja-se verificar o ganho obtido na geração posterior, segundo a equação a seguir:

$$h_{\text{r}}^{\text{r}} = \frac{(m_0 - m_s) / m_0}{(M_0 - M_s) / M_0}$$

h_{r}^{r} - estimativa da herdabilidade realizada;

m_0 - média original das progênes na avaliação *Per se* ou *Topcross*, em que foi realizada a seleção, em kg/parcela;

m_s - média das progênes selecionadas na avaliação *Per se* ou *Topcross*, em que foi selecionado em kg/parcela;

M_0 - média original das progênes na avaliação *Per se* ou *Topcross*, onde não se realizou a seleção.

M_s - média das progênes que foram selecionados na avaliação *Per se* ou *Topcross*, onde não se realizou a seleção.

4 RESULTADOS

O resumo da análise das variâncias das progênes, independente da origem, avaliadas em Lavras e em Lambari, mostra que a acurácia pode ser considerada de média a alta. Detectaram-se diferenças significativas ($P \leq 0.01$) entre progênes somente para o local Lambari (Tabela 1A).

A análise conjunta apresentou boa precisão, com estimativas para acurácia acima de 0,71, em todos os casos, exceto para a interação tripla “Tipos x Locais x Progênes (TxLxP)”, onde foram observados valores para essa estimativa de 0,56. Observaram-se diferenças significativas ($P \leq 0.001$), para todas as fontes de variação, na análise conjunta dos dois ambientes. O quadrado médio da fonte de variação “Tipos (T)” foi significativo ($P \leq 0.01$), indicando a ocorrência de heterose média expressiva do *Topcross*, em relação à média das progênes *Per se*. Também foi significativa ($P \leq 0.01$) a interação “Tipos x Progênes (T x P)”, indicando que a magnitude da heterose variou entre as progênes (Tabela 1).

A interação “Tipos x Locais (T x L)” foi significativa ($P \leq 0.01$), indicando que a heterose média não foi coincidente nos dois locais. Esse fato pode ser comprovado, por meio das estimativas de heterose por local, que evidência a variação na magnitude entre as progênes (Figura 3A).

Como ocorreram diferenças significativas ($P \leq 0.01$) entre progênes e a interação “Tipos x Progênes (T x P)”, optou-se por realizar outra análise das variâncias envolvendo cada tipo de progênie (Tabela 2). A fonte de variação progênie foi novamente significativa tanto em *Per se* como no *Topcross*. A existência de variação entre os dois tipos de progênes fica bem evidenciado na distribuição de frequência apresentada nas Figuras 1A e 2A. De modo análogo, as comparações das médias, por meio do teste Scott e Knott (1974), também, comprovam a existência de variação entre as progênes, principalmente,

considerando o desempenho *Per se*, em que as progênies foram agrupadas em um maior número de classes (Tabela 6).

[F3] Comentário: conferir chamada

Tabela 1 Resumo das análises da variância conjunta, da produtividade de grãos em kg/parcela. Dados de avaliação de progênies *Topcross* e *Per se* de milho nos dois locais de avaliação, safra 2012/2013

FV	GL	QM	Acurácia
Progênies (P)	168	1.8683**	0.79
Erro A	672	0.691	
Tipos (T)	1	3852.9103**	0.99
Erro B	4	2.002	
Locais (L)	1	921.2285**	0.99
T x P	168	1.2658**	0.81
L x P	168	0.8914**	0.71
T x L	1	82.276**	0.99
T x L x P	168	0.6408**	0.56
Erro C	672	0.44	
Média (Kg/parcela)		3.23	

^{ns}, ^{**} e ^{*}: não significativo, significativo a 5% e significativo a 1%, respectivamente pelo teste F.

A existência de variação entre as progênies pode, também, ser constatada, por meio das estimativas da variância genética, entre as progênies (VG) e a estimativa de herdabilidade (h^2). É oportuno salientar que as estimativas de VG e h^2 foram mais expressivas entre as progênies *Per se*. No caso do *Topcross*, além das estimativas de h^2 serem inferiores as apresentadas para *Per se*, em Lavras e na análise conjunta, o limite inferior da estimativa foi negativo, permitindo inferir que ela pode ser nula (Tabela 3).

[F4] Comentário: Conferir a chamada

Tabela 2 Resumo das análises da variância conjunta, por tipo, da produtividade de grãos em kg/parcela. Dados de avaliação de progênies *Topcross* e *Per se* de milho em dois ambientes. Safra 2012/2013

FV	GL	QM		Acurácia	
		<i>Per se</i>	<i>Topcross</i>	<i>Per se</i>	<i>Topcross</i>
Locais (L)	1	226**	777**	0.99	0.99
Progênies (P)	168	2.02**	1.10*	0.81	0.49
L x P	168	0.68**	0.84*	0.60	0.43
Erro	672	0.44	0.68		
Média (Kg/parcela)		1.8587	4.6155		

^{ns}, ** e * : não significativo, significativo a 5% e significativo a 1% respectivamente pelo teste F.

Embora fosse observada interação significativa “Tipo x Local (T x L)” (Tabela 1), a magnitude da heterose média foi bem semelhante nos dois locais (Tabela 3). Constata-se, também, que a amplitude de variação na estimativa de heterose, dentro de um mesmo ambiente, ou na média dos dois ambientes não foi grande. Observe que a heterose média dos dois ambientes foi de 59,4% e a amplitude de variação de 19%, isto é, 32% da estimativa de heterose média.

Pelo resumo da análise da variância conjunta por tipo, *Topcross* e *Per se*, observam-se diferenças significativas ($P \leq 0,05$) dos quadrados médios da fonte de variação “Locais (L)”, como já mencionado. As fontes de variações “Progênies (P)” e a interação “Progênies x Locais (P x L)”, foram, também, significativas Tabela 2. A existência de diferenças entre as progênies, com base nas médias da conjunta, tanto para *Per se* como em *Topcross* pode ser comprovada pelas Figuras 1A e 2A. Independente do tipo de progênies, a média do experimento em Lavras foi superior ao obtido em Lambari, Tabela 3.

Tabela 3 Estimativas de herdabilidade (h^2), variância genética (VG), média em kg/parcela e heterose em %. Dados de avaliações de progênies *Topcross* e *Per se* de milho em dois ambientes. Safra 2012/2013

		h^2	VG	Média	Heterose %
Lambari	Topcross	0.49 (0.33 - 0.60)	0.17 (0.11 - 0.29)	3.74 (2.18 - 6.34)	57.13%
	Per se	0.71 (0.61 - 0.77)	0.20 (0.15 - 0.28)	1.38 (0.25 - 3.02)	(43.94 % - 67.12 %)
Lavras	Topcross	0.07 (-0.21 - 0.28)	0.02 (0.004 - 0.2179)	5.49 (4.16 - 7.09)	62.15%
	Per se	0.66 (0.55 - 0.73)	0.41 (0.29 - 0.58)	2.33 (0.65 - 5.00)	(36.69 % - 78.24 %)
Conjunta	Topcross	0.24 (-0.03 - 0.43)	0.04 (0.01 - 0.30)	4.62 (3.66 - 5.83)	59.35%
	Per se	0.66 (0.54 - 0.74)	0.22 (0.16 - 0.32)	1.86 (0.45 - 3.95)	(49.29 % - 68.08%)

A variância genética foi diferente de zero em todos os casos. Em geral, as estimativas de variância genética, obtidas para as médias *Per se*, foram superiores às dos *Topcross*, entretanto, deve-se ressaltar, exceto para as estimativas de Lavras, que os intervalos de confiança se sobrepõem, podendo essas estimativas serem iguais (Tabela 3).

Em todos os casos as herdabilidades estimadas, para as avaliações *Per se*, foram superiores às obtidas para os *Topcross*. A estimativa de herdabilidade em Lambari foi superior à encontrada em Lavras, contudo, como os limites se sobrepõem para estas estimativas, as mesmas podem assumir valores inferiores, iguais ou superiores (Tabela 3). A existência de interação “Tipo x Progênie (T x P)”, detectada na análise da variância Tabela 1, também, pode ser observada nas estimativas da herdabilidade realizada (Tabela 4), principalmente, quando foi considerada a seleção entre as progênies *Per se* e o ganho no *Topcross*. Deve-se enfatizar que, quando a seleção foi realizada no *Topcross* e o ganho no *Per se*, a herdabilidade realizada foi alta em especial em Lavras e na conjunta. Este

resultado reflete a baixa variação dos *Topcross*, a qual está presente no denominador da fórmula desta estimativa, elevando a magnitude da mesma. Se for considerado este último caso, a interação não seria expressiva.

As estimativas da correlação entre a heterose e a média do *Topcross*, como era esperado, foi positiva e alta em todos os casos. Já a correlação entre as médias dos *Topcross* e as *Per se*, embora significativa, foram de pequena magnitude e sempre positivas (Tabela 5).

Tabela 4 Estimativas das herdabilidades realizadas, quando se seleciona pelo desempenho *Per se* ou *Topcross*, para as médias por ambiente e na análise conjunta.

Herdabilidades realizadas		Estimativas
Lambari	Selecionadas <i>Per se</i> / <i>Topcross</i>	0.04
	Selecionadas <i>Topcross</i> / <i>Per se</i>	0.43
Lavras	Selecionadas <i>Per se</i> / <i>Topcross</i>	0.04
	Selecionadas <i>Topcross</i> / <i>Per se</i>	0.80
Conjunta	Selecionadas <i>Per se</i> / <i>Topcross</i>	0.03
	Selecionadas <i>Topcross</i> / <i>Per se</i>	1.00

Tabela 5 Estimativas das correlações de Pearson, para as médias de produtividade em kg/parcela do desempenho *Topcross* e *Per se* das progênies e a heterose em porcentagem.

Lambari	<i>Topcross</i> / <i>Per se</i>	0.22**
	<i>Per se</i> /Heterose	0.21**
	Heterose/ <i>Topcross</i>	0.96**
Lavras	<i>Topcross</i> / <i>Per se</i>	0.17*
	<i>Per se</i> /Heterose	0.18*
	Heterose/ <i>Topcross</i>	0.99**
Conjunta	<i>Topcross</i> / <i>Per se</i>	0.20**
	<i>Per se</i> /Heterose	0.19**
	Heterose/ <i>Topcross</i>	0.99**

Tabela 6 Resumo do teste de agrupamento de médias Scott Knott 5%, para caráter produtividade em kg/parcela, das médias por local e conjunta

		Número de Progenies	Limite Superior (kg/Parcela)	Limite Inferior (kg/Parcela)	Classes
Lambari	Topcross	1	6.34	6.34	a
		22	5.3	4.39	b
		55	5.34	3.79	c
		91	3.76	2.18	d
	Per se	8	3.02	2.54	a
		9	2.42	2.13	b
		58	2.06	1.44	c
		49	1.43	1	d
	75	0.98	0.25	e	
Lavras	Topcross	99	7.09	5.42	a
		70	5.37	4.16	b
	Per se	5	5	4.28	a
		9	4.11	3.58	b
		40	3.47	2.59	c
		60	2.56	1.9	d
	55	1.88	0.65	e	
Conjunta	Topcross	80	5.83	4.64	a
		89	4.63	3.67	b
	Per se	3	3.95	3.75	a
		9	3.15	2.78	b
		57	2.65	1.96	c
	100	1.92	0.45	d	

5 DISCUSSÕES

Segundo Stork, Ribeiro e Cargnelutti Filho (2011), a confiabilidade das inferências e conclusões, obtidas em experimento, está intimamente ligada à precisão do mesmo. Dentre as medidas de precisão, o coeficiente de variação experimental (CV) é a estatística, tradicionalmente, usada (GOMES, 2009; OLIVEIRA et al., 2009; RAMALHO et al., 2012). A utilização do CV, como medida de precisão experimental, tem sido contestada nos últimos anos (CARGNELUTTI FILHO; STORK, 2009).

O CV é diretamente relacionado com a variância residual e a média do caráter, não sendo uma boa medida de precisão. Outras estatísticas como, por exemplo, a acurácia, que é uma medida da correlação entre os valores genéticos estimados e os verdadeiros, constitui uma medida ideal de precisão (CARGNELUTTI FILHO; STORK, 2007; CARGNELUTTI FILHO; STORK, 2009; CARGNELUTTI FILHO; STORK; RIBEIRO, 2009; REZENDE; DUART, 2007).

A estimativa da acurácia é de grande importância, quando se avaliam híbridos e ou linhagens. Sua estimativa varia de 0 a 1, quanto mais próximo da unidade, maior será a correlação entre o valor genético verdadeiro e seu fenótipo e, conseqüentemente, maior é a precisão experimental. Contudo, só se atribui significado se os tratamentos avaliados são diferentes, ou seja, o teste F for significativo. Caso os tratamentos não difiram, a estimativa da acurácia será de pequena magnitude, no entanto, não significa que o experimento apresentou baixa precisão.

Os experimentos apresentaram boa precisão, avaliado pelas estimativas da acurácia, que foram de média à alta magnitude (REZENDE; DUART, 2007). Deve-se ressaltar que, em todos os casos, as avaliações *Per se* se mostraram

mais precisas quando comparadas com os *Topcross*. A maior precisão nas avaliações *Per se* pode ser explicada porque a variação entre as progênies $S_{2:4}$ foi maior do que entre os *Topcross*. Esta diferença pode ser justificada pelo efeito do testador utilizado, o qual pode apresentar alta frequência de alelos favoráveis em sua constituição genética, reduzindo as diferenças presentes nas progênies, quando avaliadas em cruzamentos.

Considerando que nos dois locais o manejo e a época de semeadura foram semelhantes, a diferença no desempenho médio das progênies (Tabela 3) deve ser atribuída a diferenças de fertilidade nos dois locais. Como ocorreram diferenças entre as progênies, tanto endogâmicas como no *Topcross*, e dos ambientes, esse fato contribui para que as interações progênies x ambientes e tipos x ambientes fossem significativas. A ocorrência de interação genótipos x ambientes, na cultura do milho na região, é, frequentemente, relatada na literatura (RIBEIRO; ALMEIDA, 2011).

Como era esperada, a magnitude da interação Progênies x Locais foi maior na avaliação *Per se*. Como foram utilizadas progênies em gerações avançadas, a endogamia presente reduz várias características que conferem estabilidade e adaptabilidade nas mesmas, resultando em plantas mais sensíveis a mudanças de solo, água, pragas entre outros. Por outro lado, quando as mesmas foram avaliadas em *Topcross*, a heterose conferiu maior estabilidade. Concluindo, genótipos heterozigóticos são menos influenciados pelas variações do ambiente do que os genótipos homozigóticos (RAMALHO et al. 2012).

Este fato foi relatado no trabalho realizado por Li et al. (2014), onde foi comparado o desempenho de linhagens e seus respectivos híbridos em cinco locais. Geiger, Gordillo e Koch (2013), estudando a correlação entre haploides, duplo haploides e *Topcross*, encontraram valores para interação Genótipos x Ambientes altamente significativa para todas progênies avaliadas, contudo, os

Formatado: Fonte: 11 pt, Não Realce

autores relatam que estas mostram-se mais expressivas nos haploides e duplo haploides.

Como a interação Tipos x Locais foi significativa, pode-se inferir que a estimativa de heterose média não foi consistente nos dois locais. Contudo, não foi encontrada na literatura nenhuma referência a esse respeito.

Embora a interação tipos x locais fosse significativa, a estimativa da heterose média foi muito semelhante nos dois locais. Na média foi de 59,35%. Na literatura, a estimativa da contribuição da heterose é muito variada. A contribuição da heterose na produtividade de híbridos, utilizados nos EUA, variou de 50 a 65% Duvick (1999) e 51 a 61,5% Troyer (2006). Li et al. (2014), em seu trabalho, encontraram contribuição de 67% da heterose para híbridos utilizados na China, contudo, os autores relatam que esta estimativa pode estar inflacionada, pois o desempenho das linhagens foi muito afetado por condições ambientais adversas. Como estes autores preconizam, a heterose presente nos híbridos atuais está estabilizada com uma leve tendência de declínio e o aumento em produtividade, obtido nos híbridos atuais, é em decorrência da melhoria nas linhagens parentais.

Deve ser ressaltado que, neste trabalho, a heterose por progênie foi estimada tendo como referência a média de todas as progênies *Per se*. Nessa condição, a comparação entre elas é mais fidedigna. Constatou-se que a interação tipos x progênies foi significativa em todas as condições. Esse resultado indica que a heterose variou entre as progênies. Contudo, a magnitude de variação não foi muito expressiva, na média dos dois locais foi de 49,3% a 68,1% (Tabela 3).

A estimativa da heterose (h) é função da divergência entre os genitores e a presença de dominância, ou seja, $h = d*Y^2$ (FALCONER; MAKAY, 1987). Considerando que estejam segregando os mesmos locos, a contribuição do “ d ”

deve ser semelhante, assim a diferença na heterose deve ser atribuída à divergência genética do testador com cada uma das progênieis.

A variação entre os *Topcross*, a qual reflete diferenças nas estimativas da heterose, depende da existência de variação entre as progênieis *Per se*, o que foi comprovado neste trabalho (Tabela 6) e, também, da constituição genética do testador. Quanto menor a frequência dos alelos favoráveis no testador, maior a discriminação das progênieis (VENCOVSKY, 1987). O testador utilizado foi uma linhagem do programa de melhoramento que apresenta bom desempenho *Per se*, ou seja, deve apresentar grande número de locos com alelos favoráveis fixados, " $p=1$ ". Como a diferença na heterose não foi expressiva, pode-se inferir que as progênieis, também, possuíam locos semelhantes em termos de constituição gênica ao testador, ou que, nos locos em que ocorria divergência com o testador, a contribuição do " d ", presença de dominância, foi pequena.

As estimativas de correlação, obtidas das médias das progênieis *Per se* com a média dos *Topcross* e a heterose, como era esperado, foi baixa. O caráter produtividade de grãos é controlado por ação gênica predominantemente não aditiva, justificando as baixas estimativas para essas correlações. Por outro lado, como foi utilizada uma linhagem melhorada como testadora, ou seja, que apresenta alta frequência de alelos favoráveis, esta reduz a variância genética nos *Topcross* resultando em correlações sempre inferiores a 0,5 (SMITH, 1986). Estimativas de correlações que corroboram com este trabalho são encontradas na literatura (HALLAUER; LOPES PEREZ, 1979; GEIGER; GORDILLO; KOCH, 2013); MIHALJEVIC et al., 2005; LI et al., 2014).

A média de um *Topcross* (i) é função da média da progênie "i" e do testador mais a heterose entre eles (BERNARDO, 2010). Como a correlação, embora positiva, foi baixa, pode-se inferir que a heterose apresentou participação expressiva no desempenho do *Topcross*, o que foi realmente observado, na média dos locais, a heterose contribuiu com 59,35% do

desempenho da progênie *Topcross*. Já a correlação entre a média *Per se* da progênie e a heterose, é imprevisível, pois como já mencionado, a heterose depende da divergência genética em relação ao testador. Se essas correlações, anteriormente comentadas, fossem altas e negativas, poderia inferir que as progênies, com menor média, iriam divergir mais do testador e, conseqüentemente, a heterose seria maior. Contudo, se essas fossem altas e positivas, necessariamente uma progênie com maior média iria divergir mais do testador e, conseqüentemente, maior heterose, fato este que não ocorreu.

Como a correlação do desempenho *Per se* da progênie com a média do *Topcross* e da heterose foi desprezível ou nula, este fato é uma condição favorável para o melhorista. Pois, assim, não há restrição em se obter bons híbridos, considerando linhagens que apresentem maior produtividade de grãos, o que é altamente desejável no processo de produção comercial de sementes híbridas (HALLAUER; MIRANDA, 1988; BEKAVAC; PURAR, JOCKOVIC, 2008). Desse modo, a estratégia de obtenção de híbridos que é comum a todas as empresas atualmente (DUVICK., 2005), poderia ser alterada, como Troyer e Wellin (2009), também, ressaltam, ou seja, seria importante avaliar o desempenho *Per se* das progênies endogâmicas e só avaliar a capacidade de combinação, por meio de *Topcross*, no final do processo, nesse caso apenas com as melhores progênies *Per se*.

Deve-se ressaltar que, com o incremento no uso de duplo haploide nos programas de híbridos de milho (GEIGER, 2009; CHANG; COE JÚNIOR, 2009; GEIGER; GORDILLO, 2009), esse fato tem se concretizado não intencionalmente, mas, sim, por necessidade de reduzir o número de linhagens, levando somente linhagens que apresentam bom desempenho para avaliações em *Topcross*.

Um fato adicional favorável à seleção *Per se* das progênies antes de avaliadas em *Topcross* é que a herdabilidade para a seleção *Per se* foi superior.

As estimativas obtidas de variância genética e herdabilidade foram, significativamente, superiores na avaliação *Per se*, considerando os dois ambientes e na conjunta. Segundo Smith (1986), a utilização de um testador com desempenho superior reduz a variância genética nos *Topcross*. Outros autores, também, encontraram resultados semelhantes em experimentos de campo, avaliando linhagens e híbridos, como os realizados por Clucas; Hallauer (1986); Mihaljevic' et al. (2005); Geiger, Gordillo e Koch (2013); Griffing (1975); Gallais (2009). Contudo, os autores comentam que maiores valores de variância genética, para progênies endogâmicas, podem não resultar em altas estimativas de herdabilidade em razão de altos erros associados e/ou pronunciado efeito da interação Genótipos x Ambientes.

No presente trabalho, o desempenho *Per se* das progênies teve efeito pronunciado da interação Genótipos x Ambientes em comparação aos *Topcross*, contudo o erro associado às estimativas da variância genérica desta avaliação foi menor, e, também, vale ressaltar que as estimativas de herdabilidade para a avaliação *Per se* foi superior a do *Topcross* na análise conjunta.

Estes resultados demonstram dois aspectos importantes para que o melhoramento de milho seja bem sucedido. Em primeiro lugar, quando se visa à melhoria do desempenho híbrido, deve-se focar em obter linhagens superiores, que apresentem boa produtividade. Em segundo lugar, o sucesso, também, depende de se ter populações que apresentem boa variabilidade, de onde se possam extrair linhagens superiores, e que estas sejam divergentes, possuindo boa complementaridade quando combinadas.

6 CONCLUSÕES

A correlação entre o desempenho *Per se* e em *Topcross* é de baixa magnitude e positiva, concluindo-se que é possível selecionar progênes com bom desempenho *Per se* e que apresentem desempenho superior em *Top cross*.

A seleção das progênes endogâmicas, com base em seu desempenho *Per se*, deve ser realizado antes da avaliação *Topcross*,

REFERÊNCIAS

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blücher, 1971.

ALVES, F. E.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; SANTOS, F. M. da C. Potencial de híbridos comerciais de milho para obtenção de linhagens em programas de melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 40, n. 3, p. 304-311, jul./set.2010.

AMORIM, E. P.; SOUZA, J. C. Híbridos de milho inter e intrapopulacionais obtidos a partir de populações S0 de híbridos simples comerciais. **Bragantia**, Campinas, v. 64, n. 4, p. 561-567, 2005.

ARIAS, C. A.; TAKEDA, C.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Correlações fenotípicas das linhas S1 e seus testcrosses nas populações de milho BR-105 e BR-106. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 20., 1994, Goiânia. **Resumos...** Goiânia: ABMS, 1995. p. 73.

BARBIN, D. **Componentes de variância: teoria e aplicações**. Piracicaba: FEALQ, 1993.

BEKAVAC, G.; PURAR, B.; JOCKOVIĆ, Đ. Relationships between line per se and testcross performance for agronomic traits in two broad-based populations of maize. **Euphytica**, Wageningen, v. 162, n. 3, p. 363-369, Aug. 2008.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2nd. ed. Minnesota: Stemma Press, 2010.

BETRÁN, F. J.; MENZ, M.; BÄNZIGER, M. Corn Breeding. In: SMITH, C. W. (Ed.). **Corn: origin, history, technology and production**. New Jersey: John Wiley & Sons, 2004. p. 305-399.

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.

BISON, O.; RAMALHO, M. A. P.; RAPOSO, F. V. Potencial de híbridos simples de milho para a extração de linhagens. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 27, n. 2, p. 348-355, mar./abr. 2003.

CABRERA, A. C. **Uso de linhagens parcialmente endogâmicas S3 para a produção de híbridos simples de milho.** 2001. 123 p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" – Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Estatísticas de avaliação da precisão experimental em ensaios de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 1, p. 17-24, jan. 2007.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L. Medidas do grau de precisão experimental em ensaios de competição de cultivares de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 2, p. 111-117, fev. 2009.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; RIBEIRO, N.D. Medidas da precisão experimental em ensaios com genótipos de feijão e de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 10, p. 1225-1231, out. 2009.

CHANG, M.-T.; COE JÚNIOR, E. H. Doubled haploids. In: KRIZ, A. L.; LARKINS, B. A. (Ed.). **Molecular genetic approaches to maize improvement.** Berlin: Springer Heidelberg, 2009. p. 127-142.

CLUCAS, C. P.; HALLAUER, A. R. Selection among and within S1 lines of maize on S2 line and testcross performance. **The Proceedings of the Iowa Academy of Science**, Iowa, v. 93, n. 4, p. 178-183, 1986.

CROW, J. F. Alternative hipótesis of hybrid vigor. **Genetics**, Austin, v. 33, n. 5, p. 477-487, Sept. 1948.

CRUZ, J. C.; QUEIROZ, L. R.; PEREIRA FILHO, I. A. **Milho: cultivares para 2012/2013.** Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2013. Disponível em: <**Erro! A referência de hiperlink não é válida.**>. Acesso em: 15 abr. 2013.

DARRAH, L. L.; MCMULLEN, M. D.; ZUBER, M. S. Breeding, genetics, and seed corn production. In: WHITE, P. J.; JOHNSON, L. A. (Ed.). **Corn: chemistry and technology.** 2. ed. Saint Paul: American Association of Cereal Chemists, 2003. p. 35-51.

DARWIN, C. **The effects of cross-and self-fertilization in the vegetable kingdom.** New York: Appleton and Company, 1877.

DAVIS, R. L. Report of the plant breeder. **Annual Reports**, Porto Rico, p.14-15, 1927.

DESTRO, D.; MONTALVÀN, R. **Melhoramento genético de plantas**. Londrina: Editora da UEL, 1999.

DUCLOS, L. A.; CRANE, P. L. Comparative performance of top crosses and S1 progeny for improving populations of corn (*Zea mays* L.). **Crop Science**, Madison, v. 8, n. 2, p. 191-194, mar./abr. 1968.

DUVICK, D. N. Biotechnology in the 1930s: the development of hybrid maize. **Nature Reviews Genetics**, Austin, v. 2, n. 1, p. 69-74, 2001.

DUVICK, D. N. Heterosis: feeding people and protecting natural resources. In: COORS, J. G.; PANDEY, S. (Ed.). **The genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison: ASA, 1999. p. 19-29.

DUVICK, D. N. The contribution of breeding to yield advances in maize (*Zea mays* L.). **Advances in agronomy**, San Diego, v. 86, p. 83-145, 2005.

DUVICK, D. N., SMITH, J. S. C., COOPER, M. Long-term selection in a commercial hybrid maize breeding program. **Plant Breeding Reviews**, v. 24, n. 2, p. 109-152, 2004.

ELIAS, H. T.; CARVALHO, S. P.; ANDRE, C. G. M. Comparação de testadores na avaliação de famílias S₂ de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 6, p. 1135-1142, 2000.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 2. ed. London: Longman, 1987.

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

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. London: Longman, 1960.

FARNHAM, D. E. Corn perspective and culture. In: WHITE, P. J.; JOHNSON, L. A. (Ed.). **Corn: chemistry and technology**. 2 ed. Saint Paul: American Association of Cereal Chemists, 2003. p. 1-7.

FERREIRA, E. A. et al. Potencial de híbridos comerciais de milho para obtenção de linhagens em programas de melhoramento. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 40, n. 3, p. 304-311, jul./set. 2010.

FIGUEIREDO FILHO, D. B.; SILVA JUNIOR, J. A. Desvendando os mistérios do coeficiente de correlação de pearson (r). **Revista Política Hoje**, Pernambuco, v. 18, n. 1, p. 115-146, 2010.

FUZATTO, S. R. **Divergência genética e sua relação com os cruzamentos dialélicos na cultura do milho**. 1999. 65 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1999.

FUZATTO, S. R. et al. Divergência genética e sua relação com os cruzamentos dialélicos na cultura do milho. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 26, n. 1, p. 22-32, 2002.

GALINAT, W. C. The origin of maize: grain of humanity. **Botanical Garden Journal**, New York, v. 44, p. 3-12, 1995.

GALLAIS, A. Full-sib reciprocal recurrent selection with the use of doubled haploids. **Crop Science**, Madison, v. 49, n. 1, p. 150-152, Jan. 2009.

GAMA, E. E. G. et al. Potencial genético de um sintético de milho de grão duro para formação de híbridos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 33, n. 4, p. 615-619, jul./ago. 2003.

GARCIA, J. C.; MATTOSO, M. J.; DUARTE, J. Importância do milho em Minas Gerais. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 27, n. 233, p. 7-12, jul./ago. 2006.

GEIGER, H. H. Doubled haploids. In: BENNETZEN, J. L.; HAKE, S. C. (Ed.). **Handbook of maize**. New York: Springer, 2009. p. 641-657.

GEIGER, H. H.; GORDILLO, G. A. Doubled haploids in hybrid maize breeding. **Maydica**, Bergamo, v. 54, n. 4, p. 485-499, 2009.

GEIGER, H. H.; GORDILLO, G. A.; KOCH, S. Genetic correlations among haploids, doubled haploids, and testcrosses in maize. **Crop Science**, Madison, v. 53, n. 6, p. 2313-2320, Sept. 2013.

GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: FEALQ, 2009.

GRIFFING, B. Efficiency changes due to use of doubled-haploids in recurrent selection methods. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 46, n. 8, p. 367-385, Jan. 1975.

HALLAUER, A. R. **Methods used in developing maize inbred lines**. Maydica, Bergamo, v. 35, p. 1-16, 1990.

HALLAUER, A. R. Temperate maize and heterosis. In: COORS, J.; PANDEY, S. (Ed.). **Genetics and exploitation of heterosis in crops**. México: Cimmyt, 1999. p. 353-361.17-22.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. D. **Quantitative genetics in maize breeding**. Iowa: Springer, 2010.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA, J. B. Germplasm. In: HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2. ed. Iowa: Iowa State University Press, 1988. Cap. 11, p. 375-396.

HALLAUER, A.R.; LOPEZ-PEREZ, E. Comparación among tester for evaluating lines of corn. In: CORN AND SORGHUM RESEARCH CONFERENCE, 34., 1979, Chicago. **Proceedings...** Chicago: ASTA, 1979. p. 57-75.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2 ed. Ames: Iowa State University Press, 1995.

HOCHHOLDINGER, F.; HOECKER, N. Towards the molecular basis of heterosis. **Trends in Plant Science**, Oxford, v. 12, n. 9, p. 427-432, Sept. 2007.

KOBLE, A.F.; RINKE, E.H. Comparative S1 line and top cross performance in maize. In: ANNUAL MEETING, 55., 1963, Denver. **Abstracts...** Madison: American Society of Agronomy, 1963. p. 83.

KOSHIMA, F. A. T. **Estabilidade e adaptabilidade para caracteres de produção em linhagens de milho**. 2009. 80 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual Paulista Júlio Mesquita Filho, Jaboticabal, 2009.

LAMKEY, K. R.; SMITH, O. S. Performance and inbreeding depression of populations representing seven eras of maize breeding. **Crop Science**, Madison, v. 27, n. 4, p. 695-699, July/Aug. 1987.

LEMOS, M. A. et al. Avaliação de dez linhagens e seus híbridos de milho superdoce em um dialelo completo. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 2, p. 167-170, June 2002.

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.

LIMA, M. W. P.; SOUZA, E. A.; RAMALHO, M. A. P. Procedimento para escolha de populações de milho promissoras para extração de linhagens. **Bragantia**, Campinas, v. 59, n. 2, p. 153-158, 2000.

LONNQUIST, J. H.; LINDSEY, M. F. Top cross versus S1 line performance in corn (*Zea mays* L.). **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 3, p. 580-584, 1964.

LÜDERS, R. R. **Desempenho de linhagens de milho (*Zea mays* L.) em top crosses com testadores de base genética restrita e avaliação de híbridos triplos**. 2003. 125 p. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) - Instituto Agrônomo de Campinas, Campinas, 2003.

MALUF, W. R. Heterose e emprego de híbridos F1 em hortaliças: hibridação no melhoramento. In: NASS, L. L. et al. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Mato Grosso: Fundação MT, 2001. p. 326-351.

MIHALJEVIC, R. et al. Correlations and QTL correspondence between line per se and testcross performance for agronomic traits in four populations of European maize. **Crop Science**, Madison, v. 45, n. 1, p. 114-122, Jan. 2005.

MIRANDA FILHO, J. B.; GERALDI, I. O. An adapted model for the analysis of partial diallelcrosses. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 7, p. 677-688, 1984.

MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. Cap.7, p. 275-340.

MORERA, J. A. Comparacion of two breeding methods in corn. In effect of breeding method on combining ability of third-cycle lines. **Turrialba**, San Jose, v. 39, n. 1, p. 63-68, jan./mar. 1989.

- NUMBERG, P. **Desempenho de híbridos simples com testadores de linhagens de milho em 'top cross'**. 2000. 69 p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Lavras, Lavras.
- OLIVEIRA, R. L. de et al. Precisão experimental em ensaios com a cultura do feijão. 2009. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 33, n. 1, p. 113-119, jan./fev. 2009.
- PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978.
- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In BORÉM, A. (Org.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa. Editora da UFV, 1999. p. 429-485.
- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In BORÉM, A. (Org.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora da UFV, 1999. p. 429-485.
- PRADO, S. A. et al. Correlations between parental inbred lines and derived hybrid performance for grain filling traits in maize. **Crop Science**, Madison, v. 53, n. 4, p. 1636-1645, Nov. 2013.
- PRESTERL, T. et al. Improving nitrogen-use efficiency in European maize: comparison between line per se and testcross performance under high and low soil nitrogen. **Maydica**, Bergamo, v. 47, n. 2, p. 83-91, 2002.
- RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**: volume 1. Lavras: Editora da UFV, 2012.
- RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, set. 2007.
- RIBEIRO, J. Z.; ALMEIDA, M. I. M. de. Estratificação ambiental pela análise da interação genótipo x ambiente em milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 8, p. 875-883, 2011.
- ROSINHA, R. O. **Estratégias competitivas e reestruturação da indústria de sementes no Brasil: a análise do segmento do milho**. 2000. 143 p. Dissertação

(Mestrado em Mercadologia e Administração Estratégica) – Universidade Federal de Minas Gerais, Lavras, 2000.

SCHNELL, F. W.; COCKERHAM, C. C. Multiplicative vs. arbitrary gene action in heterosis. **Genetics**, Austin, v. 131, n. 2, p. 461-469, June 1992.

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, Sept. 1974.

SHULL, G. H. A puri line method of corn breeding. **American Breeders' Association**, Minnesota, v.5, n. 1, p. 51-58, 1909.

SILVA, R. M. da.; MIRANDA FILHO, J. B. Heterosis expression in crosses between maize populations: ear yield. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 60, n. 3, p. 519-524, 2003.

SMITH, O. S. Covariance between line per se and testcross performance. **Crop Science**, Madison, v. 26, n. 3, p. 540-543, May 1986.

SNEDECOR, G. W.; COCHRAN, W. G. **Statistical methods**. Iowa: Iowa State University Press, 1980.

SOUZA JUNIOR, C. L. de et al. **Melhoramento de espécies alógamas: recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação Rondonópolis, 2001.

SOUZA, E. D.; SANTOS, J.B. dos; CARVALHO, S. P. Avaliação de famílias s1 e top crosses de milho monitorada por meio de marcadores RAPD. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1., 2001, Goiânia. **Anais... Goiânia: Embrapa arroz e Feijão, 2001. 1 CD ROM**.

STORCK, L.; RIBEIRO, N. D.; CARGNELUTTI FILHO, A. Precisão experimental de ensaios de feijão analisada pelo método de Papadakis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 8, 798-804, ago. 2011.

STUBER, C. W. Enhancement of grain yield in maize hybrids using marker-facilitated introgression of QTLs. In: SYMPOSIUM ANALYSIS OF MOLECULAR MARKER DATA, 1994, Corvallis. **Proceedings...** Corvallis: American Society for Horticultural Science, 1994. p. 44-46.

TROYER, A. F. Adaptedness and heterosis in corn and mule hybrids. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 2, p. 528-543, Mar./Apr. 2006.

TROYER, A. F. Background of U.S. hybrid corn. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 3, p. 601-626, May 1999.

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.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. (Ed). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 137-214.

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

VENCOVSKY, R.; RAMALHO, M. A. P. Contribuição do melhoramento genético de plantas no Brasil. In: PATERNIANI, E. (Ed.). **Agricultura brasileira e pesquisa agropecuária**. Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, 2000. p. 57-89.

VIÉGAS, G. P.; MIRANDA FILHO, J. B. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978. p. 257-298.

WRICHE, G.; WEBER, W. E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. New York: Walter de Gruyter, 1986.

APÊNDICES

APÊNDICE A - TABELAS

Tabela 1 Resumo das análises da **variância** por local, da produtividade de grãos em kg/parcela. Dados de avaliação de progênes *Topcross* e *Per se* de milho em dois ambientes. Safra 2012/2013.

FV	GL	QM		Acurácia	
		Lavras	Lambari	Lavras	Lambari
Progênes (P)	168	1.59 ^{ns}	1.16 ^{**}	0.08	0.6
Erro A	336	1.5858	0.75		
Tipos (T)	1	2530 ^{**}	1404 ^{**}	0.99	0.99
Erro B	2	0.951	0.43		
T x P	168	3.32 ^{**}	0.68 ^{**}	0.91	0.69
Erro C	336	0.5224	0.35		
Média (Kg/parcela)		3.911	3.23		

^{ns}, ^{**} e ^{*}: não significativo, significativo a 5% e significativo a 1% respectivamente pelo teste F.

Tabela 2 Resumo das análises da variância por local da produtividade de grãos em kg/parcela. Dados de avaliação de progênes *Topcross* de milho em dois ambientes. Safra 2012/2013.

FV	GL	QM		Acurácia	
		Lavras	Lambari	Lavras	Lambari
Progênie (P)	168	0.906 ^{ns}	1.0477 ^{**}	0.27	0.70
Erro	336	0.8418	0.5324		
Média (Kg/parcela)		5.49	3.74		

^{ns}, ^{**} e ^{*}: não significativo, significativo a 5% e significativo a 1% respectivamente pelo teste F.

[F5] Comentário: ESTAS TABELAS SÃO DIFERENTES DO TEXTO? SE SIM PERMANECER AQUI, E SE VOCÊ QUISE QUE SEJAM INSERIDAS NA LISTA DE TABELAS, FAVOR SOLICITAR, POIS SÓ INSERIR AS DO TEXTO.

Tabela 3 Resumo das análises da variância por local da produtividade de grãos em kg/parcela. Dados de avaliação de progênies *Per se* de milho em dois ambientes. Safra 2012/2013.

FV	GL	QM		Acurácia	
		Lavras	Lamabari	Lavras	Lambari
Progênie (P)	168	1.85**	0.86**	0.81	0.84
Erro	336	0.63	0.25		
Média (Kg/parcela)		2.33	1.38		

^{ns}, ^{**} e ^{*} : não significativo, significativo a 5% e significativo a 1% respectivamente pelo teste F.

APÊNDICE - GRÁFICOS

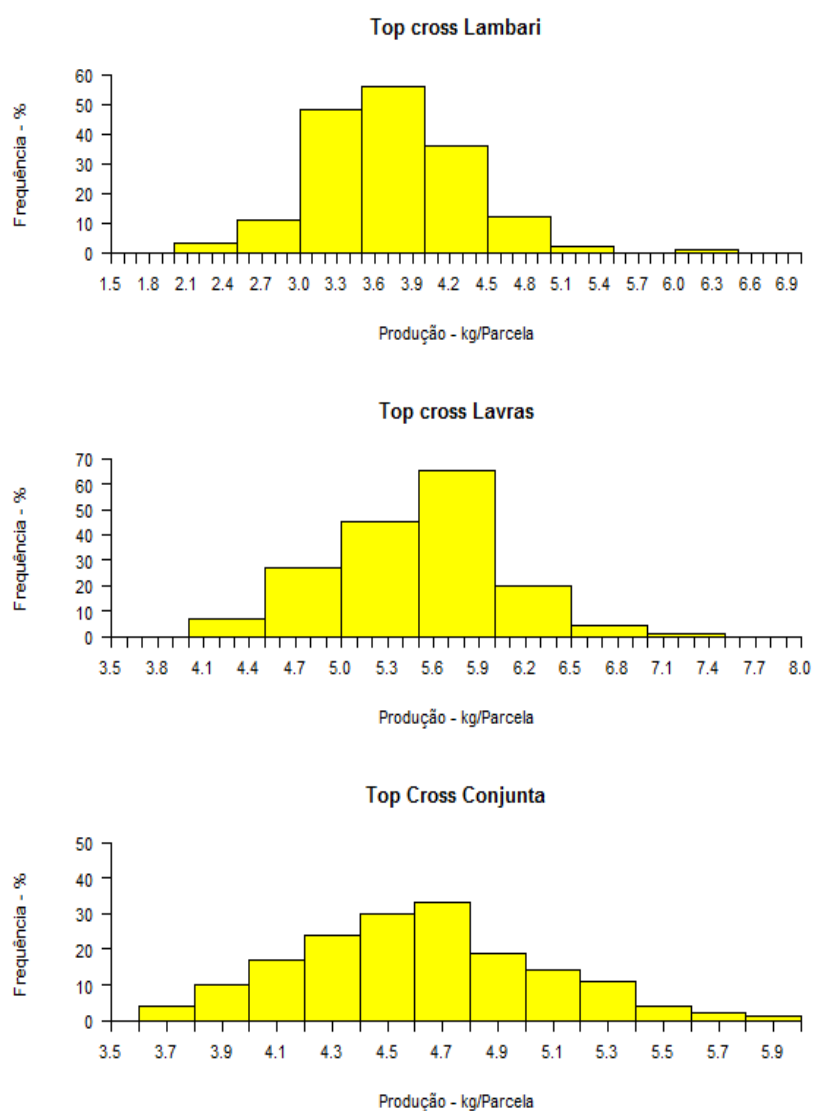


Figura 1 Distribuições de frequência para as médias *Topcross* por locais e na conjunta. Avaliação de progênies de milho em Lavras, safra 2012/2013

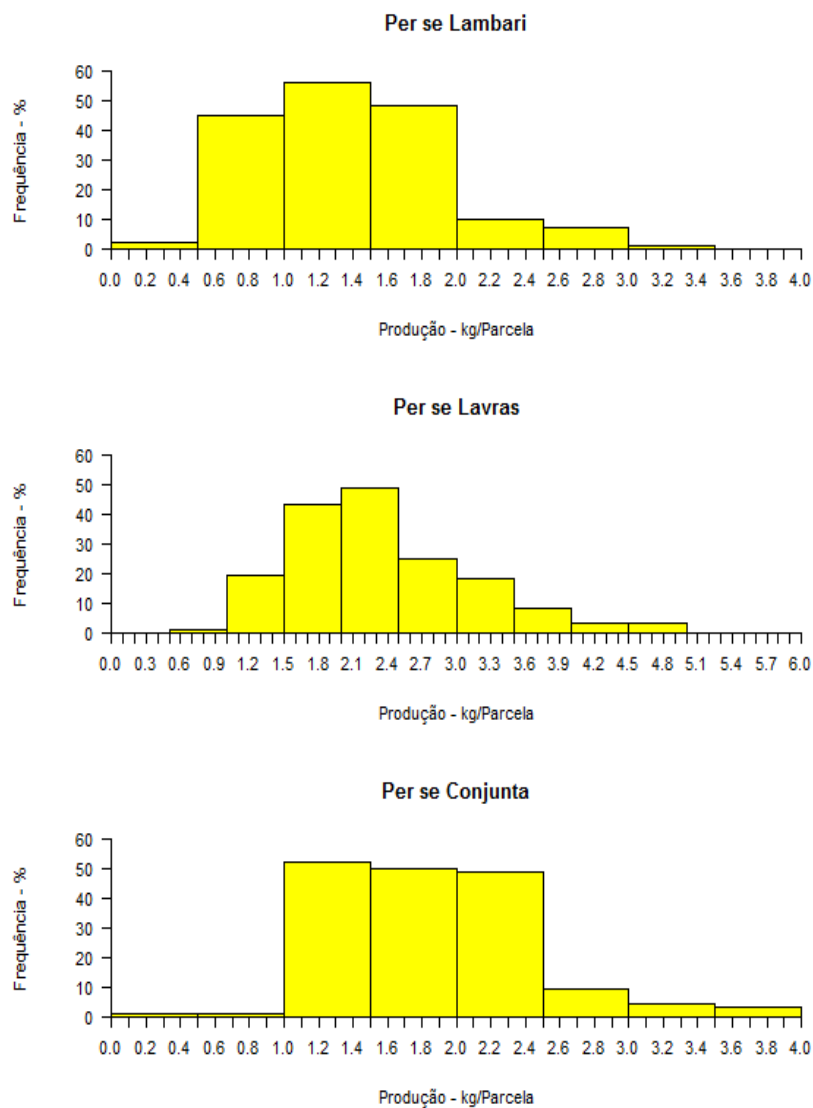


Figura 2 Distribuições de frequência para as médias *Per se* por locais e na conjunta. Avaliação de progênies de milho em Lavras, safra 2012/2013

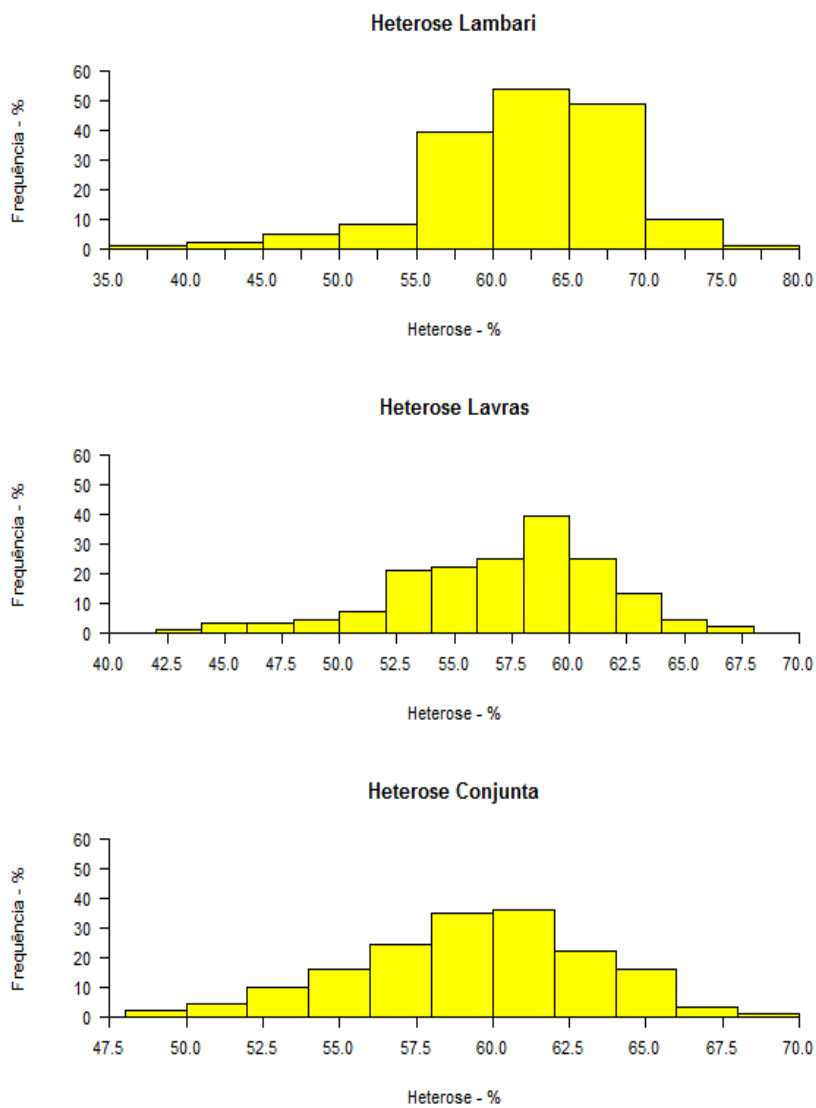


Figura 3 Distribuições de frequência para as médias Per se por locais e na conjunta. Avaliação de progênies de milho em Lavras, safra 2012/2013