

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO PARA SELEÇÃO DE
GENÓTIPOS DE MILHO**

Carlos Henrique Braz Giorgenon
Engenheiro Agrônomo

2015

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO PARA SELEÇÃO DE
GENÓTIPOS DE MILHO**

Carlos Henrique Braz Giorgenon

Orientador: Prof. Dr. Gustavo Vitti Môro

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas).

2015

G498c Giorgenon, Carlos Henrique Braz
Capacidade de combinação para seleção de genótipos de milho /
Carlos Henrique Braz Giorgenon. -- Jaboticabal, 2015
iii, 54 p. : ; 28 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista,
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2015
Orientador: Gustavo Vitti Mõro
Banca examinadora: Rinaldo Cesar de Paula, Marcelo Marchi
Costa
Bibliografia

1. *Zea mays*. 2. Topcross. 3. Melhoramento genético. I. Título. II.
Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 631.52:633.15

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação –
Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

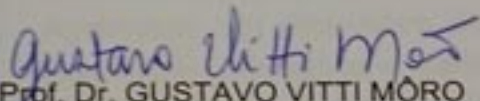
CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO PARA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO

AUTOR: CARLOS HENRIQUE BRAZ GIORGENON

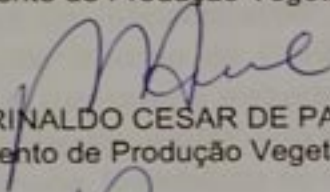
ORIENTADOR: Prof. Dr. GUSTAVO VITTI MÔRO

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de MESTRE EM AGRONOMIA (GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS) , pela Comissão Examinadora:



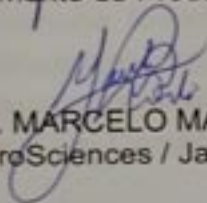
Prof. Dr. GUSTAVO VITTI MÔRO

Departamento de Produção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal



Prof. Dr. RINALDO CESAR DE PAULA

Departamento de Produção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal



Prof. Dr. MARCELO MARCHI COSTA

Dow AgroSciences / Jardinópolis/SP

Data da realização: 21 de agosto de 2015.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

CARLOS HENRIQUE BRAZ GIORGENON – filho de Carlos Alberto Giorgenon e Sandra Marlí Braz Giorgenon, nasceu em 27 de março de 1991 na cidade de Ribeirão Preto, estado de São Paulo. Ingressou em 2009 no curso de Engenharia Agrônômica na Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, câmpus de Jaboticabal/SP. Durante o período da graduação participou de vários cursos complementares e congressos na área agrônômica. Foi membro do GIEU (Grupo de Integração Empresa Universidade) e da empresa CAP Jr. (Consultoria Agrícola Júnior), onde participou da organização do XVII Dia de Campo. Realizou estágio curricular na University of Nebraska at Kearney nos Estados Unidos durante quatro meses. Obteve o título de Engenheiro Agrônomo em dezembro de 2013. Em 2014, ingressou no curso de Mestrado em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) na Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, câmpus de Jaboticabal/SP. Em 2015 foi membro da comissão organizadora do XI Curso de Inverno de Genética, realizado na UNESP de Jaboticabal/SP, em que também ministrou e elaborou o minicurso intitulado Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético de alógamas. É um dos autores do capítulo intitulado Modelos biométricos: ferramenta no melhoramento de alógamas do livro Tópicos Especiais em Genética Aplicada – Volume 2. Finalizou o curso de mestrado pelo Departamento de Produção Vegetal em agosto de 2015, obtendo o título de Mestre em Agronomia com ênfase em Genética e Melhoramento de Plantas.

“Para ter algo que você nunca teve, é preciso fazer algo que você nunca fez”

Chico Xavier

Aos meus pais Carlos e Sandra

À minha irmã Maira

À minha eterna namorada Loren

Dedico

Aos meus avós João Braz e Maria Aparecida
Ofereço

Agradecimentos

A Deus por permitir que tantas oportunidades me fossem oferecidas.

Aos meus pais Carlos Alberto Giorgenon e minha mãe Sandra Marlí Braz Giorgenon, aos quais eu devo tudo o que sou. Sem eles não teria conseguido.

À minha irmã Maira Braz Giorgenon por sempre estar ao meu lado me apoiando e que faz parte dessa família maravilhosa que eu tenho.

À minha eterna namorada Loren Massaro pelo carinho e companheirismo durante todos esses anos e nos momentos mais importantes.

À Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV/UNESP), Jaboticabal – SP pela nova oportunidade de me tornar Mestre em Agronomia e oferecer novos desafios em minha carreira.

Ao Prof. Dr. Gustavo Vitti Mouro pela amizade e fundamental orientação, sem a qual este trabalho não seria possível.

Aos amigos Lucas, Kauê, Rodolfo, Sophia, Flávia, Camila, Marcela, Kian, Carlos, Eduardo (Mixuta), membros do grupo NEGEMM, aos quais devo parcela do meu desenvolvimento profissional e pessoal e sempre vou me recordar.

Aos funcionários do Departamento de Produção Vegetal, Mônica, Rosane, Geraldo e Faro pelo apoio.

À Capes pelo auxílio financeiro.

A todos que em mim confiaram e que me ajudaram, mesmo que por um instante.

MUITO OBRIGADO!

SUMÁRIO

	Página
CAPÍTULO 1: Considerações gerais	4
1. INTRODUÇÃO	4
2. REVISÃO DE LITERATURA	5
2.1. A cultura do milho.....	5
2.2. Heterose e os Tipos de Híbridos	8
2.3. Avaliação de linhagens	11
2.4. Escolha de testadores.....	12
2.5. O método REML/BLUP	14
3. REFERÊNCIAS.....	17
CAPÍTULO 2: Capacidade de combinação para produtividade de genótipos de milho utilizando testadores de diferentes origens.....	26
Resumo	26
Introdução.....	26
Material e métodos	28
Resultados e discussão	29
Conclusões.....	33
Agradecimentos.....	33
Referências	33
CAPÍTULO 3: Comparação entre a capacidade de combinação e melhor preditor linear não viesado (BLUP) na seleção de genótipos de milho.....	39
Resumo	39
Introdução.....	39
Material e métodos	41
Resultados e discussão	43
Conclusões.....	47
Agradecimentos.....	47
Referências	47

CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO PARA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MILHO

RESUMO - A descoberta da heterose proporcionou o desenvolvimento de híbridos de milho altamente produtivos. Entretanto, questionamentos são levantados com relação à eficiência de testadores para a seleção de linhagens superiores. Assim, este trabalho teve por objetivo estimar a capacidade de combinação de genótipos utilizando testadores de diferentes origens e a aplicação dessa informação para seleção de genótipos superiores. O ensaio foi conduzido na safra 2012/2013 na área experimental da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE) da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, câmpus de Jaboticabal – SP. O experimento constou de seis testadores que foram cruzados em esquema topcross com uma população de 39 genótipos de milho. Esses topcrosses foram avaliados, para a produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$), em delineamento experimental de blocos ao acaso com duas repetições para cada tratamento. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e estimadas as capacidades de combinação dos 39 genótipos. Em seguida, realizou-se a correlação para verificar o nível de semelhança entre os topcrosses dos diferentes testadores. Também foi utilizado o método REML/BLUP, para comparação com os dados das capacidades de combinação. Concluiu-se que as informações da capacidade de combinação e REML/BLUP podem ser utilizadas para a seleção de genótipos de milho. A associação entre as informações das capacidades de combinação e dos BLUPs variou em função do testador utilizado, mas, de forma geral, apresentaram valores elevados. As metodologias de capacidade de combinação e REML/BLUP podem ser utilizadas de forma alternativa para comparar um testador, mas, serão complementares quando o objetivo for comparar mais de um testador. Embora correlações significativas tenham sido encontradas entre os testadores, as estimativas são de baixa magnitude, não sendo suficientes para descartar as capacidades de combinação, mesmo com testadores relacionados. Os testadores classificaram as linhagens de maneira diferente, indicando ser necessário a utilização de mais de um testador para maior eficiência na identificação dos genótipos superiores.

Palavras-chave: *Zea mays*, Topcross, Melhoramento genético

COMBINING ABILITY FOR SELECTION OF MAIZE GENOTYPES

ABSTRACT - The heterosis discovery enabled the development of highly productive corn hybrids. However, some questions about the efficiency of testers for selection of superior lines are found. This work aims to study the combining ability of testers from different genetic structures with a population of inbred lines. The trial was conducted in 2012/2013 in the experimental area of Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE) of Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, Jaboticabal – SP. The experiment consisted of six different testers that were crossed in topcross scheme with a population of 39 maize genotypes. These topcrosses were evaluated in experimental design of randomized blocks with two replications for each treatment. The agronomic trait evaluated was grain yield obtained by the average grain weight of the portions of each topcross. Data were subjected to variance analysis. With the averages for the different testers, the combining abilities of the 39 genotypes were estimated. Then the data were subjected to correlation analysis to check the level of similarity between the testers. Data were also subjected to analysis by REML/BLUP method and compared with data from the combining abilities. It was concluded that the combination ability information and REML/BLUP can be used for selecting maize genotypes. The association between the information of the combining ability and BLUP varied depending on the tester used, but, in general, showed high values. The combining ability and REML/BLUP can be used alternatively to compare a tester, but, they will be complementary when the objective is to compare more than one tester. Significant correlations were found between the testers, but the estimates are low magnitude, thus, this is not sufficient to exclude the combining ability, even with related testers. The testers classified differently the genotypes and could be necessary to use more than one tester for greater efficiency to identify better genotypes.

Key words: *Zea mays*, Topcross, Breeding

CAPÍTULO 1 – Considerações gerais

1. INTRODUÇÃO

O milho é o cereal mais produzido no mundo. Foram produzidos na safra 2014/2015, em todo o mundo, cerca de 989 milhões de toneladas do grão em 181 milhões de hectares (USDA, 2015). Desde sua origem, datada entre 7 e 10 mil anos atrás no México e na América Central, passou por vários processos de adaptação, possivelmente sendo a espécie que mais usufruiu de pesquisas científicas e de progressos de seleção ao longo deste período (GALINAT, 1995; PATERNIANI, 2001). Sua importância é relacionada aos mais variados usos que ele pode assumir, podendo ser destinado para o consumo humano, para a alimentação de animais e também para a produção de combustível. O milho é a principal matéria-prima de rações, por ser um alimento energético e digestível com alto teor de amido. Estima-se que 70% do volume mundial produzido é destinado à alimentação de aves, bovinos e suínos (FERRARINI, 2004; EMBRAPA, 2006).

As previsões de crescimento da população mundial indicam que, no ano 2050, seremos cerca de 9 bilhões de habitantes, sendo acrescentados 2 bilhões de pessoas à população atual. Como consequência disso está o desafio de aumentar a produção de alimentos para suprir as necessidades deste contingente, uma vez que a população deverá estar sob influência de três grandes crises a partir deste ano: escassez de água potável, diminuição de reservas petrolíferas e a falta de alimento. Estimativas preveem que será necessário um incremento de 70% na quantidade de alimentos, o que representa um aumento médio anual de 44 milhões de toneladas. Assim, está inserida a grande importância do melhoramento genético como propulsor da produção de alimentos por meio da adaptação de plantas à diversas condições, aumentando, desta forma, a produtividade e a qualidade da produção (CARRER, 2010; TESTER; LANGRIDGE, 2010).

Estima-se que metade do incremento da produtividade das principais espécies agrônômicas nos últimos cinquenta anos seja atribuída ao melhoramento genético (BORÉM; MIRANDA, 2009). No caso do milho, na safra de 1976/77 no Brasil eram produzidos em média $1.632 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, já na safra

2014/2015 é prevista a produtividade média de 5.146 kg·ha⁻¹, um aumento de 215% (CONAB, 2015). Um dos fatores que certamente contribuiu para isso foi a descoberta do vigor híbrido no século XX com os estudos de Shull (1909) e East (1909), que verificaram que o cruzamento entre linhagens endogâmicas de milho resultava numa geração F₁ extremamente vigorosa, uniforme e produtiva.

Como alternativa para reduzir o número de cruzamentos e o volume de trabalho para produzir híbridos, Davis (1927) desenvolveu um método denominado de “topcross”, no qual muitas linhagens são avaliadas cruzando-as com um testador comum. Este método tem por objetivo avaliar a superioridade relativa das linhagens em cruzamentos com testadores, eliminando as que apresentam desempenho agrônômico inferior, tornando mais eficiente a avaliação e identificação dos melhores híbridos (NURMBERG et al., 2000). Entretanto, existem muitos questionamentos acerca da escolha do testador, pois um determinado genótipo pode ser bom testador em uma situação, mas não tão bom em outra (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010; RODOVALHO, 2012). Embora o método de topcross seja muito aceito para avaliar linhagens, a escolha do testador tem gerado discussões entre os melhoristas de milho, principalmente com relação à base genética, número e eficiência do testador. Além disso, na literatura são poucas as informações publicadas sobre a escolha de testadores, que é bastante controversa (AGUILAR MORAN, 1984; 1990; ELIAS; CARVALHO; ANDRÉ, 2000).

Desta forma, estudos comparativos entre testadores são necessários para que se obtenha maior eficiência no processo de melhoramento. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi comparar o efeito de testadores de diferentes origens para estimar a capacidade de combinação de genótipos de milho, bem como a aplicação desta informação para seleção dos melhores genótipos.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. A cultura do milho

O milho (*Zea mays* L.) é uma gramínea pertencente à família Poaceae, é uma espécie diplóide (2n = 20), monóica e alógama. Tem origem no México e na América Central desde a era das antigas civilizações dos Maias, Incas e

Astecas e sua linha evolutiva é bastante discutida. A teoria mais consistente é a que relaciona a ascendência do milho à planta teosinte, uma gramínea com várias espigas sem sabugo, que, quando cruzada com o milho, produz naturalmente indivíduos férteis (GALINAT, 1995).

O milho, por ter sua origem tropical, necessita de calor e umidade para seu desenvolvimento. Nas regiões de clima subtropical, os fatores ambientais de variação de luz e calor exercem grande influência sobre o desenvolvimento da planta. A temperatura do ar é o componente meteorológico importante, pois é a que melhor define a duração dos períodos de desenvolvimento desta cultura (LOZADA; ANGELOCCI, 1999).

O ciclo vegetativo desta planta é de aproximadamente 120 dias, da semeadura até a colheita, variando de acordo com os genótipos, sendo os mais comuns super precoce, precoce normal e tardio. Se durante o período de crescimento ocorrerem temperaturas médias superiores a 20 °C, o ciclo das variedades precoces varia de 80 a 110 dias, e o das variedades precoces normais, de 110 a 140 dias para atingir a maturidade fisiológica. Quando as temperaturas médias são inferiores a 20 °C, o ciclo aumenta de 10 a 20 dias para cada 0,5 °C de diminuição de temperatura, dependendo da variedade (REZENDE et al., 2004).

O milho é uma planta com alta eficiência na conversão do gás carbônico da atmosfera em compostos orgânicos, por ser uma planta C4. No processo fotossintético destas plantas, o CO₂ é continuamente concentrado nas células da bainha vascular das folhas, sendo redistribuído para locais onde serão estocados ou metabolizados. Condições como solo, clima, estágio fisiológico e nível de estresse da cultura podem afetar esse processo, principalmente a deficiência de luz em períodos críticos do desenvolvimento, como, por exemplo, enchimento de grãos (SALISBURY; ROSS, 1994; MAGALHÃES; DURÃES; CARNEIRO, 2002).

O cereal mais produzido no mundo é o milho. Dentre os países maiores produtores desse cereal, o Brasil se mantém na terceira posição do ranking. A safra brasileira de 2014/15 atingiu uma produção total de 84 milhões de toneladas numa área de 16 milhões de hectares. Os Estados Unidos é o país que mais cultiva este grão, produzindo em torno de 360 milhões de toneladas, seguido pela China que prevê uma produção de 215 milhões de toneladas na

safra 2014/15 (CONAB, 2015; USDA, 2015). A produção brasileira ocorre principalmente na região Centro-Sul, onde é produzido 87% do total de milho.

No Brasil são praticados dois períodos de cultivo de milho denominados de primeira e segunda safra (ou safrinha). O cultivo de primeira safra é realizado na época tradicional, durante o período chuvoso, que varia entre final de agosto, na região Sul, até os meses de outubro/novembro, no Sudeste e Centro-Oeste. A chamada safrinha, ou segunda safra refere-se ao milho de sequeiro, semeado nos meses de janeiro a abril, quase sempre depois da soja precoce. O cultivo de primeira safra está concentrado principalmente na região Sul do Brasil, onde na safra 2014/15 foram produzidos 14 milhões de toneladas de milho. O estado de Minas Gerais é o maior produtor na primeira safra, cerca de 5,5 milhões de toneladas. Já na segunda safra, a região Centro-Oeste é a maior produtora com 36 milhões de toneladas, sendo o estado do Mato Grosso o primeiro colocado (20 milhões de toneladas). Em seguida encontra-se a região Sul com 11 milhões de toneladas na safrinha (CONAB, 2015). O aumento da produção na safrinha deve-se principalmente à concorrência em área de plantio com a soja no período de primeira safra, sendo compensado, então, na segunda safra. Também contribuem para esse aumento a necessidade técnica de rotação de culturas e de serem praticados melhores preços na entressafra.

O milho produzido no Brasil destina-se principalmente ao consumo animal. Estima-se que 50% do que é produzido no país é destinado à alimentação animal, principalmente para aves de corte e suinocultura, na forma de ração (CÉLERES, 2015). Outra fatia importante para o mercado brasileiro é o da exportação, que coloca no mercado exterior cerca de 20 milhões de toneladas de milho, sendo os principais importadores brasileiros o Irã, o Vietnã, a Coreia do Sul, Taiwan e Egito (CONAB, 2015). Embora o Brasil seja um dos principais produtores de milho, a logística de distribuição e escoamento da safra até os portos é deficiente. Além disso, a instabilidade cambial tem prejudicado o país em ser mais constante no mercado internacional de milho (EMBRAPA, 2006).

Embora a produtividade brasileira tenha aumentado durante as últimas safras, indo de 1.632 kg·ha⁻¹ em 1976/77 para 5.169 kg·ha⁻¹ em 2014/15, devido à adoção de novas tecnologias por boa parte dos produtores, ainda há muito a ser desenvolvido, visto que a produtividade média dos Estados Unidos e Argentina, por exemplo, é de 10.730 kg·ha⁻¹ e 7.970 kg·ha⁻¹, respectivamente

(CONAB, 2015; USDA, 2015). Isso ocorre no Brasil devido o milho ser cultivado nas mais diversas regiões e condições, que vão desde a agricultura de subsistência até grandes lavouras com alto nível tecnológico, com diferentes sistemas de cultivo e finalidades (EMBRAPA, 2006). Bons índices de produtividade não dependem apenas do sistema de cultivo, mas também do tipo de cultivar utilizada associada às técnicas adequadas de manejo da cultura e o potencial genético da semente utilizada, responsável por até 50% do rendimento final (EMBRAPA, 2006; MAGALHÃES; DURÃES, 2006).

2.2. Heterose e os Tipos de Híbridos

Os altos níveis de produtividade de milho alcançados mundialmente estão intimamente ligados aos estudos desenvolvidos por Shull (1909) e East (1909). Esses pesquisadores verificaram que quando diferentes linhagens endogâmicas de milho eram cruzadas, a geração F_1 resultante era extremamente vigorosa, uniforme e produtiva. Este fenômeno foi nomeado de heterose ou vigor híbrido e permanece como o esquema de melhoramento mais importante para a produção comercial de sementes de milho, representando uma das melhores tecnologias desenvolvidas à agricultura moderna (LÜDERS, 2003; MÔRO, 2011). Segundo Lamkey e Edwards (1998), existem híbridos que não exibem heterose, porém não ocorre heterose sem hibridação.

Vários modelos têm sido sugeridos para explicar a base genética da heterose (BIRCHLER et al., 2003, 2006; HOCHHOLDINGER; HOECKER, 2007). Todas elas sugerem que a contribuição de muitos genes é responsável pelo maior vigor híbrido em relação às linhagens endogâmicas. As hipóteses que mais explicam a heterose são a de dominância e de sobredominância. A hipótese de dominância foi proposta por Jones, em 1918. Segundo o autor, os genes responsáveis pelo crescimento e desenvolvimento dos indivíduos apresentam interação alélica de dominância ou pelo menos de dominância incompleta. Sendo que os alelos responsáveis pelo fenótipo inferior ou até mesmo deletério, são recessivos. Desta forma, as linhagens apresentam em sua composição vários locos com alelos dominantes em homozigose, bem como inúmeros outros com alelos recessivos. Quando cruzadas duas linhagens divergentes nos locos com alelos recessivos em homozigose, o híbrido F_1 terá comportamento superior

aos parentais, ocasionando a heterose. Quanto mais divergentes as linhagens forem, maior será a heterose. Já, a hipótese da sobredominância foi proposta por East, no início do século XX. Nesta hipótese os locos em heterozigose teriam comportamento superior aos homozigotos, ou seja, a heterozigose seria responsável pela heterose por si própria (RAMALHO et al., 2012).

Podem ser citadas como vantagens do uso da heterose a rápida associação de características de genitores distintos, a obtenção de genótipos superiores em um prazo relativamente curto de tempo, a utilização de interações gênicas na geração híbrida, a produção de genótipos uniformes, a menor interação com o ambiente na geração F_1 e a produção de sementes de milho híbrido comercialmente com maiores índices de produtividade (PATERNIANI, 1978). Para obtenção da máxima heterose possível, as populações são alocadas em grupos heteróticos distintos, pois quanto mais divergentes forem as linhagens parentais, maior será o efeito da heterose. Esses grupos heteróticos são formados a partir de populações, linhagens ou sintéticos, de forma que não há a manifestação da heterose ou essa heterose é muito baixa quando os cruzamentos são realizados por materiais dentro do mesmo grupo, enquanto que entre os grupos os níveis de heterose são elevados.

O uso de sementes híbridas foi questionado na época em que foi proposto, já que o processo envolve hibridação de linhagens que costumam apresentar baixa produtividade e, com isso, ser oferecido aos agricultores sementes com um custo muito elevado. O uso comercial de sementes de milho híbrido aconteceu quando Jones (1918) sugeriu o uso de híbridos duplos, resultado do cruzamento de dois híbridos simples, superando, assim, a desvantagem de baixa produção de sementes na síntese do híbrido simples. A partir daí o desempenho do híbrido duplo foi tão convincente, que o Corn Belt Americano foi quase que totalmente plantado com esse tipo de híbrido de milho. No final da década de 1950 e início de 1960, alguns híbridos simples estavam disponíveis aos agricultores, embora o custo da semente fosse maior pelo custo de produção, eram mais produtivos e uniformes (HALLAUER, 1990).

Há diversos tipos de híbridos que podem ser sintetizados na cultura do milho. Miranda Filho e Viégas (1987) os relacionaram como sendo:

- 1) Híbrido simples – resultado do cruzamento de duas linhagens endogâmicas (A x B). Geralmente é o mais produtivo dentre os tipos de híbridos,

apresentando grande uniformidade de plantas e espigas. As sementes têm elevado custo de produção, pois o parental feminino do híbrido simples é uma linhagem que possui baixa produtividade.

2) Híbrido simples modificado – utiliza como genitor feminino o híbrido formado pelo cruzamento de duas linhagens aparentadas ($A \times A'$) e como genitor masculino uma linhagem B, dando origem ao híbrido simples modificado $[(A \times A') \times B]$. Apresenta menor custo de produção de semente comparado ao híbrido simples, em função do parental feminino ser mais produtivo.

3) Híbrido triplo – originado pelo cruzamento de um híbrido simples ($A \times B$) com uma terceira linhagem (C), formando o híbrido triplo $[(A \times B) \times C]$. A linhagem polinizadora (C) deve ser suficientemente vigorosa para fornecer grande quantidade de pólen para garantir uma boa polinização e produção de grãos no híbrido simples ($A \times B$). Este híbrido apresenta uniformidade e estabilidade intermediárias quando comparado ao híbrido simples e ao híbrido duplo.

4) Híbrido triplo modificado – obtido da mesma forma que o híbrido triplo, porém o parental masculino (C) é substituído por um híbrido entre linhagens aparentadas ($C \times C'$), de forma que o cruzamento fica esquematizado da seguinte forma $[(A \times B) \times (C \times C')]$.

5) Híbrido duplo – resultado do cruzamento dois híbridos simples $[(A \times B) \times (C \times D)]$, ou seja, o cruzamento entre quatro linhagens. Possui maior variabilidade genética que os outros híbridos, apresentando alta estabilidade, menor uniformidade de plantas e espigas, produtividade e custo de semente.

6) Híbrido intervarietal – obtido no cruzamento de duas variedades. Possui as vantagens de fácil obtenção por não necessitar da obtenção de linhagens, além de exibirem uma maior capacidade de adaptação, devido à maior variabilidade genética em relação aos outros híbridos. É pouco utilizado por apresentar grande desuniformidade.

7) Híbrido Topcross – resultado dos cruzamentos entre híbrido \times variedades e variedades \times linhagem. O termo “topcross” também é empregado nos cruzamentos entre linhagens com um testador, que pode ser uma linhagem, variedade ou híbrido.

Na safra brasileira de 2013/14 foram disponibilizadas 467 cultivares de milho, sendo que 63% destas cultivares são de híbridos simples, 18% de híbridos triplos, 10% de híbridos duplos e 9% de variedades. Além disso, 64% dos

híbridos simples e 48% dos híbridos triplos possuem evento transgênico. Isso mostra uma tendência na agricultura brasileira em buscar tecnologias e aprimorar os sistemas de produção, buscando explorar o potencial genético dessas sementes (EMBRAPA, 2014).

2.3. Avaliação de linhagens

O desenvolvimento de híbridos exige do melhorista rigor ao selecionar o germoplasma que melhor atende seus objetivos, sendo necessária a avaliação do comportamento das linhagens em combinações híbridas para que se oriente e que se obtenha sucesso na escolha de genótipos superiores (GAMA, 2003).

Um dos métodos mais aplicados para obtenção de informações com relação ao comportamento dos genitores e a identificação de grupos heteróticos é o método denominado de cruzamentos dialélicos (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Este método consiste no cruzamento em pares de n genitores (linhagens, variedades etc), resultando um conjunto de $n(n-1)/2$ híbridos, podendo estar incluídos, além dos respectivos pais, os híbridos recíprocos (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Entretanto, apesar de ser um método eficiente, facilitando a seleção dos parentais mais promissores, trata-se de um método onde o número de cruzamentos pode ser muito grande, dificultando o trabalho do melhorista, pois as polinizações são feitas manualmente, o que pode inviabilizar o programa dependendo do número de linhagens a serem cruzadas (MIRANDA FILHO; GERALDI, 1984).

Como alternativa, foi proposto por Davis (1927) um método denominado de “topcross”, no qual muitas linhagens são avaliadas cruzando-as com um testador comum. Este método tem por objetivo avaliar a superioridade relativa das linhagens em cruzamentos com testadores, eliminando as que apresentam desempenho agrônômico inferior, tornando mais eficiente a identificação dos melhores híbridos (NURMBERG et al., 2000). O uso do esquema topcross é amplamente utilizado nos programas de melhoramento de milho para avaliação das linhagens, sendo um método fácil, eficiente e confiável. Esse método em um programa de produção de híbridos tem por objetivos avaliar a capacidade de combinação de linhagens endogâmicas e avaliar o valor genético dos genótipos da população a ser melhorada.

A capacidade de combinação de linhagens indica a quantidade de alelos favoráveis que uma linhagem apresenta para determinada característica. É calculada pela diferença entre a média do caráter exibido no cruzamento e a média geral dos cruzamentos. As linhagens que apresentarem valores elevados para essa estimativa deverão resultar em cruzamentos superiores, devido ao seu alto valor genético (VENCOVSKY, 1987; NASS et al., 2001). Foram propostos dois conceitos para a capacidade de combinação: a capacidade geral e capacidade específica de combinação. Sprague e Tatum (1942), pesquisadores que propuseram esses conceitos, definiram capacidade geral de combinação como sendo o comportamento médio da linhagem em combinações híbridas, principalmente o relacionado aos efeitos aditivos dos genes; e capacidade específica de combinação como o comportamento que conduz certas combinações a serem superiores ou inferiores em relação à média dos cruzamentos, através da ação de genes dominantes ou de efeitos epistáticos.

2.4. Escolha de testadores

De acordo com Hallauer (1975), a questão fundamental para aplicação da metodologia do topcross está relacionada com a escolha do testador. Embora o método topcross seja muito aceito para avaliar linhagens, a escolha do testador continua sendo um problema para os melhoristas de milho. Alguns estudos sobre base genética, número e eficiência dos testadores têm sido realizados e auxiliado na escolha dos testadores, porém não têm elucidado todas as questões sobre o assunto (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987; VENCOVSKY, 1987; MORAN, 1990; RISSI; HALLAUER, 1991; TROYER, 1994; SOUZA JÚNIOR, 1997). Uma determinada população ou linhagem pode ser um bom testador em uma circunstância, mas não ter o mesmo comportamento em um segundo momento. A seleção do testador ideal depende dos objetivos de cada programa, podendo estar vinculada a alta ou baixa frequência de alelos favoráveis, base genética ampla ou restrita, capacidade geral ou específica de combinação, número de testadores utilizados e grau de parentesco com os materiais avaliados (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010; CASTELLANOS; HALLAUER; CORDOVA, 1998; SANTOS et al., 2001). Ainda, a escolha do testador está relacionada com o estágio de desenvolvimento do programa de

melhoramento, o tipo de material em teste, os tipos de híbrido de interesse a serem produzidos e a produtividade (HALLAUER; LOPEZ-PEREZ, 1979).

Matzinger (1953) definiu que um testador desejável nos programas de melhoramento é aquele que combina praticidade no uso aliado ao máximo de informação sobre o desempenho esperado das linhagens avaliadas, porém, ressalta que isso não pode ser realizado por apenas um testador. Em geral, um bom testador deve apresentar simplicidade em seu uso, fornecer as informações que classificam corretamente o mérito relativo das linhagens e que maximizem os ganhos genéticos (HALLAUER, 1975). A altura do testador e a quantidade fornecida de pólen são duas características fundamentais para um bom testador, principalmente quando se trata de linhagens endogâmicas. Para que a polinização seja bem sucedida é recomendado que o testador seja maior que as linhagens que serão cruzadas e forneça uma boa quantidade de pólen, de modo que torne o processo viável. Uma linhagem utilizada como testadora que produza pouco pólen tornaria o processo oneroso, uma vez que seria necessário um número maior de linhas do testador, demandando áreas maiores e maior quantidade de semente (ARAÚJO, 2014).

Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010) descreveram os diferentes tipos de testadores como sendo: a) de base ampla, quando é utilizada a própria população, em que se obtém estimativas da capacidade geral de combinação; b) de base restrita, quando são utilizadas linhagens, úteis na estimação da capacidade específica de combinação; c) testador não elite, quando se utiliza variedades em desuso ou locais; d) testador elite, quando são utilizados materiais que apresentam efeito favorável no cruzamento; e) testador correlacionado, quando pertence a mesma população ou grupo de genótipos testados; e f) testador não-correlacionado, quando refere-se a população ou grupo diferente dos genótipos testados.

De forma geral, os testadores podem ser divididos em dois grupos com base na sua composição genética: os de base genética ampla e os de base genética restrita. As variedades de polinização aberta, variedades sintéticas ou populações são genótipos que, quando usados como testadores, pertencem ao grupo dos testadores de base genética ampla, pois são geneticamente heterogêneos. Já as linhagens e os híbridos são classificados como testadores de base genética restrita. A principal diferença entre a capacidade geral e

específica de combinação, segundo Hallauer, Carena e Miranda Filho (2010), está vinculada à base genética do testador. Essas diferenças são basicamente atribuídas às frequências genéticas dos testadores de base genética ampla e restrita. A frequência genética de um loco no testador de base ampla pode assumir valores entre 0 e 1, enquanto que, um testador de base restrita, esses valores são de 0 ou 1. Por outro lado, para os híbridos simples, resultantes do cruzamento de duas linhagens homocigotas, tais valores podem ser de 0, 0,5 ou 1.

Genótipos homocigotos recessivos e populações com alta frequência de alelos desfavoráveis, quando utilizados como testadores, facilitam a identificação de linhagens com alta frequência de alelos favoráveis (GUIMARÃES et al., 2012). Entretanto, quando são utilizados testadores com alta frequência de bons alelos, facilita o melhorista a identificar os cruzamentos com maior capacidade específica de combinação. Esta situação é muito utilizada comercialmente, onde são empregadas linhagens elite ou híbrido simples com alta frequência de alelos favoráveis, que permitem a avaliação de um grande número de linhagens e a obtenção imediata de híbridos que podem ser comercializados (HALLAUER; CARENA, 2009). Segundo Hallauer e Lopes Perez (1979), a utilização de testadores de base genética ampla tem como vantagens a menor influência da interação testador x ambiente e menor influência da interação linhagem x testador. Porém, os testadores de base genética restrita apresentam menos problemas quanto às informações fornecidas dos gametas.

Em geral, os genótipos de base genética ampla são geralmente utilizados para selecionar linhagens com bons índices de capacidade geral de combinação, enquanto que os de base genética restrita para capacidade específica de combinação (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO,2; NDHLELA, 2007).

2.5. O Método REML/BLUP

O sucesso do melhoramento genético está intimamente ligado com a obtenção de estimativas precisas por meio de procedimentos que reflitam, com a máxima exatidão possível, os valores genéticos dos indivíduos avaliados (RESENDE, 2002). Para isso, várias ferramentas estatísticas são disponibilizadas para reduzir os efeitos que não são relacionadas ao genótipo. A

escolha entre diferentes métodos disponíveis depende das diferentes situações experimentais e de balanceamento associados aos dados (RESENDE et. al., 1996).

A grande maioria dos estudos tem considerado apenas os modelos para fatores de efeitos fixos. Nestes estudos, os delineamentos de Blocos ao Acaso, Látice, Parcelas Sub Divididas ou Fatoriais são os mais utilizados. Por outro lado, algumas limitações econômicas em programas de melhoramento forçam estes a limitar o número de ambientes para a avaliação dos materiais genéticos. Outros fatores como perdas de plantas e parcelas, quantidades diferentes de sementes, experimentos com números de repetições e delineamentos experimentais diferentes estão associados ao desbalanceamento de dados. Desta forma, os modelos baseados em efeitos mistos têm como função contornar esses problemas, assumindo grande importância no estudo de efeitos aleatórios.

Uma alternativa muito utilizada, que apresenta elevada acurácia é o método desenvolvido por Henderson (1975), conhecido como BLUP (best linear unbiased prediction – melhor predição linear não viesada). Essa metodologia de modelos mistos foi inicialmente proposta para o melhoramento de gado de leite e, a partir da década de 1980, devido ao avanço computacional, foi difundida e é aplicada principalmente nos estudos de melhoramento animal e de plantas perenes. Embora tenha sido desenvolvido para conjuntos de dados desbalanceados, o método BLUP também pode ser aplicado em dados balanceados. O uso do REML/BLUP promove vantagens como melhor estimação dos parâmetros genéticos e maior poder de discriminação entre genótipos (RESENDE, 2002).

O método BLUP é a união de dois outros métodos desenvolvidos anteriormente, denominados BP (Best Prediction – Melhor Predição) e BLP (Best Linear Prediction – Melhor Predição Linear) (CRUZ; CARNEIRO, 2003). O BLUP consiste basicamente na predição dos valores genéticos, tomados como aleatórios, ajustando-se os dados, concomitantemente, aos efeitos fixos e ao número desigual de informações nas subclasses por meio da metodologia de modelos mistos (HENDERSON, 1959).

De acordo com White e Hodge (1989), as principais vantagens do uso do BLUP no melhoramento genético vegetal são: estimação e predição não-viesada num único método; pode-se levar em consideração efeitos de seleção e de

endogamia ao longo das gerações, desde que o parentesco entre indivíduos avaliados seja conhecido; a correlação entre os valores genéticos verdadeiros e os preditos é máxima entre as classes de preditores lineares não-viesados; pode-se prever o valor genético de indivíduos; e as variâncias e os erros do melhor preditor linear não-viesado são menores em relação a outros métodos.

O método BLUP assume que os componentes de variância são conhecidos, porém, na prática, não se tem acesso aos verdadeiros valores desses componentes. Assim, são necessárias estimativas fidedignas de componentes de variância. Os principais métodos para estimação dos componentes da variância são: método dos quadrados mínimos (LS), máxima verossimilhança (ML), máxima verossimilhança restrita (REML) e método R, que se baseia no coeficiente de regressão linear (RESENDE et al., 1996).

O método REML, proposto por Patterson e Thompson (1971), consiste na estimação de componentes de variância por máxima verossimilhança sem considerar os efeitos fixos, servindo para qualquer modelo de análise de variância. Suas grandes vantagens são: estimar os parâmetros genéticos de maneira não tendenciosa, considerar a covariância genética entre as observações e ponderar os genótipos com desigual número de informações, na mesma ou nas diferentes gerações. Desta forma, este método é considerado ideal para estimação de componentes de variância, sejam os dados balanceados ou desbalanceados, sendo mais eficaz que os métodos dos mínimos quadrados para a seleção de genitores, clones e famílias, com uso de informação do indivíduo e sua genealogia, avaliados no mesmo ou em diferentes locais, épocas ou gerações (RESENDE et al., 1996; BUENO FILHO, 1997; RESENDE, 1999).

A utilização desta metodologia ainda é reduzida em experimentos com plantas anuais. Entretanto, Fritsche Neto (2008) concluiu que a metodologia REML/BLUP pode ser uma ferramenta muito útil quando aplicado no melhoramento do milho, permitindo ao melhorista a predição de valores genotípicos com alta acurácia. Ainda, Arnhold et al. (2009) concluíram que este mesmo método permitiu ajustes adequados para os valores genéticos avaliados em três ambientes, o que possibilitou a identificação de genótipos de milho pipoca com melhores índices de produtividade e capacidade de expansão. Portanto, é evidente o potencial do uso deste método para estimação dos valores genéticos no melhoramento de plantas.

Assim, nesse estudo objetivou-se avaliar o efeito de testadores de diferentes origens na discriminação de genótipos de milho pelos métodos de Capacidade de Combinação e REML/BLUP.

3. REFERÊNCIAS

AGUILAR MORAN, J.F. **Avaliação do potencial genético de linhagens e respectivos testadores obtidos de duas populações de milho (*Zea mays* L.)**. 1984. 117 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1984.

AGUILAR MORAN, J.F. **Comparação de testadores para avaliação da capacidade de combinação de linhagens de milho (*Zea mays* L.)**. 1990. 149 f. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1990.

ARAÚJO, J. R. **Uso de topcross como indicador do potencial de híbridos de milho para extração de linhagens**. 2014. 45 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2014.

ARNHOLD, E.; MORA, F.; SILVA, R. G.; GOOD-GOD, P. I. V.; RODOVALHO, M. A. Evaluation of top-cross popcorn hybrids using mixed linear model methodology. **Chilean Journal Of Agricultural Research**, 69 (1): 46-53 (January-March 2009).

BIRCHLER, J.A.; AUGER, D.L.; RIDDLE, N.C. In search of the molecular basis of heterosis. **The Plant Cell**, Waterbury, v.15, p. 2236-2239, 2003.

BIRCHLER, J.A.; YAO, H.; CHUDALAYANDI, S. Unraveling the genetic basis of hybrid vigor. **Proc. Natl. Acad. Sci.**, Washington, U.S.A., v.103, p.12957-12958, 2006.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. – **Melhoramento de Plantas**. 5. ed. ver. e ampl. –Viçosa: UFV, 2009, 529 p. : il.; 22cm.

BUENO FILHO, J. S. de S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos aditivos em testes de progênies florestais**. 1997. 118p. Tese (Doutorado em Estatística e Experimentação Agronômica) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

CARRER, H.; BARBOSA, A. L. and RAMIRO, D. A. **Biotechnologia na agricultura**. *Estud. av.* [online]. 2010, vol.24, n.70, pp. 149-164. ISSN 0103-4014.

CASTELLANOS, J. S.; HALLAUER, A. R. CORDOVA, H. S. Relative performance of testers to identify elite lines of corn (*Zea mays* L.) **Maydica**, v. 43, n. 03, p. 217-226, 1998.

CÉLERES. **Projeção de safra – Milho – Março 2015**. Disponível em: <http://www.celeres.com.br/ic15-03-projecao-de-safra-milho-marco-2015/>. Acesso: 25 de março de 2015.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da Safra Brasileira – Safra 2014/2015 – Milho**, Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/conteudos.php?a=1253&t=>>. Acesso: 23 de agosto de 2015.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Editora UFV, Viçosa, MG. 2003. 585p.

DAVIS, R.L. Report of the plant breeder. **Puerto Rico Agricultural Experimental Station Annual Report**, p.14-15, 1927.

EAST, E.M. Inbreeding in corn. **Connecticut Agricultural Experimental Station Report**, Connecticut, v.1907, p.419-428, 1909.

ELIAS, H. T.; CARVALHO, S. P.; ANDRÉ, C. G. M. Comparação de testadores na avaliação de famílias S₂ de milho. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v. 35, n. 6, p.1135-1142, 2000.

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Cultivo do milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2006. Disponível em: <http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/>. Acesso em 25 de março de 2015.

EMBRAPA. **Milho – Cultivares para 2013/2014**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2014. Disponível em: <http://www.cnpms.embrapa.br/milho/cultivares/index.php>>. Acesso em 25 de março de 2015.

FERRARINI, H. **Determinação de teores nutricionais do milho por espectroscopia no infravermelho e calibração multivariada**. 2004. 125 f. Dissertação (Mestrado em Química) - Universidade Federal do Paraná. 2004.

FRITSCH NETO, R. **Predição de valores genotípicos de híbridos de milho com desbalanceamentos de genótipos e ambientes**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade de São Paulo. 2008.

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

GAMA, E. E. G.; SANTOS, M. X.; FERRÃO, R. G.; MEIRELES, W. F.; PACHECO, C. A. P.; PARENTONI, S. N.; GUIMARÃES, P. E. O. 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, 2003.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Science**, v. 9, n.4, p.463-493, 1956.

GUIMARÃES, L. J. M.; MIRANDA, G. V; DELIMA, R. O.; MAIA, C.; OLIVEIRA, L. R.; SOUZA, L. V. Performance of testers with diferente genetic structure for

evaluation of maize inbred lines. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.42, n.5, p.770-776, 2012.

HALLAUER, A. R. Relation of genes action and type of tester in mayze breeding procedures. **Proc. Annu. Corn Sorghum Res. Conf.** 30:150-65. 1975.

HALLAUER, A. R., LOPEZ-PEREZ, E. Comparisons among testers for evaluating lines of corn. **Proceeding of Annual Hybrid Corn Industry Research Conference**, Chicago, v.34, p.57-75, 1979.

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

HALLAUER, A.; CARENA, M.J. Maize breeding. In: CARENA, M.J. **Handbook of plant breeding: cereals**. New York: Springer, 2009. p.3-98.

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.D. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 664p.

HENDERSON, C.H. Best linear estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, Washington, v.31, n.2, p.423-447, 1975.

HENDERSON, C.R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S. R.; VON KROSIGK, C. M. The estimation of environmental and genetic trends from records. **Biometrics**, Washington, v.15, n.2, p.192-218, 1959.

HOCHHOLDINGER, F.; HOECKER, N. Towards the molecular basis of heterosis. **Trends Ecol. Evol.**, v.12, n.9, p. 427-432, 2007.

JONES, D.F. The effects of inbreeding and crossbreeding on development. **Conn. Agric. Exp. Sta. Bul.** 207, p.1-100, 1918.

LAMKEY, K.R.; EDWARDS, J.W. Heterosis: theory and estimation. In: PROCEEDINGS 34TH ILLINOIS CORN BREEDER'S SCHOOL CONFERENCE, 1998, Urbana. **Anais...** Urbana: University of ILLINOIS, 1998, p.62-77.

LOZADA, B.I.; ANGELOCCI, L.R. Efeito da temperatura do ar e da disponibilidade hídrica do solo na duração de subperíodos e na produtividade de um híbrido de milho. **Revista Brasileira de Agrometeorologia**, Santa Maria, v.7, n.1, p.37-43, 1999.

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**. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) – Instituto Agrônomo de Campinas, Campinas, 2003.

MAGALHÃES, P.C.; DURÃES, F.O.M. **Fisiologia da produção de milho**. Circular Técnica 76. Sete Lagoas, MG: Embrapa, 2006. 10p.

MAGALHÃES, P.C.; DURÃES, F.O.M.; CARNEIRO, N. P. **Fisiologia do milho**. Circular Técnica 22. Sete Lagoas, MG: Embrapa, 2002. 23p.

MATZINGER, D. F. Comparison of three types of tester for the evaluation of inbred lines of corn. **Agron. J.** 45:493-5. 1953.

MIRANDA FILHO, J.B.; GERALDI, I.O. An adapted model for the analysis of partial diallel crosses. **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. **Melhoramento e produção do milho**. 2ª. ed. Campinas: Fundação Cargill, v.1, 1987. p.277-326.

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.

MÔRO, G.V. **Uso da seleção genômica e fenotípica em linhagens para a predição de testcrosses em milho**. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade de São Paulo. 2011.

NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S. VALADARIS-INGLIS, M.C. **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, 1183p.

NDHLELA, T. **Combining ability for early maturity in maize (Zea Mays L.) under drought and low nitrogen conditions**. Dissertação (Mestrado em Ciência Agrônômica) – Universidade da Zâmbia. 2007.

NURMBERG, P.L.; SOUZA, J.C.; RAMALHO, M.A.P.; RIBEIRO, P.H.E. Desempenho de híbridos simples como testadores de linhagens de milho em top crosses. In: **Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**, 1. 2000, Goiânia. *Resumo...* Goiânia: Embrapa, 2000. [CD-Rom].

PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978. 650p.

PATERNIANI, E., MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: Paterniani, E., Viegas, G.P. (Eds.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1, p.217-264.

PATERNIANI, M.E.A.G.Z. Use of heterosis in maize breeding: history, methods and perspectives. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 1, n. 2, p. 159-178, 2001.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, Washington, v. 58, p. 545-554, 1971.

RAMALHO, M.A. P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P.; SOUZA, E.A.; GONÇALVES, F.M.A.; SOUZA, J.C. **Genética na Agropecuária**. Lavras: UFLA, 2012. p. 286 – 291.

RESENDE, M.D.V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

RESENDE, M.D.V. de; MENDES, S. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição não viciada (BLUP) em *Pinus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 32/33, p. 23-42, 1996.

RESENDE, M.D.V. **Predições de valores genéticos, componentes de variância, delineamento de cruzamento e estrutura de populações no melhoramento florestal**. 1999. 434 f. Tese (Doutorado). Universidade Federal do Paraná, Curitiba. 1999.

RESENDE, M.D.V.; PRATES, D.F.; JESUS, A.; YAMADA, C.K. Melhor predição linear não viciada (BLUP) de valores genéticos no melhoramento de *Pinus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Curitiba, n. 32/33, p. 3-22, jan./dez. 1996.

REZENDE, R.; FREITAS, P.S.L.; MARTOVANI, E.C.; FRIZZONE, J.A. Função de produção da cultura do milho e do feijão para diferentes lâminas e uniformidade de aplicação de água. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v.266, n.4, p.503-511, 2004.

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.

RODOVALHO, M.A.; SCAPIM, C.A.; PINTO, R.J.B.; BARRETO, R.R.; FERREIRA, F.R.A.; CLÓVIS, L.R. Comparação de testadores em famílias S₂ obtidas do híbrido simples de milho-pipoca IAC-112. **Biosci. J.**, Uberlândia, v. 28, n. 2, p. 145-154, 2012.

SALISBURY, F.B.; ROSS, C.W. **Plant physiology**. 2º ed. Belmont: Wadsworth, 1994, 682p.

SANTOS, M.X.; POLLAK, L.M.; CARVALHO, H.W.L.; PACHECO, C.A.P.; GAMA, E.E.G.; GUIMARÃES, P.E.O.; ANDRADE, R.V. Heterotic responses of tropical elite maize accessions from Latin America with Brazilian testers. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 58, n. 4, p. 767-775, 2001.

SHULL, G.H. A pure-line method in corn breeding. **American Breeders Magazine**, Washington, v.5, p.51-59, 1909.

SOUZA JÚNIOR, C.L. de. Contribuição 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.

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, 1942.

TESTER, M.; LANGRIDGE, P. Breeding Technologies to Increase Crop Production in a Changing World. **Science**, v.327, p.818, 2010.

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

USDA - UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Production, Supply and Distribution Online**. Disponível em: <www.fas.usda.gov/psdonline>. Acesso: 25 de março de 2015.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e produção do milho**. 2ªed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.137- 214.

WHITE, T.; HODGE, G. **Predicting breeding values with application in forest tree improvement.** Dordrecht: Kluwer Academic, 1989. 367p.

CAPÍTULO 2 – Capacidade de combinação para produtividade de genótipos de milho utilizando testadores de diferentes origens

Capítulo elaborado de acordo com as normas da revista científica Pesquisa Agropecuária Brasileira – PAB.

Resumo - O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito de testadores de diferentes origens para as estimativas da capacidade de combinação de genótipos de milho utilizando topcross. Para tanto, utilizou-se seis testadores de diferentes bases genéticas que foram cruzados com uma população de 39 genótipos, comum aos seis testadores. Foram utilizados cinco testadores de base restrita com diferentes níveis de parentesco, e um testador de base ampla. Os genótipos obtidos nos cruzamentos foram avaliados em delineamento de blocos ao acaso com duas repetições na safra 2012/2013 em Jaboticabal-SP. Foram estimadas as capacidades de combinação, bem como as correlações de Pearson entre os topcrosses dos diferentes testadores. Verificou-se que é necessário mais que um testador para maior eficiência na correta classificação dos genótipos superiores. Nenhum dos seis testadores, mesmo que aparentados, correlacionou-se de forma satisfatória para que pudesse ser eliminado das análises.

Palavras-chave: Melhoramento genético, Topcross, *Zea mays*

Combining ability for yield of maize genotypes using testers from different genetic structures

Abstract - The objective of this study was to evaluate the effect of testers of different genetic bases to the estimates of combining ability of maize genotypes using topcross. Were used six testers of different genetic bases that were crossed with a population of 39 genotypes. Were used five narrow base testers with different levels of relatedness, and a broad base tester. The genotypes obtained from crosses were evaluated in randomized block design with two replications in 2012/2013 in Jaboticabal-SP. The combining abilities were estimated as well as the Pearson correlation between the topcrosses of different testers. It is necessary more than a tester for greater efficiency in correct classification of genotypes. None of the six testers, even if related, showed satisfactory correlation between them, indicating that none tester could be eliminated from the analysis.

Index terms: *Zea mays*, breeding, mixed model, topcross

Introdução

Reconhecido pela facilidade de execução e eficiência na estimação de parâmetros para seleção, o esquema topcross destaca-se entre os métodos de

avaliação da capacidade de combinação. Neste esquema, a capacidade de combinação é obtida pelo cruzamento entre testadores com um grupo de genótipos que se deseja avaliar. Embora esse método seja consagrado no melhoramento de plantas, a escolha do testador ideal continua sendo uma dificuldade para os melhoristas de milho. Ainda existem dúvidas quanto à base genética, número e eficiência dos testadores na discriminação de linhagens (Barreto et al., 2012; Rodovalho et al. 2012).

Um determinado genótipo pode ser um bom testador em uma circunstância, porém em outro momento pode apresentar comportamento distinto. A escolha do testador está relacionada com o tipo de material em teste, os tipos de híbridos a serem produzidos, o grau de parentesco com o material a ser avaliado e a produtividade (Rodovalho et al. 2012). Em geral, um bom testador deve apresentar simplicidade em seu uso, fornecer as informações que classificam corretamente o mérito relativo das linhagens e que maximizem os ganhos genéticos (Scapim et al., 2008).

Genótipos de base genética ampla (variedades de polinização aberta e sintéticos) testam para capacidade geral de combinação ou aditividade, enquanto que genótipos de base genética restrita testam para capacidade específica de combinação ou dominância e efeitos epistáticos. Segundo Hallauer (2010), a principal diferença entre a capacidade geral e específica de combinação está vinculada à base genética do testador. Essas diferenças são basicamente atribuídas às frequências genéticas dos testadores de base genética ampla e restrita. A frequência genética de um loco no testador de base ampla pode assumir valores entre 0 e 1, enquanto que, um testador de base restrita, esses valores são de 0 ou 1. Por outro lado, para os híbridos simples, resultantes do cruzamento de duas linhagens homozigotas, tais valores podem ser de 0, 0,5 ou 1.

Genótipos homozigotos recessivos e populações com alta frequência de alelos desfavoráveis, quando utilizados como testadores, facilitam a identificação de linhagens com alta frequência de alelos favoráveis (Guimarães et al., 2012). Entretanto, quando são utilizados testadores com alta frequência de alelos favoráveis, facilita a identificação dos cruzamentos com maior capacidade específica de combinação. Esta situação é muito utilizada comercialmente, onde são empregadas linhagens elite ou híbridos simples com altas frequências de

alelos favoráveis, que permitem a avaliação de um grande número de linhagens e a obtenção imediata de híbridos que podem ser comercializados (Hallauer & Carena, 2009). Desta forma, estudos comparativos entre diferentes testadores são necessários para que se obtenha maior eficiência no processo de melhoramento.

Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito de testadores de diferentes origens para as estimativas da capacidade de combinação de genótipos de milho utilizando topcross.

Material e Métodos

O experimento constou de seis testadores de diferentes origens, que foram avaliados em esquema topcross com uma população de 39 genótipos de milho, todos linhagens do programa de melhoramento de milho. A seguinte denominação foi utilizada para os testadores: T1, T2, T3, T4, T5 e T6. Os testadores T1, T2, T3 e T4 são linhagens, ou seja, são de base genética restrita, que foram originados de uma mesma população. Os testadores T1 e T2 vieram da uma mesma planta desta população. O testador T5 também é uma linhagem, mas foi originado de outra população. Finalmente, o testador T6 é uma variedade, sendo, então, um testador de base genética ampla.

Para obtenção dos topcrosses, na safra 2011/12, foram instalados seis lotes isolados de despendoamento, sendo as linhas femininas compostas pelos 39 genótipos e, as masculinas, por cada um dos testadores em cada lote. Foi respeitado o isolamento mínimo de 500 metros entre os lotes. No momento do florescimento foi realizado o despendoamento manual nas linhas femininas e, após a colheita, foram obtidos 6 conjuntos de 39 topcrosses, totalizando 234 genótipos. Na safra 2012/13, esses topcrosses foram avaliados em experimentos com duas repetições para cada tratamento, utilizando o delineamento experimental de blocos ao acaso. Cada parcela foi constituída de 2 linhas de 5 m de comprimento espaçadas em 0,5 m, com 32 plantas, representando uma população aproximada de 60.000 plantas·ha⁻¹. O plantio foi realizado mecanicamente. Todos os tratamentos culturais recomendados à cultura do milho, com relação ao controle de insetos e outras doenças, assim como

adubação, foram efetuados para o pleno desenvolvimento das plantas (Embrapa, 2006).

Todo o ensaio foi conduzido na área experimental da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE) da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, câmpus de Jaboticabal – SP.

Nos experimentos foi avaliada a produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$), obtida pelo peso médio dos grãos nas parcelas dos experimentos, corrigido para 13% de umidade e para o estande ideal (32 plantas).

Com esses dados foram realizadas análises de variâncias conjunta para todos os testadores e, em seguida, foi realizada a análise dos topcrosses para estimar os valores da capacidade de combinação segundo Vencovsky & Barriga (1992) para análise em delineamento fatorial, com base nas médias dos tratamentos.

Para verificar o efeito dos diferentes testadores, foram estimadas as correlações de Pearson entre as médias fenotípicas dos genótipos obtidos nos cruzamentos e, também, entre as capacidades de combinação.

Finalmente, para verificar o nível de semelhança entre o ranqueamento dos melhores e piores genótipos para cada testador, foi verificada a coincidência, que constatou os genótipos que eram coincidentes no ranqueamento de dez melhores genótipos e de dez piores genótipos de cada testador. Todas as análises foram realizadas no programa GENES (Cruz, 2013).

Resultados e Discussão

A análise conjunta dos genótipos mostrou que os testadores não foram significativamente diferentes entre si pelo teste F (Tabela 1). Entretanto, ao desdobrar o efeito dos genótipos dentro de cada testador, verifica-se que a significância variou em função do testador utilizado. Os testadores T1, T2 e T5 discriminaram os genótipos ao apresentarem valores significativos pelo teste F. Obteve-se boa precisão experimental, com coeficiente de variação de 12,87% (Hallauer et al., 2010).

As estimativas de capacidade de combinação (CC) variaram de forma diferente entre os testadores (Tabela 2), com valores de 2.912,44 a -1.603,78 (T1); de 3.387,73 a -2.225,45 (T2); de 3.285,35 a -1.684,32 (T3); de 1.515,24 a

-2.328,60 (T4); de 1.729,24 a -3.308,85 (T5); e de 1.937,08 a -1.862,22 (T6). Nota-se que a menor variação ocorreu para T6. Por outro lado, a maior variação ocorreu para T2, indicando a capacidade de discriminação dos genótipos desse testador, reforçando os dados apresentados na Tabela 1.

O maior valor encontrado para CC foi para o genótipo 33 no testador T2, que foi de 3.387,73. Outro cruzamento que merece destaque é T3 x 24, com valor de 3.285,35. Estes dois genótipos foram também os que apresentaram maiores valores de produtividade, sendo de 13.287 kg·ha⁻¹ e 13.379 kg·ha⁻¹, respectivamente, indicando a alta capacidade de combinação desses genótipos com os respectivos testadores. O menor valor encontrado foi do cruzamento T5 x 37 de -3.308,85, sendo também a menor produtividade obtida, de 6.806 kg·ha⁻¹. Os valores negativos obtidos para CC ocorrem quando esses cruzamentos envolvem genótipos semelhantes ou de pouca divergência genética (Rodovalho et al., 2012), ou com reduzida complementariedade (Vencovsky; Barriga, 1992). Segundo alguns autores, há maior importância relativa dos efeitos gênicos de dominância sobre os efeitos aditivos na produção de grãos de milho (Machado et al. 2009; Hallauer et al., 2010).

Com relação à CC dos testadores (Tabela 2), verifica-se que o testador T6 apresentou maior valor (334,99), ao passo que o testador T2, o menor valor (-210,65). O testador T6 pode ter apresentado valor de CC elevado por ser um testador de base genética ampla. Esse tipo de testador, justamente por ter sido formado por diferentes genótipos, tem por característica informar sobre os efeitos aditivos dos genes, testando os genótipos para capacidade geral de combinação (Paterniani et al., 2008; Hallauer et al., 2010). Por outro lado, testadores de base genética restrita tendem a informar sobre efeitos de dominância e epistasia, testando para capacidade específica de combinação. Um testador não deve apresentar CC muito alta, justamente para evitar que genótipos com mérito agrônomico inferior sejam incluídas no grupo de bom desempenho (Rodovalho et al. 2012). Além do mais, estimativas negativas de CC para um testador podem ser mais interessantes, uma vez que a identificação de alelos favoráveis dos genótipos avaliados depende da frequência de alelos desfavoráveis presentes no testador (Barata & Carena, 2006). Ainda, a CC do testador é de grande importância na seleção do melhor testador, visto que este

parâmetro permite medir a aditividade existente entre genótipos e testadores utilizados (Barreto et al., 2012).

Observou-se que para um mesmo genótipo os valores da CC quando cruzados com testadores diferentes apresentaram grande variação (Tabela 2). Por exemplo, o genótipo 2 quando cruzado com T1 teve valor de CC de -1066,88, ao passo que quando cruzado com T2 apresentou CC de -390,39. Ainda, no cruzamento com T3 o valor de CC foi de 1137,19. Esse fato indica que o testador teve grande influência na determinação do valor da CC, já que a variável neste caso é o testador. Ainda, nota-se que no cruzamento de um genótipo com T6, embora o valor da CC seja inferior comparado com o cruzamento deste mesmo genótipo com outro testador, a produtividade é maior no cruzamento com T6. Esse fato foi observado para alguns genótipos, dentre eles os genótipos 2, 18, 19, 26, 39. A explicação para essa situação está na base genética do testador, uma vez que o testador de base ampla possui maior capacidade geral de combinação, enquanto que os testadores de base restrita possuem menor.

Os genótipos se correlacionaram de forma distinta em função do testador utilizado (Tabela 3). Entre os coeficientes de correlação significativos, os valores variaram de 0,375 a 0,582 para as correlações fenotípicas. A maior correlação fenotípica significativa obtida foi entre os testadores T4 x T6 (0,582), entretanto, a correlação para esses mesmos testadores quanto a capacidade de combinação apresentou valor não significativo e muito baixo (0,064). Esse fato indica que as produtividades obtidas com esses testadores com os genótipos são semelhantes, porém, esses testadores possuem capacidade de se combinar de maneira diferente com os 39 genótipos avaliados.

Era esperado que os testadores T1, T2, T3 e T4 apresentassem alto coeficiente de correlação, visto que são geneticamente relacionados, entretanto, isso não foi observado. A segregação dos alelos durante os vários ciclos sucessivos de autofecundação, para a formação destes testadores, pode explicar este fato. Observou-se que o testador T1 apresentou coeficiente de correlação fenotípico significativo com os testadores T3, T4 e T5, sendo que os dois primeiros foram originados da mesma população que T1, mas T5 não.

O testador T4 foi o que apresentou os maiores coeficientes de correlação fenotípica com os testadores T6, T1 e T3, respectivamente. Esse fato é evidenciado pela capacidade de classificação dos testadores, obtido pela

coincidência na classificação dos dez melhores genótipos. É importante mencionar que a coincidência entre o ranqueamento dos testadores, tanto para os melhores genótipos quanto para os piores genótipos, para as médias fenotípicas e para os dados da capacidade de combinação foi idêntica. Observa-se que os testadores T4 e T6 coincidiram em 70% dos melhores cruzamentos, ao passo que T3 e T4 coincidiram em 60%. Entretanto, T1 e T4 coincidiram em apenas 30% e obtiveram um índice de correlação significativo de 0,504. Além disso, as correlações para capacidade de combinação entre esses testadores foram baixas e não significativas, indicando que esses testadores se combinaram de formas distintas com os genótipos. Assim, não se verifica associação entre os testadores e suas origens, sugerindo que devem ser utilizados todos os testadores para correta classificação dos genótipos. Rodovalho et al. (2012) encontraram resultados semelhantes ao comparar três testadores na avaliação de famílias de milho. A classificação das famílias variou conforme o testador analisado, apontando a necessidade de avaliação de diferentes testadores. Scapim et al. (2008) também concluíram que há necessidade de uso de diferentes testadores na avaliação de famílias, visto que a classificação destas foi diferente, de acordo com o testador utilizado.

De acordo com os coeficientes de correlação entre os testadores com base nos dados de capacidade de combinação, verifica-se que a única correlação significativa foi entre os testadores T1 e T5. Embora significativo, o coeficiente de correlação foi baixo (0,473), e ainda no ranqueamento dos genótipos entre esses testadores foi identificado apenas 40% e 20% de coincidência para os melhores e piores genótipos, respectivamente, sendo, portanto, valores que não possibilitam inferir que esses testadores têm o mesmo efeito sobre os genótipos. Nenhuma outra correlação significativa foi encontrada.

As divergências observadas quanto aos coeficientes de correlação indicam que os testadores têm efeitos diferentes na classificação das linhagens. Embora tenham sido observadas correlações significativas, estas não são suficientes para concluir que o uso de apenas um dos testadores, mesmo que sejam relacionados, seja suficiente para classificar os genótipos de forma semelhante, visto que as correlações são de baixa magnitude. Portanto, é necessário mais do que um testador para a correta classificação dos genótipos.

Conclusões

Não houve correlação de alta magnitude entre os testadores, mesmo utilizando testadores relacionados.

Os testadores classificaram as linhagens de maneira diferente, indicando ser necessário a utilização de mais de um testador para maior eficiência na identificação dos genótipos superiores.

Agradecimentos

À CAPES pela concessão de bolsa de estudo.

Referências

BARATA, C.; CARENA, M.J. Classification of North Dakota maize inbred lines into heterotic groups based on molecular and test cross data. **Euphytica**, v.151, p.339-349, 2006.

BARRETO, R. R.; SCAPIM, C. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; RODOVALHO, M. A.; VIEIRA, R. A.; SCHUELTER, A. R. Avaliação da capacidade de combinação de famílias S2 de milho pipoca por meio de diferentes testadores. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 3, p. 873-890, 2012. DOI: 10.5433/1679-0359.2012v33n3p873.

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Cultivo do milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2006. Disponível em: <http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/>. Acesso em 25 de março de 2015.

GUIMARÃES, L. J. M.; MIRANDA, G. V; DELIMA, R. O.; MAIA, C.; OLIVEIRA, L. R.; SOUZA, L. V. Performance of testers with diferente genetic structure for

evaluation of maize inbred lines. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.42, n.5, p.770-776, 2012.

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J. Maize breeding. In: CARENA, M.J. **Handbook of plant breeding: cereals**. New York: Springer, 2009. p.3-98.

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2.ed. Ames: Iowa State University, 2010. 468p.

MACHADO, J.C.; SOUZA, J.C. de; RAMALHO, M.A.P.; LIMA, J.L. Stability of combining ability effects in maize hybrids. **Sci. Agric.**, v.66, n.4, p.494-498, 2009.

PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; GUIMARÃES, P.S.; LUDERS, R.R.; GALLO, P.B.; SOUZA, A.P. de; LABORDA, P.R.; OLIVEIRA, K.M. Capacidade combinatória, divergência genética entre linhagens de milho e correlação com heterose. **Bragantia**, Campinas, v.67, n.3, p.639-648, 2008.

RODOVALHO, M. A.; SCAPIM, C. A.; PINTO, R. J. B.; BARRETO, R. R.; FERREIRA, F. R. A.; CLÓVIS, L. R. Comparação de testadores em famílias S_2 obtidas do híbrido simples de milho-pipoca IAC-112. **Biosci. J.**, Uberlândia, v. 28, n. 2, p. 145-154, 2012.

SCAPIM, C.A.; ROYER, M.R.; PINTO, R.J.B.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; PACHECO, C.A.P.; MORTERLE, M. Comparação de testadores na avaliação da capacidade de combinação de famílias S_2 de milho-pipoca. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.7, n.1, p.83-91, 2008.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

Tabela 1. Resumo da análise de variância conjunta para os testadores T1, T2, T3, T4, T5, T6 e os 39 genótipos, para o caráter produtividade de grãos.

Fonte de Variação	Grau de Liberdade	Quadrado Médio
Blocos	1	3225289,85
Genótipos	38	5690508,72**
Testadores	5	2799384,60 ^{ns}
Genótipos/Testadores	228	2260512,35*
Genótipos/T1	38	2450170,91*
Genótipos/T2	38	3078079,23**
Genótipos/T3	38	1719613,44 ^{ns}
Genótipos/T4	38	2169504,98 ^{ns}
Genótipos/T5	38	2567415,87*
Genótipos/T6	38	1578289,65 ^{ns}
Resíduo	233	1692874,80
Coeficiente de Variação (%)		12,87

^{ns} não significativo, * e ** significativo a 5% de probabilidade e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 2. Produtividade de grãos (PG - kg·ha⁻¹) e estimativas das capacidades de combinação (CC) para os genótipos e os diferentes testadores para o caráter produtividade de grãos.

Genótipo	T1		T2		T3		T4		T5		T6		Genótipos
	PG	CC	PG	CC	PG	CC	PG	CC	PG	CC	PG	CC	CC
1	9.350	-613,81	9.523	-376,89	9.027	-1066,95	9.109	-1034,32	9.269	-845,92	9.345	-1099,90	-839,63
2	8.897	-1066,88	9.509	-390,39	11.231	1137,19	9.558	-585,29	11.133	1018,48	10.014	-431,23	-53,02
3	9.677	-286,44	8.529	-1370,09	10.077	-17,36	9.025	-1119,02	9.771	-344,07	9.425	-1020,14	-692,85
4	11.905	1941,12	8.833	-1066,82	10.508	414,10	11.117	973,15	10.739	624,67	9.496	-949,31	322,82
5	10.360	396,82	9.791	-108,40	11.074	979,98	10.857	713,57	9.955	-160,27	10.518	73,22	315,82
6	9.158	-805,23	9.454	-445,39	8.990	-1104,18	10.301	157,41	11.074	958,86	10.569	123,49	-185,84
7	10.629	665,79	8.655	-1243,98	10.192	98,28	9.882	-261,83	8.439	-1675,73	10.440	-5,30	-403,79
8	10.508	544,78	10.577	677,56	10.629	535,20	11.595	1451,90	9.183	-931,80	11.784	1338,41	602,68
9	10.400	436,77	10.886	986,57	10.342	247,75	10.498	354,00	11.048	932,86	10.089	-355,81	433,69
10	12.876	2912,44	11.915	2015,72	10.354	259,97	10.597	453,35	11.844	1729,24	10.494	49,30	1236,67
11	9.888	-75,40	9.833	-66,16	10.198	103,94	9.456	-687,40	11.274	1159,23	8.756	-1689,03	-209,14
12	11.721	1756,93	11.344	1444,85	9.020	-1073,71	9.587	-556,20	11.007	892,33	9.941	-503,72	326,75
13	10.882	918,49	8.219	-1680,05	10.090	-3,60	11.424	1280,15	11.061	946,04	10.856	411,15	312,03
14	9.173	-790,88	9.460	-439,19	9.389	-705,26	11.132	988,06	10.278	162,84	10.060	-384,82	-194,88
15	8.398	-1566,06	9.140	-758,95	8.410	-1684,32	7.815	-2328,60	10.804	689,12	10.392	-52,81	-950,27
16	10.303	339,27	8.968	-931,57	10.687	593,27	11.298	1154,22	11.643	1528,61	12.382	1937,08	770,15
17	9.909	-54,83	7.674	-2225,45	9.192	-901,69	10.071	-72,43	10.345	229,77	9.386	-1059,46	-680,68
18	11.061	1097,75	9.729	-170,66	9.204	-890,45	10.313	169,11	11.000	885,40	11.114	669,20	293,39
19	8.781	-1182,51	8.659	-1240,69	10.072	-21,87	8.386	-1757,07	10.592	477,46	10.675	229,48	-582,53
20	10.256	292,81	11.299	1399,37	10.775	681,32	9.815	-328,13	10.782	667,41	10.228	-216,90	415,98
21	8.442	-1521,56	8.074	-1825,33	8.496	-1598,24	8.107	-2036,61	7.511	-2603,87	9.051	-1394,18	-1829,97
22	9.390	-573,69	10.549	650,03	9.692	-402,47	7.846	-2297,43	9.636	-478,76	9.598	-847,22	-658,26

Continua...

Tabela 2. Continuação...

23	9.266	-697,77	11.080	1180,71	9.842	-252,17	11.334	1190,38	9.422	-692,33	12.165	1719,68	408,08
24	10.369	405,08	9.867	-32,84	13.379	3285,35	11.214	1070,44	10.466	350,76	11.368	922,86	1000,27
25	9.283	-680,85	9.092	-807,34	10.483	388,55	9.589	-554,46	8.599	-1516,17	8.583	-1862,22	-838,75
26	11.466	1502,58	10.613	713,46	11.175	1080,69	9.946	-197,49	9.928	-187,20	10.829	383,58	549,27
27	10.226	262,42	12.122	2222,59	9.953	-141,16	11.215	1071,05	11.044	928,77	11.420	974,57	886,37
28	11.307	1343,52	10.593	693,59	11.355	1261,05	11.659	1515,24	10.521	406,48	12.150	1705,15	1154,17
29	10.407	443,66	10.660	760,56	11.038	943,81	11.319	1175,19	8.870	-1244,43	11.353	908,33	497,85
30	8.360	-1603,78	10.907	1007,34	9.917	-176,58	9.283	-861,05	10.159	44,28	10.771	325,75	-210,67
31	8.493	-1470,63	11.367	1467,80	9.875	-219,35	10.031	-112,24	8.446	-1668,64	10.878	432,93	-261,69
32	11.099	1134,90	10.094	194,70	10.415	320,88	10.573	429,42	9.980	-134,55	11.011	565,54	418,48
33	9.096	-867,91	13.287	3387,73	9.507	-587,05	10.766	622,70	10.961	845,89	10.133	-312,18	514,86
34	8.998	-965,27	9.962	62,08	9.315	-779,03	10.319	175,36	10.640	524,73	10.041	-404,22	-231,06
35	8.576	-1388,08	8.241	-1658,83	9.173	-920,67	9.728	-415,86	8.916	-1199,09	10.295	-149,85	-955,39
36	11.054	1090,53	10.544	644,82	10.799	704,51	11.362	1218,39	11.228	1113,43	10.606	161,10	822,13
37	8.664	-1299,64	8.952	-947,60	10.462	368,15	10.154	10,08	6.806	-3308,85	10.305	-139,68	-886,26
38	9.453	-510,36	9.452	-447,19	9.956	-137,80	9.138	-1005,98	10.645	530,51	10.691	246,28	-220,76
39	10.500	535,91	8.624	-1275,67	9.374	-720,10	10.182	38,22	9.459	-655,49	10.146	-299,13	-396,04
Máximo	12.876	2912,44	13.287	3387,73	13.379	3285,35	11.659	1515,24	11.844	1729,24	12.382	1937,08	1236,67
Mínimo	8.360	-1603,78	7.674	-2225,45	8.410	-1684,32	7.815	-2328,60	6.806	-3308,85	8.583	-1862,22	-1829,97
Testador	9.963	-146,47	9.899	-210,65	10.094	-16,04	10.144	33,46	10.115	4,71	10.445	334,99	-

Tabela 3. Correlações de Pearson (acima da diagonal) com respectivas significâncias e Coincidência (abaixo da diagonal) entre os testadores T1, T2, T3, T4, T5 e T6 para produtividade de grãos.

	T1	T2	T3	T4	T5	T6
T1	-	0,219 (-0,037)	0,375* (0,219)	0,504** (0,168)	0,407** (0,473**)	0,223 (-0,067)
T2	2 (4)	-	0,176 (0,301)	0,285 (0,002)	0,290 (-0,045)	0,308 (0,011)
T3	3 (4)	2 (4)	-	0,477** (-0,004)	0,099 (0,171)	0,371* (-0,103)
T4	3 (5)	3 (3)	6 (3)	-	0,218 (0,014)	0,582** (0,064)
T5	4 (4)	4 (4)	3 (3)	4 (2)	-	0,165 (0,069)
T6	3 (2)	4 (4)	5 (4)	7 (6)	2 (3)	-

Valores acima da diagonal e fora dos parênteses são para correlação fenotípica de Pearson; Valores acima da diagonal e dentro dos parênteses são para correlação de Pearson para capacidade de combinação; Valores abaixo da diagonal e fora dos parênteses correspondem à coincidência do ranqueamento dos dez melhores genótipos entre os testadores; Valores abaixo da diagonal e dentro dos parênteses correspondem à coincidência do ranqueamento dos dez piores genótipos entre os testadores; * e ** significativo a 5% de probabilidade e 1% de probabilidade, respectivamente.

CAPÍTULO 3 – Comparação entre a capacidade de combinação e melhor preditor linear não viesado (BLUP) na seleção de genótipos de milho

Capítulo elaborado de acordo com as normas da revista científica Pesquisa Agropecuária Brasileira – PAB.

Resumo - O objetivo desse estudo foi comparar a capacidade de combinação e o método REML/BLUP na seleção de genótipos de milho. Para tanto, utilizou-se seis testadores de diferentes bases genéticas que foram cruzados com uma população de 39 genótipos. Os cruzamentos obtidos foram avaliados no delineamento de blocos ao acaso com duas repetições na área experimental da UNESP, câmpus de Jaboticabal – SP, na safra 2012/2013. Observou-se que os testadores classificaram os genótipos de forma diferente. As informações obtidas da capacidade de combinação quanto pelo REML/BLUP podem ser utilizadas para seleção de genótipos de milho. Os métodos REML/BLUP e capacidade de combinação apresentaram alta correlação no ranqueamento dos genótipos para os testadores, indicando serem métodos alternativos em algumas situações e complementares em outras.

Palavras-chave: Melhoramento genético, modelos mistos, topcross, *Zea mays*

Comparison of combining ability and best linear unbiased prediction (BLUP) in selection of maize genotypes

Abstract - The objective of this study was to compare the combination ability and the REML/BLUP method in the selection of maize genotypes. Therefore, were used six testers of different genetic bases crossed with a population of 39 genotypes. The obtained crosses were evaluated in a randomized block design with two replications in the experimental area of UNESP, Jaboticabal - SP, in 2012/2013. It was observed the testers classified genotypes differently. Information obtained from the combination ability and REML/BLUP can be used to select maize genotypes. The REML/BLUP and combination ability methods showed high correlation in ranking the genotypes for testers, indicating they are alternative methods in some situations and complementary in others.

Index terms: *Zea mays*, breeding, mixed model, topcross

Introdução

Os programas de melhoramento de milho têm como principal objetivo a obtenção de híbridos, cujo processo depende da avaliação e seleção de

linhagens. Devido ao pronunciado efeito de dominância para a maioria dos locos envolvidos com a produtividade de grãos, o desempenho de um híbrido não pode ser predito com base no desempenho “per se” da linhagem (Hallauer et al., 2010). Portanto, é evidente a necessidade de avaliar as linhagens em cruzamentos para seleção dos genótipos superiores.

A metodologia do topcross, proposta por Davis (1927), consiste em avaliar o mérito relativo de um grande número de linhagens em cruzamentos com testadores recorrentes, permitindo estimar as capacidades gerais de combinação e as capacidades específicas de combinação, tornando o processo mais eficiente (Scapim et al., 2008). É importante utilizar testadores que classificam corretamente as linhagens quanto as capacidades combinatórias das mesmas para a síntese de híbridos com alto potencial produtivo (Guimarães et al., 2012). A estimativa de capacidade geral de combinação permite ao melhorista obter informações sobre o desempenho médio da linhagem nos híbridos em que participa com relação aos efeitos aditivos dos locos, enquanto a capacidade específica de combinação aponta quanto aos efeitos de dominância e epistasia dos locos em determinados cruzamentos.

Nos programas de melhoramento, os genótipos com alta frequência de genes favoráveis serão melhor identificados quando forem avaliados com testadores que possuem baixa frequência de alelos favoráveis (Hallauer et al. 2010; Guimarães et al., 2012). Por outro lado, a utilização de testadores com alta frequência de alelos favoráveis permite ao melhorista identificar as melhores combinações com estes testadores (Hallauer & Carena, 2009).

O método REML/BLUP, muito utilizado no melhoramento animal e espécies florestais, também tem sido aplicado com sucesso no melhoramento genético de culturas anuais e promovido resultados satisfatórios na cultura do milho (Viana et al., 2010; Cruz Baldissera et al., 2012; Fritsche-Neto et al., 2012; Freitas et al., 2013; Jesus Freitas et al., 2013). O emprego do método de componentes de variância estimados por máxima verossimilhança restrita (REML) e por valores genéticos preditos pelo melhor valor não-viesado (BLUP) destaca-se como uma ferramenta muito útil por permitir a predição precisa dos valores genéticos, além da capacidade de lidar com dados desbalanceados de forma adequada (Almeida Filho et al., 2014).

Em experimentos de campo, os dados obtidos dificilmente refletem totalmente os verdadeiros valores genéticos dos materiais testados, devido ao efeito pronunciado do ambiente. Entretanto, as inferências feitas a esses genótipos, para que seja obtido o sucesso no processo de melhoramento, devem ser feitas com base nas médias genóticas e não fenóticas (Borges et al., 2010). O método BLUP possibilita a predição de valores genóticos mais acurados, permitindo o melhorista aferir com maior precisão os genótipos avaliados (Viana et al., 2012). Segundo Piepho et al. (2008), a metodologia baseada em BLUP possui alta acurácia na predição de valores genóticos de híbridos de milho, sendo uma ferramenta muito útil no processo de melhoramento genético dessa cultura.

O objetivo desse estudo foi comparar a capacidade de combinação e o método REML/BLUP na seleção de genótipos de milho.

Material e Métodos

Neste experimento foram avaliados seis testadores de diferentes origens. A seguinte denominação foi utilizada para os testadores: T1, T2, T3, T4, T5 e T6. Os testadores T1, T2, T3 e T4 são linhagens, ou seja, são de base genética restrita, que foram originados de uma mesma população. Os testadores T1 e T2 vieram da uma mesma planta desta população. O testador T5 também é uma linhagem, mas foi originado de outra população. Todos os seis testadores foram avaliados em esquema topcross com uma população de 39 genótipos de milho, todos linhagens do programa de melhoramento de milho.

Para obtenção dos topcrosses, na safra 2011/2012, foram instalados seis lotes isolados de despendoamento, sendo as linhas femininas compostas pelos 39 genótipos e, as masculinas, por cada um dos testadores em cada lote. Foi respeitado o isolamento mínimo de 500 metros entre os lotes. No momento do florescimento foi realizado o despendoamento manual nas linhas femininas e, após a colheita, foram, obtidos 6 conjuntos de 39 topcrosses, totalizando 234 cruzamentos topcrosses.

Na safra 2012/2013, esses topcrosses foram avaliados em experimentos com duas repetições para cada tratamento, utilizando o delineamento experimental de blocos ao acaso. Cada parcela foi constituída de 2 linhas de 5

metros de comprimento espaçadas em 0,5 metros, com 32 plantas, representando uma população aproximada de 60.000 plantas·ha⁻¹. O plantio foi realizado mecanicamente. Todos os tratamentos culturais recomendados à cultura do milho, com relação ao controle de insetos e doenças, assim como adubação, foram efetuados para o pleno desenvolvimento das plantas (Embrapa, 2006).

O ensaio foi conduzido na área experimental da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE) da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP, câmpus de Jaboticabal – SP.

A produtividade de grãos (kg·ha⁻¹) foi a característica avaliada nos experimentos, obtida pelo peso médio dos grãos nas parcelas, corrigido para 13% de umidade e para o estande ideal de 32 plantas.

Com esses dados foram realizadas análise de variância conjunta para todos os testadores, e, em seguida, a análise dos topcrosses para estimar os valores da capacidade de combinação segundo Vencovsky & Barriga (1992) para análise em delineamento fatorial, com base nas médias dos tratamentos. Todas as avaliações foram realizadas pelo programa GENES (Cruz, 2013).

Para a obtenção dos BLUPs, utilizou-se a metodologia dos modelos mistos, descrita por Henderson (1975), que tem por objetivo obter predições dos valores genotípicos considerando-os como de efeito aleatório. As estimativas dos componentes de variância foram obtidas pelo método da máxima verossimilhança restrita (Restricted Maximum Likelihood – REML), segundo Patterson & Thompson (1971). A predição dos valores genotípicos de cada indivíduo foi obtida pelo melhor preditor linear não viesado (BLUP), segundo Resende & Mendes (1996). Foi utilizado o modelo estatístico 21 (Blocos ao acaso, teste de linhagens autógamas ou híbridos, média por parcela) do software SELEGEN – REML/BLUP (Resende, 2007) para obtenção destas análises.

O modelo misto é matricialmente representando por:

$$y = Xr + Zg + e$$

onde: y : é o vetor de observações; r : é o vetor dos efeitos fixos de repetição somados à média geral; g : é o vetor dos efeitos aleatórios genotípicos; X : é a matriz de incidência dos efeitos fixos; Z : é a matriz de incidência dos efeitos aleatórios g (genéticos); e : é o vetor de erros, assumido como aleatório.

Assumiu-se que: $g \sim N(0, G)$, $E(y) = Xr$, $e \sim N(0, R)$ e $\text{Var}(y) = ZGZ' + R$,

em que: G: é a matriz de variâncias e covariâncias dos efeitos genéticos; e, R: é a matriz de variâncias e covariâncias dos erros.

Assim, a estimação simultânea de efeitos fixos e a predição dos efeitos aleatórios podem ser obtidas por meio das seguintes equações de modelo misto (método BLUP):

$$\begin{bmatrix} \text{XR}^{-1}\text{X} & \text{XR}^{-1}\text{Z} \\ \text{ZR}^{-1}\text{X} & \text{ZR}^{-1}\text{Z} + \text{G}^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\text{r}} \\ \text{g} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \text{XR}^{-1}\text{y} \\ \text{ZR}^{-1}\text{y} \end{bmatrix}$$

Após a obtenção dos BLUPs foram estimados os coeficientes de correlação de Pearson entre os dados da capacidade de combinação e os valores dos efeitos genotípicos preditos (g) da produtividade obtida dos cruzamentos entre os seis testadores e a população de 39 genótipos.

Finalmente, para verificar o nível de semelhança no ranqueamento dos genótipos para cada testador entre as duas metodologias utilizadas, foi obtida a coincidência, que verificou os genótipos que estavam presentes no ranqueamento das duas metodologias, considerando os dez melhores e os dez piores genótipos para cada testador.

Resultados e Discussão

Os genótipos apresentaram valor altamente significativo pelo teste F ($P \leq 0,01$), indicando que pelo menos um genótipo diferiu dos demais (Tabela 1). Os testadores que discriminaram os genótipos foram os que apresentaram valores significativos, ou seja, T1, T2 e T5. Destaca-se a boa precisão experimental obtida, visto que o coeficiente de variação (CV%) foi de 12,87% (Hallauer et al., 2010).

Considerando as estimativas da capacidade de combinação dos dez melhores genótipos para cada testador, verifica-se que as maiores estimativas foram para os cruzamentos T2 x 33 e T3 x 24 com capacidade de combinação de 3.387,73 e 3.285,35, respectivamente. Esses dois cruzamentos foram também os mais produtivos com produtividades de 13.287 kg·ha⁻¹ e 13.379 kg·ha⁻¹, respectivamente (Tabela 2). Dos dez genótipos, o menor valor para capacidade de combinação foi para o cruzamento T6 x 31 com valor de 432,97. Entretanto, esse genótipo não foi o que apresentou a menor produtividade,

pertencendo estas aos cruzamentos T1 x 7 e T3 x 8, ambos com valores de $10.629 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, que também apresentaram valores baixos para capacidade de combinação.

Segundo Cruz et al. (2004), o cruzamento que apresentar maior estimativa de capacidade específica de combinação em que pelo menos um dos parentais apresente elevada capacidade geral de combinação será, portanto, a combinação híbrida mais favorável. Neste caso, essa afirmativa é verdadeira, pois os cruzamentos T1 x 10, T3 x 24 e T2 x 33 apresentam valores de capacidade de combinação elevados e os genótipos 10, 24 e 33 possuem alta capacidade geral de combinação (Tabela 3). Observa-se que esses testadores apresentam capacidade geral de combinação negativa, ou seja, o mérito relativo dos genótipos envolvidos nos cruzamentos com esses três testadores foi realmente observado. Além disso, essas combinações híbridas apresentaram valores altos para produtividade de grãos, acima de $12.000 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ (Tabela 2). Vale ressaltar que a capacidade geral de combinação se relaciona com os efeitos aditivos presente nos cruzamentos, enquanto que a capacidade específica de combinação estuda os efeitos de dominância das combinações híbridas. Segundo Hallauer et al. (2010), a maioria dos locos envolvidos com a produtividade de grãos na cultura do milho é devido a ocorrência de dominância.

Considerando os dez melhores genótipos, com base nas estimativas dos melhores valores preditos não-viesados (BLUPs) para cada um dos testadores, observa-se que o cruzamento T3 x 24 foi o que mais se destacou, apresentando o maior valor para o efeito genotípico predito (g) e o maior para a produtividade, sendo de $1497,43$ e $13.379 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, respectivamente (Tabela 2). Em contrapartida, o cruzamento que teve menor destaque foi T1 x 7 tendo como efeito genotípico predito o valor de $23,44$ e de $10.629 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ para produtividade.

Nota-se que o cruzamento T3 x 24 destacou-se em ambos os métodos, apresentando valor elevado tanto para CC quanto para REML/BLUP, sendo ainda o genótipo de maior produtividade.

De modo geral, os testadores classificaram de modo diferente os dez melhores genótipos. Nenhuma relação entre os testadores foi detectada quanto à base genética, ou seja, mesmo nos testadores relacionados geneticamente, os genótipos selecionados foram diferentes (Tabela 2). Scapim et al. (2008) também observaram baixos índices de correlação classificatória ao estudar o

efeito de três testadores, indicando que a discriminação dos genótipos avaliados variou de acordo com o testador, confirmando a necessidade do uso de diferentes testadores nas avaliações. Baixas correlações para as classificações dos genótipos por testadores também foram encontradas por Guimarães et al. (2012) ao avaliarem quatro testadores de milho de diferentes bases genéticas quanto à capacidade de identificar linhagens superiores em topcross, bem como Rodvalho et al. (2012), que avaliaram três testadores diferentes geneticamente para discriminar genótipos de milho-pipoca.

Segundo Mi et al. (2011), a resposta à seleção é maior quando se aplica o método BLUP. Ainda, estes mesmos autores concluíram que a seleção baseada em BLUP foi superior quando comparado com a seleção baseada na média fenotípica, possibilitando progressos no programa de melhoramento de milho.

Considerando a coincidência entre os dez melhores e dez piores genótipos para cada testador, com base nas análises das capacidades de combinação e dos efeitos genotípicos preditos, nota-se que os dois métodos apresentaram máxima coincidência para o mesmo testador, ou seja, os ranqueamentos dos genótipos para o método CC quanto para o método REML/BLUP foram idênticos considerando o mesmo testador (Tabela 2). Isso ocorreu tanto para o ranqueamento dos melhores quanto para os piores genótipos.

Os genótipos 16, 27, 29 e 36 estiveram mais vezes presentes entre os ranqueamentos formados pelos testadores, cada um aparecendo uma vez em quatro ranqueamentos. Entretanto, as posições em que esses genótipos apareceram não foram as mesmas dentre os testadores, indicando que, mesmo estando entre os dez genótipos superiores, estes foram discriminados de maneira diferente pelos testadores. As diferenças na classificação dos genótipos podem ser devido às diferenças nos alelos destes testadores, resultando em combinações diferentes com os genótipos avaliados.

Outro ponto observado é que alguns cruzamentos apresentaram valores de produtividade de grãos muito semelhantes, enquanto que os valores do efeito genotípico predito tiveram grande variação. Isso pode ser observado nos cruzamentos T3 x 24 e T2 x 33, que tiveram produtividade muito semelhante ao passo que o valor genético predito para o primeiro cruzamento foi cinco vezes

maior. Outro exemplo é entre os cruzamentos T1 x 7 e T3 x 8, que apresentaram a mesma produtividade, enquanto que o valor genético predito foi dez vezes superior para o cruzamento T3 x 8. Os cruzamentos envolvendo o genótipo 28 também merecem destaque, uma vez que variou quanto a posição entre os ranqueamentos e o valor genético predito variou de 47,31 a 1032,19 no cruzamento com T1 e T4, respectivamente, sendo que a produtividade foi semelhante. Esse fato indica que o testador teve grande influência na determinação da colocação do genótipo no ranqueamento e que o efeito ambiental pode estar afetando o fenótipo.

As correlações de Pearson entre as estimativas de CC e dos BLUPs, obtidas para os seis testadores, mostram que foram obtidas correlações significativas, entretanto, de baixa magnitude (Tabela 4). A correlação dos métodos foi máxima, o que indica e confirma que as estimativas de CC e BLUPs são altamente correlacionadas e podem ser utilizadas como alternativas para a identificação tanto dos melhores quanto dos piores genótipos. O motivo que pode explicar esse fato é que o método REML/BLUP, quando utilizado em experimentos em que os dados são balanceados, que é o caso do presente trabalho, se torna tão eficiente quanto outros métodos de classificação de genótipos (Resende, 2002). Por outro lado, os métodos baseados em análise de variância têm limitação em lidar com dados desbalanceados, ao passo que o método REML/BLUP tem grande flexibilidade com desbalanceamentos por perdas de parcelas ou experimentos com diferentes números de tratamentos e repetições, permitindo contornar essas dificuldades (Sturion et al., 2010; Viana et al., 2012).

Os valores significativos de correlação de Pearson entre os métodos CC e BLUP para testadores diferentes variaram de 0,375 a 0,582. O maior valor encontrado foi para a correlação entre um testador de base restrita e o testador de base ampla, T4 e T6. O ranqueamento dos genótipos entre esses dois testadores obteve 70% de coincidência para os melhores genótipos e de 60% para os piores genótipos. Era esperado que os maiores valores de correlação fossem entre os testadores relacionados geneticamente T1, T2, T3 e T4, que têm origem em uma mesma população. Embora não apresentassem valores altos para correlação, observou-se associação entre T1 x T3, T1 x T4 e T3 x T4. Os testadores T1, T3 e T4 foram os que mais se correlacionaram com outros

testadores. Porém, estes testadores não substituem o uso de outros testadores já que os valores da correlação e da coincidência entre o ranqueamento dos genótipos foram muito baixos.

Os valores obtidos para as correlações entre testadores diferentes, embora sejam positivos e significativos, são baixos, o que indica que comparações entre testadores diferentes com análises diferentes não são indicadas, ou seja, deve-se utilizar os dois métodos quando o objetivo for comparar testadores diferentes. Portanto, os métodos neste caso são complementares, de forma que, ao utilizar ambos os métodos, serão obtidas informações adicionais que podem auxiliar na seleção dos genótipos. Essas análises são eficientes e alternativas quando utilizadas para comparar um mesmo testador.

Ainda, os valores baixos encontrados para as correlações e para as coincidências entre testadores diferentes, que, mesmo relacionados geneticamente, discriminaram os genótipos de forma diferente. Esse fato exige que o melhorista utilize diferentes testadores nos programas de melhoramento para que a avaliação e seleção dos melhores genótipos seja eficiente.

Conclusões

Tanto as informações da capacidade de combinação quanto REML/BLUP podem ser utilizadas para a seleção de genótipos de milho em programas de melhoramento genético.

As metodologias de capacidade de combinação e BLUPs podem ser utilizadas de forma alternativa para comparar um mesmo testador, ou de forma complementar, quando o objetivo for comparar testadores diferentes.

Agradecimentos

À CAPES pela concessão de bolsa de estudo.

Referências

ALMEIDA FILHO, J.E. de; TARDIN, F.D.; RESENDE, M.D.V. de; SILVA, F.F. e; GRANATO, Í.S.C.; MENEZES, C.B. de. Genetic evaluation of grain sorghum hybrids in Brazilian environments using the REML/BLUP procedure. **Scientia Agrícola**, v.71, n.2, p.146-150, 2014.

BORGES, V.; FERREIRA, P.V.; SOARES, L.; SANTOS, G.M.; SANTOS, A.M.M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.32, p.643-649, 2010. doi:10.4025/actasciagron.v32i4.4837.

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. v. 1.

DAVIS, R.L. Report of the plant breeder. **Puerto Rico Agricultural Experimental Station Annual Report**, p.14-15, 1927.

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Cultivo do milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2006. Disponível em: <http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/>. Acesso em 25 de março de 2015.

FREITAS, I.L.J.; AMARAL JÚNIOR, A.T. do; VIANA, A.P.; PENA, G.F.; CABRAL, P.S.; VITTORAZZI, C.; SILVA, T.R.C. Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.48, n.11, p.1464-1471, 2013. doi:10.1590/S0100-204X2013001100007.

FRITSCHÉ-NETO, R.; RESENDE, M.D.V. de; MIRANDA, G.V.; DOVALE, J.C. Seleção genômica ampla e novos métodos de melhoramento do milho. **Revista Ceres**, v. 59, n.6, p.794-802, 2012.

GUIMARÃES, L.J.M.; MIRANDA, G.V.; DELIMA, C.M.; OLIVEIRA, L.R.; SOUZA, L.V. Performance of testers with different genetic structure for evaluation of maize inbred lines. **Ciência Rural**, v.42, n.5, 2012.

HALLAUER, A.; CARENA, M.J. Maize breeding. In: CARENA, M.J. **Handbook of plant breeding: cereals**. New York: Springer, 2009. p.3-98.

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.D. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 664p.

HENDERSON, C.H. Best linear estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v.31, n.2, p.423-447, 1975.

JESUS FREITAS, I.L.; AMARAL JUNIOR, A.T.; VIANA, A.P.; PENA, G.F.; SILVA CABRAL, P.; VITTORAZZI, C.; CONCEIÇÃO SILVA, T.R. da. Ganho genético avaliado com índices de seleção e com REML/Blup em milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n. 11, p. 1464-1471, 2013. doi:10.1590/S0100-204X2013001100007.

MI, X.; WEGENAST, T.; UTZ, H.F.; DHILLON, B.S.; MELCHINGER, A.E. Best linear unbiased prediction and optimum allocation of test resources in maize breeding with doubled haploids. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 123, p.1-10, 2011. doi 10.1007/s00122-011-1561-4.

PATTERSON, H.D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p. 545-554, 1971.

PIEPHO, H.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A.E.; BÜCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v.161, p.209-228, 2008. doi: 10.1007/s10681-007-9449-8.

RESENDE, M. D. V. de. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, Brasília. 2002. 975 p.

RESENDE, M.D.V. de. **Software Selegem – REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 350p.

RESENDE, M.D.V. de; MENDES, S. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição não viciada (BLUP) em *Pinus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 32/33, p.23-42, 1996.

RODOVALHO, M.A.; SCAPIM, C.A.; PINTO, R.J.B.; BARRETO, R.R.; FERREIRA, F.R.A.; CLÓVIS, L.R. Comparação de testadores em famílias S_2 obtidas do híbrido simples de milho-pipoca IAC-112. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 2, p.145-154, 2012.

SCAPIM, C.A.; ROYER, M.R.; PINTO, R.J.B.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; PACHECO, C.A.P.; MORTERLE, M. Comparação de testadores na avaliação da capacidade de combinação de famílias S_2 de milho-pipoca. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.7, n.1, p.83-91, 2008.

STURION, J.A.; RESENDE, M.D.V. de. Avaliação genética de deviance em um teste desbalanceado de procedência e progênie de *Ilex paraguariensis*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v.30, n.62, p.157-160, 2010.

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

VIANA, J.M.S.; DELIMA, R.O.; FARIA, V.R.; MUNDIM, G.B.; RESENDE, M.D.V.; SILVA, F.F. Relevance of pedigree, historical data, dominance, and data unbalance for selection efficiency. **Agronomy Journal**, v.104, p.722-728, 2012.

VIANA, J.M.S.; SOBREIRA, F.M.; RESENDE, M.D.V.; FARIA, V.R. Multi-trait BLUP in half-sib selection of anual crops. **Plant Breeding**, v.129, p.599-604, 2010. doi:10.1111/j.1439-0523.2009.01745.x

Tabela 1. Resumo da análise de variância conjunta para os testadores T1, T2, T3, T4, T5, T6 e os 39 genótipos, para o caráter produtividade de grãos.

Fonte de Variação	Grau de Liberdade	Quadrado Médio
Blocos	1	3225289,85
Genótipos	38	5690508,72**
Testadores	5	2799384,60 ^{ns}
Genótipos/Testadores	228	2260512,35*
Genótipos/T1	38	2450170,91*
Genótipos/T2	38	3078079,23**
Genótipos/T3	38	1719613,44 ^{ns}
Genótipos/T4	38	2169504,98 ^{ns}
Genótipos/T5	38	2567415,87*
Genótipos/T6	38	1578289,65 ^{ns}
Resíduo	233	1692874,80
Coeficiente de Variação (%)		12,87

^{ns} não significativo, * e ** significativo a 5% de probabilidade e 1% de probabilidade, respectivamente.

Tabela 2. Dez melhores genótipos para os testadores T1, T2, T3, T4, T5 e T6 com relação na capacidade de combinação (CC), estimativas dos melhores valores preditos não-viesados (BLUPs) e respectiva produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$).

T1				T2			
Genótipo	CC	g	Prod.	Genótipo	CC	g	Prod.
10	2912.44	102,56	12.876	33	3387.73	289,38	13.287
4	1941.12	68,35	11.905	27	2222.59	189,86	12.122
12	1756.93	61,87	11.721	10	2015.72	172,18	11.915
26	1502.58	52,91	11.466	31	1467.8	125,38	11.367
28	1343.52	47,31	11.307	12	1444.84	123,42	11.344
32	1134.9	39,96	11.099	20	1399.37	119,54	11.299
18	1097.75	38,66	11.061	23	1180.71	100,86	11.08
36	1090.53	38,40	11.054	30	1007.34	86,05	10.907
13	918.49	32,34	10.882	9	986.57	84,27	10.886
7	665.79	23,44	10.629	29	760.56	64,97	10.66

T3				T4			
Genótipo	CC	g	Prod.	Genótipo	CC	g	Prod.
24	3285.35	1497,43	13.379	28	1515.24	1032,19	11.659
28	1261.05	574,78	11.355	8	1451.9	988,94	11.595
2	1137.18	518,32	11.231	13	1280.15	872,13	11.424
26	1080.69	492,57	11.175	36	1218.39	829,90	11.362
5	979.98	446,67	11.074	23	1190.37	810,83	11.334
29	943.81	430,18	11.038	29	1175.19	800,27	11.319
36	704.51	321,11	10.799	16	1154.22	786,31	11.298
20	681.32	310,54	10.775	27	1071.05	729,44	11.215
16	593.27	270,41	10.687	24	1070.44	729,10	11.214
8	535.2	243,94	10.629	14	988.06	672,91	11.132

T5				T6			
Genótipo	CC	g	Prod.	Genótipo	CC	g	Prod.
10	1729.24	733,14	11.844	16	1937.08	168,92	12.382
16	1528.61	648,08	11.643	23	1719.68	149,96	12.165
11	1159.23	491,48	11.274	28	1705.15	148,69	12.15
36	1113.43	472,06	11.228	8	1338.41	116,71	11.783
2	1018.48	431,80	11.133	27	974.57	84,98	11.42
6	958.86	406,53	11.074	24	922.86	80,47	11.368
13	946.04	401,09	11.061	29	908.33	79,21	11.353
9	932.86	395,50	11.048	18	669.2	58,36	11.114
27	928.77	393,77	11.044	32	565.54	49,32	11.011
12	892.33	378,32	11.007	31	432.93	37,75	10.878

g: é o valor do efeito genotípico predito.

Tabela 3. Capacidade de combinação (CC) dos 39 genótipos e dos testadores T1, T2, T3, T4, T5 e T6 para a característica produtividade de grãos ($\text{kg}\cdot\text{ha}^{-1}$).

Genótipo	CC	Genótipo	CC
1	-839,63	21	-1829,97
2	-53,02	22	-658,26
3	-692,85	23	408,08
4	322,82	24	1000,27
5	315,82	25	-838,75
6	-185,84	26	549,27
7	-403,79	27	886,37
8	602,68	28	1154,17
9	433,69	29	497,85
10	1236,67	30	-210,67
11	-209,14	31	-261,69
12	326,75	32	418,48
13	312,03	33	514,86
14	-194,88	34	-231,06
15	-950,27	35	-955,39
16	770,15	36	822,13
17	-680,68	37	-886,26
18	293,39	38	-220,76
19	-582,53	39	-396,04
20	415,98	-	-
Máximo		1236,68	
Mínimo		-1829,98	
Testador	CC		
T1	-146,47		
T2	-210,65		
T3	-16,04		
T4	33,46		
T5	4,71		
T6	334,99		
Máximo	334,99		
Mínimo	-210,65		

Tabela 4. Coincidência dos dez melhores e piores genótipos entre as estimativas de capacidade de combinação (CC) e os melhores valores preditos não viesados (BLUPs) acima da diagonal e Correlação de Pearson entre as estimativas de capacidade de combinação (CC) e os melhores valores preditos não-viesados (BLUPs) abaixo da diagonal para os testadores T1, T2, T3, T4, T5 e T6.

CC	BLUP					
	T1	T2	T3	T4	T5	T6
T1	-	2 (4)	3 (4)	3 (5)	4 (4)	3 (2)
T2	0,219	-	2 (4)	3 (3)	4 (4)	4 (4)
T3	0,375*	0,178	-	6 (3)	3 (3)	5 (4)
T4	0,504**	0,285	0,477**	-	4 (2)	7 (6)
T5	0,407**	0,290	0,099	0,218	-	2 (3)
T6	0,223	0,308	0,371*	0,582**	0,165	-

Valores fora dos parênteses referem-se ao índice de coincidência para os melhores híbridos; Valores dentro dos parênteses referem-se ao índice de coincidência para os piores híbridos; * e ** significativo a 5% e a 1% de probabilidade, respectivamente.