

## CAPACIDADE COMBINATÓRIA DE LINHAGENS DE MILHO FORRAGEIRO

Giovana Dal Lago Garcia (PIBIC/CNPq/FA/UEM), Ronald José Barth Pinto (Orientador), Robson Akira Matsuzaki, Mauricio Carlos Kuki, Alex Viana Alves, Tauana Eisele Gibim, e-mail: rjbpinto@uem.br.

Universidade Estadual de Maringá / Centro de Ciências Agrárias / Maringá, PR.

**Área e subárea do conhecimento: Área: 5.01.00.00-9; subárea: 5.01.03.05-9**

**Palavras-chave:** topcrosses, silagem, rendimento de massa verde.

**Resumo:** A produção de silagem de milho é de grande importância para o sistema de produção animal. O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho agrônomico de híbridos topcross de milho para forragem, para selecionar progênies superiores de milho a serem utilizadas no programa de melhoramento da UEM. Os experimentos foram delineados em látice simples parcialmente balanceado (9x9), totalizando 81 tratamentos, sendo 79 híbridos topcross e dois híbridos comerciais utilizados como testemunhas (P4285 e DKB330). Foram avaliadas três características importantes para o milho forrageiro: rendimento de grãos, rendimento de massa verde e rendimento de matéria seca. As progênies 63, 36, 14, 69, 9, 16 e 27 tiveram desempenho superior em todas as variáveis avaliadas. Tal desempenho proveio de uma maior frequência de genes favoráveis de efeito aditivo, atuando no controle genético dos referidos caracteres, justificando a permanência dessas famílias na síntese de linhagens e nas etapas subsequentes do programa de melhoramento de milho forrageiro da UEM.

### Introdução

O milho (*Zea mays L.*) é o cereal mais produzido no Brasil, sendo amplamente utilizado na alimentação humana, animal e finalidades industriais. No caso específico do milho forrageiro, 15% da área cultivada anualmente com milho no Brasil é direcionada à produção de silagem, ficando clara a importância do milho nos sistemas de produção animal (PEREIRA, 2013).

Uma vez constatada a variabilidade genética nos locos que controlam caracteres de importância agrônômica, os melhoristas buscam metodologias apropriadas à seleção de genótipos superiores que constituam o germoplasma a ser recombinado nas etapas mais avançadas do programa de melhoramento de milho.

Entre os métodos utilizados para o estudo preliminar de genótipos, destacam-se os topcrosses e os dialelos, oferecendo a possibilidade de avaliar a capacidade combinatória de famílias parcialmente endogâmicas.

Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho agrônomo de híbridos topcross de milho para forragem, e selecionar progênies de alto desempenho para o programa de melhoramento da UEM.

## Materiais e métodos

Os trabalhos de campo (campo de polinização e avaliação de topcrosses) foram instalados e conduzidos na Fazenda Experimental de Iguatemi (FEI), pertencente à Universidade Estadual de Maringá – UEM. A FEI está localizada no distrito de Iguatemi, município de Maringá, região Noroeste do Estado do Paraná. O solo da área experimental é classificado como Nitossolo Vermelho Distroférrico (EMBRAPA, 2006).

Para a condução dos trabalhos de campo, foi realizada uma adubação de semeadura com  $450 \text{ kg ha}^{-1}$  da formulação 08-20-20 de N-P-K + 0,5% Zn. A adubação nitrogenada em cobertura foi realizada em duas aplicações, quando as plantas de milho se encontravam nos estádios  $V_4$  e  $V_8$ , com folhas completamente expandidas, utilizando  $400 \text{ kg ha}^{-1}$  de ureia (45% de N), sendo aplicados 50% em  $V_4$  e o restante em  $V_8$ . As avaliações foram realizadas através de quatro experimentos em área contígua, os quais reuniram os híbridos topcross obtidos a partir de diferentes testadores (híbridos 2B688-Dow e LG 6030-Limagrain; linhagens elite 9.H3.33 e 53F.P37, derivadas dos híbridos AG8080 e P30F53).

Cada experimento foi delineado em látice simples parcialmente balanceado (9x9), totalizando 81 tratamentos, sendo 79 híbridos topcrosses e dois híbridos comerciais utilizados como testemunhas (P4285 e DKB330). Cada unidade experimental foi constituída por duas fileiras de plantas de 5 m, espaçadas 0,90 m entre si, totalizando uma área útil de  $9,0 \text{ m}^2$ . As plantas da primeira fileira foram utilizadas para avaliar rendimento de grãos (RG), e as da segunda fileira empregadas para avaliar rendimento de massa verde (RMV) e rendimento de matéria seca (RMS).

As análises estatísticas foram realizadas através do pacote estatístico Genes (CRUZ, 2013). A análise do dialelo parcial foi feita com base nas médias dos tratamentos, utilizando o modelo proposto por Griffing (1956), e descrito por Cruz et al., (2012) baseado apenas nas combinações híbridas  $F_1$ .

## Resultados e Discussão

Os efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) foram significantes ( $P < 0,05$ ) para todas as variáveis estudadas, indicando a participação de genes de natureza aditiva no controle de tais características, em relação ao *pool* gênico avaliado neste experimento. Para que um *i*-ésimo genitor fosse considerado superior a um *j*-ésimo parental, considerou-se que o valor estimado de sua CGC ( $\hat{g}_i$ ) fosse ao menos duas vezes superior ao desvio padrão do contraste entre ambos ( $DP (G_j - G_j)$ ). Para o rendimento de grãos (RG), as progênies 63, 36, 79, 14, 29, 2, 53, 60, 24, 10, 34, 59, 6, 52, 66, 69, 67, 28, 37, 9, 16, 27, 19 e 46 se destacaram pelos efeitos de CGC. Quanto

ao RMS, os maiores valores de  $\hat{g}_i$  ocorreram nas progênies 14, 36, 38, 78, 5, 27, 51, 63, 40, 9, 20, 16, 3, 26, 77, 62, 17, 2, 22, 66, 75, 64, 69 e 53, propiciando acréscimos médios no RMS entre 1.798,41 kg ha<sup>-1</sup> e 388,74 kg ha<sup>-1</sup>. As progênies de destaque em CGC para RMV foram: 63, 51, 16, 36, 14, 9, 5, 40, 69, 78, 6, 38, 26, 64, 75, 35, 57, 27, 20 e 47 (Tabela 1).

**Tabela 1.** Estimativas de CGC das progênies para os caracteres avaliados.

Progênie	RG	RMV	RMS	Progênie	RG	RMV	RMS
1	-58,98	-1.283,04	-327,18	41	-238,20	-960,53	-434,25
2	458,05	544,40	543,60	42	81,14	-4.843,84	-1.450,16
3	-459,65	435,93	670,14	43	-420,21	-2.838,46	-659,72
4	-506,41	-2.842,12	-1.228,29	44	145,51	-1.620,15	-645,41
5	-92,70	2.825,28	1.062,27	45	74,49	1.128,38	310,83
6	313,95	2.215,16	210,48	46	149,85	-1.772,13	-628,96
7	-177,00	-3.444,56	-1.185,94	47	-268,81	1.843,80	-317,71
8	50,89	-1.577,22	-454,84	48	-241,51	-1.590,22	6,10
9	184,83	3.495,48	830,81	49	-80,58	-3.665,14	-871,55
10	338,65	284,22	-60,97	50	48,99	421,74	-179,81
11	-639,10	-1.558,58	-921,18	51	141,93	4.856,45	1.034,78
12	-192,68	-1.617,04	-184,25	52	263,18	1.569,31	278,40
13	31,12	-2.611,01	-1.014,60	53	457,44	821,62	388,74
14	589,65	4.547,09	1.798,41	54	-671,94	-535,70	-475,32
15	58,65	-4.374,25	-717,43	55	131,29	-78,28	-435,98
16	170,04	4.690,32	686,47	56	99,68	1.029,61	332,15
17	-162,49	95,68	548,47	57	-5,55	1.996,77	-101,84
18	-499,42	703,93	-339,19	58	2,07	-2.450,41	-1.758,38
19	155,55	-1.277,48	-188,65	59	319,10	-1.274,71	-598,77
20	132,72	1.926,26	790,22	60	360,74	-1.887,38	-325,56
21	-456,95	58,65	134,34	61	-239,86	-2.454,19	-509,04
22	-192,52	-1.158,43	542,14	62	-42,38	131,56	551,28
23	-344,86	-1.506,52	173,54	63	761,02	5.523,71	1.013,03
24	343,40	650,66	-95,47	64	-98,68	2.053,03	446,29
25	31,73	780,56	157,57	65	-356,18	-1.199,45	-926,24
26	14,38	2.130,08	587,97	66	259,77	662,38	459,93
27	167,13	1.979,57	1.045,82	67	228,02	-368,32	-49,34
28	203,38	-1.327,30	-359,34	68	-944,81	-1.519,87	-380,12
29	550,08	-688,05	36,69	69	229,89	2.395,28	435,86
30	28,68	-1.741,59	-96,31	70	-136,92	1.050,52	190,92
31	70,13	-1.435,99	-261,20	71	-219,33	-629,42	-296,13
32	-439,11	-512,12	199,04	72	-211,68	-1.793,86	-827,95
33	-55,45	-4.945,57	-962,25	73	-451,04	-2.933,14	-1.478,88
34	336,27	-662,51	-12,42	74	-362,09	-1.757,07	-225,29
35	120,58	1.998,50	-266,29	75	-147,02	2.011,75	448,75
36	706,24	4.630,36	1.783,30	76	-33,97	260,51	35,22
37	199,65	-42,09	374,51	77	-214,98	370,75	583,29
38	82,94	2.185,04	1.303,30	78	25,83	2.350,89	1.122,72
39	-204,95	1.082,35	-54,21	79	626,23	498,91	294,64
40	123,17	2.541,23	894,40	-	-	-	-
<b>DP (Gj-Gj')</b>	306.561	1842.338	706.526				

RG: rendimento de grãos (RG: kg ha<sup>-1</sup>); RMV: rendimento de massa verde (kg ha<sup>-1</sup>); RMS: rendimento de matéria seca (kg ha<sup>-1</sup>).

As progênies 63, 36, 14, 69, 9, 16 e 27 se destacaram simultaneamente para todas as três variáveis. Tais progênies são importantes para o programa de melhoramento, uma vez que apresentam uma maior frequência de genes

aditivos que contribuem para estas variáveis, sendo promissoras quanto à sua utilização no programa de melhoramento de milho forrageiro da UEM.

## Conclusões

As progêneses selecionadas devem ser avançadas no programa de melhoramento de milho forrageiro da UEM, pois se destacaram quanto à sua capacidade combinatória.

## Agradecimentos

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico pela concessão da bolsa e pelo incentivo à pesquisa.

## Referências

CRUZ, C. D. Genes – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 35, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4 ed. Viçosa: UFV, 2012. 514p.

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

EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos (Rio de Janeiro, RJ). **Sistema brasileiro de classificação de solos**. 2 ed. Rio de Janeiro: EMBRAPA-SPI, 2006. 306p.

PEREIRA, B. M. **Avaliação da qualidade da silagem de híbridos de milho (*Zea mays* L.) cultivados no Distrito Federal**. 28f. Monografia - Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, Brasília, 2013.