

## Seleção de progênies $S_{0:2}$ de milho com abordagem de modelos mistos

**Felipe Ribeiro Resende<sup>(1)</sup>; Luiz Paulo Miranda Pires<sup>(2)</sup>; Leandro Lopes Cancellier<sup>(3)</sup>; Renzo Garcia Von Pinho<sup>(4)</sup>; Luiz Antonio Yanes Bernardo Júnior<sup>(5)</sup>; Ewerton Lelys Resende<sup>(6)</sup>.**

<sup>(1)</sup> Estudante; Universidade Federal de Lavras; Lavras, Minas Gerais; feliperibeior@bol.com.br;

<sup>(2)</sup> Estudante; Universidade Federal de Lavras; <sup>(3)</sup> Pesquisador; Monsanto; <sup>(4)</sup> Professor; Universidade Federal de Lavras;

<sup>(5)</sup> Estudante; Universidade Federal de Lavras; <sup>(6)</sup> Estudante; Universidade Federal de Lavras.

**RESUMO:** Substituir com eventos biotecnológicos que contribuem para vantagens híbridas atuais é um grande desafio dos melhoristas. Em programas de melhoramento, uma das principais etapas é a obtenção de linhagens, onde é comum a seleção nas primeiras gerações de autofecundação. Adicionalmente, a abordagem analítica via modelos mistos pode aumentar o sucesso na seleção de genótipos, pois proporciona flexibilidade na análise de dados desbalanceados, e fornece valores genotípicos mais acurados acerca das progênies avaliadas. Assim, o objetivo com este trabalho foi selecionar uma geração precoce ( $S_2$ ) de progênies avaliadas em topcrosses, utilizando modelos mistos. Foram plantadas 500 progênies  $S_2$  provenientes de três populações, sendo estas, cruzadas com três testadores. Os híbridos obtidos juntamente com tratamentos testemunha foram instalados em cinco experimentos, sendo três em Minas Gerais, um em Santa Catarina e um no Paraná, onde foram avaliados a produtividade de grãos. Para o cálculo dos componentes de variância foi utilizado o método REML e a predição das médias via BLUP. Considerando os híbridos superiores, as progênies da população C superaram em 24,6% a quantidade de híbridos esperados, enquanto a redução foi de 30,8% e 20% para A e B. Os híbridos que apresentaram maiores médias BLUP, foram derivados dos cruzamentos entre progênies da população C.

**Termos de indexação:** Zeamays, Geração precoce de endogamia, topcross.

### INTRODUÇÃO

A dinâmica de aumento de produtividade de grãos na cultura do milho está diretamente relacionada à utilização de híbridos superiores, associados aos

eventos biotecnológicos que contribuem para melhor exploração do potencial genético desses híbridos. Desta forma, a exploração do fenômeno da heterose, auxilia para a viabilização do uso de híbridos no sistema produtivo.

Em programas de melhoramento, uma das principais etapas é a obtenção de linhagens que posteriormente serão utilizadas para a formação de híbridos. No processo de obtenção de linhagens é comum a seleção precoce desses genótipos nas primeiras gerações de autofecundação, com base na capacidade combinatória dos mesmos, com uma linhagem elite testadora de desempenho já conhecido pelo melhorista (Guimarães et al., 2012). Isto reduz substancialmente o número de linhagens antes de atingir a homozigose (Fuzatto, 2003), assim como o custo para a condução do programa de melhoramento.

O sucesso na seleção precoce quando realizada baseada principalmente na CGC, justifica-se por apresentar boa estabilidade ao longo das gerações de autofecundação (Valério et al., 2009), e por apresentar maior variação entre progênies do que dentro, evidenciando a individualidade das linhagens, mesmo em gerações com menor grau de endogamia. Comprovando o sucesso da seleção precoce, Bernardo (1991), evidenciou a alta correlação genética entre topcrosses de progênies  $S_2$  com topcrosses  $S_6$ , mostrando assim, que é possível descartar progênies de forma eficiente, durante a obtenção de linhagens, mantendo apenas as mais promissoras para a formação de híbridos.

Assim, o tratamento de dados que não considerar o desbalanceamento, acrescentará erro aos valores genotípicos e levará à redução de ganhos genéticos. Uma ferramenta para aumentar o sucesso na seleção precoce, e aumentar a eficiência nos programas de melhoramento, é a utilização de análise via modelos mistos. A análise dos dados utilizando abordagem de modelos mistos, especialmente o BLUP, gera estimativas mais

acuradas do valor genotípico do indivíduo (ARNHOLD et al., 2009; MENDES, 2011), proporciona grande flexibilidade de análises, e permite lidar melhor com problema do desbalanceamento. Diante do exposto, realizou-se o presente trabalho com o objetivo de selecionar em geração precoce de endogamia ( $S_{0,2}$ ), progênies avaliadas em topcrosses, utilizando-se a metodologia de modelos mistos.

### MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos de novembro de 2011 a maio de 2013. Na safra 2011/2012 instalou-se o campo de cruzamento para a obtenção dos híbridos topcrosses. Foram utilizadas, 500 progênies  $S_{0,2}$  originadas de três populações distintas, as progênies  $S_{0,2}$  são provenientes da segunda geração de plantas autofecundadas de populações  $F_2$  oriundas de híbridos comerciais, comumente utilizados na região Sul do Brasil, sendo 175 progênies oriundas da população A, derivada do híbrido triplo Garra (Syngenta); 88 progênies da população B, derivada do híbrido simples AS 1532 (Agroeste) e 237 progênies da população C, derivada do híbrido simples 30B39 (DuPont Pioneer).

Realizou-se uma seleção fenotípica próxima ao florescimento e pré-colheita, adotando como critério, plantas mais vigorosas, menor incidência de doenças foliares, folhas eretas, uniformidade de plantas dentro da progênie, dentre outras. Considerando uma intensidade de seleção de 40%, as progênies selecionadas foram cruzadas com três testadores, a linhagem elite LE84, o híbrido simples experimental HS2532 e o híbrido simples comercial GNZ2004. A LE84 foi selecionada por ser uma linhagem elite do programa de melhoramento de milho, e caracterizada por possuir alta capacidade geral de combinação. O híbrido GNZ2004 foi utilizado devido a sua recomendação de uso nas mesmas regiões de cultivo dos híbridos A, B e C. O híbrido experimental HS2532 foi escolhido por ser um bom parental, e por permitir a identificação de híbridos triplos de alto rendimento.

Com isso, obteve-se 189 com quantidade suficiente de sementes para condução de pelo menos um experimento, formando assim 457 híbridos topcrosses.

Na safra 2012/2013 foram realizados os experimentos em cinco locais, três no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária da UFLA, em diferentes épocas de semeadura, sendo em 09/11/2012 com 144 híbridos testados, em 16/11/2012 com 81 híbridos testados e

em 23/11/2012 com 289 híbridos. Outro experimento foi conduzido em Guarapuava/PR, com semeadura dia 17/10/2012 com 316 híbridos e em São Miguel d'Oeste/SC, semeado em 07/11/2012 com 348 híbridos.

Os híbridos foram distribuídos aleatoriamente nos experimentos para que não houvesse o confundimento entre efeitos ambientais com os efeitos de população ou testadores. Desta forma, 13,8% dos híbridos (63) foram testados em somente um experimento, 16,6% (76) foram testados em apenas dois experimentos, 68,5% (312) em três experimentos, 0,87% (4) em quatro experimentos e apenas 0,43% (2) foram testados nos cinco experimentos, totalizando assim os 457 híbridos avaliados.

Dentre os 457 híbridos avaliados, 444 são híbridos topcrosses, resultante dos cruzamentos das progênies das três populações com os testadores. Porém, para algumas progênies, não foram obtidas sementes suficientes nos cruzamentos com os três testadores, sendo que 7,4% das progênies foram testadas com apenas um testador, 50,3% foram testadas somente com dois testadores, e 42,3% das progênies foram testadas com os três testadores

O número de cruzamentos de cada combinação de população e testadores pode ser visualizado na (Tabela 1).

**Tabela 1.** Descrição do número de cruzamentos obtidos para as combinações de progênies e testadores.

População	Testador			Total de híbridos	
	84	2004	2532	N°	%
A	19	57	55	131	29,5
B	20	32	32	84	18,9
C	55	88	86	229	51,6
Total	94	177	173	444	-
Total (%)	21,2	39,9	39,0	-	-

Também foram incluídos 13 tratamentos testemunhas sendo estes 12 híbridos comerciais e 1 experimental.

O delineamento utilizado nos ensaios instalados em Lavras/MG foram o látice quadrado simples. Nos ensaios instalados no PR e SC foram utilizados

blocos casualizados. As parcelas experimentais em Lavras/MG constituíram de 2 linhas de 5 metros cada, com espaçamento de 0,55 m, e nos ensaios do PR e SC de 4 linhas de 5 metros com espaçamento entre linhas de 0,5 m.

Foi avaliada a produtividade de grãos a partir do peso de grãos obtidos na parcela, e os dados extrapolados para  $\text{Mg ha}^{-1}$  com a correção de umidade para 13%.

A análise dos dados foi realizada pela abordagem de modelos mistos, utilizando para cálculo dos componentes de variância genotípica e residual, o método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML).

As estimativas dos BLUPs da capacidade geral de combinação e da capacidade específica de combinação foram realizadas com o auxílio do software SAS, utilizando o procmixed. Neste estudo, optou-se por utilizar o modelo com todos os genótipos dentro de um mesmo grupo, de acordo com Balestre et al. (2010) e Oliveira et al. (2010). Segundo estes autores, o modelo que considera os genótipos em um único grupo fornece estimativas de CGC e CEC mais acuradas que o modelo que considera dois grupos distintos, mesmo com informação de parentesco.

### RESULTADOS E DISCUSSÃO

Considerando a seleção das progênies com os maiores valores de CGC, dentre as 58 progênies da população A, foram selecionadas 13 com valores de CGC entre 0,0414 a 0,1780  $\text{Mg ha}^{-1}$ .

No caso das 32 progênies da população B, foram consideradas as 6 progênies com maiores CGC, com valores entre de 0,0447 a 0,1399  $\text{Mg ha}^{-1}$ . Já dentre as 99 progênies da população C, 38 foram selecionadas, com uma variação de 0,0319 a 0,2001  $\text{Mg ha}^{-1}$ .

Considerando que na classificação pela CGC geral foram incluídas 8 progênies da população C, aliado ao fato de que ocorreu uma superioridade de 3,24% na média dos valores de CGC, quando selecionou desconsiderando a origem das progênies, evidencia-se superioridade da população C em gerar progênies de maior capacidade geral de combinação.

As estimativas da CGC, em sua magnitude, ocorrem em geral para genótipos com as maiores e menores frequências de alelos favoráveis em relação a média dos genótipos testados. Assim, entende-se que a seleção das progênies com base nas maiores estimativas de CGC, tem como objetivo aumentar a frequência de alelos favoráveis nas próximas gerações. Desta forma, infere-se que a população C possui maior frequência de alelos favoráveis. A importância da alta frequência de

alelos favoráveis, como estratégia para a análise do potencial de uma população para extração de linhagens, já foi relatado na literatura. Bison et al. (2003). Depreende-se que as maiores estimativas de CGC podem ser derivadas das populações mais promissoras.

Associar as progênies com altos valores de CGC com os híbridos resultantes destas progênies que também possuam altos valores de CEC deve ser priorizado na seleção, pois associam alta média e maior variância genética. Havendo assim maiores chances de que em gerações futuras, estas progênies sejam linhagens com grande potencial de gerarem híbridos de alto desempenho.

Dentre os 444 híbridos, 133 híbridos (correspondendo a uma intensidade de seleção de 30%) com os maiores valores de CEC. Houve variação nos valores de CEC dos híbridos oriundos de progênies da população A de -0,5251 a 0,5234  $\text{Mg ha}^{-1}$ , sendo que, dentre os superiores, o menor valor de CEC foi de 0,1010  $\text{Mg ha}^{-1}$ . Para a população B, a variação foi de -0,4687 a 0,6916  $\text{Mg ha}^{-1}$ , com o menor valor dentro dos híbridos superiores de 0,0980. A variação da população C foi de -0,4921 a 0,6398  $\text{Mg ha}^{-1}$  e o menor valor dentre os híbridos superiores de 0,1008.

Para auxiliar no reconhecimento da melhor combinação híbrida, a CEC é de fundamental importância, e deve ser interpretada como sendo o desvio de um cruzamento em relação ao que seria esperado com base na CGC de seus genitores (VALENTE, 2010).

Contribuições expressivas da CEC já foram verificadas não só para a produtividade de grãos, mas também em outras características, (BALESTRE et al., 2010; BORDALLO et al., 2005; GUEDES et al., 2011; OLIVEIRA et al., 2010; VIVEK et al., 2010. Viveket al. (2009), por meio de um dialelo entre 12 linhagens elite e análise utilizando o método 4 de Griffing, averiguaram efeitos significativos para CEC tanto para produtividade de grãos, quanto para um complexo de doenças que afetam a produtividade de milho, como a ferrugem comum, mancha *Phaeosphaeria*, dentre outras.

Considerando o número de híbridos para cada população, 27 híbridos originados de progênies da população A estão na lista de híbridos superiores. Para a população B, 20 híbridos e para a população C, 86 híbridos estão entre os superiores.

A amplitude de variação para a CEC dos híbridos para as populações A, B e C foi de 1,0485, 1,1603 e 1,1319, respectivamente. É possível observar que, no que tange a CEC, a variação da população C é intermediária, entretanto, foi a população que gerou maiores estimativas de efeitos aditivos, proporcionando a inferência sobre a maior

proporção de alelos favoráveis acumulados até essa geração de endogamia.

Levando em conta a proporção de híbridos testados, seria esperado o número de 39 híbridos para população A, 25 para B e 69 para C.

Portanto, progênies da população C possuem uma capacidade de gerar híbridos com desempenho médio superior aos híbridos originados das progênies das populações A e B, pois, dentre os superiores, as progênies da população C superaram em 24,6% a quantidade de híbridos esperados, enquanto a redução foi de 30,8% e 20% para A e B respectivamente.

### CONCLUSÕES

Desta forma conclui-se que as progênies A100, A119, A131, A153, A176, A178, A23, A3, A71, A9, A98, B13, B17, B30, B31, B48, B60, C100, C103, C106, C109, C110, C113, C122, C124, C134, C135, C138, C141, C143, C147, C180, C188, C190, C192, C193, C223, C234, C235, C236, C24, C247, C250, C251, C259, C40, C49, C61, C67, C77, C93, C94, C96, e C98 foram selecionadas com base no alto desempenho pela CGC, CEC e BLUP e poderão ser selecionadas para o avanço de geração e obtenção de linhagens de alto valor.

### AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem a CAPES, FAPEMIG, e ao CNPq pela concessão de bolsa para o primeiro autor e a Limagrain pelo apoio nos experimentos.

### REFERÊNCIAS

ARNHOLD, E.; MORA, F.; SILVA, R. G.; GOODGOD, P. I.; & RODOVALHO, M. A. Evaluation of top-cross popcorn hybrids using mixed linear model methodology. *Chilean journal of agricultural research*, Chillán, v. 69, n. 1, p. 46–53, Mar. 2009.

BALESTRE, M.; VON PINHO, R. G.; SOUZA, J. C. Prediction of maize single-cross performance by mixed linear models with microsatellite marker information. *Genetics and Molecular Research*, Ribeirão Preto, v. 9, n. 2, p. 1054–1068, jan. 2010.

BERNARDO, R. Correlation between testcross performance of lines at early and late selfing generations. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, v. 82, n. 1, p. 17–21, July 1991.

BISON, O.; RAMALHO, M. A. P.; RAPOSO, F. V. Potencial de híbridos simples de milho para

extração de linhagens. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, v. 27, n. 2, p. 348–355, abr. 2003.

BORDALLO, P. D. N.; PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. D.; & GABRIEL, A. P. C. Análise dialélica de genótipos de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v. 23, n. 1, p. 123–127, jan./mar. 2005.

FUZATTO, S. R. *Dialelo parcial circulante interpopulacional em milho (Zea mays L.): efeito do número de cruzamento*. 2003. 131 p. **Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)** - Universidade de São Paulo, São Paulo, 2003.

GUEDES, F. L.; SOUZA, J. C. D.; COSTA, E. F. N.; REIS, M. C. D.; CARDOSO, G. A.; EMATNÉ, H. J. Evaluation of maize top crosses under two nitrogen levels. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, v. 35, n. 6, p. 1115–1121, nov./dez. 2011.

GUIMARÃES, L. J. M.; MIRANDA, G. V.; DE LIMA, R. O.; MAIA, C.; OLIVEIRA, L. R. D.; SOUZA, L. V. D. Performance of testers with different genetic structure for evaluation of maize inbred lines. *Ciência Rural*, Santa Maria, v. 42, n. 5, p. 770–776, maio 2012.

MENDES, M. P. *Emprego de modelos mistos na seleção de indivíduos no melhoramento do feijoeiro*. 2011. 69 p. **Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)** - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2011.

OLIVEIRA, R. L. de.; BALESTRE, M.; VON PINHO, R. G.; SOUZA, J. C. de. *Potencial do uso de marcadores moleculares na predição de valores genéticos e no desempenho de híbridos de milho*. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 28., 2010, Goiania. **Anais...** Goiania: ABMS, 2010. p. 3012-3019.

VALENTE, M. S. F. *Emprego do BLUP/REML na avaliação genética de linhagens elites de milho-pipoca*. 2010. 48 p. **Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)** - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2010.

VALÉRIO, I. P.; CARVALHO, F. D.; OLIVEIRA, A. D.; SOUZA, V. Q. D.; BENIN, G.; SCHMIDT, D. A. M.; LUCH, H. Combining ability of wheat genotypes in two models of diallel analyses. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, v. 9, n. 2, p. 100–107, jul. 2009.



VIVEK, B. S.; ODONGO O.; NJUGUNA J.; IMANYWOHA J.; BIGIRWA G.; DIALLO A.; PIXLEY K.; Diallel analysis of grain yield and resistance to seven diseases of 12 African maize (*Zea mays* L.) inbred lines. *Euphytica*, Wageningen, v. 172, n. 3, p. 329–340, July 2010.



## XXXI CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO

"Milho e Sorgo: inovações,  
mercados e segurança alimentar"

---