

Comparação de testadores em linhagens de milho superdoce

Diego Yassuo Kuroda⁽¹⁾; **Thiago Hideo Nihei**⁽²⁾; **Maurício Carlos Kuki**⁽³⁾; **Filipe Augusto Bengosi Bertagna**⁽³⁾; **Hayssa Vilela Santos**⁽⁴⁾; **Marcelo Akira Saito**⁽⁵⁾ **Omar Possatto Junior**⁽³⁾; **Evandrei Santos Rossi**⁽³⁾.

¹Graduando em Agronomia; Universidade Estadual de Maringá UEM/Maringá-PR/Brasil; yk.95@hotmail.com.

²Doutorando no PGA, Universidade Estadual de Maringá/Maringá-PR/Brasil. ³Doutorando no PGM, Universidade Estadual de Maringá/Maringá-PR/Brasil. ⁴Mestranda PGM, Universidade Estadual de Maringá/Maringá-PR/Brasil.

⁵Graduando em Agronomia; Universidade Estadual de Maringá UEM/Maringá-PR/Brasil.

RESUMO: O milho superdoce é um tipo especial de milho, destinado exclusivamente ao consumo humano, apresentam características qualitativas superiores quando comparado ao milho comum. O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho de testadores de milho superdoce quanto à capacidade de discriminação de linhagens tropicais, convertidas por meio da introgressão do alelo recessivo *sh2*. Os ensaios foram instalados na safra verão de 2015/2016, nos municípios de Rolândia-PR e Maringá-PR. O delineamento utilizado foi de blocos completos ao acaso com duas repetições. As características avaliadas foram: Massa de Espigas Totais, Massa de Espigas Comerciais e °Brix (%). A interação da capacidade geral de combinação x ambiente e da capacidade específica de combinação x ambientes, das linhagens e dos testadores foi significativa, indicando a ação dos efeitos aditivos e não aditivos na variância genotípica para todas as características estudadas. A variedade mista (testador) manifestou valores negativos da capacidade geral de combinação (CGC) para as três variáveis, sendo ótima opção de testador para seleção de linhagens com boa CGC. O testador L4 é eficiente para discriminar linhagens quanto à capacidade específica de combinação. A linhagem BALU-182 apresentou o maior valor CEC, associado elevada média para PET e PEC em Rolândia-PR quando em cruzamento com Tropical, evidenciando boa complementariedade entre estes genitores.

Termos de indexação: Gene *shrunken-2*, *topcrosses*, parâmetros genéticos.

INTRODUÇÃO

No Brasil, todos os híbridos de milho superdoce produzidos possuem o gene *shrunken-2*, os quais apresentam duas a três vezes mais sacarose na maturação quando comparados com populações portadores de outros genes. Esta característica permite que o genótipo de milho superdoce mantenha o teor de açúcar pós-colheita por mais tempo no grão (Boyer & Shannon, 1984).

O melhoramento do milho superdoce é resumido em duas estratégias: adaptação de germoplasma estrangeiro ou introdução do gene recessivo *sh2* em um genótipo de endosperma normal, por meio de retrocruzamentos. Nesta estratégia, o objetivo é recuperar o genótipo do genitor recorrente, exceto pela característica de interesse presente no genitor doador.

A obtenção de linhagens e a avaliação de seu comportamento, tanto em combinações híbridas quanto "per se", é um dos procedimentos básicos para obtenção de híbridos superiores. O método *topcross*, que consiste no cruzamento entre as linhagens e um testador, permite a seleção das linhas mais promissoras. A escolha do testador deve gerar informações que classifiquem corretamente o potencial relativo das linhagens em cruzamento, maximizando o ganho genético (Rodvalho et al., 2012).

A análise dialélica tem por finalidade analisar o delineamento genético, provendo estimativas de parâmetros úteis na seleção de progenitores para hibridação e no entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres. Desta maneira são estimados os efeitos e as somas de quadrados de efeitos da capacidade geral e específica de combinação.

A estimação da capacidade de combinação das linhagens pode ser feita tanto em gerações iniciais de endogamia, quanto em gerações finais. Contudo, se for feita em gerações iniciais de endogamia, é possível descartar genótipos pouco promissores que, seguramente, não terão uso potencial, reduzindo mão de obra e recursos gastos, assegurando maior número de progênies com desempenho superior à média da população original (FEHR, 1987).

Entre os possíveis métodos empregados para a avaliação de progênies, o método *top cross* permite a avaliação do mérito relativo de um grande número de linhagens, em nível intermediário de endogamia, com um testador comum, permitindo a eliminação das linhagens de desempenho inferior, tornando mais racional e eficiente o programa de

desenvolvimento de híbridos (MIRANDA FILHO; VIÉGAS, 1987).

A correlação entre o desempenho das linhagens e de seus respectivos híbridos é muito baixa para ter algum valor preditivo, isto é, não é possível utilizar o desempenho das linhagens *per se* para se prever os dos híbridos (HALLAUER; LOPES-PEREZ, 1979; SMITH, 1986; MIHALJEVIC et al., 2005). Deste modo, a avaliação da capacidade combinatória das linhagens é imprescindível para que se obtenham boas combinações, culminando em híbridos de alto desempenho.

Dessa forma o presente trabalho teve como objetivo avaliar o desempenho de testadores quanto à capacidade de discriminação de linhagens tropicais de milho comum introgridas com gene superdoce *sh2 sh2*, visando a produção de híbridos adaptados às condições brasileiras.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas linhagens originadas de retrocruzamentos, onde se fez a introdução do alelo mutante superdoce *shrunken-2 (sh2)* em linhagens tropicais de milho comum. O doador do gene foi o híbrido simples Tropical Plus. O processo de retrocruzamentos seguiu até a recuperação de, pelo menos, 93,75% dos genes proveniente do genitor recorrente. Foram obtidas 48 linhagens convertidas com o gene mutante superdoce.

Posteriormente as linhagens foram cruzadas com três testadores: uma variedade de polinização aberta denominada como Mista (base genética ampla); uma Linhagem denominada L4 e um híbrido simples comercial Tropical Plus (ambos de base genética restrita).

Os quatro experimentos (híbridos *top crosses* e linhagens *per se*) foram instalados em dois locais: o primeiro, na unidade de pesquisa da empresa de sementes Balu, e o segundo, na Fazenda Experimental de Iguatemi, de propriedade da Universidade Estadual de Maringá. A semeadura dos experimentos ocorreu na safra de verão do ano agrícola de 2015/2016.

O delineamento experimental utilizado foi de blocos completos ao acaso, com duas repetições. Cada unidade experimental foi constituída por uma fileira de 5 metros, com espaçamento de 0,20 metros entre plantas e 0,70 metros de espaçamento entre as fileiras. A densidade de semeadura adotada foi de 57.000 plantas/hectare.

As variáveis respostas avaliadas foram: massa de espigas comerciais (MEC, kg), massa de espigas totais (MET, kg), e sólidos solúveis totais ($^{\circ}$ Brix), determinado após a colheita, por meio de refratômetro portátil digital, através de 5 espigas

representativas da parcela.

Foram verificadas a homogeneidade das variâncias pelo teste de Hartley ($p > 0,05$) para cada local. Em seguida as variâncias residuais de cada local foram submetidas ao teste de homogeneidade de variância de Hartley ($p > 0,05$). Os pressupostos foram atendidos, em seguida, procedeu à análise de variância conjunta.

Em seguida foram realizadas análises individuais e conjuntas dos híbridos *topcrosses* e linhagens *per se*. Posteriormente, foi realizada análises dialélicas individuais e conjunta para estimar as capacidades geral e específica de combinação dos testadores e linhagens, em que foi utilizado o modelo de dialelo parcial proposto por Griffing (1956).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise dialélica conjunta (Tabela 1), avaliada nos dois ambientes, permitiu quantificar a capacidade geral e específica de combinação, bem como suas interações com ambiente.

Os quadrados médios da análise dialélica conjunta revelaram efeitos significativos para os *topcrosses*, CGC (*topcrosses* e linhagens) e CEC para os três caracteres analisados (Tabela 1). Estes resultados indicam a presença de efeitos aditivos e não aditivos atuando na variância genotípica dos caracteres avaliados neste dialelo.

Tabela 1 - Análise dialélica parcial conjunta para Peso Espigas Totais (PET), Peso Espigas Comerciais (PEC) e $^{\circ}$ Brix dos híbridos *topcrosses*. Safra 2015/2016 – Rolândia-PR e Maringá-PR.

Fontes de Variação	GL	Quadrados Médios		
		PET (kg)	PEC (kg)	$^{\circ}$ Brix (%)
<i>Topcrosses</i>	143	1,37**	1,7383**	1,3886**
CGC Testadores (Test)	2	11,78**	12,032**	11,64**
CGC Linhagens (L)	47	1,50**	2,4939**	2,017**
CEC	94	1,09**	1,1415**	0,855**
Ambientes (A)	1	358,0**	240,59**	414,12**
<i>Topcrosses</i> x A	143	0,61**	0,9351**	0,8880**
CGC Test x A	2	5,51**	4,8069**	0,1590*
CGC L x A	47	0,565**	1,4158**	1,3020**
CEC x A	94	0,542**	0,6123**	0,6965*
Resíduo combinado	288	0,2525	0,32150	0,71100

*, ** Significativo a 5 e 1% pelo teste F, respectivamente. ^{ns} Não significativo pelo teste F.

Os resultados significativos para a interação CGC (testadores e linhagens) com ambientes indicam desempenho variável das linhagens e testadores quanto aos seus efeitos aditivos de acordo com cada ambiente (Tabela 1). Da mesma forma, a interação CEC x ambientes indica que os híbridos superiores em um local, poderão ter baixo desempenho no outro local (Tabela 1).

As estimativas de CGC para os testadores quanto à MET, MEC e °Brix (Tabela 2), demonstram diferença entre eles quanto à capacidade de discriminação das linhagens para capacidade geral de combinação.

Tabela 2. Estimativas da capacidade geral de combinação (G_i) dos testadores para massa espigas totais (MET), Massa espigas comerciais (MEC) e °Brix dos híbridos *topcrosses*. Safra 2015/2016 – Rolândia-PR e Maringá-PR.

	MET (kg)		MEC (kg)		°Brix (%)	
	Rolândia	Maringá	Rolândia	Maringá	Rolândia	Maringá
Variedade Mista	-0,224	-0,158	-0,241	-0,178	-0,29	-0,28
L4	0,463	0,096	0,449	0,106	0,17	0,11
Tropical Plus	-0,239	0,062	-0,208	0,072	0,12	0,17
DP (G_i)	0,047	0,036	0,053	0,041	0,06	0,08
DP ($G_i - G_i'$)	0,081	0,063	0,092	0,070	0,10	0,14

As maiores estimativas de CGC para MET e MEC foram obtidas pela linhagem L4 (Tabela 2). Este resultado indica presença de alelos favoráveis nessa linhagem para as características estudadas, sendo promissora para uso em combinações híbridas, visando produzir híbridos de milho superdoce de elevado potencial produtivo, aliado a maior teor de sólidos solúveis totais.

O testador L4 mostrou-se eficiente para a seleção de linhagens com objetivos de ganhos genéticos para MET e MEC, uma vez que obteve estimativas positivas de CGC para essas características (Tabela 2). Essa constatação se justifica pelo fato de que, ao usar uma linhagem endogâmica como testador, o principal objetivo é selecionar linhagens quanto à capacidade específica de combinação, especialmente quando o testador já dispõe de estimativas relevantes para CGC.

O testador Tropical obteve estimativas negativas da CGC para MET e MEC (Tabela 2). Considerando que o objetivo de se utilizar um híbrido simples comercial como testador é exclusivamente a discriminação das linhagens, uma vez que não será possível sua posterior exploração comercial como genitor, este testador foi bastante eficiente na discriminação quanto a estes caracteres.

A variedade Mista obteve valores negativos de CGC para as três variáveis. Essa constatação qualifica esse testador como uma ótima opção para seleção de linhagens com bons CGC para estas características, uma vez que seus

valores negativos não "contaminariam" os híbridos *topcrosses* e facilitariam a expressão das boas CGC por parte das linhagens avaliadas.

As estimativas dos efeitos da CGC (G_i) individualmente de cada linhagem (dados não apresentados), para todas as variáveis são desejáveis que se obtenha estimativas positivas e de grande magnitude, e que a diferença entre dois genótipos atinja pelo menos duas vezes o valor de desvio padrão calculado, para que a diferença seja relevante. Quando as estimativas atendem este quesito há uma indicação de que as linhagens em estudo proporcionam um incremento seus híbridos *topcrosses* (WERLE et al., 2014).

De acordo com Cruz e Regazzi (2001), se os valores de CGC são altos, positivos ou negativos, há indício de que o genitor em questão é superior ou inferior aos demais genitores do dialeto, com relação ao desempenho médio das progênies.

Considerando as estimativas de CGC (dados não apresentados), 19 linhagens (Balú-3, Balú-8, Balú-9, Balú-18, Balú-20, Balú-28, Balú-29, Balú-30, Balú-40, Balú-44, Balú-52, Balú-55, Balú-72, Balú-79, Balú-111, UEM-9, UEM-10, UEM-11, UEM-23) apresentaram valores relevantes a pelo menos uma das três características estudadas.

Para GGC referente a variável MET, destacaram-se 7 linhagens em Rolândia-PR e 6 em Maringá-PR, com destaque para UEM-23 que apresentou valores expressivos para as duas localidades. Pode-se ainda destacar a linhagem UEM-25, com a maior estimativa (1,094) para o caráter, no município de Rolândia-PR.

Para MEC, a linhagem UEM-23 destacou-se, com estimativas altas e positivas, juntamente com Balú-138, nos dois locais. Outras oito linhagens apresentaram estimativas relevantes para a característica, no entanto, não houve nenhuma que mantivesse valores expressivos para ambos os locais. Dentre essas, a maior estimativa (1,148) mais uma vez foi da linhagem Balú-28 em Rolândia-PR. Dessa forma fica evidente que para variáveis produtivas foi possível identificar linhagens promissoras para o melhoramento, com elevada CGC, aliado expressiva média para o caráter, sendo dois fatores fundamentais em um programa de melhoramento.

Para a variável °Brix, 9 linhagens (Balú-3, Balú-8, Balú-28, Balú-30, Balú-40, Balú-55, Balú-95, Balú-111, Balú-114) se destacaram para as estimativas de CGC, embora nenhuma delas tenha apresentado essa qualificação nos dois ambientes. Para esta variável merecem destaque as linhagens Balú-28 que apresentou estimativa de 1,202%, e Balú-30 com estimativa de 1,206%, com elevada CGC associada a valores expressivos para o

caráter (Balu-28 em Rolândia-PR, Balu-30 em Maringá-PR).

A CEC reflete a complementariedade entre os parentais envolvidos no cruzamento. Em outras palavras, a CEC diz respeito ao efeito de interação entre os alelos de cada parental (ação gênica de dominância) e o efeito das interações entre os alelos de diferentes locos envolvidos na transmissão do caráter (ação gênica epistática). Estes efeitos genéticos não aditivos não podem ser previstos com base na CGC, ou seja, só podem ser estimados após a avaliação do genótipo quando em cruzamento (Sprague; Tatum, 1942).

Analisando as estimativas de CEC das três variáveis estudadas (dados não apresentados), verificam-se estimativas importantes para MET e MEC. A linhagem Balu-182 apresentou alta CEC com o testador Tropical, alcançando valores expressivos para MET em Rolândia-PR e para MEC em Rolândia-PR e Maringá-PR. Outras 4 linhagens também apresentaram bom desempenho quando cruzadas com o híbrido Tropical (Balu-19, Balu-25, Balu-114 e Balu-183). Três linhagens apresentaram valores expressivos de CEC quando cruzadas com a variedade Mista (Balu-52, Balu-94 e Balu-169) e a linhagem UEM-19 manifestou expressivo valor de CEC quando cruzada com a linhagem L4.

O bom desempenho do testador Tropical está associado a base genética, pois trata-se de um híbrido simples, portanto de base genética restrita, favorecendo a manifestação de efeitos heteróticos, justificando os resultados obtidos acima.

Em análises dialélicas, devem ser consideradas para fins de recomendação e melhoramento, apenas as estimativas de CEC oriundas de cruzamentos que envolvem, no mínimo, uma linhagem de CGC relevante. Dessa forma, analisando ao mesmo tempo as estimativas de CGC e CEC, duas linhagens aparecem entre os valores destacados em ambas as estimativas, Balu-114 e UEM-25. No entanto, suas estimativas CEC relevantes não coincidem com as estimativas relevantes que tiveram para CGC.

Nenhuma linhagem apresentou estimativas de CEC relevantes para ambos os testadores. Esses resultados pressupõem que os testadores em questão apresentam bases genéticas divergentes, com capacidade de gerar heterose destacada com diferentes grupos de linhagens. Em suma, indica-se que os testadores utilizados são provenientes de grupos heteróticos distintos.

A variedade mista (testador) manifestou valores negativos da capacidade geral de combinação (CGC) para as três variáveis, sendo ótima opção de testador para seleção de linhagens com boa CGC.

O testador L4 é eficiente para discriminar linhagens quanto à capacidade específica de combinação.

A linhagem BALU-182 apresentou o maior valor CEC, associado elevada média para PET e PEC em Rolândia-PR quando em cruzamento com Tropical, evidenciando boa complementariedade entre estes genitores.

REFERÊNCIAS

ARAGÃO, C. A.; DANTAS, B. F.; ALVES, E.; CATANEO, A. C.; CAVARIANI, C.; NAKAGAWA, J. Atividade amilolítica e qualidade fisiológica de sementes armazenadas de milho super doce tratadas com ácido giberélico. **Revista Brasileira de Sementes**, 25(1): 43-48, 2003.

BORIN, A. L. D. C. **Extração, absorção e acúmulo de nutrientes no milho doce cultivado em condições de campo**. 2005. 97f. Tese (Mestrado). Universidade Federal de Viçosa, Uberlândia, 2005.

BOYER, C. D.; SHANNON, J. C. The use of endosperm genes for sweet corn improvement. **Plant Breeding Review**, 1: 139, 1984.

LEMOS, M. A. et al. Avaliação de dez linhagens e seus híbridos de milho superdoce em um dialelo completo. **Horticultura Brasileira**, 20(2): 167-170, 2002.

MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargill, cap. 7, p. 275-340. 1987.

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

SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs. specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, 34(10): 923-932, 942.

CONCLUSÕES



XXXI CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO

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