



**JULIANO RIBEIRO ARAÚJO**

**USO DE TOPCROSS COMO INDICADOR DO  
POTENCIAL DE HÍBRIDOS DE MILHO PARA  
EXTRAÇÃO DE LINHAGENS**

**LAVRAS - MG**

**2014**

**JULIANO RIBEIRO ARAÚJO**

**USO DE TOPCROSS COMO INDICADOR DO POTENCIAL DE  
HÍBRIDOS DE MILHO PARA EXTRAÇÃO DE LINHAGENS**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação Profissional 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**

Araújo, Juliano Ribeiro.

Uso de topcross como indicador do potencial de híbridos de milho para extração de linhagens / Juliano Ribeiro Araújo. – Lavras : UFLA, 2014.

45 p. : il.

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2014.

Orientador: João Cândido de Souza.

Bibliografia.

1. Capacidade geral de combinação. 2. Topcross. 3. Linhagens.  
I. Universidade Federal de Lavras. II. Título.

CDD – 633.153

**JULIANO RIBEIRO ARAÚJO**

**USO DE TOPCROSS COMO INDICADOR DO POTENCIAL DE  
HÍBRIDOS DE MILHO PARA EXTRAÇÃO DE LINHAGENS**

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

APROVADO em 22 de abril de 2014.

Dr. Magno Antonio Patto Ramalho      UFLA

Dr. Adriano Teodoro Bruzi              UFLA

Dr. João Cândido de Souza  
Orientador

**LAVRAS – MG**

**2014**

À minha esposa, Káisse.

Aos meus pais, José Eustáquio e Maria de Fátima.

### **DEDICO**

Ao meu filho Pedro, motivo de entusiasmo e paixão pela vida,

### **OFEREÇO**

## **AGRADECIMENTOS**

A DEUS, pela força na realização deste trabalho.

À empresa Nidera Sementes Ltda, pelo apoio financeiro na realização deste trabalho.

À Universidade Federal de Lavras e ao Departamento de Biologia, pela oportunidade concedida.

Aos colaboradores da empresa Nidera Sementes Ltda, por valiosa ajuda na condução dos ensaios e convivência harmoniosa.

Ao professor João Cândido de Souza, pela força, orientação e compreensão durante a realização deste trabalho.

Aos professores João Bosco dos Santos, César Augusto B.P. Pinto, Elaine Aparecida de Souza, Flávia Avelar, José Airton Rodrigues Nunes, Ângela de Fátima Barbosa Abreu, pelos ensinamentos e amizade durante o curso.

Ao professor Magno Antônio Patto Ramalho, por seus ensinamentos, carisma e entusiasmo peculiares desde a graduação.

Ao amigo Ricardo Augusto Diniz Cabral Ferreira pela ajuda durante todo o mestrado profissional.

Aos monitores, cuja ajuda é essencial para o sucesso no mestrado profissional.

Ao professor Magno Antonio Patto Ramalho e ao professor Adriano Teodoro Bruzi, pela disponibilidade em participarem da banca de defesa e pelas contribuições apresentadas.

A todos os amigos e colegas do Curso de Genética e Melhoramento de Plantas, pelos ensinamentos e momentos de descontração.

À minha esposa, Káisse, pelo incentivo e compreensão imprescindíveis para a realização deste trabalho.

## RESUMO

O presente trabalho foi conduzido com o objetivo de identificar novos híbridos de milho no mercado com potencial para extração de linhagens. Para isto foi realizado um topcross, tendo como testador quatro linhagens elites de uma empresa de sementes e quarenta e um híbridos de milho comerciais novos ou em fase final de teste de outras empresas presentes no mercado brasileiro. Obtiveram-se, portanto, 164 híbridos, que foram avaliados em dois grupos, o primeiro contendo oitenta e seis tratamentos (oitenta tratamentos regulares e seis testemunhas comuns) e o outro com noventa tratamentos (oitenta e quatro tratamentos regulares e seis testemunhas comuns). Os híbridos foram avaliados em duas localidades na safrinha 2012, Lucas do Rio Verde/MT, com altitude de 433 metros e Sorriso/MT, com altitude de 381 metros. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados, utilizando como testemunhas seis híbridos simples (BX1200, BX1293, BX970, BX967YG, 2B587HX, DKB390YG). A parcela experimental foi constituída de 4 linhas de 5 metros. Foram obtidos apenas dados de produtividade de grãos (t/ha) corrigidos para 13,5% de umidade. Na análise combinada, envolvendo os dois grupos de topcrosses, observou-se que a interação testemunha x grupo foi não significativa. Essa é uma pressuposição favorável para análise combinada. A fonte de variação tratamentos foi significativa ( $P \leq 0,03$ ) condição indispensável para se atingir os objetivos do trabalho. Na decomposição da fonte de variação dos tratamentos, segundo dialelo parcial, observou-se que entre as populações híbridas (CGC 1) não ocorreu diferença significativa. Isso indica que essas populações não diferiram quanto à capacidade geral de combinação com as linhagens. Portanto, evidenciou-se que a escolha de populações segregantes, derivadas de híbridos simples, por meio de linhagens testadoras, não se mostrou ser uma boa estratégia. A discriminação das populações segregantes não foi expressiva e o trabalho envolvido é grande.

Palavras – chave: Capacidade geral de combinação. Topcross. Linhagens.

## ABSTRACT

The present work was conducted with the objective of identifying in the market new maize hybrids with potential of extracting strains. In order to do this, we performed a topcross, using as testers four elite strains from a seed company and 41 commercial maize hybrids, new or in final testing phase, from other companies present in the Brazilian market. We obtained 164 hybrids which were evaluated in two groups, the first containing 86 treatments (80 regular treatments and 6 witnesses) and the other with 90 treatments (84 regular treatments and 6 witnesses). The hybrids were evaluated in two locations during the interim-harvest of 2012: Lucas do Rio Verde – MT, Brazil, with altitude of 433 meters, and Sorriso – MT, Brazil, with altitude of 381 meters. We used a randomized block design using six simple hybrids as witness (BX1200, BX1293, BX970, BX967YG, 2B587HX, DKB390YG). The experimental plot consisted of 4 rows of 5 meters. We only obtained grain productivity data (t/ha) corrected to 13.5% humidity. In the joint analysis involving the two topcross groups, we observed that the witness x group interaction was not significant. This is a favorable presupposition for the joint analysis. The treatment variation source was significant ( $P \leq 0.03$ ), indispensable condition to reach the work's objectives. In the treatment variation source decomposition, according to partial diallel, we observed that, between the hybrid populations (CGC 1), no significant difference occurred. This indicated that these populations do not differ in regard to general combination capacity with the strains. Therefore, it shows that the choice for segregating populations derived from simple hybrids, by means of testing strains, was not a good strategy. The discrimination of segregating populations was not expressive and the work involved is large.

Keywords: General Combination Capacity. Topcross. Strains.



## LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Área semeada de milho no Brasil (em mil ha) .....	13
Tabela 2	Área semeada de milho na região do Brasil Central (em mil ha).....	14
Tabela 3	Resumo da análise combinada da produtividade de grãos (t/ha) obtida na avaliação de topcrosses entre populações derivadas de híbrido simples com quatro linhagens testadoras na safrinha 2012.....	30
Tabela 4	Estimativa de CGC das quatro linhagens utilizadas como testadoras das populações híbridas.....	32
Tabela 5	Resumo da análise combinada da produtividade de grãos (t ha <sup>-1</sup> ) e estimativas da herdabilidade para a seleção na média dos topcross dentro de cada testador. Dados obtidos na avaliação de topcrosses entre populações derivadas de híbrido simples com quatro linhagens testadoras na safrinha 2012.....	33

## ANEXO

Tabela 1	Resumo da análise de variância da produtividade de grãos (t ha <sup>-1</sup> ) do primeiro grupo de topcrosses avaliado .....	42
Tabela 2	Resumo da análise de variância da produtividade de grãos (t ha <sup>-1</sup> ) do segundo grupo de topcrosses avaliado.....	42
Tabela 3	Tabela de médias de produtividade de grãos ( t há <sup>-1</sup> ) dos 41 híbridos topcross com a linhagem L <sub>2</sub> .....	43
Tabela 4	Tabela de médias de produtividade de grãos ( t há <sup>-1</sup> ) dos 41 híbridos topcross com a linhagem L <sub>3</sub> .....	44

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b> .....	10
<b>2</b>	<b>REFERENCIAL TEÓRICO</b> .....	12
<b>2.1</b>	<b>A cultura do milho na denominada Safrinha do Brasil Central</b> .....	12
<b>2.2</b>	<b>Obtenção de cultivares híbridas – Milho Híbrido</b> .....	15
<b>2.3</b>	<b>Heterose</b> .....	19
<b>2.4</b>	<b>Escolha do Testador</b> .....	21
<b>3</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	25
<b>3.1</b>	<b>População e testadores utilizados</b> .....	25
<b>3.2</b>	<b>Obtenção do “Topcross”</b> .....	25
<b>3.3</b>	<b>Avaliação dos “Topcrosses”</b> .....	26
<b>3.4</b>	<b>Análise dos dados</b> .....	26
<b>4</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	29
<b>5</b>	<b>CONCLUSÃO</b> .....	36
	<b>REFERÊNCIAS</b> .....	37
	<b>ANEXOS</b> .....	42

## 1 INTRODUÇÃO

No programa de melhoramento genético de qualquer espécie, a escolha da população para iniciar o programa é fundamental. Uma escolha não bem sucedida acarreta perdas econômicas, sobretudo, de tempo (BERNARDO, 2010; RAMALHO et al., 2012).

No caso da cultura do milho, a escolha tem como foco a extração de linhagens que associem bom desempenho “per-se” e, também, boa heterose em cruzamentos (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992; SOUZA SOBRINHO, 2001).

Nos últimos anos, a atenção dos programas tem-se concentrado em obter populações derivadas de híbridos comerciais. Isso ocorre, porque esses híbridos, antes de serem comercializados, são intensivamente avaliados em diferentes condições de cultivo. Nessa condição, é esperado que eles possuam alta frequência de alelos favoráveis para as condições de cultivo em que eles foram obtidos.

Anualmente é disponibilizado pelas empresas um grande número de novos híbridos. É muito difícil e oneroso obter grande número de linhagens de todos eles. A opção seria tentar avaliar, precocemente, as populações mais promissoras. Uma das metodologias para esta finalidade é a estimativa do desempenho das linhagens da população na geração  $F_{\infty}$ , avaliando as gerações F1 e F2 dos diferentes híbridos (VENCOVSKY, 1987; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Contudo, como as empresas já possuem algumas linhagens elites, elas almejam identificar outras linhagens que combinam bem com elas. Nesse caso, a opção seria o emprego de topcross, tendo estas linhagens elites como testadoras, na escolha das populações.

Como não foram encontrados relatos do emprego de linhagens testadoras com essa finalidade, foi realizado o presente trabalho avaliando quatro linhagens de uma empresa de sementes na escolha de populações

derivadas de híbridos simples, visando à obtenção de novos híbridos para as condições de safrinha no Brasil Central.

## **2 REFERENCIAL TEÓRICO**

### **2.1 A cultura do milho na denominada Safrinha do Brasil Central**

Com a expansão e conseqüente pressão que a soja vem exercendo sobre as demais culturas, em todas as regiões do Brasil, a manutenção/expansão da área de milho, nos anos mais recentes, tem sido alcançado, principalmente, por meio do deslocamento da cultura para novas áreas e épocas de semeadura. Nesse sentido, o Centro Oeste do Brasil tem sido responsável, não só pela transformação, como por grande parte da manutenção/expansão da área de milho no Brasil. Vale ressaltar que, já na safra 2011/12, a área de milho 2ª safra, também denominado milho safrinha, representou mais de 50% da área semeada de milho no Brasil (Tabela 1).

Tabela 1 Área semeada de milho no Brasil (em mil ha)

<b>Região</b>	<b>Safra</b>	<b>1991/92</b>	<b>1996/97</b>	<b>2001/02</b>	<b>2006/07</b>	<b>2011/12</b>	<b>2012/13</b>
<b>Norte/Nordeste</b>	Milho 1 <sup>a</sup> safra	3.132	3.417	2.849	3.110	2.375	2.094
	Milho 2 <sup>a</sup> safra	295	310	322	415	617	760,3
<b>Centro-Oeste</b>	Milho 1 <sup>a</sup> safra	1.519	1.357	803	845	743	565,8
	Milho 2 <sup>a</sup> safra	108	816	1.191	2.413	4.524	5.607
<b>Sudeste</b>	Milho 1 <sup>a</sup> safra	2.943	2.296	1.977	2.127	1.813	1.753
	Milho 2 <sup>a</sup> safra	283	399	369	276	429	449,6
<b>Sul</b>	Milho 1 <sup>a</sup> safra	5.056	4.528	3.782	3.410	2.627	2.400
	Milho 2 <sup>a</sup> safra	304	673	1.001	1.454	2.025	2.169
<b>BRASIL</b>	Milho 1 <sup>a</sup> safra	13.036	11.600	9.412	9.499	7.560	6.813
	Milho 2 <sup>a</sup> safra	990	2.198	2.885	4.561	7.596	8.986
<b>TOTAL</b>		<b>14.027</b>	<b>13.798</b>	<b>12.297</b>	<b>14.060</b>	<b>15.156</b>	<b>15.799</b>

(1): Estimativa do quinto levantamento de safra da Conab, fevereiro de 2014.

Fonte: Adaptado da Conab.

Se for considerada apenas a região central do Brasil (exceto RS, SC e PR), na safra 2012/13, a área semeada de milho 2ª safra correspondeu a 60,7% da área total de milho semeado nesta região na safra 12/13 (Tabela 2).

Tabela 2 Área semeada de milho na região do Brasil Central (em mil ha)

SAFRA	Área (em mil ha)		
	Safra 11/12 (a)	Safra 12/13 (b)	Var(%) b/a
<b>BRASIL CENTRAL (d)</b>	10504	11230	6,91
<b>1ª Safra (Verão)</b>	4933	4413	-10,54
<b>2ª Safra (Safrinha) (c)</b>	5571	6817	22,36
<b>Participação safrinha (%) (c/d)</b>	53,03	60,7	

Fonte: Adaptado da Conab.

O milho safrinha é caracterizado pelo alto risco, principalmente, em virtude da menor precipitação de chuva nessa época do ano na região Central do Brasil. Esse fato tem gerado, de modo geral, produtividades mais baixas quando comparadas à cultura de verão, entretanto, não tem sido motivo para restrições ao investimento e/ou redução de área, visto que, ainda assim, o milho safrinha tem se apresentado como uma das principais alternativas para rotação, soja verão x milho safrinha.

A partir do ano agrícola 1991/92, a área de milho verão na região Sudeste entra em declínio, passando de 2, 943 milhões de ha neste ano para 1, 753 milhões de ha no ano agrícola 2012/13 (Tabela 1).

Com a disponibilidade de cultivares de soja cada vez mais precoces para a região central do Brasil, acredita-se em um considerável crescimento da área plantada de milho 2ª safra, na região Sudeste, o que corroborará para a diminuição de milho 1ª safra nesta mesma região, onde estas áreas de milho 1ª safra serão ocupadas com soja.

Considerando que grande parte da produção de grãos de milho é proveniente do milho safrinha e que os programas de melhoramento historicamente se concentraram na época de verão, é necessário que maior foco, na obtenção de novas cultivares, concentre nessa época de semeadura.

## **2.2 Obtenção de cultivares híbridas – Milho Híbrido**

O termo milho híbrido pode ser definido como a primeira geração proveniente do cruzamento entre variedades de polinização aberta, linhagens endogâmicas ou outras populações geneticamente divergentes (SOUZA JUNIOR, 2001). Entre as contribuições da ciência para a humanidade, desde o aparecimento da agricultura até os dias atuais, o milho híbrido se destaca tendo permitido expressivos aumentos na produtividade de grãos dessa importante gramínea em todo o mundo e com repercussão em todas as espécies cultivadas (DUVICK; SMITH; COOPER, 2004).

A proposta original para utilização de milho híbrido foi feita por Shull (1908) e Shull (1909) no Instituto Carnegie, com o trabalho de endogamia-hibridação. No processo de endogamia, observou-se o efeito de muitos alelos recessivos deletérios pela condição homozigótica da linhagem. Nesses locos, nas variedades de polinização aberta, os alelos recessivos estavam encobertos nos heterozigotos. Em 1910 e 1911 Shull sugeriu, nas Estações de Agricultura, o desenvolvimento de linhagens endogâmicas como parentais para o desenvolvimento de híbrido simples, como método padrão. Mas, por causa da redução do vigor das linhagens, a produção de sementes era extremamente baixa, inviabilizando esta prática do uso de híbridos simples como híbrido comercial. Os trabalhos independentes de East e Shull, em relação à validade teórica de seus estudos de heterose, expressaram dúvidas quanto à sua praticabilidade para a agricultura. Em 1918 esse problema foi resolvido por



Jones com a proposta de utilização do híbrido duplo, que tornou economicamente viável a produção comercial de sementes híbridas, porque os híbridos simples produzem bem mais que as linhagens e, por isso, o milho híbrido tornou-se mais barato (TROYER; WELLIN, 2009).

O milho híbrido foi introduzido na agricultura moderna por volta de 1920. Os primeiros híbridos comerciais apareceram na década de 30, substituindo, gradativamente, as variedades de polinização aberta. No final da década de 30, os híbridos já representavam 75% da área cultivada com milho nos Estados Unidos, alcançando o índice de 95% na década de 60 (DUVICK, 2004; YAO et al., 2013).

O primeiro programa de milho híbrido no Brasil foi desenvolvido em 1932, no Instituto Agrônomo de Campinas. No Brasil, o aumento de 1.618 kg ha<sup>-1</sup> na produtividade, de 1971 a 2001, teve contribuição significativa do melhoramento genético. No entanto, não se dispõe de informações sobre o percentual dos fatores responsáveis pelo aumento da produtividade, a exemplo do que ocorreu nos EUA (COELHO; CRUZ; PEREIRA FILHO, 2003). Segundo Vencovsky e Ramalho (2000), a contribuição do milho híbrido para o agronegócio brasileiro é inquestionável.

Diversos tipos de híbridos de milho foram descritos por Sawazaki e Paterniani (2004):

- a) Top-Cross – enquadram-se nesta categoria os híbridos obtidos do cruzamento entre híbridos x variedades e variedades x linhagem. O termo “top-cross”, também, é empregado nos cruzamentos entre linhagens com um testador, que pode ser uma variedade, linhagem ou híbrido, visando à avaliação da capacidade geral ou específica das linhagens, dependendo se o testador for de base genética ampla ou restrita.

- b) Híbrido Simples – resultante do cruzamento entre duas linhagens endogâmicas divergentes (linhagem A x linhagem B). Caracteriza-se por sua uniformidade e maior potencial de produtividade. A semente tem um custo de produção mais elevado, em razão da baixa produtividade da linhagem endógama utilizada como fêmea.
- c) Híbrido Simples Modificado – segue o esquema do híbrido simples, diferindo quanto ao progenitor feminino, que passa a ser um híbrido entre duas linhagens aparentadas, tendo a seguinte constituição: [(A x A') x B]. Esse procedimento diminui o custo de produção de sementes, dependendo do vigor do híbrido utilizado como progenitor feminino.
- d) Híbrido Triplo – obtido do cruzamento de um híbrido simples (A x B), utilizado como progenitor feminino, com uma terceira linhagem (C). A linhagem polinizadora deve ser suficientemente vigorosa para poder ser plantada intercalada ao híbrido e produzir uma quantidade de pólen que garanta uma produção de grãos satisfatória nas linhas femininas.
- e) Híbrido Triplo Modificado – é obtido de maneira análoga à do híbrido triplo, substituindo-se apenas a linhagem macho (C) por um híbrido entre linhagens aparentadas (C x C'). O esquema de cruzamento fica representado da seguinte forma: [(A x B) x (C x C')].
- f) Híbrido Duplo – resultante do cruzamento de dois híbridos simples [(A x B) x (C x D)]. Apresenta maior variabilidade genética que os tipos anteriores, sendo, portanto, menos sujeito à vulnerabilidade, além de ter menor uniformidade e custo da semente.

- g) Híbrido Intervarietal – resultante do cruzamento entre duas variedades. Embora de menor produtividade que os híbridos de linhagens, apresenta as vantagens da utilização da heterose sem a necessidade da trabalhosa obtenção de linhagens. Tem como desvantagens a maior desuniformidade das plantas e da variação do genótipo do híbrido.

Tomando como referência a safra 1974/75, quando se intensificou a pesquisa agrícola no Brasil, a produtividade de milho cresceu a taxa de 75,6 kg/ha/ano (RAMALHO; DIAS; CARVALHO, 2012). Valor que é inferior aos obtidos nos Estados Unidos, porém que mostra a mesma tendência de crescimento (Figura 1).

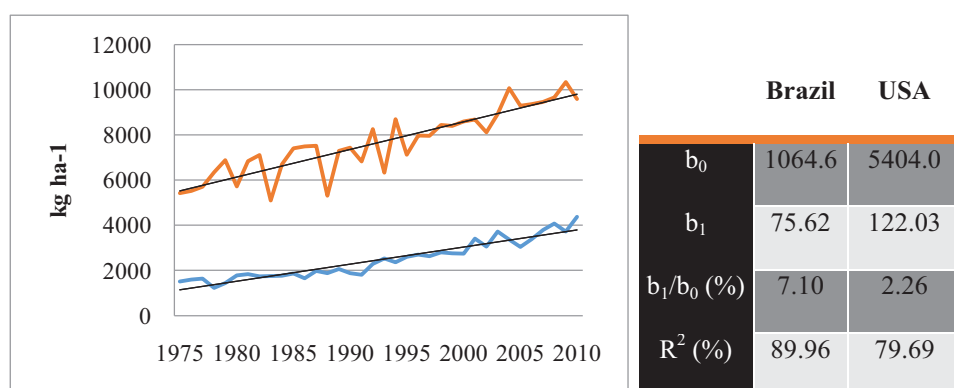


Figura 1 Equação de regressão linear obtida para produtividade de grãos (kg/ha) em milho no Brasil (linha azul) e Estados Unidos (linha vermelha) no período de 1975 a 2010

Fonte: Adaptado de (RAMALHO; DIAS; CARVALHO, 2012).

### 2.3 Heterose

Heterose é o vigor de híbrido, manifestado em gerações heterozigotas, derivadas de cruzamento entre indivíduos endogâmicos e geneticamente divergentes (SHULL, 1908). Em outras palavras, a heterose poderia ser definida como sendo a superioridade do híbrido em relação à média dos pais e pode ser observada em vários caracteres, como altura da planta, produtividade, competitividade, entre outros (BERNARDO, 2010).

A heterose pode ser considerada um fenômeno oposto à depressão causada pela endogamia. Linhas endogâmicas, quando cruzadas, apresentam aumento da expressão fenotípica dos caracteres reduzidos pelas autofecundações sucessivas (FALCONER; MACKAY, 1996). Este fenômeno tem sido altamente explorado em programas de melhoramento de milho híbrido, permitindo a identificação de populações divergentes que servirão de base para o desenvolvimento de linhagens endogâmicas que serão, posteriormente, empregadas em cruzamentos (SILVA; MIRANDA FILHO, 2003).

As principais vantagens da utilização do vigor de híbrido ou heterose são: associar fenótipos favoráveis de genitores de interesse distintos no menor espaço de tempo possível; obter genótipos superiores em um prazo relativamente curto; utilizar interações gênicas na geração híbrida; produzir genótipos uniformes; conseguir menor interação com o ambiente na geração  $F_1$  e produzir sementes de milho híbrido comercialmente, com reflexos favoráveis sobre a economia da região (PATERNIANI, 1978).

A causa da manifestação da heterose, ainda, é tema de discussões, várias hipóteses têm sido propostas para explicá-la. Já, em 1948, foram propostas duas teorias: dominância, segundo a qual a heterose ocorre pelo acúmulo, no híbrido, de genes dominantes oriundos de ambos os pais. Pelo ponto de vista desta teoria, os alelos recessivos, potencialmente, deletérios ficariam ocultos nos

heterozigotos obtidos em  $F_1$  e os prejuízos decorrentes da homozigose para esses alelos seriam evitados; a hipótese da sobredominância explica que o vigor apresentado pelas plantas  $F_1$  ocorre em decorrência do elevado grau de heterozigosidade. A união das duas formas alélicas do heterozigoto é superior à ação separada de qualquer um dos alelos em homozigose (CROW, 1999). Mais recentemente várias outras hipóteses, utilizando outros fenômenos genéticos, têm sido propostas para explicar heterose (LIPPMAN; ZAMIR, 2007; YAO et al., 2013).

As evidências empíricas indicam que a heterose é função do papel da dominância parcial e ou dominância completa, porém, a conclusão sobre as causas genéticas da heterose é difícil, pois os genes quantitativos envolvidos no controle dos caracteres são, ainda, pouco conhecidos (BERNARDO, 2002).

A teoria da genética quantitativa, descrita por Falconer e Mackay (1996) sugere que a heterose ( $h$ ) é função de  $h = y^2d$ . Sendo  $d$  o desvio dos heterozigotos em relação à média  $e$ , portanto, só será diferente de zero se ocorrer algum grau de dominância e  $y^2$  corresponde à divergência entre os pais. Por esse motivo, estimativas de diversidade entre linhagens vêm sendo utilizadas como meio de predição de cruzamentos superiores em programas de melhoramento de plantas, especialmente utilizando marcadores moleculares. Entretanto, nem sempre a correlação entre divergência genética, obtida por marcadores moleculares e desempenho do híbrido, é consistente (BARBOSA et al., 2003; MELO; PINHO; FERREIRA, 2001; GUIMARÃES et al., 2007; PATERNIANI et al., 2008).

Para maximizar a heterose, nos programas de melhoramento de milho, as populações são alocadas em grupos heteróticos distintos e esses grupos heteróticos são formados incluindo-se populações, linhagens ou sintéticos, em grupos, de tal forma que, dentro de grupos, os cruzamentos não manifestem heterose ou esta heterose é muito baixa, enquanto que entre grupos os níveis de heterose são elevados (BERNINI, 2011).

No Brasil, dois grupos heteróticos são, freqüentemente, referidos na literatura: o grupo Dentado, originário da variedade de polinização aberta Tuxpeño, e o grupo Duro, resultante da variedade de polinização aberta Cateto. A maioria dos híbridos comerciais no Brasil envolve cruzamentos entre linhagens desses dois grupos heteróticos (BORÉM, 2001).

#### **2.4 Escolha do Testador**

O desenvolvimento do milho híbrido está fundamentado na obtenção de linhagens e avaliação da capacidade de combinação dessas. A obtenção é feita, principalmente, pelo método chamado padrão, no qual a seleção é efetuada, visualmente, entre e dentro de progênies endogâmicas até atingir a maioria dos locos em homozigose.

Inicialmente a avaliação da capacidade combinatória das linhagens era efetuada diretamente comparando-se as  $n(n-1)/2$  combinações híbridas possíveis, quando o número de linhagens não excedia a 20. Para superar a dificuldade experimental decorrente da avaliação de um elevado número de linhagens, sugeriu-se, inicialmente, que essas fossem avaliadas em topcross (LINDSTRON, 1931; JENKINS; BRUSON, 1932). O topcross consiste no cruzamento de um grupo de linhagens com um ou mais testadores. O objetivo é eliminar linhagens que não tenham mérito considerável, para que se promova sua seleção ou autofecundação, de modo a racionalizar e tornar mais eficiente o programa de desenvolvimento de híbridos.

Embora o método topcross seja aceito para avaliar linhagens, a própria escolha do testador continua sendo um problema para os melhoristas de milho, pois desde sua adoção estudos teóricos e experimentais têm sido registrados sobre base genética, número e eficiência dos testadores, e correlações entre desempenhos de linhagens avaliadas por diferentes tipos de testadores

(VENCOVSKY, 1987; PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987; MORAN, 1990; RISSI; HALLAUER, 1991; TROYER, 1994; SOUZA JÚNIOR, 1997). Estes estudos têm servido como auxílio na escolha dos testadores, mas não têm fornecido respostas satisfatórias a todas as questões.

Alguma controvérsia no uso do esquema topcross refere-se à escolha do testador, pois uma determinada população ou linhagem pode ser um bom testador em uma circunstância, mas não em outra. Hallauer e Miranda Filho (1988) fizeram algumas considerações quanto à escolha do testador, tais como a base genética (ampla vs. estreita), o grau de parentesco com a população a ser avaliada (aparentado vs. não aparentado), produção (alta produção vs. baixa produção). Destaca-se, ainda, que a escolha do testador está relacionada ao estágio de desenvolvimento do programa, (início vs. maduro), disponibilidade de semente, tipo de população em teste (grupos definidos vs. grupos misturados ou miscelânea) e tipos de híbrido de interesse (híbrido simples, duplo ou triplo).

Muitas vezes, a escolha de um testador se dá de maneira totalmente empírica, com base na experiência e intuição do melhorista, principalmente no início do programa. Normalmente, os programas de melhoramento utilizam uma linhagem elite ou um híbrido simples, conhecido como testador de novas linhagens, com vistas à identificação de combinações superiores para uso comercial.

O testador ideal é aquele que provê com confiança as informações do desempenho das linhagens e que combine simplicidade no uso. A altura e a quantidade de pólen são características de fundamental importância e que devem ser consideradas na escolha do testador. Para facilitar a distribuição do pólen, é recomendado que o testador tenha altura superior às linhagens que serão cruzadas. A quantidade de pólen, também, é um fator limitante na escolha do testador, principalmente, quando esse é uma linhagem endogâmica. Linhagens que produzem pouco pólen tornam-se inviáveis como testadoras, seria necessário

maior número de linhas do polinizador o que torna o processo mais oneroso, pois demanda maiores áreas e maior quantidade de semente da linhagem.

Para discutir a importância da frequência gênica do testador, a fim de medir a capacidade combinatória de linhagens, Rawlings e Thompson (1962) utilizaram em um experimento com seis linhagens, sendo duas com baixa, duas com média e duas com alta capacidade de combinação, cruzadas com dez linhagens contrastantes. A conclusão permitiu afirmar que um bom testador é aquele que classifica corretamente o rendimento relativo das linhagens e discrimina eficientemente o material testado.

O uso de testadores foi discutido por Lonnquist e Lindsey (1964). Estes autores afirmam que, quando se usa somente um testador, a amplitude de expressão das linhagens é reduzida, em virtude do fato da contribuição das linhagens em topcross ser reduzida à metade.

Tanto nos testadores de base genética ampla como nos testadores de base genética estreita, a seleção leva a uma alteração na média da população como resultado da seleção para efeitos gênicos aditivos. Miranda Filho e Viégas (1987) sugeriram que, para avaliação da capacidade geral de combinação, use-se um testador de base genética ampla; e para a avaliação da capacidade específica de combinação, deveria ser usado um testador de base genética restrita. Sprague e Tatum (1942) apontam a capacidade geral de combinação indicadora do desempenho médio da linhagem nos híbridos em que participa, caracterizando seu potencial genético quanto a locos de efeitos aditivos. A capacidade específica de combinação reflete o desempenho da linhagem em determinados cruzamentos, pela ação de genes dominantes ou de efeitos epistáticos.

O desempenho de linhagens per se e os híbridos topcrosses, por meio de simulações computacionais com três tipos de testadores de diferentes bases genéticas, foi comparado por Smith (1986). Mostrou que, quando os caracteres eram condicionados por um grande número de locos com dominância completa,



as correlações entre o desempenho de linhagens e os topcrosses eram menores que 0,5 para qualquer testador utilizado, ressaltando, portanto, o baixo valor preditivo do desempenho das linhagens avaliadas por diferentes tipos de testadores.

### **3 MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1 População e testadores utilizados**

Os dados utilizados foram gentilmente cedidos pela empresa Nidera Sementes Ltda.

Foram avaliados quarenta e um híbridos de diferentes empresas de sementes de milho presentes no Brasil. Provavelmente a maioria deve ser de híbridos simples, já comercializados ou em fase final de testes.

Como testadores foram utilizadas quatro linhagens da empresa Nidera Sementes Ltda, sendo de grupos heteróticos diferentes e variando na expressão de outros caracteres, como, por exemplo, o ciclo.

#### **3.2 Obtenção do “Topcross”**

Foi realizado um topcross, na estação experimental da empresa Nidera Sementes Ltda, localizada na cidade de Patos de Minas/MG. Foram utilizados como fêmea os híbridos e como macho as linhagens elites, utilizando-se de quatro épocas de semeaduras dos machos. Os cruzamentos foram realizados, manualmente, obtendo-se famílias de Irmãos Germanos.

Para a semeadura do topcross, semeado em 24/09/2011, utilizaram-se 500 Kg/ha do formulado 08-30-10 + 0,3% de Zn e 500 Kg/ha do formulado 25-00-25 em cobertura, realizada em duas aplicações. Os demais tratos culturais foram os recomendados para cultura do milho na região do Alto Paranaíba/MG.

### 3.3 Avaliação dos “Topcrosses”

Os híbridos obtidos foram avaliados em duas localidades na safrinha 2012, Lucas do Rio Verde/MT, localizado a latitude S13° 11' 654" e longitude WO55° 43' 569", com altitude de 433 metros com data de semeadura em 15/02/2012 e Sorriso/MT, localizado a S12° 26' 444" e longitude WO55° 53' 269", com altitude de 381 metros, semeado em 20/02/2012.

Os híbridos do topcross foram avaliados em dois grupos, o primeiro contendo oitenta e seis tratamentos (oitenta tratamentos regulares e seis testemunhas comuns) e o outro com noventa tratamentos (oitenta e quatro tratamentos regulares e seis testemunhas comuns).

O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados, utilizando como testemunhas seis híbridos simples (BX1200, BX1293, BX970, BX967YG, 2B587HX, DKB390YG).

A parcela experimental foi constituída de 4 linhas de 5 metros. Foram obtidos apenas dados de produtividade de grãos (t/ha) corrigidos para 13,5% de umidade.

### 3.4 Análise dos dados

Procedeu-se à análise de variância por grupo de topcross, utilizando o delineamento de blocos ao acaso, considerando cada local como bloco. O modelo utilizado foi o seguinte:

$$Y_{ij} = \mu + t_i + b_j + e_{ij}$$

em que:

$Y_{ij}$ : é a observação da parcela que recebeu o tratamento  $i$  na repetição ou local  $j$ ;

$\mu$ : é a média geral;

$t_i$  : mede o efeito do tratamento  $i$  ( $i=80$  ou  $i=84$ );

$b_j$  : mede o efeito da repetição  $j$  ( $j=1,2$ );

$e_{ij}$  : é o erro experimental associado à observação  $Y_{ij}$ .

Posteriormente, utilizando as seis testemunhas comuns, foi efetuada a análise combinada utilizando a metodologia descrita por Gomes (1982).

Utilizando as médias das análises por grupo dos topcrosses, procedeu-se a uma análise considerando um dialelo parcial, em que um grupo é das populações híbridas e o outro dos testadores. Foi utilizado o método IV de Griffing (1956), adaptado para os cruzamentos dialélicos por Geraldi e Miranda Filho (1988).

O modelo adotado foi o seguinte:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + \varepsilon_{ij}.$$

em que:

$Y_{ij}$ : valor médio da combinação híbrida entre o  $i$ -ésimo testador e a  $j$ -ésimo híbrido.

$\mu$ : média geral;

$g_i$ : efeito da capacidade geral de combinação do  $i$ -ésimo testador ( $i=1,2,3,4$ )

$g_j$ : efeito da capacidade geral de combinação da  $j$ -ésima híbrido ( $j=1,2,\dots,41$ )

$s_{ij}$ : efeito da capacidade específica de combinação entre  $i$ -ésimo testador e a  $j$ -ésimo híbrido.

$\varepsilon_{ij}$ : erro experimental médio.

Utilizando os resultados da análise combinada, a fonte de variação Topcross foi decomposta em efeito de populações dentro de cada testador.

Considerou-se o efeito de populações como aleatório e, assim, foi possível estimar a herdabilidade para a seleção da população híbrida considerando cada testador individualmente. A herdabilidade ( $h^2$ ) foi estimada por:

$$h^2 = \frac{[QM \text{ topcross} / (QM \text{ testador}_i - QM \text{ erro})]}{(QM \text{ topcross} / (QM \text{ testador}_i))}$$

em que:

QM topcross: quadrado médio da fonte de variação Topcross;

QM testador<sub>i</sub>: quadrado médio do testador i;

QM erro: quadrado médio do erro.

Utilizando as médias das análises por grupo de topcross foi realizado o teste de Scott e Knott (1974) para que os topcrosses fossem separados em grupos.

Para melhor discriminação dos topcrosses foi realizada uma distribuição de frequência por testador, utilizando-se as médias dos topcrosses.

Todas as análises foram realizadas utilizando o programa SAS Institute (2004).

#### 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resumos das análises de variância por grupo de “topcross” estão apresentados no ANEXO A (Tabelas 1 e 2). Verifica-se diferença significativa entre os topcrosses apenas no grupo 1. Observa-se que o erro experimental foi muito semelhante nos dois grupos. As estimativas do coeficiente de variação foi, praticamente, a mesma (ANEXO A - Tabelas 1 e 2). Esse fato possibilitou inferir que os dois grupos foram avaliados com precisão semelhante.

Na análise combinada, envolvendo todos os topcrosses, observou-se que a interação testemunha x grupo foi não significativa. Essa é uma pressuposição favorável para análise combinada. Veja que a fonte de variação tratamentos foi significativa ( $P \leq 0,03$ ), condição indispensável para se atingir os objetivos do trabalho (Tabela 3).

Na decomposição da fonte de variação dos tratamentos, segundo dialelo parcial, observou-se que entre as populações híbridas (CGC I) não ocorreu diferença significativa. Isso indica que essas populações não diferiram com relação à capacidade geral de combinação com as linhagens (Tabela 3). O mais importante, contudo, que se propunha no trabalho, é identificar entre as linhagens da empresa aquela (s) que tivesse (m) melhor comportamento como testador das populações híbridas e, assim, identificar a (s) população (ões) em que deveria se concentrar os esforços na extração de novas linhagens. Observou-se que as linhagens (testadores – CGC II) diferiram na capacidade geral de combinação (Tabela 3). Constatou-se, também, que a capacidade específica de combinação não foi significativa (Tabela 3).

Tabela 3 Resumo da análise combinada da produtividade de grãos (t/ha) obtida na avaliação de topcrosses entre populações derivadas de híbrido simples com quatro linhagens testadoras na safrinha 2012

FV	GL	QM	Pvalor
Entre Grupos	1	0	$\geq 0,99$
Grupo/ Repetição	2	4,53	$\leq 0,01$
Topcrosses (Tp)	163	0,57	0,02
<hr style="border-top: 1px dashed black;"/>			
Populações Híbridas (PH)-CGC I	40	0,56	0,11
Entre Linhagens testadoras (LT)-CGC II	3	6,1	$\leq 0,01$
PH x LT – CEC	120	0,44	0,41
<hr style="border-top: 1px dashed black;"/>			
Testemunhas (TE)	5	0,53	0,99
TE vs. Tp	1	2,51	0,85
TE x Grupo	5	0,22	0,75
Resíduo	174	0,42	
			Média
Topcrosses (Tp)			7,03
BX1200			7,78
BX1293			7,48
BX970			7,24
BX967YG			6,72
2B587HX			7,56
DKB390YG			7,42

Considerando um loco B, a capacidade de combinação com um testador é obtida pela expressão:  $\bar{C}_i - \bar{C}_0 = CGC = (p_i - \bar{p}) \times [a_B + (1 - 2t)d_B]$ . Considerando o que foi realizado, tem-se que  $\bar{C}_i$  é a média do topcross envolvendo a linhagem  $i$ ,  $\bar{C}_0$  é a média geral de todos os topcrosses.  $p_i$  é a frequência do alelo favorável no híbrido  $i$ . Como a população foi derivada de um híbrido simples, o valor de  $p_i$  pode assumir valores 1 ou 0, nos locos já fixados com alelos favoráveis ou não e  $1/2$  nos locos que estão segregando. O  $a_B$  é o desvio do homozigoto em relação ao ponto médio e o  $d_B$  é o desvio do

heterozigoto quanto ao ponto médio, ou seja,  $a_B$  e  $d_B$  são propriedades do loco e independe da constituição genética do híbrido.

Já o  $t$  corresponde à frequência do alelo favorável no testador. No caso em que foi utilizada linhagem como testadora, o  $t$  assume valores de 0 ou 1. Pela expressão verifica-se que, para os locos sem dominância  $d = 0$ , a capacidade de combinação passa a ser função de apenas  $\overline{C}_i - \overline{C}_0 = (p_i - \overline{p}) x a_B$ . Pode-se, assim, reconhecer os híbridos que apresentam maior frequência de alelos favoráveis, independente do testador. Contudo, a ocorrência de dominância, para a maioria dos locos que estão envolvidos com a produtividade de grãos é comum na cultura do milho (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Assim, o testador tem grande importância na avaliação da capacidade de combinação.

Nos locos em que o testador (linhagem) tem frequência de  $t = 1$  a capacidade de combinação passa a ser função de:  $\overline{C}_i - \overline{C}_0 = (p_i - \overline{p}) x (a_B - d_B)$ . Quando  $a_B = d_B$  tais locos não contribuirão em nada para a discriminação dos híbridos. A situação é favorável, contudo, quando  $t = 0$ , nesse caso  $\overline{C}_i - \overline{C}_0 = (p_i - \overline{p}) x (a_B + d_B)$ . Veja que os efeitos de  $a_B$  como os de dominância  $d_B$  irão contribuir para a discriminação dos híbridos, quanto à capacidade de combinação. Contudo, quando se utilizam linhagens, os melhoristas, normalmente, utilizam as melhores linhagens do programa, portanto, provavelmente, a maioria dos locos não estão fixadas com alelos desfavoráveis.

A estimativa da capacidade geral de combinação (CGC) entre as linhagens testadoras é apresentada na Tabela 4. Veja que a linhagem 3 ( $L_3$ ) apresentou a maior CGC, portanto é a que possui a maior média em cruzamento com híbridos. De modo análogo, se a empresa for identificar uma ou mais



linhagens dessas populações para compor outros novos híbridos, utilizando uma das quatro a L<sub>3</sub> seria a referida linhagem. Deve ser enfatizado, entretanto, que o ciclo dessa linhagem pode restringir o seu uso, no programa visando ao milho safrinha.

Tabela 4 Estimativa de CGC das quatro linhagens utilizadas como testadoras das populações híbridas

Linhagem	CGC
L1	0,02ns
L2	-0,05ns
L3	0,35*
L4	-0,32*

\* Estimativas diferentes de zero ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de t.

Considerando, contudo, o objetivo do trabalho de identificar algumas populações híbridas, para concentrar os esforços na extração de linhagens, as informações obtidas por meio da análise dialélica não foram eficazes. Por essa razão, optou-se por proceder à outra decomposição da fonte de variação de tratamentos (Tabela 5). Nesse caso, foi avaliada a variação entre populações híbridas considerando cada testador isoladamente. O menor nível de significância para o teste de F foi obtido com a linhagem 2 (L<sub>2</sub>) e a linhagem 3 (L<sub>3</sub>) ( $P \leq 0,20$ ). Nesse contexto, as linhagens L<sub>2</sub> e L<sub>3</sub> discriminaram melhor as populações híbridas. As estimativas de h<sup>2</sup> obtidas (Tabela 5) reforçam essa observação, embora mesmo para esses testadores elas fossem de pequena magnitude. Assim a L<sub>3</sub> foi o melhor testador, pois apresentou maior CGC e, ao mesmo tempo, possibilitou a discriminação das populações híbridas.

Tabela 5 Resumo da análise combinada da produtividade de grãos ( $t\ ha^{-1}$ ) e estimativas da herdabilidade para a seleção na média do topcross dentro de cada testador. Dados obtidos na avaliação de topcrosses entre populações derivadas de híbrido simples com quatro linhagens testadoras na safrinha 2012

FV	GL	QM	Pvalor	$h^2$
Topcrosses	(163)	(0,57)	0,02	0,26
Dentro de Topcross 1	40	0,37	0,68	0,00
Dentro de Topcross 2	40	0,56	0,11	0,24
Dentro de Topcross 3	40	0,51	0,20	0,17
Dentro de Topcross 4	40	0,44	0,42	0,04
Resíduo	174	0,42		

A distribuição de frequência das médias dos topcrosses, obtida por testador, mostra que, embora a amplitude de variação dos topcrosses fosse semelhante, com os testadores  $L_2$  e  $L_3$  ocorreu maior concentração nas classes mais extremas (Figura 2), que é uma condição favorável para a seleção. Contudo, a decisão de que testador a ser escolhido ou a melhor população a ser utilizada não é uma decisão muito precisa, a herdabilidade para a seleção dos híbridos foi pequena, inferior a 25%. Inclusive, só foi possível agrupar os topcrosses pelo teste de Scott e Knott (1974), se utilizar um nível de significância  $\leq 25\%$  e só houve formação de mais de um grupo para os testadores  $L_2$  e  $L_3$ . Mesmo nesse caso, onde foram formados apenas dois grupos, é possível observar que os grupos formados não foram coincidentes.

O que se evidenciou é que a escolha de populações segregantes, derivadas de híbridos simples, por meio de linhagens testadoras não se mostrou ser uma boa estratégia. A discriminação das populações segregantes não foi expressiva e o trabalho envolvido é grande. A melhor opção seria avaliar as gerações  $F_1$  e  $F_2$  dos híbridos que se deseja verificar o potencial. Assim procedendo, pode-se estimar o " $m + a$ " e  $d$ , em que  $m + a$  é a média das infinitas linhagens que poderão ser obtidas na  $F_\infty$  (VENCOVSKY, 1987) e o  $d$

avalia a contribuição dos locos em heterozigose e, também, permite avaliar qual (is) população (ões) deverão segregar mais (RAMALHO; DIAS; CARVALHO, 2012). Desse modo, com menos esforço pode se ter informações muito mais úteis a respeito das populações segregantes, do que o emprego de testadores.

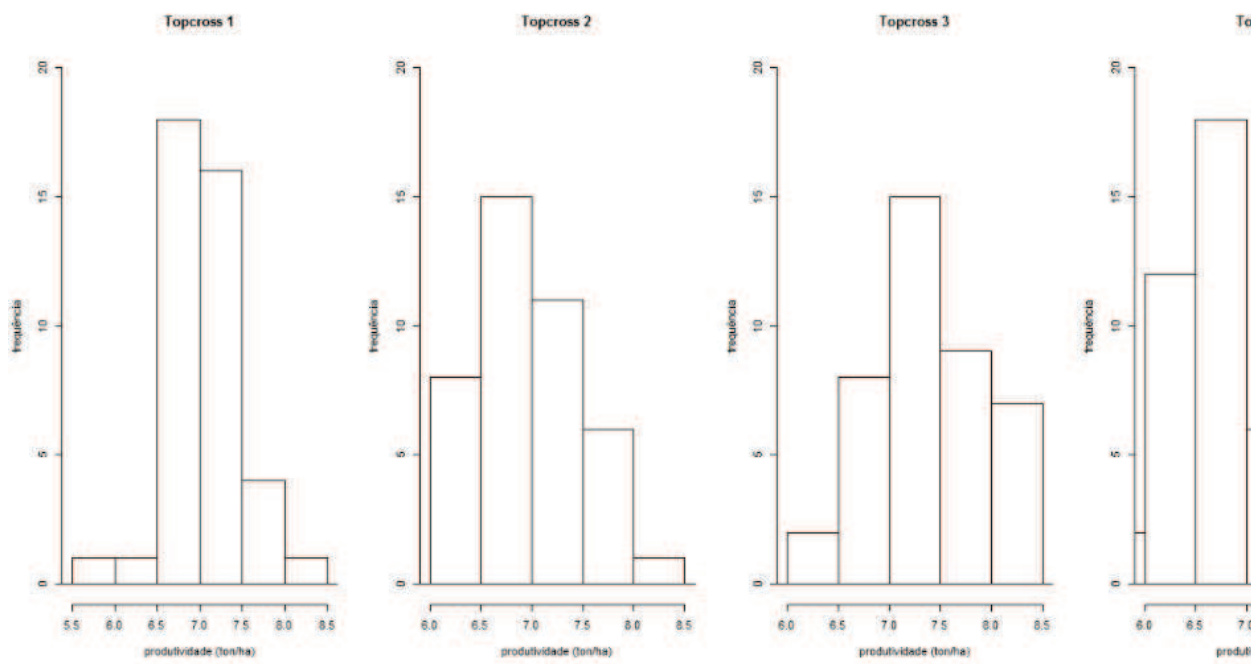


Figura 2 Distribuição de frequências da produtividade média de grãos (t/ha) dos topcrosses com as linhas L<sub>1</sub>, L<sub>2</sub>, L<sub>3</sub> e L<sub>4</sub>

## **5 CONCLUSÃO**

As linhagens testadoras não possibilitam discriminação consistente das populações.

O emprego de topcrosses, para a escolha de populações derivadas de híbridos simples, visando à extração de novas linhagens, não é eficiente.

## REFERÊNCIAS

- BARBOSA, A. M. M. et al. Relationship of intra- and interpopulation tropical maize single cross hybrid performance and genetic distances computed from AFLP and SSR markers. **Euphytica**, Netherlands, v. 130, n. 1, p. 87-99, Mar. 2003.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2<sup>nd</sup> ed. Woodburg: Stemma, 2010.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Minnesota: Woodbury, 2002.
- BERNINI, C. S. **Avaliação agronômica e heterose de híbridos de populações F2 de milho, visando nova alternativa para o Estado de São Paulo**. 2011. 74 p. Dissertação (Mestrado em Agricultura e Subtropical) – Instituto Agrônomo, Campinas, 2011.
- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: Editora da Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- COELHO, A. M.; CRUZ, J. C.; PEREIRA FILHO, J. A. Rendimento do Milho no Brasil: chegamos ao máximo? **Informações Agronômicas**, Piracicaba, n. 101, p. 1-12, mar. 2003. Encarte Técnico.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Séries históricas**. Brasília: CONAB, 2014. Disponível em: <[www.conab.gov.br](http://www.conab.gov.br)>. Acesso em: 12 fev. 2014.
- CROW, J. F. Dominance and overdominance. In: COORS, J. G.; PANDSEY, S. (Ed.). **Genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison: American Society of Agronomy, 1999. p. 49-58.
- DUVICK, D. N.; SMITH, J. S. C.; COOPER, M. Long-term selection in a commercial hybrid maize breeding program. **Plant Breeding Reviews**, Westport, v. 24, n. 2, p. 109-151, Apr. 2004.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. London: Longman, 1996.

GERALDI, I. O.; MIRANDA FILHO, J. B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v. 11, n. 2, p. 419-430, 1988.

GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: Atual, 1982.

GRIFFING, A. R. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. **Australian Journal of Biological Science**, Essex, v. 9, p. 463-493, June 1956.

GUIMARÃES, P. S. et al. Correlação da heterose de híbridos de milho com divergência genética entre linhagens. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.42, n. 6, p. 811-16, jun. 2007.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. D. **Quantitative genetics in maize breeding**: volume 1. 3. ed. Berlin: Springer-Verlag, 2010.

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

JENKINS, M. T.; BRUNSON, A. M. Methods of testing inbred lines of corn in crossbreed combinations. **American Society of Agronomy Journal**, Madison, v. 24, n. 7, p. 523-530, July 1932.

LINDSTRON, E. W. Prepotency of inbred lines on commercial varieties of maize. **American Society of Agronomy Journal**, Madison, v. 23, p. 652-661, 1931.

LIPPMAN, Z. B.; ZAMIR, D. Heterosis revisiting the magic. **Trends in Genetics**, Amsterdam, v. 23, n. 2, p. 60-66, Feb. 2007.

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

MELO, W. M. C.; PINHO, R. G. V.; FERREIRA, D. F. Capacidade combinatória e divergência genética em híbridos comerciais de milho. **Ciência Agrotécnica**, Lavras, v. 25, n. 4, p. 821-830, 2001.

MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 277-340.

- MORAN, J. F. A. **Comparação de testadores para avaliação da capacidade de combinação de linhagens de milho (*Zea mays* L.)**. 1990. 264 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1990.
- PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978.
- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas : Fundação Cargill, 1987. p. 217-265.
- PATERNIANI, M. E. A. G. Z. et al. Capacidade combinatória, divergência genética entre linhagens de milho e correlação com heterose. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 3, p. 639-648, 2008.
- RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas Autógamas**: volume 1. Lavras: Editora da UFPA, 2012.
- RAMALHO, M. A. P.; DIAS, L. A. dos S.; CARVALHO, B. L. Contributions of plant breeding in Brazil: progress and perspectives. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. Viçosa, v. 12, nesp., p. 111-120, Dec. 2012.
- RAWLINGS, J. C.; THOMPSON, D. L. Performance level as criterion for the choice of maize tester. **Crop Science**, Madison, v. 2, n. 3, p. 217-220, May 1962.
- RISSI, R.; HALLAUER, A. R. Evaluation of four testers for evaluating maize (*Zea mays* L.) lines in a hybrid development program. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 2, p. 467-481, June 1991.
- SAS INSTITUTE. **SAS 9.1.3 help and documentation**. Cary: SAS Institute, 2004.
- SAWAZAKI, E.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Evolução dos cultivares de milho no Brasil. In: GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V. (Ed.). **Tecnologias de produção do milho**. Viçosa: Editora da Universidade Federal de Viçosa, 2004. p. 55-83.



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

SHULL, G. H. A pure-line method in corn breeding. **Journal of Heredity**, Oxford, v.5, n. 1, p. 51-59, 1909.

SHULL, G. H. The composition of a field of maize. *Journal of Heredity*, Oxford, v. 4, n. 1, p. 296-301, 1908.

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 a testcross performance. **Crop Science**, Madison, v. 26, n. 3, p. 540-543, May 1986.

SOUZA JÚNIOR, C. L. de. Contribuições da genética quantitativa para o melhoramento genético de plantas. In: SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1997, Lavras. **Anais...** Lavras: Editora da UFLA, 1997. p. 96-125.

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

SOUZA SOBRINHO, F. **Divergência genética de híbridos simples e alternativa para obtenção de híbridos duplos de milho**. 2001. 96 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2001.

SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs. specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of American Society of Agronomy**, Madison, v. 34, n. 10, p. 923-932, Oct. 1942.

TROYER, A. F. Breeding early corn. In: HALLAUER, A. R. Speciality corns. Ames : CRC, 1994. p. 342-396.

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.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. 2. ed. rev. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 135-214.

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.

YAO, H. et al. Genomic dosage effects on heterosis in triploid maize. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Washington, v. 110, n. 7, p. 2665-2669, Feb. 2013.

## ANEXOS

## ANEXO A – Tabelas complementares

Tabela 1 Resumo da análise de variância da produtividade de grãos ( $t\ ha^{-1}$ ) do primeiro grupo de topcrosses avaliado

FV	GL	QM	Fc	P
Topcross	79	0,53	1,54	0,03
Testemunhas	5	0,24	0,7	0,62
Topcross vs. Testemunhas	1	1,22	3,51	0,06
Local	1	5,77	16,64	$\leq 0,01$
Residuo	85	0,35		
Média		7,05		
CV %		8,35		

Nota: Dados obtidos em experimentos conduzidos na safrinha 2012 em dois locais/repetições.

Tabela 2 Resumo da análise de variância da produtividade de grãos ( $t\ ha^{-1}$ ) do segundo grupo de topcrosses avaliado

FV	GL	QM	Fc	P
Topcross	83	0,61	1,25	0,15
Testemunhas	5	0,51	1,04	0,40
Topcross vs. Testemunhas	1	1,29	2,63	0,1
Local	1	3,29	6,71	0,01
Residuo	89	0,49		
Média		7,06		
CV %		9,94		

Nota: Dados obtidos em experimentos conduzidos na safrinha 2012 em dois locais/repetições.

Tabela 3 Tabela de médias de produtividade de grãos (t.há<sup>-1</sup>) dos 41 híbridos topcross com a linhagem L<sub>2</sub>

Híbridos	Médias
4	8,47a
39	7,75a
24	7,69a
3	7,68a
14	7,66a
37	7,62a
30	7,61a
17	7,45a
10	7,43a
11	7,43a
1	7,43a
2	7,22a
9	7,21a
23	7,21a
35	7,21a
5	7,12a
12	7,11a
36	7,00b
31	6,97b
16	6,92b
22	6,92b
6	6,91b
13	6,89b
21	6,89b
32	6,88b
8	6,81b
38	6,78b
34	6,75b
27	6,69b
28	6,67b
15	6,57b
29	6,52b

“Tabela 3, conclusão”

Híbridos	Médias
26	6,51b
18	6,36b
20	6,32b
33	6,32b
41	6,31b
40	6,29b
7	6,28b
25	6,26b
19	6,08b

Médias seguidas da mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott (1974) ao nível de 25% de probabilidade

Tabela 4 Tabela de médias de produtividade de grãos (t.há<sup>-1</sup>) dos 41 híbridos topcross com a linhagem L<sub>3</sub>

Híbridos	Médias
24	8,36a*
38	8,25a
27	8,16a
26	8,15a
33	8,11a
1	8,07a
35	8,03a
29	7,76a
11	7,72a
28	7,7a
32	7,65a
34	7,64a
12	7,61a
23	7,6a
13	7,59a
31	7,53a
14	7,5a

“Tabela 4, conclusão”

Híbridos	Médias
5	7,46a
22	7,45a
15	7,45a
3	7,38a
6	7,31b
19	7,3b
9	7,21b
10	7,19b
4	7,15b
20	7,15b
8	7,12b
18	7,04b
36	7,02b
39	7,02b
17	6,97b
30	6,97b
21	6,94b
7	6,91b
16	6,9b
41	6,86b
37	6,85b
2	6,77b
40	6,36b
25	6,13b

\*Médias seguidas da mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott (1974) ao nível de 25% de probabilidade