



## **AVALIAÇÃO DE PROGÊNIES $S_3$ POR MEIO DE TOPCROSSES VISANDO À PRODUÇÃO DE MILHO PARA FORRAGEM**

Hans dos Santos Lima (PIBIC/CNPq/UEM), Alex Sandro Torre Figueiredo, Amanda Tami Kuroda, Ronald José Barth Pinto (Orientador), e-mail: rjbpinto@uem.br  
Universidade Estadual de Maringá / Centro de Ciências Agrárias/Maringá, PR.

**Área: 5.01.00.00-9 (Agronomia); Subárea: 5.01.03.00-8 (Fitotecnia)**

**Palavras-chave:** testadores, capacidade combinatória, dialelo parcial

**Resumo:** Foram avaliados três testadores de base genética estreita combinados com 72 progênies  $S_3$  derivadas de populações de milho selecionadas por seu mérito forrageiro. Para tanto, foram conduzidos três experimentos delineados em látice simples, com 81 tratamentos. Avaliou-se rendimento de grãos (RG) e de massa verde (MV). A partir das médias ajustadas, foram estimadas as capacidades combinatórias de testadores, progênies e híbridos topcross, utilizando um dialelo parcial a partir das combinações  $F_1$ . Ficou evidenciada a variabilidade genética para a seleção de testadores e progênies promissoras para RG e MV. O melhor testador para RG e MV foi a linhagem elite 9.H3.33. A progênie 21 combinou-se bem com o melhor testador, tanto para RG quanto para MV.

### **Introdução**

O fornecimento de alimentos com alto valor nutritivo, especialmente em períodos de vazio forrageiro, é essencial à manutenção de índices produtivos satisfatórios na exploração animal, em propriedades dedicadas à exploração pecuária (Oliveira et al., 2004).

O milho é muito utilizado na alimentação animal, devido a características como elevada aceitação animal, alto rendimento de grãos e matéria seca, teor de proteína satisfatório e fácil cultivo (Marcondes et al., 2012). De fato, aproximadamente 70% do milho produzido no mundo e no Brasil é destinado à alimentação animal, justificando a criação de programas de melhoramento de milho voltados à obtenção de germoplasma apropriado à formação de híbridos forrageiros superiores, adaptados às diversas condições edafoclimáticas brasileiras.

A escolha correta das linhagens é fundamental para o êxito de um programa dedicado à busca de híbridos superiores (Souza Neto et al., 2015). Para isso, pode ser utilizada a técnica dos cruzamentos *topcrosses*, que consiste em combinar famílias parcialmente endogâmicas ( $S_2$  ou  $S_3$ ) com um ou mais testadores. Os testadores que auxiliam na escolha das linhagens



podem ter base genética ampla, como populações, ou estreita, como híbridos simples e linhagens elite (Hallauer et al., 2010). Assim, as melhores linhagens são selecionadas com base em sua capacidade combinatória. O trabalho teve como objetivo avaliar três testadores de base genética estreita com 72 famílias ( $S_3$ ) oriundas de gerações avançadas de híbridos comerciais de milho, previamente avaliados para produção de grão e forragem.

## **Materiais e métodos**

Na safra 2014/2015 foram implantados na FEI (Universidade Estadual de Maringá) três experimentos delineados em látice simples com 81 tratamentos. Cada experimento agrupou 72 híbridos *topcrosses* do respectivo testador mais 9 híbridos comerciais de milho, como testemunhas. As parcelas tinham duas fileiras de 5 m, espaçadas 0,9 m entre si, com 22,7 cm entre plantas. Avaliou-se o rendimento de grãos (RG), expresso em  $\text{kg ha}^{-1}$  a 13% de umidade, e o rendimento de massa verde (MV), avaliado em plantas cujos grãos se encontravam em estágio de grão pastoso a farináceo ( $\frac{1}{2}$  linha do leite). Em cada parcela, uma das fileiras foi usada para verificar o RG e a outra, para avaliar MV. Com base nas médias ajustadas dos tratamentos, foram estimadas a capacidade geral de combinação (CGC) dos testadores, sendo o Grupo I constituído pelos híbridos simples AG8088 e DKB330 e pela linhagem elite 9.H3.3, extraída do híbrido AG8080. O Grupo II foi formado pelas 72 famílias  $S_3$ . Avaliou-se a capacidade específica de combinação (CEC) dos híbridos (grupo I x grupo II), por meio da análise dialélica parcial, considerando apenas as combinações híbridas  $F_{1S}$ .

## **Resultados e Discussão**

Foi verificado para RG e MV um efeito significativo dos tratamentos nos três experimentos avaliados, indicando a presença de variabilidade genética (Tabela 1). Os valores dos coeficientes de variação indicaram uma boa precisão experimental durante a condução e análise dos experimentos para ambas as variáveis analisadas.

Os componentes de variância que refletem a variabilidade genética disponível para a seleção foram maiores nos experimentos com os testadores AG8088 e 9. H3.33 para ambas as variáveis (Tabela 1). Os valores dos coeficientes de herdabilidade ampla ( $h^2$ ) variaram de 54,7% a 75,1% para RG e de 44,7 a 55,81% para MV, indicando que, tanto para RG como para MV, a variabilidade ambiental deve ser considerada, pela possibilidade de redução do nível de acerto na seleção das progênes mais promissoras.



**Tabela 1** – Análise de variância dos experimentos em látice modificado com as estimativas de quadrado médio para rendimento de grãos (RG) e de massa verde (MV), para cada testador, combinado com as progêneses S<sub>3</sub>.

FV	GL	Testadores					
		AG8088		DKB330		9.H3.33	
		RG	MV	RG	MV	RG	MV
Repetição	1	394850,4	40164557,4	696265,5	64240913,6	1057977,4	21143984,2
Bloco/Repetição	16	1768940,7	11573856,0	593974,1	27249458,6	810171,3	17089946,1
Trat. (ajustado)	80	3204139,6**	24710938,2**	1224981,1**	39306327,5**	1695621,7**	45552356,7**
Erro efetivo	64	796464,2	10917832,1	480717,4	21736274,9	797614,2	20615926,9
Efic. do látice	-	115,87	100,10	101,25	101,42	100,00	96,57
Var. genotípica	-	1203837,7	6869553,0	522131,8	8785026,2	449003,7	12468214,8
Var. fenotípica	-	1602069,8	12355469,1	762490,53	19653163,7	847810,8	22776178,3
Herdabilidade (%)		75,14	55,81	68,47	44,70	52,96	54,74
CV (%)	-	12,36	7,06	9,69	10,0	11,59	9,25

\*\*Significativo pelo teste de F(p<0,01).

Os dialelos permitem a obtenção de estimativas de CGC e CEC, relacionadas à ação de genes de efeito aditivo e não aditivo, respectivamente. A significância dos quadrados médios para CGC e CEC indicou que ambos os efeitos gênicos foram importantes no controle dos caracteres (Tabela 2).

**Tabela 2** – Análise de variância do dialelo parcial com desdobramento do efeito de tratamentos em efeitos de capacidade geral (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), para rendimento de grãos (RG) e de massa verde (MV).

FV	GL	QM	
		RG	MV
Cruzamento	(215)	1850286,99	41040749,65
CGC (grupo I)	2	13255475,08**	300901206,13**
CGC (grupo II)	71	2160827,52**	49356305,22**
CEC (I x II)	142	1534380,28**	33222965,44**
Resíduo médio	192	691598,64	17756678,02

\*\*Significativo pelo teste de F(p<0,01).

A linhagem testadora 9.H3.3 foi o genitor de maior  $\hat{g}_i$  dentro do grupo I, para RG (347,40 kg ha<sup>-1</sup>) e MV (1653,78 kg ha<sup>-1</sup>), evidenciando uma maior frequência de genes favoráveis de efeito aditivo e contribuindo para aumentar RG e MV em seus cruzamentos. No grupo II, as progêneses S<sub>3</sub> que mais se destacaram em CGC para RG foram as famílias 12, 61, 63, 2 e 55, com 1610, 1495, 1349, 1110 e 1043 kg ha<sup>-1</sup>, respectivamente. Para MV, as famílias S<sub>3</sub> que se destacaram em CGC foram 24, 15 e 4, com 8287, 5403 e 5138 kg ha<sup>-1</sup>.



respectivamente. Vale destacar que a família 29 apresentou efeitos de CGC apreciáveis tanto para RG como para MV, devido à presença de alelos favoráveis de efeito aditivo para ambas as variáveis.

Com o testador 9H3.3, as famílias 8, 66, 21 e 56 se destacaram por efeitos de CEC para RG, com 1426, 1303, 1248 e 1230 kg ha<sup>-1</sup>, respectivamente, esta última apresentando também um alto valor de  $\hat{g}_i$  para RG. Para MV, as progênies de destaque foram 63, 71, 49, 29, 32, 21, 4, 23 e 24, com 8389, 7671, 7409, 4944, 4822, 4761, 4617, 3300 e 2994 kg ha<sup>-1</sup>, respectivamente. As progênies 29, 4, 23 e 24 apresentaram efeitos positivos e de alta magnitude de  $\hat{g}_i$ . A progênie 21 merece destaque, pois se combinou bem com a linhagem 9.H3.33 tanto para RG quanto RMV.

## Conclusões

Os resultados permitiram concluir que existe variabilidade genética para a seleção de testadores e de famílias parcialmente endogâmicas que sejam promissoras para rendimento de grãos e produtividade de massa verde, em milho, com destaque para a linhagem 9.H3.33, que mostrou-se adequada como testadora das progênies S<sub>3</sub> para ambos os caracteres.

## Referências

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 500 p.

MARCONDES, M.M.; NEUMANN, M.; MARAFON, F.; ROSÁRIO, J.G.; FARIA, M.V. Aspectos do melhoramento genético de milho para a produção de silagem. **Revista brasileira de tecnologia aplicada às ciências agrárias**, v.5, p.173-192, 2012.

OLIVEIRA, J.S.; SOUZA SOBRINHO, F.; FERNANDES, S.B.V.; WÜNSCH, J.A.; LAJÚS, C.A.; DUFLOTH, J.H.; ZANATTA, J.C.; MOLETTA, J.L.; PEREIRA, V.; LEDO, F.J.S., BOTREL, M.A.; AUAD, M.V. **Estratificação de ambientes, adaptabilidade e estabilidade de híbridos comerciais de milho para silagem no sul do Brasil**. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.34, n.4, p.997-1003, 2004.

SOUZA NETO, I.L.; PINTO, R.J.B.; SCAPIM, C.A.; CABRERA, C.J.; FIGUEIREDO, A.S.T.; BIGNOTTO, L.S. Diallel analysis and inbreeding depression of hybrid forage corn for agronomic traits and chemical quality. **Bragantia**, v.74, n. 1, p.42-49, 2015.