



**MURILO CÂNDIDO RUY**

**HÍBRIDOS CRÍPTICOS ORIUNDOS DE POPULAÇÕES  
SUBMETIDAS À SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA**

**LAVRAS – MG  
2018**

**MURILO CÂNDIDO RUY**

**HÍBRIDOS CRÍPTICOS ORIUNDOS DE POPULAÇÕES SUBMETIDAS À  
SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA**

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

Prof. Dr. João Cândido de Souza  
Orientador

Dr. Fernando Lisboa Guedes  
Coorientador

**LAVRAS – MG  
2018**

**Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca  
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).**

Ruy, Murilo Cândido.

Viabilidade de híbridos crípticos oriundos de populações  
submetidas a seleção recorrente recíproca / Murilo Cândido Ruy. -  
2018.

50 p. : il.

Orientador(a): João Cândido Souza.

Coorientador(a): Fernando Lisboa Guedes .

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de  
Lavras, 2018.

Bibliografia.

1. Híbridos crípticos. 2. Melhoramento de plantas. 3. Zeamays.  
I. Souza, João Cândido. II. , Fernando Lisboa Guedes. III. Título.

**MURILO CÂNDIDO RUY**

**HÍBRIDOS CRÍPTICOS ORIUNDOS DE POPULAÇÕES SUBMETIDAS À  
SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA**

**CRYPTIC HYBRIDS FROM POPULATIONS SUBMITTED TO RECIPROCAL  
RECURRENT SELECTION**

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

APROVADA em 09 de agosto de 2018.

Dr. Fernando Lisboa Guedes  
Prof. Dr. Adriano Teodoro Bruzi

EMBRAPA  
UFLA

Prof. Dr. João Cândido de Souza  
Orientador

Dr. Fernando Lisboa Guedes  
Coorientador

**LAVRAS - MG  
2018**

## AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, sem ele nada seria possível.

À Universidade Federal de Lavras, pela grande oportunidade concedida.

Aos meus pais, Alberto Luiz Ruy e Cleides Fernandes Cândido Ruy, e minha irmã Débora Cândido Ruy, pelo apoio e incentivo constante durante toda a caminhada.

A minha namorada Kelly, pelo apoio e paciência durante a reta final de minha pós-graduação.

Ao professor João Cândido, pelos ensinamentos transmitidos, pela confiança e pela paciência em todos os momentos da pós-graduação. É uma honra tê-lo como orientador.

Ao meu coorientador Fernando Guedes, pelos ensinamentos, conselhos, paciência e amizade desde a graduação. Muito obrigado.

Ao professor Adriano Teodoro Bruzi, pela disponibilidade e pelas valiosas sugestões apresentadas para a melhoria do presente trabalho.

Aos professores da área de genética e melhoramento de plantas César, Magno, Elaine, Flávia Avelar, Renzo, Adriano e Welison, pelos ensinamentos transmitidos durante o mestrado.

Aos meus amigos e amigas da equipe do milho, Vavá, Brenda, Paula Vieira, Paula Klotz, Élcio, Nayara, Hilda, Polly e Marco Tulio, pela amizade, colaboração nos trabalhos e agradável convivência.

A todos os amigos do GEN, pela amizade, convivência e momentos de estudo.

Aos funcionários do departamento de biologia, Erondina, Zélia, Du, Lilian, Lindolfo, Zé Carlinhos e Léo, pela amizade e serviços prestados.

A todos os amigos da Carandiru, pelos momentos de descontração e longos anos de amizade.

A todos que de maneira indireta contribuíram de alguma forma com este trabalho.

**MUITO OBRIGADO!**

## RESUMO

A utilização de híbridos foi, sem dúvida, um dos eventos mais importantes para o aumento na produtividade das culturas atuais. Para tanto, os melhoristas utilizam linhagens de boa complementaridade que, quando cruzadas, produzem indivíduos superiores. Vários métodos podem ser utilizados para a produção de linhagens: seleção massal, *bulk*, genealógico, híbridos crípticos, entre outros. O processo destes métodos consiste basicamente em sucessivas gerações de autofecundações até atingir-se o nível de homozigose desejado. Dos métodos citados o de híbridos crípticos possui grande potencial para a síntese de linhagens superiores. Este método trabalha com duas populações e visa a obtenção de linhagens complementares entre elas. No entanto, por ser pouco estudado, existem poucas informações disponíveis na literatura sobre este método. Com isso o objetivo deste trabalho foi avaliar a viabilidade deste método para a obtenção de linhagens com alta complementariedade. Para tanto foram obtidos e avaliados 141 híbridos crípticos  $S_0$ , a partir de populações oriundas de seleção recorrente recíproca. Os híbridos foram avaliados em dois locais, em experimentos com delineamento do tipo látice quadrado simples 12x12, com duas repetições, para a produção de espigas despalhadas, altura de planta e altura de espiga. Foram usados como testemunha dois híbridos simples, 30F53 VYHR e DKB390 PRO2, e um híbrido duplo, UFLA JM100. Os dados foram analisados via abordagem de modelos mistos e para a estimação dos componentes de variância utilizou-se o método de máxima verossimilhança restrita (REML). Dos híbridos avaliados, 36 se mostraram superiores aos híbridos comerciais usados como testemunhas, destes, sugere-se que dois sigam a diante no programa de híbridos crípticos, as progênies 76 e 75, por apresentarem o melhor desempenho de acordo com a análise conjunta.

**Palavras-chave:** *Zeamays*. Melhoramento de plantas. Obtenção de linhagens.

## ABSTRACT

The use of hybrids was undoubtedly one of the most important events to increase the productivity of current crops. To this end, breeders use good complementary lineages that when crossbred produce superior individuals. Several methods can be used to produce lines, mass selection, bulk, pedigree, cryptic hybrids, among others. Those methods basically consist in successive generations of self-fertilizations until the desired level of homozygous is reached. From the methods mentioned, the cryptic hybrid has great potential for the synthesis of superior lines. This method works with two populations and aims to obtain complementary lines between them. However, because it is little studied, there is little information available in the literature on this method. With this, the objective of this work was to evaluate the viability of this method to obtain high complementarity lineages. For this, 141 S0 cryptic hybrids were obtained and evaluated from populations of recurrent reciprocal selection. The hybrids were evaluated in two locations, in experiments with a simple 12x12 square lattice type design, with two replicates, to ear production, plant height and ear height. Two simple hybrids, 30F53 VYHR and DKB390 PRO2, and a double hybrid, UFLA JM100, were used as control. The data were analyzed through a mixed model approach and the maximum likelihood (REML) method was used to estimate the components of variance. Of the evaluated hybrids, 36 were superior to the commercial hybrids used as witnesses, of these, it is suggested that two follows in the program of cryptic hybrids, progenies 76 and 75, because they present the best performance according to the joint analysis.

**Key-words:** *Zeamays*. Plant breeding. Lines development.

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO .....</b>	<b>9</b>
<b>2 REFERENCIAL TEÓRICO .....</b>	<b>10</b>
<b>2.1 Progresso genético com a utilização de híbridos .....</b>	<b>10</b>
<b>2.2 Heterose .....</b>	<b>12</b>
<b>2.3 Híbridos de progênes parcialmente endogâmicas .....</b>	<b>13</b>
<b>2.4 Seleção Recorrente Recíproca .....</b>	<b>15</b>
<b>2.5 Híbrido Críptico .....</b>	<b>17</b>
<b>3 MATERIAIS E MÉTODOS .....</b>	<b>20</b>
<b>3.1 Tratamentos genético .....</b>	<b>20</b>
<b>3.2 Condução dos experimentos .....</b>	<b>20</b>
<b>3.3 Características avaliadas .....</b>	<b>21</b>
<b>3.4 Análises estatísticas .....</b>	<b>21</b>
<b>4 RESULTADOS .....</b>	<b>24</b>
<b>4.1 Análises individuais .....</b>	<b>24</b>
<b>4.2 Avaliação conjunta .....</b>	<b>26</b>
<b>5 DISCUSSÃO .....</b>	<b>31</b>
<b>6 CONCLUSÃO.....</b>	<b>34</b>
<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>35</b>
<b>APÊNDICE .....</b>	<b>39</b>



## 1 INTRODUÇÃO

De acordo com estimativas da Food and Agriculture Organization (FAO), a população mundial irá ultrapassar os nove bilhões de habitantes até 2050 e só irá se estabilizar em 2100, com aproximadamente 11,2 bilhões de habitantes, desse total 70% irão residir nas áreas urbanas. Sendo assim, a FAO estima que até 2050 a produção de alimentos deverá crescer 70% para suprir a população global, sendo que a produção de cereais terá que atingir três bilhões de toneladas por ano, e a produção de carne deverá aumentar em mais de 200 milhões de toneladas. Este aumento populacional criará um cenário desafiador para todos os setores envolvidos na produção de alimentos, principalmente para os programas de melhoramento, que terão que desenvolver cultivares cada vez mais produtivas.

Com origem no México, o milho (*Zeamays*) foi e ainda é de grande importância para a segurança alimentar da espécie humana. Devido ao seu alto teor energético, o milho é um dos principais componentes de rações para alimentação animal e matéria prima para diversos produtos para consumo humano. Cultivado em quase toda a superfície terrestre, o milho ocupa o posto de segundo cereal mais plantado no mundo, com uma produção estimada pelo Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA) de 1,042 bilhões de toneladas para a safra 2017/18. No Brasil, de acordo com a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB), a estimativa de produção deste cereal para a safra 2017/18 é de 87 milhões de toneladas, sendo o milho de segunda safra o que mais contribuiu para esta produção.

A alta produtividade agrícola alcançada na atualidade se deve, em grande parte, pela introdução dos híbridos – que vem, através do melhoramento, acumulando ganhos gradativos ao longo dos anos; assim, o uso de híbridos superiores é um ponto chave para suprir a demanda de alimento no futuro. Dentre os métodos existentes para a obtenção de linhagens podemos citar o método do híbrido críptico (HC), sugerido por Lonquist e Willians (1967) e Hallauer (1967). Este método apresenta, teoricamente, potencial para obtenção de híbridos superiores de forma mais rápida (LOPES, 2005) – no entanto, por ser um método trabalhoso e oneroso é pouco utilizado, faltando, assim, informações para que os melhoristas possam avaliar seu potencial. Por isso, torna-se relevante realizar mais trabalhos para disponibilizar mais informações sobre este método e, assim, possibilitar aos melhoristas avaliar sua eficiência. Portanto, o presente trabalho tem por finalidade avaliar a eficiência do método de híbrido críptico para a obtenção de linhagens superiores na cultura do milho.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 Progresso genético com a utilização de híbridos

No final do século XIX, Beal realizou um dos primeiros trabalhos com hibridação artificial e obteve híbridos com desempenho até 40% maior que seus genitores. Hallauer (1990) atribuiu o baixo desempenho obtido inicialmente à falta de complementariedade entre as populações. No início, a utilização do milho híbrido foi muito restrita, principalmente pelo baixo desempenho agrônomico das linhagens da época, como baixa germinação de sementes, raízes pouco vigorosas, podridão de espigas, acamamento e quebramento de plantas, entre outros. Estes fatores acabaram por ocasionar uma baixa produtividade de sementes pelas linhagens (BAKER, 1984), tornando a produção comercial de sementes inviável.

Um dos pontos de maior contribuição para o aumento da produtividade das lavouras de milho nos Estados Unidos, no Brasil e no mundo foi o desenvolvimento e a adoção dos híbridos. Juntamente com uma melhora no manejo da cultura, maior uso de fertilizantes e melhores práticas de controle de plantas invasoras – a produtividade média que era de aproximadamente 3  $\text{tha}^{-1}$  em 1930 passou para 8  $\text{tha}^{-1}$  no início do século XXI – um aumento de quase 260%. Desse valor, estima-se que 50% sejam devido à substituição das cultivares de polinização aberta pelas cultivares híbridos (DUVICK, 1994).

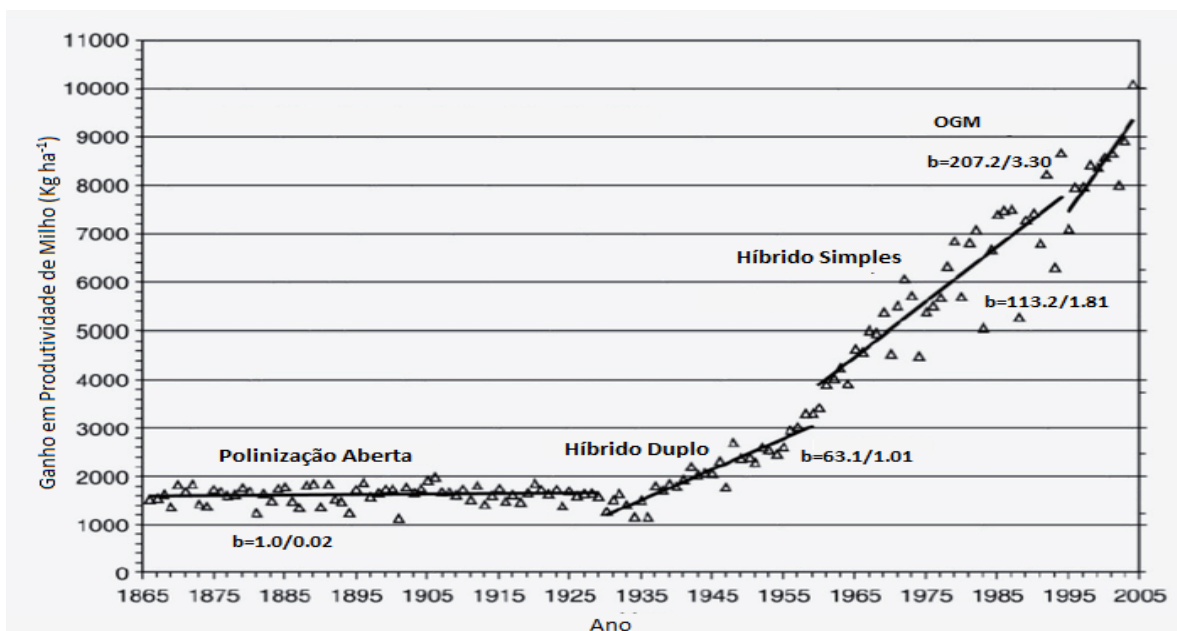
No início do século XX, a partir dos trabalhos de Shull, iniciou-se o desenvolvimento de híbridos a nível comercial – no entanto, devido à baixa produtividade de sementes e alto custo para manter as linhagens, as sementes ainda não possuíam um preço acessível. A solução para este problema foi sugerida por Jones, que propôs a utilização de híbridos duplos (HD). Uma vez que os genitores de um híbrido duplo são dois híbridos simples (HS), é possível a produção de sementes a um preço acessível (PATERNIANI & CAMPOS, 1999). Devido a sua superioridade agrônômica em relação às cultivares de polinização aberta, os híbridos duplos disseminaram-se rapidamente e em aproximadamente 20 anos, toda região do *Corn Belt* (EUA) era cultivada com híbridos duplos (HALLAUER, 1990).

No Brasil, em 1924, o americano Benjamin H. Hunnicutt, fundador e diretor da Escola Agrícola de Lavras, publicou o livro *O Milho: Sua Cultura e Aproveitamento no Brasil*. Uma obra de grande importância, pois foi o primeiro meio de informação em língua portuguesa, contribuindo para o início dos primeiros programas de melhoramento de milho no Brasil. Os primeiros trabalhos foram realizados pelo Instituto Agrônomico de Campinas (IAC) em 1932, e em 1939 foi lançado o primeiro híbrido duplo brasileiro. Após três anos de trabalho na Universidade Federal de Viçosa (UFV), Gladstone A. Drummond e Antônio Secundino São

José lançaram o primeiro híbrido comercial. A partir da continuidade deste trabalho foi criada a primeira empresa privada brasileira de produção de sementes, a Sementes Agrocere S/A (PATERNIANI & CAMPOS, 1999). Desde então, vários trabalhos têm sido realizados com o intuito de averiguar o ganho obtido devido ao uso do milho híbrido ao longo dos anos (OLIVEIRA, 2013; TROYER, 2006; STORCK, 2005).

Dados do USDA (2016) mostram que a produção americana na safra 2015/2016 foi de 348 milhões de toneladas, uma produtividade de 10.700 Kg $ha^{-1}$ . Analisando o aumento na produtividade e o período em que ela ocorreu, podemos fazer uma associação com o tipo de híbrido usado. De 1930 a 1960 houve um aumento de 63,1 Kg $ha^{-1}.ano^{-1}$ , associado a adoção de híbridos duplos, de 110,4 Kg $ha^{-1}.ano^{-1}$ , entre 1960 e 1999, relacionado aos híbridos simples, e de 207,2 Kg $ha^{-1}.ano^{-1}$ , entre 1995 a 2004, ocasionado pela adoção de organismos geneticamente modificados (OGMs) (Figura 1).

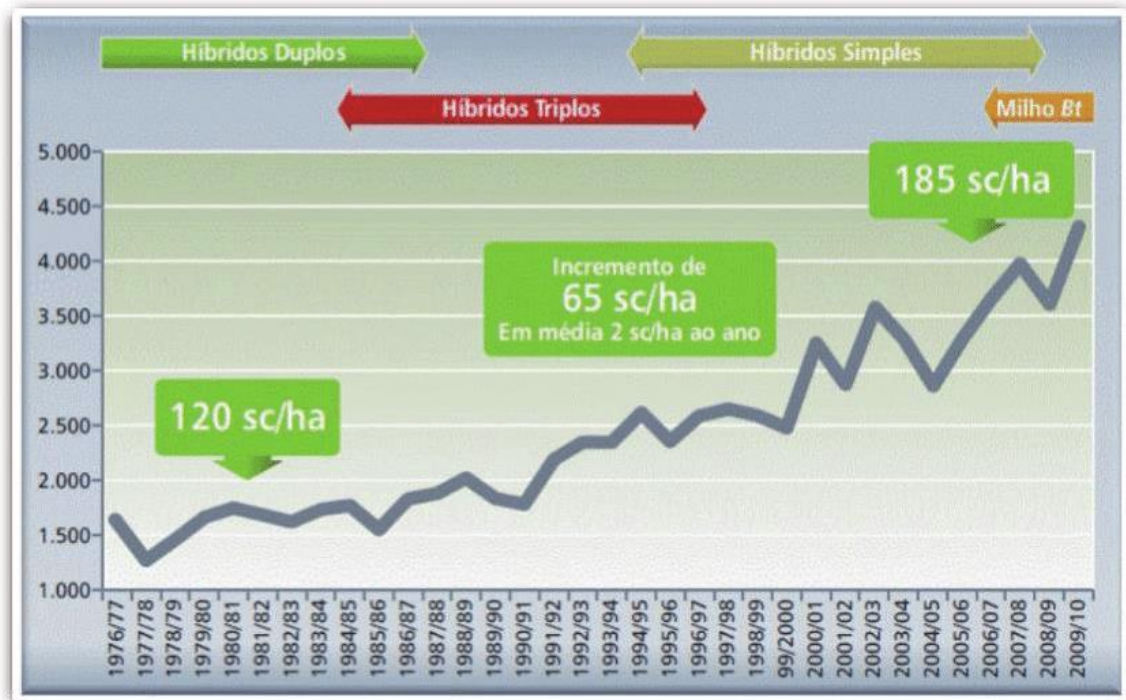
Figura 1 – Produtividade média de grãos de milho e tipos de híbridos norte-americanos, no período de 1865 a 2004.



Fonte: Adaptado de Troyer (2006).

Oliveira (2013) coletou dados de produtores brasileiros de médio e alto investimento (Figura 2). Observa-se que de 1976 para 2009 houve um acréscimo de 65 sacas  $ha^{-1}$ , aproximadamente dois sacos por hectare por ano.

Figura 2 – Produtividade média de grãos de milho e tipo de híbridos brasileiros, no período de 1976/1977 a 2009/2010.



Fonte: CONAB (2013).

Essa mudança ocorreu em grande parte pela substituição dos híbridos duplos por híbridos triplos (HT), em seguida dos HT por HS e híbridos transgênicos o início dos anos 2000.

## 2.2 Heterose

A heterose ou vigor híbrido, estabelecido por Shull no século XX, foi sem dúvida um dos maiores acontecimentos na história do melhoramento de plantas. Ela é obtida comparando o desempenho médio da  $F_1$  com a média dos pais, podendo apresentar valores negativos ou positivos dependendo do desempenho da  $F_1$ , sendo chamada de heterobeltiose quando a média da geração  $F_1$  supera a média do melhor genitor. A expressão da heterose é:

$$h = \bar{F}_1 - \frac{(\bar{P}_1 + \bar{P}_2)}{2},$$

Em que:

$h$  : heterose;

$\bar{F}_1$ : média do híbrido;

$\bar{P}_1$ : média do genitor 1;

$\bar{P}_2$ : média do genitor 2.

Segundo Lamkey e Edwards (1998), apesar da existência de híbridos que não apresentam heterose, esta não pode ocorrer sem a hibridação. As hipóteses sugerem que o desempenho superior do híbrido, comparado com a linhagem, está relacionado a ação conjunta de vários genes. Existem três hipóteses que são mais aceitas, a da dominância, da sobredominância e a da epistasia (BIRCHLER et al., 2003,2006; HOCHHOLDINGER e HOECKER, 2007). A hipótese da dominância atribui a heterose à combinação dos alelos dominantes de ambas as linhagens, sendo os alelos recessivos prejudiciais. De acordo com Shull (1908), a sobredominância ocorre devido a interação entre vários locos no híbrido, resultando em características superiores. Por último, a hipótese da epistasia atribui a heterose às interações epistáticas interalélicas de dois ou mais locos, envolvendo os efeitos epistáticos aditivo x aditivo, aditivo x dominante e dominante x dominante (POWERS, 1945; GOODNIGHT, 1998; BETRÁN et al., 2004).

### **2.3 Híbridos de progênes parcialmente endogâmicas**

A obtenção e avaliação de linhagens endogâmicas são partes onerosas e trabalhosas no processo de desenvolvimento de um híbrido (MIRANDA FILHO e VIÉGAS, 1987). Uma opção para acelerar e baratear o programa é a utilização de progênes parcialmente endogâmicas para a obtenção dos híbridos. Segundo Amorim e Souza (2005), híbridos de progênes parcialmente endogâmicas são oriundos de genitores cuja população passou por dois ou três processos de autofecundação sucessivas,  $S_2$  e  $S_3$  respectivamente. Por necessitarem de menor número de autofecundações, menor área para obtenção e multiplicação das linhagens (GOOD; HALLAUER, 1977), esses híbridos apresentam menor valor agregado e chegam mais rápido ao mercado.

Segundo Souza Junior (2001), esse método reduz os problemas ocasionados pela depressão por endogamia, como a baixa no vigor e produtividade das linhagens depois de várias gerações de autofecundação. Progênes  $S_3$  possuem 87,5% dos locos em homozigose e variabilidade genética relativamente baixa (SOUZA JUNIOR, 2001), podendo ser a produção de híbridos com esse tipo de linhagem viável comercialmente.

Em uma avaliação de 163 híbridos de populações  $S_0$ , oriundas de três híbridos simples comerciais, Amorim e Souza (2005) obtiveram produtividade de grãos superiores a  $13 \text{ t ha}^{-1}$ , foram identificados híbridos interpopulacionais com produtividade média superior às médias dos híbridos comerciais utilizados como testemunha. Ferreira et al. (2009) avaliaram 27 híbridos oriundos de progênes parcialmente endogâmicas ( $S_3$ ) quanto a produtividade de

grãos, dentre eles foram encontrados híbridos que produziram até 9000 t há<sup>-1</sup>, superando as testemunhas e mostrando o potencial das linhagens parcialmente endogâmicas.

Paterniani et al. (2013), avaliando 56 híbridos de progênes S<sub>0</sub>, obtidas por dialelo completo entre 16 populações F<sub>2</sub> parentais provenientes da autofecundação de híbridos comerciais, nos anos agrícolas de 2008/2009 e 2009/2010, evidenciaram a existência de 17 híbridos de progênes S<sub>0</sub> com desempenho produtivo equivalentes as testemunhas comerciais. Assim, os autores concluíram que híbridos de progênes S<sub>0</sub> podem oferecer aos agricultores rendimentos comparáveis aos híbridos comerciais de ampla aceitação. Doná (2010), trabalhando com oito populações S<sub>0</sub> obtidas de híbridos simples por meio de dialelo completo no Instituto Agrônômico de Campinas, obteve e avaliou o desempenho de 28 híbridos S<sub>0</sub>. Em seu trabalho, Doná (2010) destaca a existência de combinações híbridas com potencial para aumentar a produção de grãos, redução de porte e precocidade.

Carvalho et al. (2004) avaliaram 90 híbridos S<sub>2</sub> obtidos por dialelo circulante entre 20 famílias S<sub>2</sub> de três híbridos comerciais. Neste trabalho, foi possível identificar híbridos de progênes S<sub>2</sub> com desempenho produtivo semelhante e até superior aos híbridos comerciais usados como testemunhas. Em outro trabalho, Carvalho et al. (2003) avaliaram 135 híbridos obtidos a partir de linhagens S<sub>2</sub>, foram usadas como testemunhas híbridos simples comerciais, um híbrido duplo e cinco híbridos intervarietais. Observou-se que 81% dos híbridos S<sub>2</sub> foram superiores à média das testemunhas, e que 17% foram superiores a um dos híbridos simples usados como testemunha.

Cabrera (2001), trabalhando com oito linhagens da população BR 105 e dez da população BR 106, avaliou a viabilidade de se utilizar híbridos de progênes S<sub>3</sub> e a similaridade entre as progênes S<sub>3</sub> originais (LO) e as S<sub>3</sub>“mantidas” (LM), utilizando 75 plantas. Constatou-se que não houve diferenças significativas entre as progênes originais e as “mantidas” e que as pequenas diferenças observadas nas progênes *per se* não influenciaram no desempenho dos cruzamentos – ou seja, em cruzamento, a integridade genética das linhagens foi preservada. A manutenção da integridade genética das progênes é importante, pois uma vez selecionadas linhagens S<sub>3</sub> com alta capacidade de combinação é de interesse que tal capacidade geral de combinação não seja alterada durante a manutenção das linhagens. Cabrera conclui ainda que a produção de híbridos a partir de linhagens S<sub>3</sub> é viável comercialmente.

O método de manutenção proposto por Cabrera consiste em semear as progênes selecionadas em linhas, utilizando um número aproximado de 75 plantas para cada progênie, então antes do florescimento realiza-se uma seleção visual branda, retirando aquelas plantas

visualmente inferiores, mas mantendo o número de plantas acima de 50. Realiza-se, então, o cruzamento planta a planta entre as remanescentes de cada progênie selecionada. É possível agilizar o processo de manutenção substituindo o cruzamento planta a planta, que é feito manualmente, por campos isolados, no qual ocorrerá a polinização aberta das progênies. A diferença não significativa do desempenho do híbrido obtido através das LM em relação aos das LO é compreensível, uma vez que os alelos que se uniram para formar tal híbrido ainda estarão presentes nas LM, de forma que a média do desempenho dos híbridos das LM será semelhante à média do desempenho do híbrido das LO selecionado.

Raposo (2002) relata uma dificuldade por parte de agricultores de agricultura familiar para adquirirem sementes híbridas, em grande parte devido ao seu preço elevado. Os híbridos de progênies parcialmente endogâmicas possuem um menor custo de produção quando comparados aos híbridos oriundo de linhagens com alta endogamia e são mais uniformes quando comparados a variedades e híbridos intervartais (ELIEL et al., 2009), sendo uma boa opção para a agricultura familiar.

#### **2.4 Seleção Recorrente Recíproca**

Proposto por Comstock e Robinson (1949), a seleção recorrente recíproca (SRR) tem por fundamento o melhoramento de duas populações simultaneamente e a obtenção de híbridos entre essas populações. Neste método, os genótipos obtidos entre as duas populações são avaliados através de cruzamentos recíprocos, e os genótipos superiores são recombinados dentro de cada população, mantendo a variabilidade genética e a identidade das populações (SOUZA JÚNIOR, 2001). Assim, as progênies interpopulacionais são usadas para avaliação e as intrapopulacionais são recombinadas. Desta forma ocorre, teoricamente, o melhoramento das populações *per se* e da heterose, que se manifesta nos cruzamentos obtidos entre as duas populações, através da capacidade geral e específica de combinação (KEERATINIJAKALE LAMKEY, 1993).

Ganhos com a SRR vem sendo relatados para diferentes culturas, entre elas, cacau (POKOU et al., 2009), dendezeiro (BAKOUME et al., 2010) e café (MONTAGNON et al., 2008). Hallauer (1973), trabalhando com as populações “Iowa TwoEarSynthetic” e “Pioneer EarComposite”, fez os primeiros relatos de ganhos com a SRRIC (Seleção Recorrente Recíproca com Irmãos Completos), observando um incremento de 10,1% na produção, após um ciclo de seleção. Vilarinho et al. (2008) trabalharam com quatro famílias de meios irmãos, extraídas do programa de seleção recorrente recíproca da Universidade Federal de Viçosa,

observou melhoramento populacional e na capacidade específica de combinação após um ciclo de seleção.

Rademacher et al. (1999), trabalhando com duas populações, BS21 e BS22, relataram aumento significativo em rendimento de grãos, chegando a 4,4% por ciclo. Após averiguar dados de quatorze programas de SRR com mais de quatro ciclos de seleção, Coors (1999), observou um ganho médio em produtividade superior a  $116 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}\cdot\text{ano}^{-1}$ , representando um ganho de 4,6% por ciclo. Santos et al. (2005) obtiveram após três ciclos de SRR com as populações IG-1 e IG-2 ganho de 4,1%.

Este método tem trazido ganhos para a cultura do milho no melhoramento de características de baixa herdabilidade (SANTOS et al., 2007). Ganhos também têm sido observados no método modificado de SRR proposto por Paterniani (1967), na qual se usa progênies de meios irmãos maternos interpopulacionais e recombinação de progênies de meios irmãos. Lonquist e Williams (1967) e Hallauer e Eberhart (1970), propuseram a seleção recorrente recíproca com irmãos completos (SRRIC), e recombinação da  $S_1$ , melhorando assim as populações e os híbridos obtidos entre elas. O processo de SRRIC proposto por Hallauer e Eberhart (1970) necessita de plantas prolíferas, pois em uma espiga é realizado o cruzamento interpopulacional e na outra o cruzamento Intrapopulacional.

Os cruzamentos intrapopulacionais que serão usados para recombinação são escolhidos através da avaliação do desempenho dos cruzamentos interpopulacionais, os que obtiverem melhores resultados serão recombinados para se formar as populações que serão usadas no próximo ciclo. Como o processo de SRR é cíclico, obtenção, avaliação, seleção e recombinação das progênies, ele pode continuar por tempo indeterminado. Devido a importância da heterose no milho híbrido, métodos de melhoramento que utilizam cruzamento como forma de seleção podem ser vantajosos (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

Faria et al. (2008), no intuito de avaliar a eficiência da SRR na produção de híbridos de milho pipoca, obtiveram e avaliaram o desempenho quanto a capacidade de expansão e produtividade de 188 híbridos  $S_0 \times S_0$  e 136 híbridos  $S_1 \times S_1$ . Foi constatado que a produtividade dos híbridos de progênies  $S_1$  superaram duas das três testemunhas, no entanto o desempenho para a capacidade de expansão ficou muito menor quando comparado com as testemunhas. Por outro lado, os híbridos do ciclo seguinte (progênies  $S_1$ ) apresentaram desempenho equivalentes aos das testemunhas para as duas características avaliadas. O autor acrescenta que o ganho observado para capacidade de expansão foi substancial ( $4 \text{ mL}\cdot\text{g}^{-1}$ ), superando o ganho predito de  $2,8 \text{ mL}\cdot\text{g}^{-1}$ .



Reis et al. (2009), com o intuito de avaliar o progresso genético obtido após três ciclos de SRR ( $C_0$ ,  $C_1$ ,  $C_2$ ), avaliaram os híbridos interpopulacionais obtidos em cada ciclo – as duas populações iniciais ( $F_2$ ) foram obtidas de híbridos simples comerciais. O híbrido interpopulacional, em apenas três ciclos, apresentou desempenho equivalente ao melhor híbrido parental simples, as estimativas de progresso genético por ciclo foram de 7,9% para produtividade de espigas despalhadas e de 3,5% para prolificidade. Ao final do trabalho, ficou evidente a eficiência da SRR para elevar a performance do híbrido obtido entre as duas populações, bem como a possibilidade de se obter híbridos com desempenho satisfatório logo nos primeiros ciclos.

Alves (2014), com o intuito de avaliar a herdabilidade, variância genética, ganho com a seleção e produtividade, obteve e avaliou híbridos do quinto ciclo de SRR da Universidade Federal de Lavras. No experimento foram usados como testemunhas os híbridos simples comerciais P30F53 e GNZ9501. Observou-se que mais de 70% das progênes avaliadas foram superiores as testemunhas, mostrando assim o potencial deste método. Constatou-se, ainda, níveis de variabilidade suficientes para a continuidade do programa de SRR, a manutenção da variabilidade genética é uma das premissas do método de SRR, possibilitando que os melhoristas continuem trabalhando com as populações.

Evidencia-se a mesma magnitude de variância aditiva em métodos que utilizam meios irmãos e irmãos germanos como unidade de seleção e a  $S_1$  como unidade de recombinação. A resposta à seleção é maior quando se usa meios irmãos, enquanto o desvio fenotípico de médias de progênes de irmãos germanos é superior ao de meios irmãos. No entanto, a área a ser utilizada para avaliação de progênes de irmãos germanos é a metade da necessária para a avaliação de meios irmãos, possibilitando avaliar o dobro de progênes em uma mesma área e aumentar assim a intensidade de seleção. Desta forma, o método de seleção que utiliza irmão germanos pode ser vantajoso em relação ao que utiliza meios irmãos (Souza Júnior, 2001).

## **2.5 Híbrido Críptico**

O método do híbrido críptico foi proposto por Hallauer (1967) e Lonquist e Williams (1967), visando à obtenção simultânea de linhagens e híbridos simples. O método necessita de plantas prolíficas, uma vez que na primeira espiga se realiza o cruzamento e na segunda é realizada a autofecundação. O processo baseia-se na avaliação de progênes de irmãos germanos, em que as plantas usadas para cruzamento são também autofecundadas.

As progênies de irmãos germanos ( $S_0 \times S_0$ ) são avaliadas em ensaios com repetições para identificar os melhores cruzamentos. Na próxima etapa, as progênies autofecundadas ( $S_1$ ) correspondente aos melhores cruzamentos são plantadas aos pares para produzirem as novas gerações de famílias de irmãos germanos ( $S_1 \times S_1$ ), que são obtidos através do cruzamento par a par das plantas que compõem cada família  $S_1$ . As plantas cruzadas são então autofecundadas na segunda espiga para originar a geração  $S_2$ . O processo continua até que o nível desejado de endogamia seja atingido nas linhagens, possibilitando a produção de linhagens com alto nível de homozigose e de híbridos simples com desempenho superior. As linhagens obtidas ao final do processo de híbridos crípticos podem ser cruzadas com linhagens obtidas em outros programas de melhoramento, como em *topcross*, por exemplo (PATERNIANI, 2001).

Lopes et al. (2005) avaliaram o desempenho de 50 progênies em doze experimentos, ao longo de seis anos. Os materiais, que foram avaliados para produtividade, eram compostos por progênies  $S_1$ ,  $S_2$ ,  $S_3$  e  $S_4$ . Ao decorrer do seu trabalho, o autor observou que o desempenho de alguns híbridos de progênies  $S_1$  não diferiram estatisticamente daquele de híbridos comerciais. Mostrando, assim, que é possível, logo no primeiro ciclo, obter resultados positivos. Ao final dos ensaios não se constatou diferenças estatísticas entre os cinco melhores híbridos obtidos pelo método de híbridos crípticos e as melhores testemunhas comerciais, sendo as famílias de  $S_3$  as que possuíram maior número de híbridos de destaque, possivelmente por terem maior número de genótipos avaliados.

Hallauer (1973), após seis gerações utilizando o método de híbridos crípticos, com duas populações, “Iowa Two-earSynthetic” (BSTE) e “Pioneer Two-earComposite” (PHPRC), obteve apenas dois híbridos com desempenho superior as testemunhas, entre as 144 progênies  $S_0 \times S_0$  testadas. No entanto, com o avanço dos ciclos, quando se testou progênies  $S_5 \times S_5$ , verificou-se que todas as 14 progênies avaliadas eram superiores as testemunhas. Estes resultados corroboram com os resultados encontrados por Magnavaca (1973), que trabalhou com duas populações de milho, “Cateto Colômbia Composto” e “Dentado Composto”, observou-se híbridos  $S_1 \times S_1$  com desempenho superior a dois dos melhores híbridos comerciais daquela época.

Toppa (2011), em trabalhos realizados com duas populações de mamoneira (*Ricinus communis* L.), avaliou 24 híbridos  $S_4 \times S_4$ , sendo 12 deles obtidos pelo método de híbrido críptico e 12 pelo método genealógico. Os híbridos foram avaliados em dois locais por duas safras. Ao avaliar a produtividade de grãos constatou-se que os híbridos crípticos superaram os híbridos obtidos pelo método genealógico tanto nas safras quanto nos locais, chegando a atingir  $189 \text{ kg ha}^{-1}$  em uma das localidades. Toppa (2011) ainda observa que,

devido a diminuta perda de vigor da linhagem feminina nesta espécie, a produção de sementes em ciclos mais avançados não será um problema, garantindo, assim, a continuidade do processo.

Alves et al. (2012), trabalhando com duas populações oriundas do quarto ciclo do programa de SRR da Universidade Federal de Lavras, obtiveram e avaliaram híbridos crípticos de progênies  $S_1$ , usando como testemunhas híbridos comerciais. Constatou-se que o melhor HC foi 20,42% superior ao melhor híbrido comercial. Ainda, verificou-se que os híbridos de progênies  $S_1$  foram, em média, 26,13% mais produtivas que as testemunhas comerciais. Alves et al. sugerem ainda que a associação do método de HC com programas de SRR pode ser vantajoso para a obtenção de indivíduos superiores.

### 3 MATERIAIS E MÉTODOS

#### 3.1 Tratamentos genético

As populações escolhidas para dar início a este trabalho foram retiradas do quinto ciclo (C<sub>5</sub>) do programa de seleção recorrente recíproca (SRR) do Setor de Genética e Melhoramento de Plantas, da Universidade Federal de Lavras. Foram escolhidas as populações que originaram as três melhores progênes avaliadas no quinto ciclo da SRR.

Os cruzamentos foram realizados somente entre as populações que constituíam um par (A<sub>34</sub>XB<sub>23</sub>, A<sub>118</sub>XB<sub>226</sub>, A<sub>127</sub>XB<sub>103</sub>). Foram utilizados irmãos germanos interpopulacionais (S<sub>1</sub>XS<sub>1</sub>) para a avaliação e progênes S<sub>2</sub> para o avanço dos ciclos. As plantas de cada população tiveram suas primeiras espigas intercruzadas e as segundas autofecundadas. Com o intuito de obter o máximo de cruzamentos possíveis, não foram realizados cruzamentos recíprocos.

A identificação de cada cruzamento foi composta pelo código de identificação das progênes seguido do número de identificação da planta utilizada (A<sub>34-11</sub> x B<sub>23-20</sub>). Os cruzamentos foram obtidos na safra de 2016/2017. Apesar do grande número de cruzamentos obtidos, nem todos puderam seguir para a fase de avaliação, pois no esquema de HC necessita-se do cruzamento e das autofecundações de cada genitor que o originou. Desta forma, um total de 141 cruzamentos foram escolhidos para a fase de avaliação.

#### 3.2 Condução dos experimentos

Foram realizados dois experimentos, um na fazenda experimental da Universidade Federal de Lavras, Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária (fazenda Muquém) e na fazenda Queixada, cedida por um produtor da região. A fazenda experimental está situada no município de Lavras, nas coordenadas 21°12' latitude sul, 44°58' longitude oeste; a área cedida pelo produtor situa-se nas coordenadas 21°13' latitude sul, 45°03' longitude oeste, no município de Lavras.

Lavras está situada no sul de Minas Gerais, com altitude de 918m, clima Cwb (KOPPEN), tem precipitação anual média de 1530 mm e temperatura anual média de 19,14°C. Na fazenda Queixada a altitude é de 918m, clima Cwb (KOPPEN) com precipitação anual média de 1530 mm e temperatura anual média de 19,14°C.

Foram utilizados como testemunhas dois híbridos simples comerciais, P30F53 VYHR e DKB390 PRO2, e um híbrido duplo, UFLA JM100. Os 141 híbridos e as testemunhas foram

avaliados em um delineamento experimental do tipo látice simples 12 x 12. Na fazenda experimental o plantio foi realizado no dia 23 de novembro de 2017; na fazenda Queixada, o plantio foi realizado no dia 28 de novembro de 2017. As parcelas experimentais foram constituídas de duas linhas de três metros espaçadas de 0,6 m entre linhas e 0,25 m entre plantas. Na semeadura foram colocadas quatro sementes por metro linear, o equivalente a 66.666 plantas ha<sup>-1</sup>.

A adubação de plantio foi de 400 kg ha<sup>-1</sup> da formulação comercial 08-28-16 (NKP + Zn), a adubação de cobertura foi realizada 20 dias após a emergência, utilizando uma dosagem de 200 kg ha<sup>-1</sup> de sulfato de amônia, os demais tratos culturais foram os normalmente utilizados para a cultura do milho nesta região.

### 3.3 Características avaliadas

Nos dois locais, os seguintes caracteres foram avaliados:

- altura de Planta (AP). Foi considerado a altura de cinco plantas, medidas dão chão até a inserção do pendão;
- altura de espiga (AE). Considerou-se a altura de inserção de espiga de cinco plantas por parcela, medidas do chão até a inserção da espiga superior;
- peso de espigas despalhadas (PE), em Kg ha<sup>-1</sup>.

A produtividade de espigas despalhadas em kg ha<sup>-1</sup>, corrigida para 13% de umidade, foi obtida pelo seguinte estimador:

$$PC = PED \left( \frac{100-U}{87} \right),$$

Em que,

*PC*: peso de espiga despalhada corrigido para 13% de umidade;

*PED*: peso de espigas despalhadas;

*U*: teor de umidade das espigas despalhadas em cada parcela.

### 3.4 Análises estatísticas

Os dados de peso de espigas despalhadas, altura de planta e altura de espiga foram analisados via abordagem de modelos mistos, visando a identificação dos melhores genótipos. Para a estimação dos componentes de variância utilizou-se o método de máxima verossimilhança restrita (REML).

Para análises individuais, foi utilizado o segundo modelo misto:

$$y = X\beta + Z_1b + Z_2p + e$$

Onde:

$y$ : é o vetor de observações;

$\beta$ : é o vetor dos efeitos fixos;

$b, p, e$ : são vetores dos efeitos aleatórios dos blocos dentro de repetições, das progênies e dos resíduos, respectivamente.

$X, Z_1, Z_2$ : são matrizes de incidência relacionando as observações  $y$  aos efeitos das repetições,  $b$  e  $p$ , respectivamente.

Assumiu-se que os efeitos definidos como aleatório no modelo seguem distribuição normal com médias e variâncias definidas como:

$$\begin{bmatrix} b \\ p \\ e \end{bmatrix} \sim N \left( \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} I\sigma_b^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix} \right)$$

Onde:

$\sigma_b^2$ : é o componente de variância associado aos blocos dentro de repetições;

$\sigma_p^2$ : é o componente de variância associado às progênies;

$\sigma_e^2$ : é a variância residual.

Após as análises individuais, verificou-se se as variâncias residuais foram homogêneas, pelo teste de Hartley (1950):

$$H = \frac{\sigma_{emax}^2}{\sigma_{emin}^2}$$

Verificou-se que as variâncias residuais para peso de espiga despalhada foram heterogêneas e para altura de planta e altura de espiga foram homogêneas, portanto procedeu-se a análise conjunta, de acordo com o modelo misto:

$$y = X\beta + Z_1b + Z_2p + Z_3pl + e$$

Em que:

$\beta$ : é o vetor de efeitos fixos;

$\sigma_b^2$ : é o componente de variância associado aos blocos dentro de repetições;

$\sigma_p^2$ : é o componente de variância associado às progênies;

$pl$ : são os efeitos aleatórios da interação entre locais e progênes.

$Z_3$ : é a matrizes de incidência relacionando as observações  $y$  ao efeito  $gl$ .

A matriz  $Z_1$  possui o mesmo significado já mencionado no modelo anterior.

Assumiui-se que os efeitos definidos como aleatório no modelo seguem distribuição normal com médias e variâncias definidas como:

$$\begin{bmatrix} b \\ p \\ pxl \\ e \end{bmatrix} \sim N \left( \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} I\sigma_b^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_p^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{pl}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & R\sigma_e^2 \end{bmatrix} \right)$$

Onde:

$$R = \begin{pmatrix} \sigma_{e1}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{e2}^2 \end{pmatrix}$$

$\sigma_{e1}^2$ : é a variância do erro do ambiente 1;

$\sigma_{e2}^2$ : é a variância do erro do ambiente 2;

$\sigma_b^2$ : é o componente de variância associado às repetições dentro de local;

$\sigma_p^2$ : é o componente de variância associado às progênes;

$\sigma_{pl}^2$ : é o componente de variância associado a interação entre progênes e local;

$R\sigma_e^2$ : é a variância residual.

Após as análises, foi verificada a significância associada aos efeitos aleatórios, pelo teste de verossimilhança (LikelihoodRatioTest). Para verificar a qualidade experimental foram estimados coeficiente de variação experimental (CVe) e acurácia seletiva ( $rgg'$ ) pelos seguintes estimadores:

$$CVe = \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{y}} rgg' = \sqrt{1 - \left( \frac{PEV}{\sigma_p^2} \right)}$$

Em que:

$\sigma_e^2$ : é a variância do erro experimental;

$\bar{y}$ : é a média experimental;

$PEV$ : é a variância do erro de predição dos BLUP's;

$\sigma_p^2$ : é o componente de variância das progênes.

## 4 RESULTADOS

### 4.1 Análises individuais

Na Tabela 1A (Apêndice) estão representados os componentes de variância das características avaliadas para os dois ambientes. Podemos verificar que o ambiente dois apresentou maior precisão experimental, visto que a estimativa de acurácia foi de 85% e o coeficiente de variação (CV) apresentou valor inferior a 10%, indicando alta precisão experimental, Pimentel Gomez (2009). Os valores de acurácia e coeficiente de variação obtidos no segundo ambiente podem ser atribuídos, em parte, a maior homogeneidade dos fatores ambientais. No primeiro ambiente, para a característica espiga despilhada obteve-se um CV de 21%, considerado baixo de acordo com Scapim et al. (1995), e está próximo aqueles observados na literatura (FRISTCHE NETO et al.; RAMALHO, 2012; PALOMINO; FERREIRA, 2000). A acurácia atingida no primeiro ambiente foi de 66% e pode ser classificada como mediana (RESENDE E DUARTE, 2007).

A estimativa da variância genética para a característica peso de espiga (PE) mostrou-se significativa para os dois ambientes, e semelhantes a aquelas encontradas na literatura (RAPOSO; RAMALHO, 2004; ALVES, 2014). As herdabilidades ( $h^2$ ) observadas nos dois ambientes foram discrepantes, sendo de 44% e de 75% para o primeiro e segundo ambiente, respectivamente. Esta herdabilidade observada no ambiente um pode ser considerada mediana e está abaixo daquelas observadas na literatura (SANTOS et al., 2007; CUNHA et al., 2012; ALVES, 2014). Este resultado pode ser atribuído a um maior efeito ambiental, já que a herdabilidade representa a porção da variância fenotípica total, que é devido a variância genética. Valores mais elevados de herdabilidade proporcionam maior confiabilidade para usar o valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo (RAMALHO et al., 2012). A  $h^2$  observada no segundo ambiente (75%) pode ser considerada alta de acordo com a literatura (RAPOSO, 2004), e representa uma maior participação do genótipo no fenótipo observado, facilitando desta forma o trabalho de seleção do melhoristas.

Observa-se que a média de produtividade para o ambiente um foi muito superior quando comparada ao ambiente dois. Isso se deve, em grande parte, devido a ocorrência de estiagem severa no segundo ambiente. Nas Figuras 1A e 2A (Apêndice) são apresentadas as distribuições de frequências das 141 progênies e das três testemunhas, nos ambientes 1 e 2 respectivamente.

Na fazenda experimental da Universidade Federal de Lavras (ambiente 1) foram obtidas 116 progênies com produtividade superior à melhor testemunha, o híbrido comercial DKB390 PRO2. As três melhores progênies neste ambiente foram as progênies 36, 76 e 136,



que alcançaram uma produtividade de 14.36 t ha<sup>-1</sup>, 14.30 t ha<sup>-1</sup> e 14.07 t ha<sup>-1</sup>, respectivamente; elas foram aproximadamente 24% mais produtivas que a melhor testemunha. Vale ressaltar que as duas primeiras são oriundas do par de genitores A34xB23 – os mesmos que originaram o melhor híbrido produzido no programa de SRR, do qual o presente trabalho retirou os genitores utilizados neste trabalho. Apesar de não ser uma obrigatoriedade, esperava-se que as melhores progênies encontradas nesta avaliação fossem oriundas dos melhores genitores da SRR, já que estes apresentaram melhor complementariedade e possivelmente possuem uma maior frequência de alelos favoráveis fixados.

No ambiente um, dos 116 genótipos que se mostraram superiores a melhor testemunha, 38% são do par A34xB23, 19% do A118xB226 e 43% do A127xB103. No segundo ambiente foram observadas 24 progênies com produtividade superior ao híbrido de melhor desempenho, também representado pelo híbrido comercial DKB390PRO2, sendo que 41% foram originadas pelo par A34xB24, 21% pelo A118xB226 e 38% pelo A127xB103. Neste ambiente houve mudança no ranqueamento das progênies avaliadas, de forma que as três melhores foram as 38, 12 e 69, com uma produtividade de 9.9 t ha<sup>-1</sup>, 9.7 t ha<sup>-1</sup> e 9.5 t ha<sup>-1</sup>, respectivamente, elas foram aproximadamente 16% mais produtivas que a melhor testemunha. As progênies 38, 12 e 69 foram obtidas pelos pares A34xB23, B226xA118 e B103xA127, respectivamente.

O BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) representa o ganho esperado com a seleção e pode ser usado para ajudar na seleção das melhores progênies. Nas Figuras 3A e 4A (Apêndice) são apresentados os BLUP's para cada um dos ambientes, para a característica peso de espigas despalhadas. Para o ambiente um (Figura 3A), verifica-se que todas as progênies obtiveram valores superiores a zero, entretanto seus intervalos de confiança englobam o zero. Portanto, uma seleção realizada neste ambiente poderia não apresentar ganhos para a característica em questão, mesmo que esse ambiente apresente médias superiores. Para o ambiente dois (Figura 4A), observa-se a existência de intervalos de confiança que não englobam o zero. Desta forma, uma seleção baseada nos BLUP's deste ambiente é de maior confiança.

As variâncias genéticas para a característica altura de planta (AP) foram significativas nos dois ambientes de avaliação. A precisão experimental para essa característica pode ser considerada boa, já que os valores de acurácia e coeficiente de variação estão dentro dos encontrados por outros autores (CARVALHO, 2004; ELIEL, 2008). Pode ser de interesse para o melhorista a seleção de plantas de menor porte, o que, teoricamente, possibilitaria o adensamento das lavouras e conseqüentemente o aumento da produtividade por área. As

figuras 5A e 6A (Apêndice) mostram os BLUP's referentes à altura de planta para os dois ambientes de avaliação. Observando os BLUP's dos dois ambientes podemos inferir que existe potencial para a seleção com o intuito de redução da altura de plantas.

A variância genética para a característica altura de espiga (AE) foi significativa apenas no primeiro ambiente. A precisão experimental para esse caráter pode ser classificada como alta no primeiro ambiente, considerando os valores de acurácia e coeficiente de variação, observados na Tabela 1. A acurácia no segundo ambiente foi baixa indicando baixa variabilidade genética para este caráter. Plantas com inserções de espiga mais altas não são desejáveis na cultura do milho, pois podem ocasionar acamamento (LI et al., 2007; SIQUEIRA et al., 2009). Na Figura 7A (Apêndice) são apresentados os BLUP's para altura de espiga do ambiente um. Através dos BLUP's apresentados, observamos que é possível realizar seleção entre as progênies no intuito de diminuir a altura de inserção da espiga. Neste ambiente, as progênies 19 e 17 apresentaram a inserção de espiga mais baixa, 98 cm e 106 cm, respectivamente. Uma seleção semelhante também é possível no segundo ambiente (Figura 8A), de acordo com os BLUP's apresentados.

#### 4.2 Avaliação conjunta

Após as análises para cada ambiente, foi realizada a análise conjunta dos dados. As estimativas dos parâmetros genéticos mostraram que a acurácia ( $r_{gg}$ ) foi de alta magnitude para a caráter peso de espiga (RESENDE, 2007); média magnitude para altura de planta e altura de inserção da espiga, o CVe está dentro dos valores observados para acultura (Tabela 3). O teste de Hartley para a característica PE apontou a existência de heterogeneidade entre as variâncias residuais entre os dois locais que os genótipos foram avaliados. A variância genética entre progênies e de progênies por local mostraram-se significativas, exceto para a interação altura de inserção de espiga por local, indicando que a variância foi diferente de zero e a respostas dos genótipos nos dois ambientes avaliados não foram coincidentes para as características produtividade de espigas despalhadas e altura de planta. Na Tabela 3 são apresentadas as estimativas para os componentes de variâncias da análise conjunta para as características avaliadas.

Tabela 3 – Estimativa dos componentes de variância para a análise conjunta dos dados de peso de espiga (PE), altura de planta (AP) e altura de inserção espiga (AE).

Parâmetros	PE (t ha <sup>-1</sup> )	AP (cm)	AE (cm)
$\sigma_p^2$	1,61*	21,85*	15,16*
$\sigma_{pxl}^2$	0,61*	16,59*	6,59
$\sigma_e^2$	3,97	82,8	92,39
$r_{gg}$	0,81	0,63	0,58
$CV_e$	0,2	0,04	0,08
$h^2$	0,62	0,37	0,28
$PEV$	0,54	12,92	9,95
Média	9,77	203,2	117,1
Máxima	11,86	210,5	121,5
Mínima	5,79	195,5	105,3

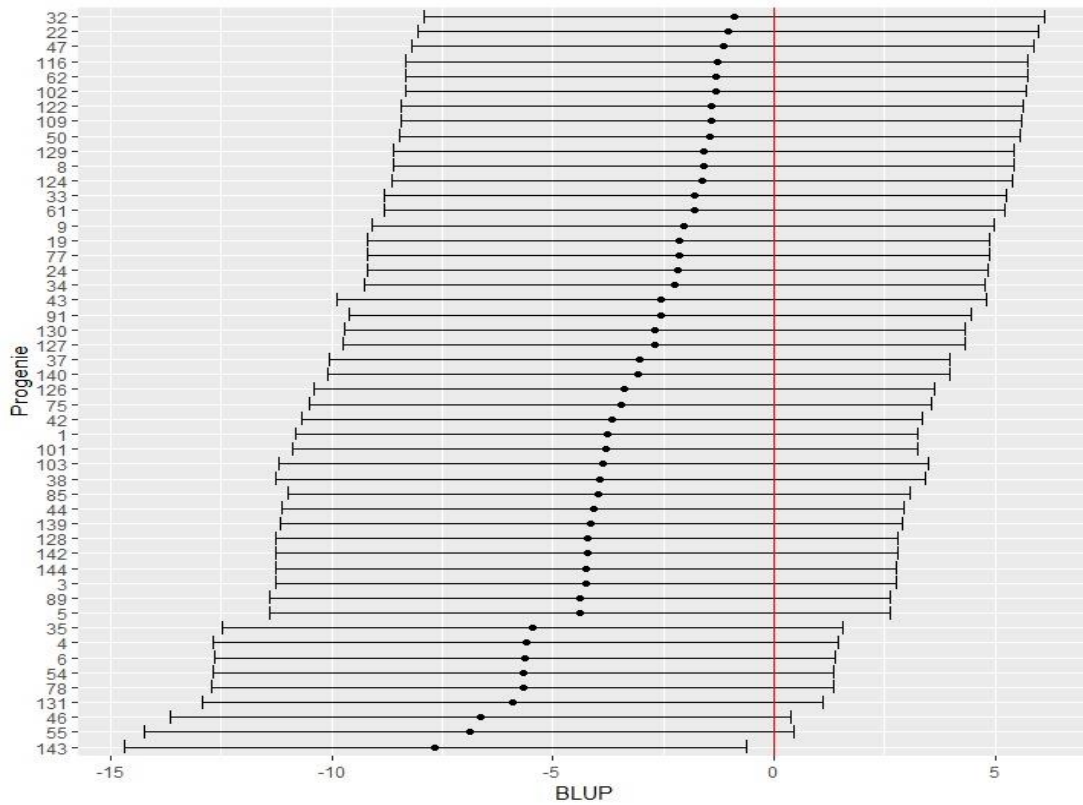
\* Significativo ao nível de 5% pelo teste LRT.

Fonte: Do autor (2018).

A média de altura de plantas e de inserção de espigas foi de 203,24 cm e 117,1 cm, respectivamente, e variou entre 187,53 cm e 219,35 cm para altura de plantas e 98,08 cm e 128,02 cm para altura de espiga. A seguir são apresentados os BLUP's para altura de planta e altura de inserção da espiga. Observa-se, na Figura 11A, que apenas uma progênie apresentou intervalo de confiança que não engloba o zero, no entanto todas apresentaram BLUP's menores que zero. Desta forma, seria possível uma seleção com o intuito de diminuir o porte das plantas, com base nesse critério. A progênie que obteve o menor valor para altura de planta foi a 143, apresentando uma altura de 195,5 cm.

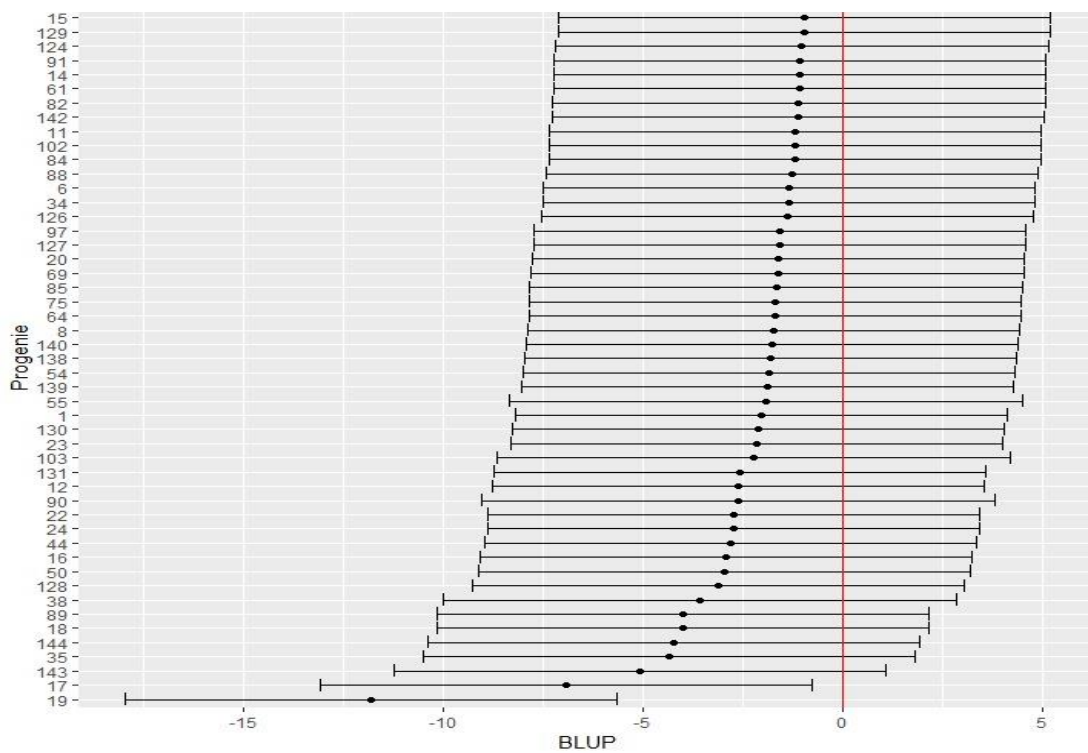
Foram identificadas duas progênies que obtiveram intervalo de confiança abaixo de zero (Figura 12A). Uma seleção feita para esta característica, com base neste critério, representaria uma intensidade de seleção de aproximadamente 4%.

Figura 11 – Médias ajustadas e intervalos de confiança das progêies para altura de plantas (AP) na análise conjunta.



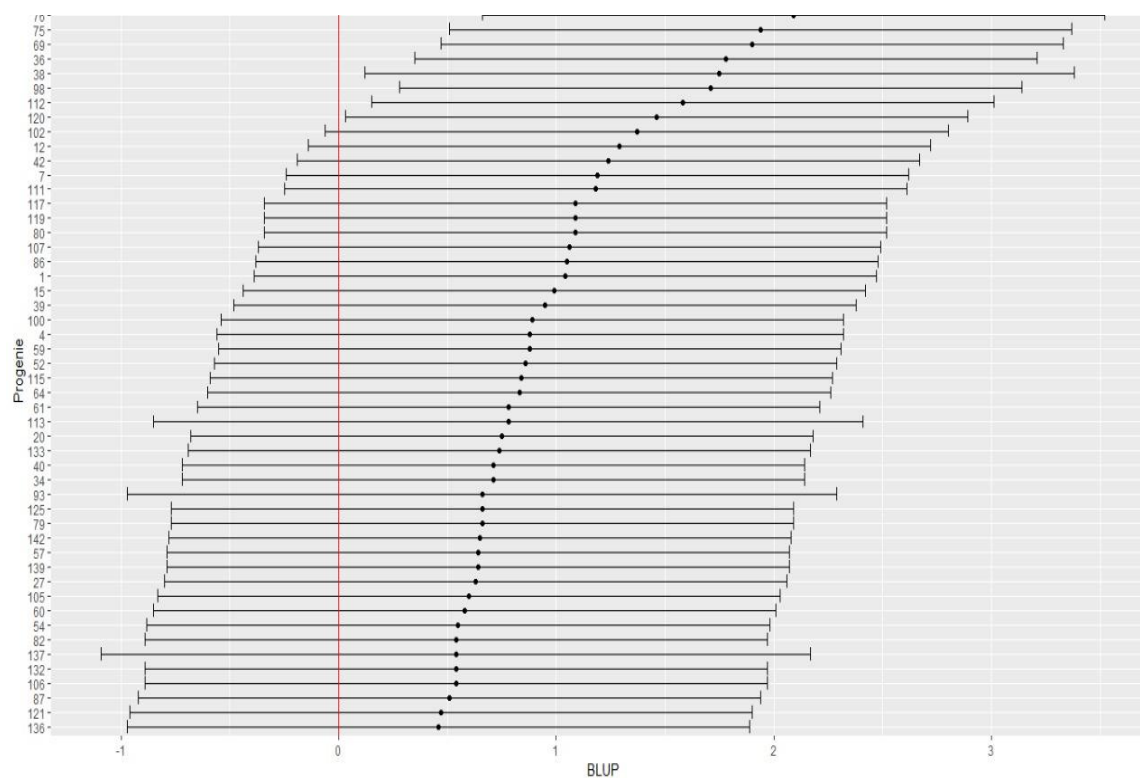
Fonte: Do autor (2018).

Figura 12 – Médias ajustadas e intervalos de confiança das progêies para altura de inserção de espiga (AE) na análise conjunta.



Fonte: Do autor (2018).

Figura 13 – Médias ajustadas e intervalos de confiança das progênes para peso de espiga despalhada (PE) na análise conjunta.

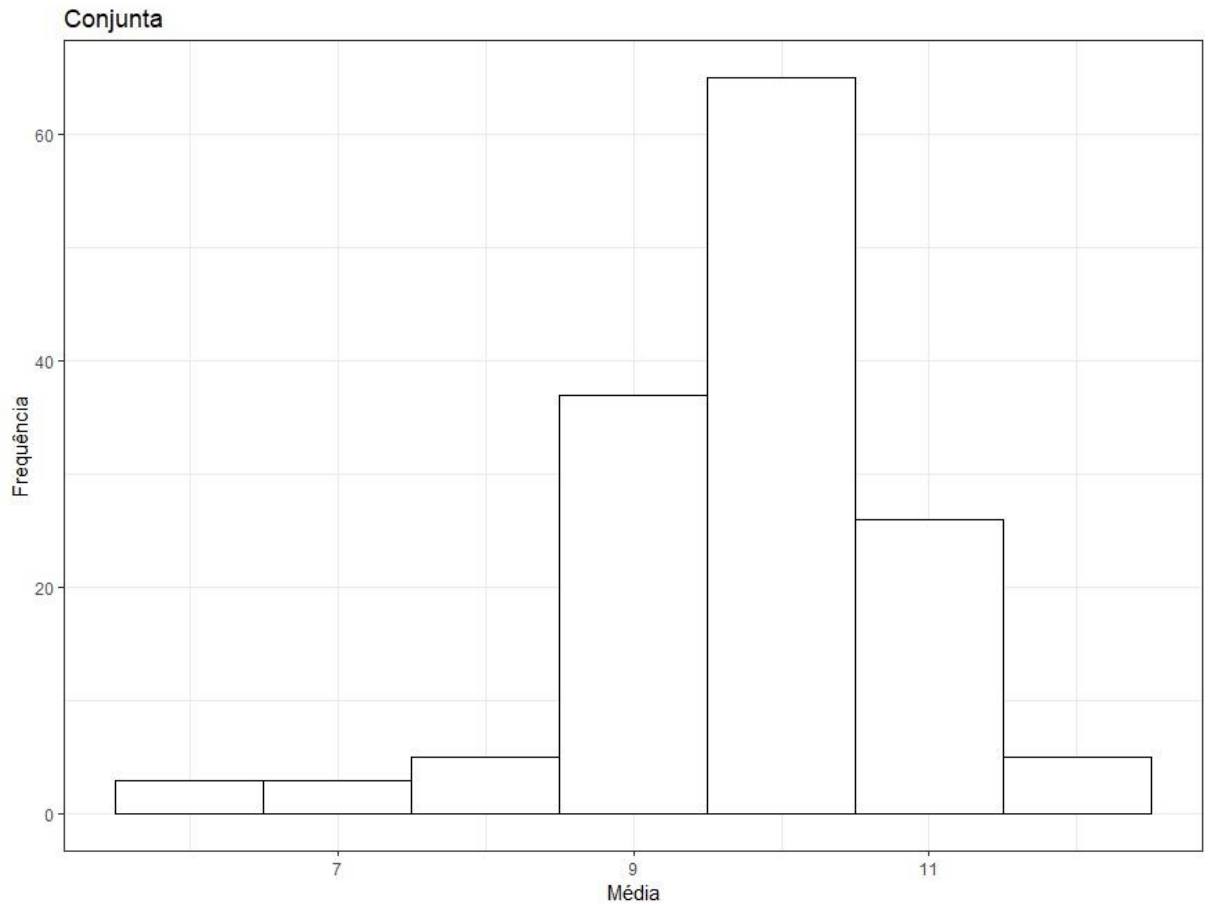


Fonte: Do autor (2018).

Acima (Figura 13A) são apresentados os BLUP's para produção de espigas despalhadas (PE) na análise conjunta. Observa-se que os BLUP's foram superiores a zero e que oito progênes apresentaram intervalos de confiança que não englobavam o zero. A  $h^2$  obtida pela análise conjunta para o caráter PE pode ser considerado alta (62%) e está próxima do valor encontrado por Alves (2014). Pela análise conjunta, verificou-se que as progênes com melhor desempenho foram as 76, 75 e 69, com produtividade média de,  $11,86 \text{ t ha}^{-1}$ ,  $11,71 \text{ t ha}^{-1}$  e  $11,67 \text{ t ha}^{-1}$ , respectivamente; suas produtividades foram superiores a melhor testemunha em aproximadamente 13%.

O ganho de produtividade esperado com a seleção das oito progênes é de  $1,77 \text{ t ha}^{-1}$ , obtido através da média dos seus respectivos BLUP's. Estas progênes foram em média 10,74% mais produtivas que a melhor testemunha, para os demais caracteres as progênes não diferiram muito das testemunhas. Na Figura 14 está representada a distribuição de frequência para as médias de produtividade.

Figura 1 – Distribuição de frequência das médias na análise conjunta para o caráter produtividade de espigas despalhadas.



Fonte: Do autor (2018).

## 5 DISCUSSÃO

De acordo com Resende e Duarte (2007), o reduzido número de repetições e a maior variação residual influenciam nos valores observados de acurácia e coeficiente de variação. Como nos dois experimentos, o número de repetições utilizadas foram os mesmos; pode-se atribuir parte da diferença observada no valor da acurácia e no coeficiente de variação à maior variação residual. Por sua vez, o maior valor de variância residual observado no primeiro ambiente pode estar relacionado principalmente com um fato ocorrido na fase em que foram feitos os sulcos na área experimental. Destes, dois receberam uma quantidade inferior de fertilizante, esse fato passou despercebido durante esta fase e só foi notado durante o desenvolvimento das plantas. Desta forma, as parcelas que eram compostas por uma destas linhas apresentaram um desempenho inferior às demais, contribuindo dessa forma para uma elevação na variação residual deste experimento.

Comparando os dois ambientes de avaliação podemos perceber uma diferença significativa nas médias de produtividade das progênes avaliadas, em grande parte devido à estiagem que atingiu o segundo ambiente de avaliação. No entanto, este fato, juntamente com o erro de adubação ocorrido no primeiro ambiente, mostra que as progênes avaliadas no presente trabalho são altamente responsivas às melhoras no ambiente.

Das 141 progênes avaliadas, 36 se mostraram superiores a melhor testemunha, para o caráter produtividade. Destas, 44% foram obtidas pelo par A34xB24, 39% pelo A127xB103 e 17% pelo A118xB226. A maior participação de progênes oriundas do par A34xB24 entre as que superaram as testemunhas era esperada, uma vez que estes dois genitores foram classificados como superiores no ciclo de seleção recorrente recíproca, do qual foram obtidos. Resultados semelhantes foram reportados por Lopes et al. (2005), que obteve e avaliou híbridos crípticos de famílias endogâmicas oriundas de SRR. A progênie de melhor desempenho, considerando a análise conjunta para o caráter produtividade de espiga, foi superior à melhor testemunha em aproximadamente 14%.

O uso de populações previamente melhoradas para o método de HC é recomendado, pois além da necessidade de plantas prolíficas a elevada quantidade de alelos favoráveis fixados nas populações previamente melhoradas contribuirá para maiores ganhos a longo prazo (LONQUIST & WILLIANS, 1967; TOPPA, 2011). Assim, o potencial da SRR para a extração de materiais, para uso no método de HC pode ser considerado alto, pois ao longo dos ciclos de SRR ocorre a fixação de alelos favoráveis e a manutenção da variabilidade genética (BERNARD, 2010). Desta forma, a SRR proporciona uma capitalização da heterose

com o avanço dos ciclos, e através da metodologia de HC esta capitalização poderá ser amplificada.

Para a obtenção das progênes avaliadas neste trabalho foram realizados mais cruzamentos do que os aqui avaliados, bem como autofecundações que serão utilizadas para a continuação do programa. Desta forma, para se conseguir uma boa representatividade de um par de genitores é necessário um grande número de cruzamentos. Portanto, mesmo identificando várias progênes de alto potencial, nem todas poderão ser selecionadas para seguir adiante no programa de HC.

O ranqueamento obtido na análise conjunta leva em consideração a média dos dois ambientes e a interação entre progênie e ambiente, possibilitando uma seleção mais confiável. Como dito anteriormente, nem todas as progênes com desempenho superior podem ser selecionadas, desta forma a seleção das duas melhores progênes (76 e 75) seria o ideal, pois ao se trabalhar com uma menor quantidade de genitores, seria possível, teoricamente, realizar um maior número de cruzamentos, e assim explorar de forma mais eficiente o potencial desses genitores.

No método de híbrido críptico é recomendado o uso de genitores prolíficos, pois são necessárias, em cada planta, uma espiga para realizar-se o cruzamento e outra para a autofecundação. Dessa forma, a utilização de genitores que já fazem parte de um programa de melhoramento, como a SRR por exemplo, é uma boa opção. No entanto, em casos nos quais não existem programas de melhoramento em andamento, outra prática pode ser adotada. Amorim e Souza (2005) mostraram o potencial de progênes semiendogâmicas para a extração de híbridos, obtendo híbridos de progênes  $S_0$  com desempenho semelhante aos híbridos comerciais usados como testemunha.

Assim, uma proposta interessante para a iniciação de um programa de melhoramento seria a de obter-se inicialmente híbridos superiores de progênes parcialmente endogâmicas ( $S_2$  ou  $S_3$ ), disponibilizando sementes de bom desempenho de forma rápida e acessível para os produtores. O sucesso de tais híbridos está ligado à complementariedade dos genitores utilizados. Para tanto, um dialelo deverá ser realizado para encontrar progênes com maior complementariedade; indica-se o uso de híbridos comerciais para compor o dialelo, pois esses apresentam uma maior quantidade de alelos de interesses, fixados ao longo dos programas de melhoramento. Paralelamente ao programa de progênes parcialmente endogâmicas, iniciar-se-ia um programa de híbridos crípticos com os genitores dos dois melhores híbridos obtidos com as progênes semiendogâmicas. Desta forma seria possível disponibilizar sementes de boa qualidade para produtores de diferentes níveis de investimento tecnológico.



Primeiramente, os híbridos de progênes parcialmente endogâmicas seriam disponibilizados em curto prazo para produtores de baixo nível tecnológico. Posteriormente, com o avanço do programa de híbridos crípticos, seriam obtidos híbridos de maior desempenho para abastecer o mercado de produtores de maior nível tecnológico.

## **6 CONCLUSÃO**

Das 141 progênies avaliadas no presente trabalho, 116 foram superiores as testemunhas no primeiro ambiente, 24 no segundo ambiente e 36 considerando a análise conjunta – mostrando, assim, o potencial do método de HC.

## REFERÊNCIAS

- ALVES, N. B. **Avaliação de progênies do quinto ciclo de seleção recorrente recíproca em milho**. 57 p. Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Lavras, 2014.
- AMORIM, E.P.; SOUZA, J.C. Híbridos de milho inter e intrapopulacionais obtidos a partir de populações S0 de híbridos simples comerciais. **Bragantia**, Campinas, v.64, n. 3, p.561-567, 2005.
- BAKOUME, C., GALDIMA, M., TENGOUA, F.F. (2010). Experimental modification of reciprocal recurrent selection in oil palm in Cameroon. **Euphytica** 171:235–240.
- BETRÁN, F.J.; MENZ, M.; BÄNZIGER, M. Corn Breeding. In: SMITH, C.W. (Ed.). **Corn: origin, history, technology and production**. New Jersey: **John Wiley & Sons, Inc.**, 2004. P. 305-399.
- 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.
- CABRERA, A. C. **Uso de linhagens parcialmente endogâmicas S3 para a produção de híbridos simples de milho**. 2001. 134f. Tese (Doutorado). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- CARVALHO, A. D. F. Capacidade de combinação de linhagens parcialmente endogâmicas obtidas de híbridos comerciais de milho. 2004. 66f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Lavras, Lavras.
- CARVALHO, A. D. F.; SOUZA, J. C.; RIBEIRO, P. H. Desempenho de híbridos de linhagens parcialmente endogâmicas de milho em regiões dos Estados de Roraima e Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.27, n.8, p.985-990, 2003.
- COORS, J. G. Selection methodologies and heterosis. In: COORS, J. G.; PANDEY, S. (Ed.). **Genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison: American Society of Agronomy, 1999. p. 524.

DONÁ, S. **Desempenho e heterose de híbridos de populações F2 de milho**. 2010. 78 f. Dissertação (Mestrado em Genética, Melhoramento Vegetal e Biotecnologia) Instituto Agronômico de Campinas, Campinas.

FARIA, V. R.; VIANA, J. M. S.; SOBREIRA, F. M.; SILVA, A. C. Seleção recorrente recíproca na obtenção de híbridos interpopulacionais de milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, n. 12, p. 1749-1755, 2008.

FERREIRA, E. A.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; DUARTE, A. P.; GALLO, P. B.; SAWAZAKI, E.; AZEVEDO FILHO, J. A. de; GUIMARÃES, P. de S. Desempenho de híbridos top crosses de linhagens S<sub>3</sub> de milho em três locais do Estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, SP, v. 68, n. 2, p. 319-327, 2009.

FERREIRA, W. D. et al. Family number in common bean selection. **Genetics and Molecular Biology**, v. 23, n. 2, p. 403–409, jun 2000.

FRITSCH NETO, R.; VIEIRA, R. A.; SCAPIM, C. A.; MIRANDA, G. V.; REZENDE, L.M. Actualización de la clasificación de los coeficientes de variación de los experimentos de maíz. **Acta Scientiarum. Agronomia**, 34: 99-101. 2012.

GOOD, R. L.; HALLAUER, A. R. Inbreeding depression in maize by selfing and full sibbing. **Crop Science**, Madison, v.17, n.6, p.935-940, 1977.

GOODNIGHT, C. G., Epistasis and the effect of founders events on the additive genetic variance. **Evolution**, Lawrence, 42, n. 2, p. 441-454, Mar./Abr. 1998.

HALLAUER, A. R.; EBERHART, S. A. Reciprocal full-sib selection. **Crop Science**, Madison, v. 10, n. 3, p. 315-316, May/June 1970.

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

LAMKEY, K.R.; EDWARDS, J.W. Heterosis: theory and estimation. In:PROCEEDINGS34TH ILLINOIS CORN BREEDER'S SCHOOL CONFERENCE, 1998, Urbana. Anais...Urbana: Universityof ILLINOIS, 1998, p. 62-77.

LONNQUIST, J. H.; WILLIAMS, N. E. Developmentofmaizehybridsthroughamong full-sibfamilies. **Crop Science**, Madison, n. 7, p. 369-370, 1967.

LOPES, M.T.G., VIANA, J.M.S., LOPES, R... CAPACIDADE PRODUTIVA DE HÍBRIDOS DE FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS DE MILHO (*Zeamays L.*) OBTIDOS PELO MÉTODO DOS HÍBRIDOS CRÍPTICOS. **Revista Ceres**, 52 (303):613-632, 2005. UFV.

MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. Milho híbrido. In: PARTENIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Eds.). **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v. 1, p. 275-340.

MONTAGNON, C., LEROY, T., CILAS, C., LEGNATE, H., CHARRIER, A. (2008) Heterozygous genotypes are efficient testers for assessing between-population combining ability in the reciprocal recurrent selection of *Coffea canephora*. **Euphytica**, 160:101–110.

PALOMINO, E.; RAMALHO, M.; FERREIRA, D. F. Tamanho de amostra para avaliação de famílias de meios-irmãos de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n. 7, p. 1433–1439, 2000.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; BERNINI, C. S.; GUIMARÃES, P. S.; DONÁ, S.; GALLO, P. B.; DUARTE, A. P. (2013). Potencial produtivo e heterose de híbridos de populações F2 de milho no Estado de São Paulo. **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, 27 (1/3), 29-46.

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

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística Experimental**. 15. Ed. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451 p.

POKOU, N.D., N'GORAN, J.A.K., LACHENAUD, P., ESKES, A., MONTAMAYOR, J.C., SCHNELL, R., KOLESNIKOVA-ALLEN, M., CLEMENT, D., SANGARE, A. (2009) Recurrent selection of cocoa populations in Cote d'Ivoire: comparative genetic diversity between the first and second cycles. **Plant Breed**, 128:514–520.

POWERS, L. An expansion of Jone's theory for the explanation of heterosis. **Am. Nat.**, v. 78, p. 275-280, 1945.

RADEMACHER, M.A.M.; HALLAUER, A.R.; RUSSELL, W.A. Comparative response of two reciprocal recurrent selection methods in BS21 and BS22 maize populations. **Crop Science**, v.39, p.89-97, 1999.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.

RAPOSO, F. V. **Seleção recorrente recíproca em populações derivadas de híbridos simples de milho**. 2002. 106f. Tese(Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras – UFLA, Lavras.

REIS, M. C. **Viabilidade da seleção recorrente recíproca em populações derivadas de híbrido simples de milho**. 2009. 81 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) -Universidade Federal de Lavras, Lavras.

RESENDE, M.D.V. de; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.37, p.182-194, 2007.

SANTOS, M. F. et al. Responses to reciprocal recurrent selection and changes in genetic variability in IG-1 and IG-2 maize population. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 28, n. 4, p. 781-788, Oct./Nov. 2005.

SHULL, G.H. The composition of maize. **Report “American Breeders Association”**, Washington, v.4, 1908, p. 296-301.

SOUZA JÚNIOR, C.L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS et al. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p.159-200.

SOUZA, R. S. et al. Desempenho produtivo de genótipos de milho sob déficit hídrico. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 14, n. 1, p. 49- 60, 2015.

TOPPA, E.V.B., SILVA, C.J., ZOZ, T., SILVA, T.M.N.. ANÁLISE COMPARATIVA DOS MÉTODOS DE OBTENÇÃO DE LINHAGENS “STANDARD” E HÍBRIDOS CRÍPTICOS. **Revista Verde** (Mossoró –RN –Brasil) v.7, n.1, p. 28 - 31 janeiro marco de 2012.

VILARINHO, A.A.; VIANA, J.M.S. e VILARINHO, L.B.O. (2008) - Potencial para melhoramento de populações de milho normal e braquíptico obtidas por seleção recorrente recíproca. **Revista Ceres**, vol. 55, n. 3, p. 147-152.

## APÊNDICE

Tabela 1A – Estimativa dos componentes de variância, para as variáveis: peso de espiga despalhada, altura de planta, altura de espiga, plantas acamadas ou quebradas.

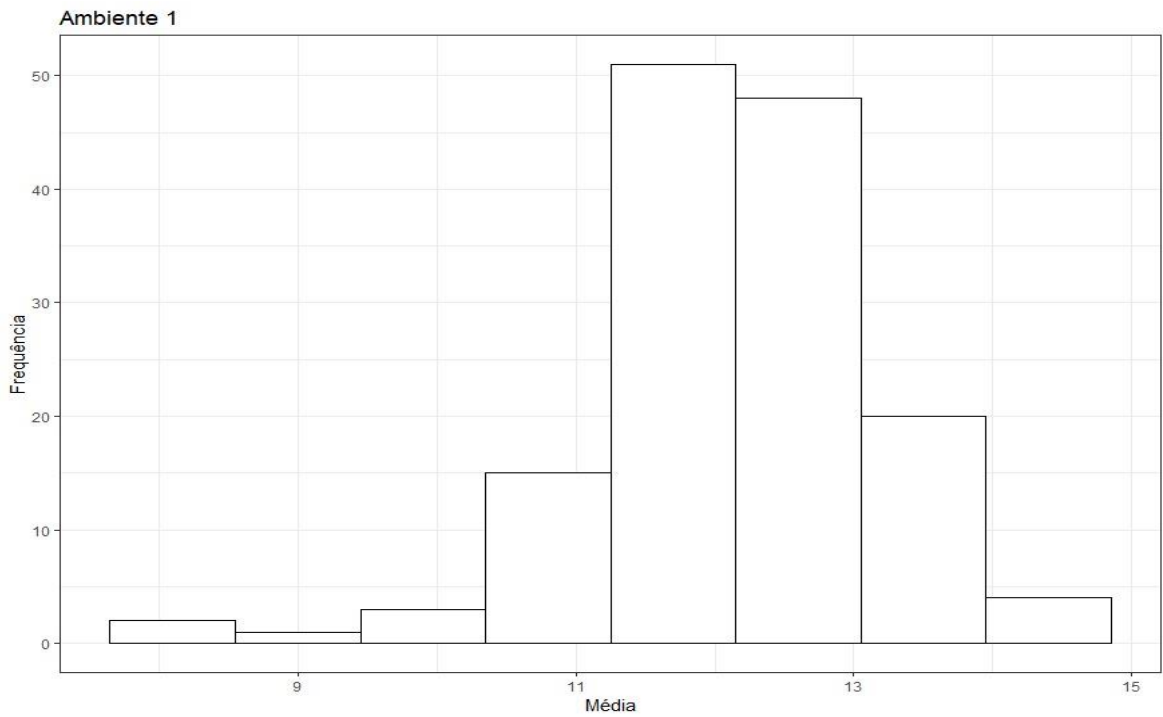
Parâmetros	PE <sup>1</sup> (t ha <sup>-1</sup> )		AP <sup>2</sup> (cm)		AE <sup>3</sup> (cm)	
	amb1	amb2	amb1	amb2	amb1	amb2
$\sigma_p^2$	2.58*	1.89*	46,0*	26.52*	37,0*	4,63
$\sigma_e^2$	6,61	1,27	89,0	79,31	118,77	65,9
$h^2$	0,44	0,75	0,508	0,40	0,39	0,12
$r_{gg}$	0,66	0,85	0,660	0,61	0,6	0,34
$CVe$	0,21	0,09	0,045	0,04	0,09	0,067
$PEV$	1,46	0,52	23,0	17,52	23,64	4,11
Média	12,16	7,37	207,0	199,0	121,0	112,0
Máxima	14,36	9,90	237,0	229,0	155,0	141,0
Mínima	7,89	3,42	166,0	164,0	98,0	83,0

Legenda: <sup>1</sup>Peso de espiga corrigido (t há<sup>-1</sup>); <sup>2</sup>Altura de plantas (cm); <sup>3</sup>Altura de inserção de espiga (cm).

\* Significativo a 5% pelo teste RLT.

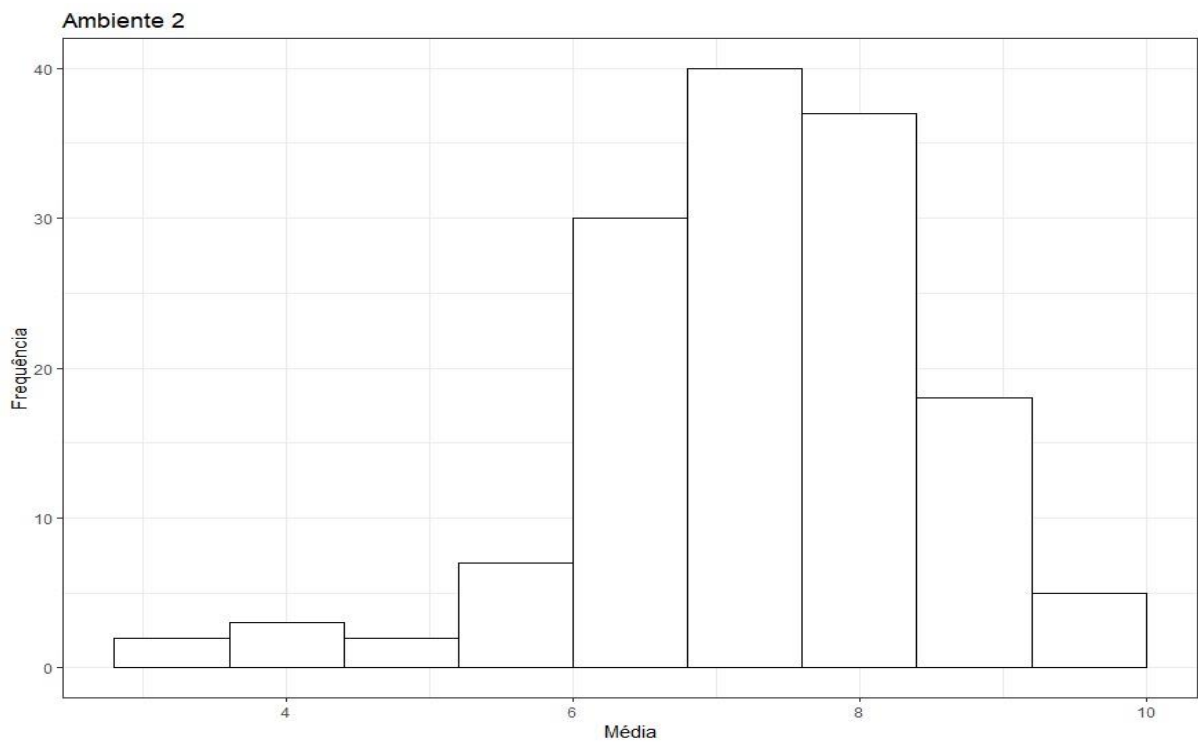
Fonte: Do autor (2018).

Figura 1A – Distribuição de frequência das médias de produtividade para o ambiente 1.



Fonte: Do autor (2018).

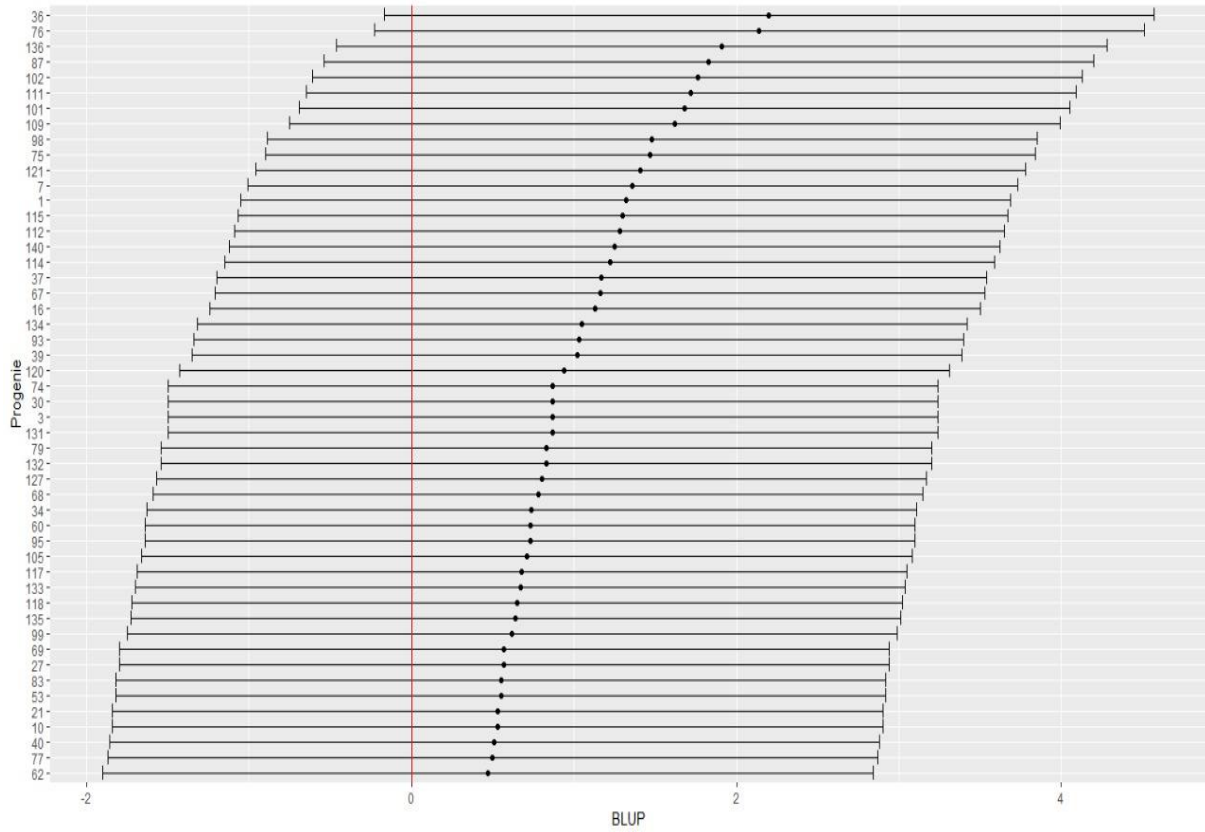
Figura 2A – Distribuição de frequência das médias de produtividade para o ambiente 2.



Fonte: Do autor (2018).

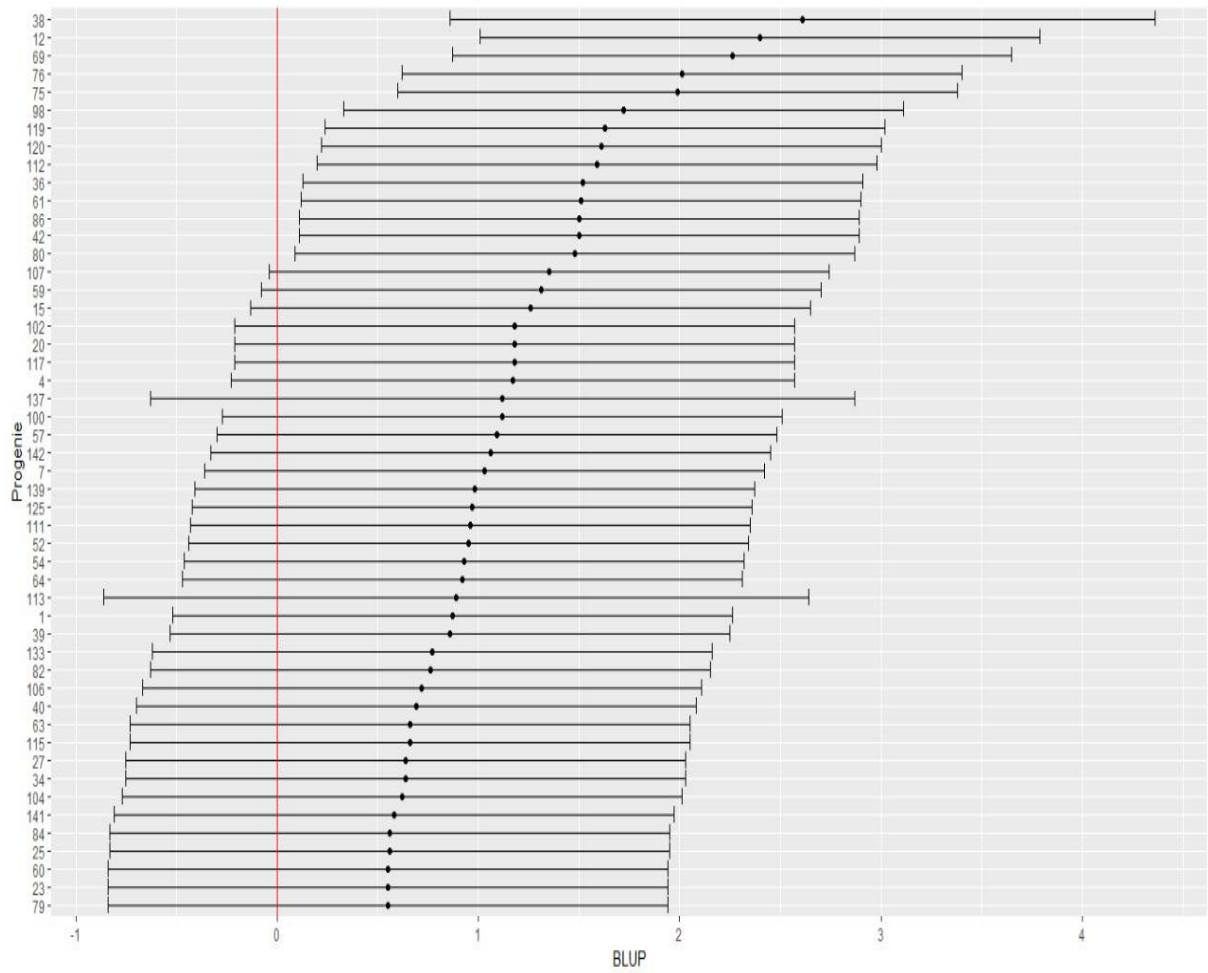


Figura 3A – Médias ajustada se intervalos de confiança (95%) para peso de espiga despilhada no ambiente 1.



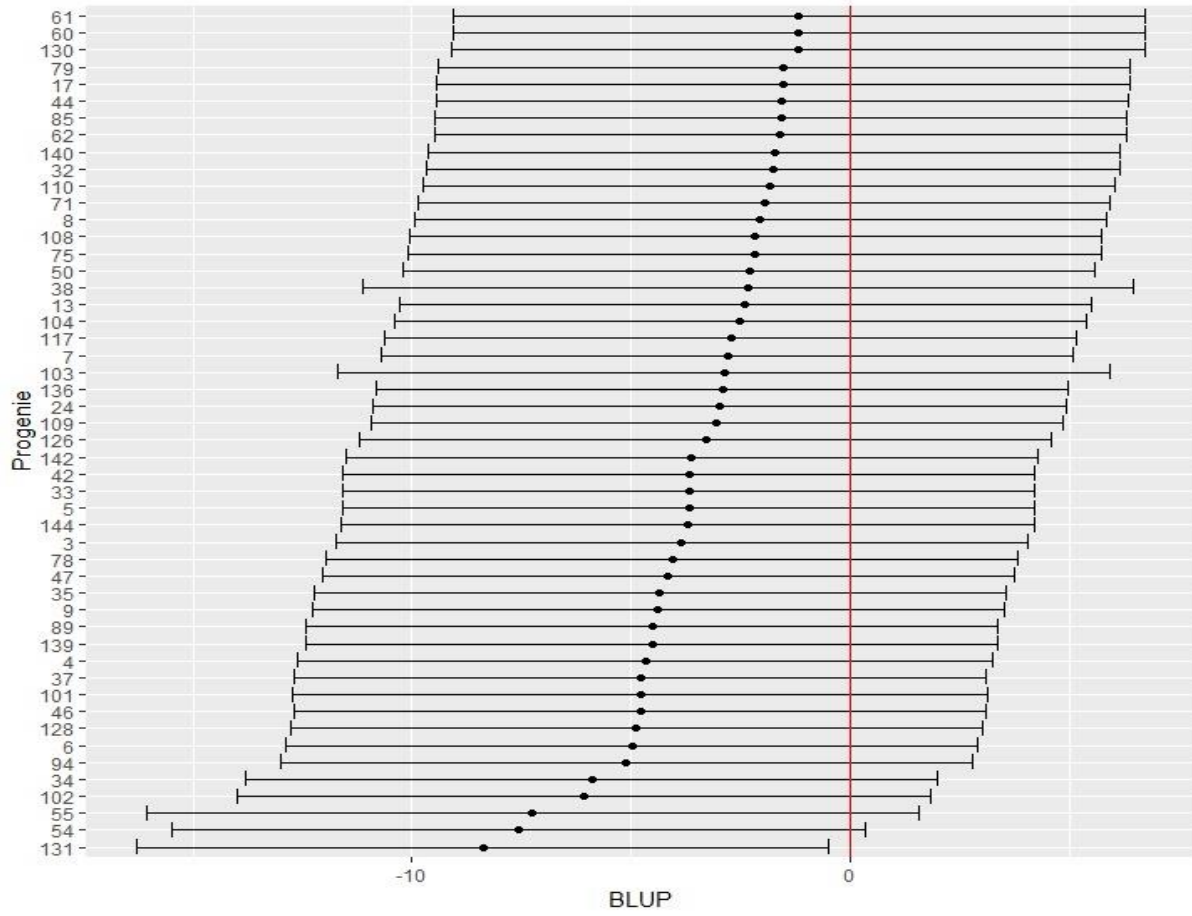
Fonte: Do autor (2018).

Figura 4A – Médias ajustadas e intervalos de confiança (95%) para peso de espiga despalhada no ambiente 2.



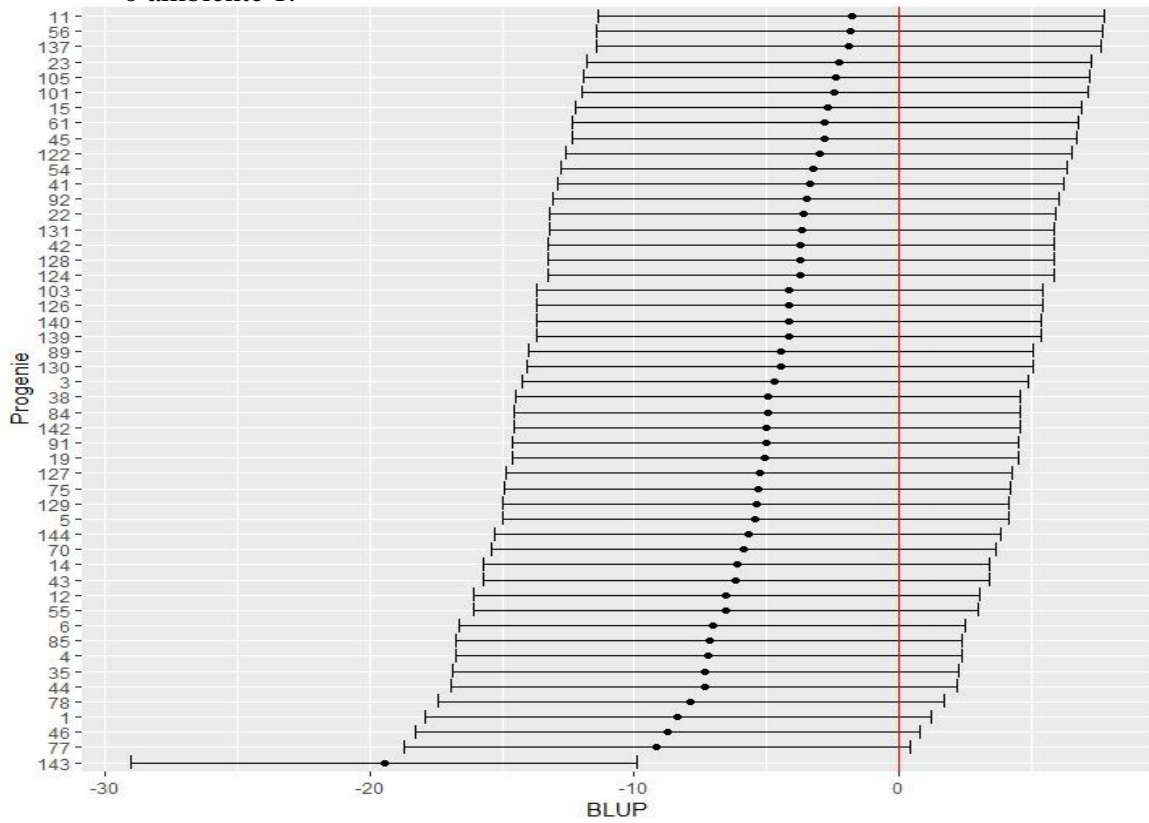
Fonte: Do autor (2018).

Figura 5A – Médias ajustadas e intervalos de confiança da característica altura de plantas para o ambiente 2.



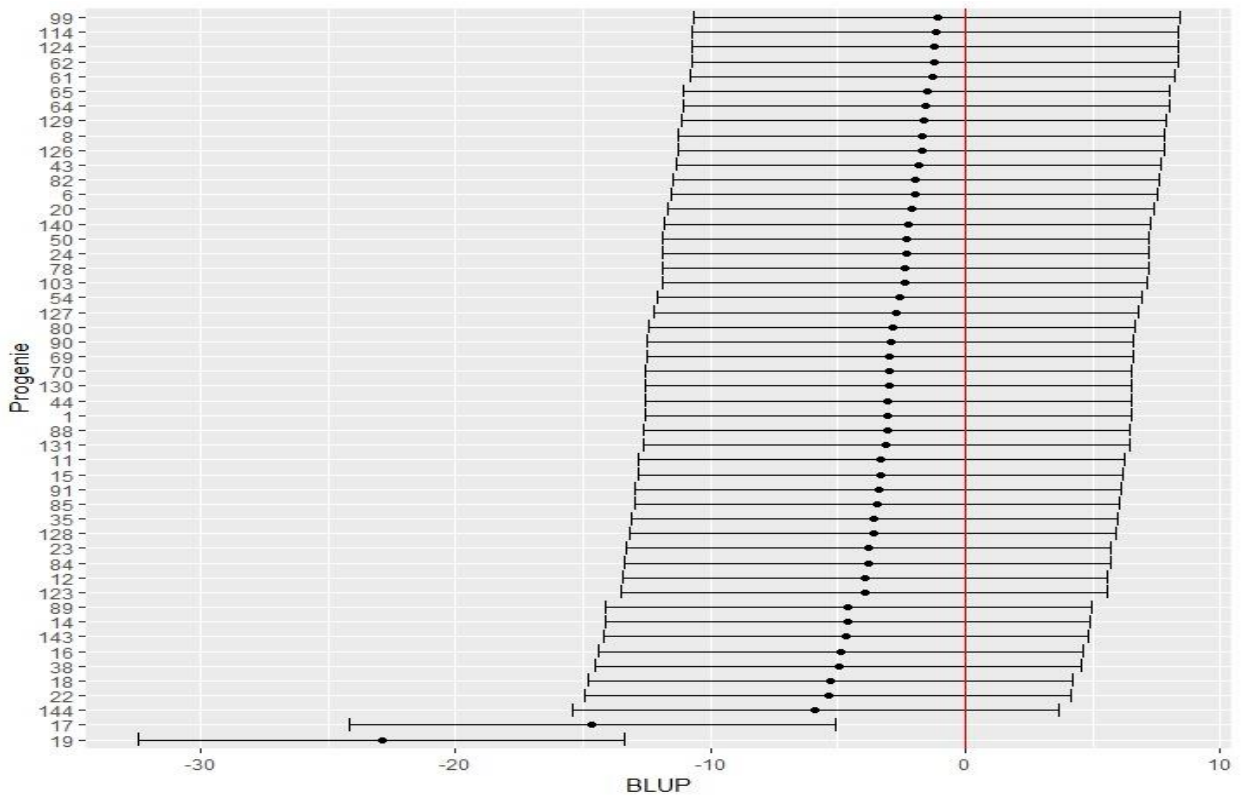
Fonte: Do autor (2018).

Figura 6A – Médias ajustadas e intervalo de confiança da característica altura de plantas para o ambiente 1.



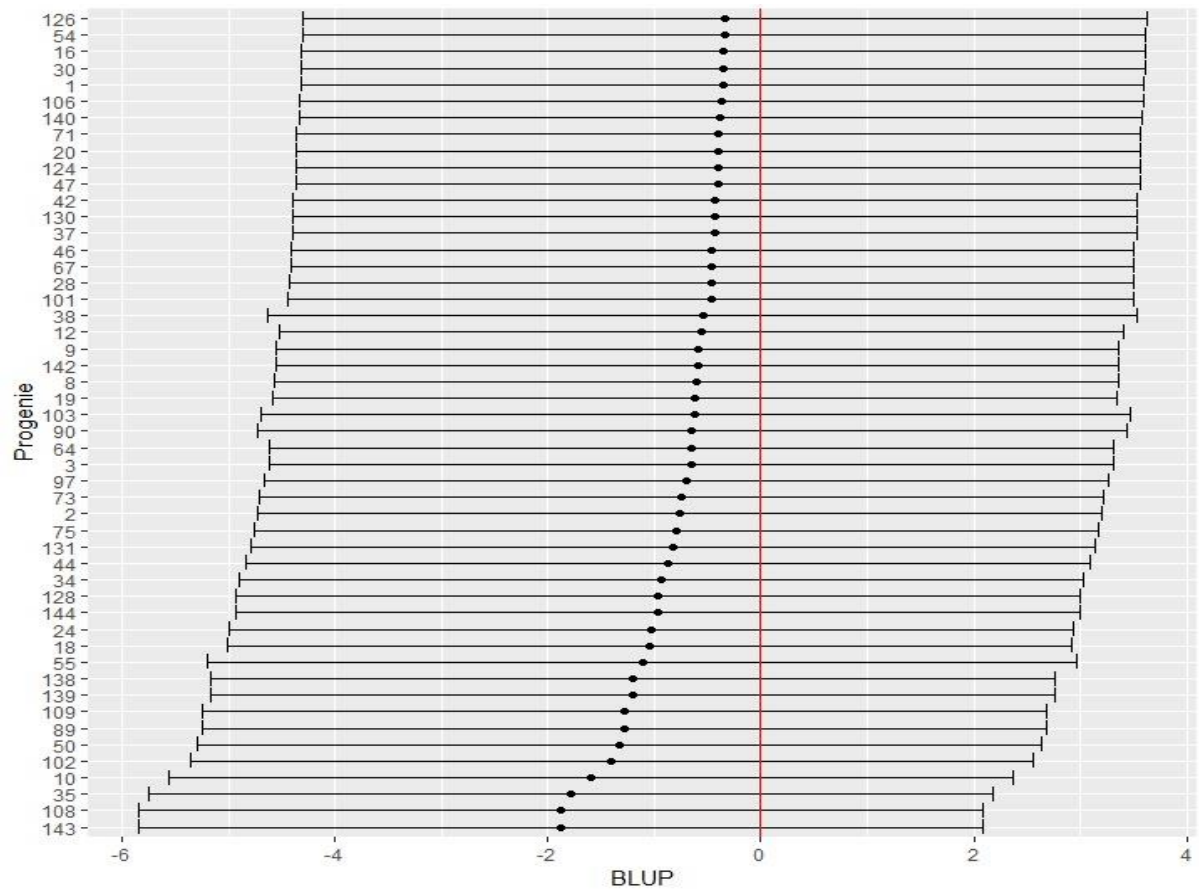
Fonte: Do autor (2018).

Figura 7A – BLUP's e intervalos de confiança do caráter altura de espiga (AE) para o ambiente 1.



Fonte: Do autor (2018).

Figura 8A – Médias ajustadas e intervalo de confiança do caráter altura de espiga (AE) para o ambiente 2.



Fonte: Do autor (2018).