



Evento: XXVIII Seminário de Iniciação Científica

## TOP CROSS EM LINHAGENS S6 ENDOGÂMICAS DE MILHO<sup>1</sup>

### TOP CROSS IN ENDOGAMIC CORN LINES S6

**Gabriel Mathias Weimer Bruinsma<sup>2</sup>, Ivan Ricardo de Carvalho<sup>3</sup>, Daniele Jacoboski Hutra<sup>4</sup>, Murilo Viera Loro<sup>5</sup>, Eduarda Donadel Port<sup>6</sup>, Tiago Silveira da Silva<sup>7</sup>**

<sup>1</sup> Pesquisa Institucional desenvolvida no curso de Agronomia da Universidade Regional do Noroeste do Estado do Rio Grande do Sul

<sup>2</sup> Aluno do curso de agronomia, gmwbruinsma@hotmail.com

<sup>3</sup> Professor orientador do curso de Agronomia e PPGSAS, ivan.carvalho@unijui.edu.br

<sup>4</sup> Mestranda do PPGSAS, danielihutra@gmail.com

<sup>5</sup> Mestrando do PPGA, muriloloro@gmail.com

<sup>6</sup> Mestranda do PPGSAS, donadelduda@gmail.com

<sup>7</sup> Engenheiro Agrônomo, tiagosilveira27021995@gmail.com

### RESUMO

O milho assume cada vez maior importância no RS, pela sustentabilidade, alto rendimento e eficiência nas propriedades agrícolas, com variedades novas de destaque. Objetivou-se nesse estudo avaliar um cruzamento top cross em milho, usando o híbrido CD308 como testador e cinco linhagens endogâmicas S6. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, avaliando altura da planta, altura de inserção da espiga, comprimento da espiga, diâmetro da espiga, massa da espiga, número de fileiras de grãos da espiga, número de grãos por fileira da espiga, massa de grãos da espiga, espessura do grão, largura do grão, comprimento do grão, massa de cem grãos, massa do sabugo e diâmetro do sabugo. O emprego de top cross no melhoramento de milho foi eficiente para identificação das linhagens L389 e L258 para obtenção de novos híbridos com potencial para produção de grãos.

**Palavras-chave:** *Zea mays*. Cruzamento. Testador. Híbridos.

### INTRODUÇÃO

A demanda do setor agrícola por híbridos de milho com estabilidade produtiva de grãos cresce a cada ano, fazendo com que as empresas de sementes tomem caminhos mais rápidos nos procedimentos de seleção dentro do programa de melhoramento genético. A obtenção de progressos genéticos em um programa de melhoramento de milho podem ser alcançados através da busca por populações com maior frequência de locos em heterozigose para os caracteres de interesse, vindo a incrementar a probabilidade de obter linhagens promissoras (LIMA et al., 2000).

Conforme Carvalho (2018), a obtenção de ganho genético no melhoramento do milho depende da escolha eficiente da população de melhoramento, a seleção de linhagens



promissoras, os benefícios na obtenção de linhagens puras e os efeitos heteróticos obtidos devido a hibridação de genitores alelicamente distintos.

No programa de híbridos, uma das etapas mais importantes e difíceis é a avaliação de linhagens com base no seu comportamento em combinações híbridas. Dentro das técnicas empregues nos programas de melhoramento, destaca-se a avaliação em menor tempo, utilizando top cross, em cruzamento de linhagens endogâmicas com um testador comum de base genética ampla, para revelar quais linhagens proporcionaram maior heterose nas progênes, para avaliação da capacidade geral de combinação, ou base restrita, para avaliação da capacidade específica de combinação (MIRANDA FILHO; VIEGAS, 1987; SAWAZAKI et al, 2000).

O objetivo deste trabalho foi avaliar um ensaio de top cross com a finalidade de identificar as melhores linhagens endogâmicas S6 de milho que atendam ao ideótipo agrônômico.

## **METODOLOGIA**

O experimento foi conduzido no ano de 2018 em Campos Borges – RS localizando nas coordenadas 27°52'16"S e 54°28'55"O, com altitude de 406 metros em Latossolo vermelho – escuro (EMBRAPA, 2006). O clima do local é caracterizado por Köppen como Cfa subtropical (MORENO, 1961).

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com 11 genótipos de milho em seis repetições, sendo o CD308 como genitor paterno (híbrido testador), cinco linhagens endogâmicas S6 (L225, L258, L262, L265 e L389) como genitores maternos e cinco progênes obtidas no cruzamento Top Cross.

As variáveis mensuradas foram altura da planta (AP, cm), altura de inserção da espiga (AE, cm), comprimento da espiga (CE, cm), diâmetro da espiga (DE, mm), massa da espiga (ME, g), número de fileiras de grãos da espiga (NF, unidades), número de grãos por fileira da espiga (NGF, unidades), massa de grãos da espiga (MGE, g), espessura do grão (EG, mm), largura do grão (LG, mm), comprimento do grão (CG, mm), massa de cem grãos (MCG, g), massa do sabugo (MS, g) e diâmetro do sabugo (DS, mm). Foi realizada análise de variância a 5% de probabilidade, buscando verificar as pressuposições, realizou-se o teste de Scott Knott para comparação das médias.



## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Através da análise de agrupamento de médias pelo teste scot-knott (tabela 1) a 5% de significância, observou-se que os caracteres largura do grão, comprimento do grão e massa de cem grãos apresentou maior variabilidade entre os híbridos, para os caracteres altura de inserção da espiga, massa do sabugo e diâmetro do sabugo, a variabilidade foi baixa entre os híbridos. Para massa de grãos por espiga, a progênie H258/CD308 se destacou das demais.

Tabela 1. Agrupamento de média por Scot-Knott

	AE <sup>1</sup>	AP	CE	DE	ME	NF	NGF	MGE	EG	LG	CG	MCG	MS	DS
L225	2	3	3	3	4	4	4	3	2	2	1	3	2	2
L258	1	3	3	4	4	4	4	3	1	3	5	5	3	3
L262	3	4	3	5	4	3	4	3	3	5	6	6	3	3
L265	1	1	2	1	1	3	3	2	2	1	2	1	1	1
L389	1	1	3	3	3	4	4	3	4	1	4	4	2	3
CD 308	2	2	1	1	1	2	1	1	2	2	3	2	1	1
H225/CD308	1	1	2	1	2	1	3	2	3	4	3	2	1	1
H258/CD308	1	1	2	1	1	3	3	1	3	3	3	4	1	2
H262/CD308	1	2	2	2	2	1	2	2	4	4	4	5	1	1
H265/CD308	1	2	2	1	2	2	3	2	2	2	2	3	2	1
H389/CD308	1	2	2	1	1	1	2	2	3	2	1	3	2	1

<sup>1</sup>Altura de inserção da espiga (AE); altura de planta (AP); comprimento da espiga (CE); diâmetro da espiga (DE); massa da espiga (ME); número de fileiras de grãos da espiga (NF); número de grãos por fileira da espiga (NGF); massa de grãos por espiga (MGE); espessura do grão (EG); largura do grão (LG); comprimento do grão (CG); massa de cem grãos (MCG); massa do sabugo (MS); diâmetro do sabugo (DS).

Para os caracteres número de fileiras de grãos da espiga, altura de inserção da espiga e diâmetro do sabugo, os cruzamentos evidenciaram heterose para todas as linhagens endogâmicas S6, com incremento médio de 24,97%, 20,12% e 8,57% nas progênies meio-irmãos, respectivamente.

A linhagem L258, quando utilizada no cruzamento como genitor materno, proporcionou um aumento significativo para massa de grãos da espiga, massa da espiga e diâmetro do sabugo em 77,32%, 54,83% e 46,57%, respectivamente, além de apresentar incremento de 19,26% para comprimento da espiga, 18,36% para altura de inserção da espiga, 16,65% para altura de planta, 15,41% para diâmetro da espiga, 8,52% para comprimento do grão e 5,30% para massa de cem



grãos, destacando-se como um excelente genitor materno para seguir em cruzamentos para obtenção de híbridos.

Visando os componentes de produtividade de grãos na espiga do milho, a linhagem L389 apresentou maior heterose para comprimento do grão, massa de grãos por espiga, número de grãos por fileira da espiga e número de fileiras de grãos da espiga, além de apresentar maior diâmetro e massa da espiga, que compensam o menor comprimento da espiga, mostrando-se como um genitor materno superior indicado para seguir em cruzamentos nos programas de melhoramento genético para obtenção de híbridos

Tabela 2: Estimativa do percentual de heterose para os caracteres vinculados

	CD 308				
	L225	L258	L262	L265	L389
AE <sup>1</sup>	24.60	18.36	50.20	2.93	4.45
AP	15.47	16.65	26.57	-6.88	-7.42
CE	1.31	19.26	-3.05	-8.74	-2.17
DE	10.20	15.41	7.84	-4.80	12.78
ME	1.60	54.83	-6.40	-26.17	10.87
NF	45.33	5.35	29.86	13.90	30.22
NGF	5.78	-2.32	23.10	-13.50	24.88
MGE	24.70	77.32	0.70	-24.40	18.90
EG	-3.22	-11.51	-8.57	1.26	0.23
LG	-8.07	-0.83	-0.40	-5.23	-3.71
CG	-5.77	8.52	14.23	5.47	18.40
MCG	2.30	5.30	1.40	-7.25	2.44
MS	36.03	46.57	25.60	-35.30	-21.16
DS	14.51	1.04	13.26	3.60	10.46

<sup>1</sup>altura de inserção da espiga (AE); altura de planta (AP); comprimento da espiga (CE); diâmetro da espiga (DE); massa da espiga (ME); número de fileiras de grãos da espiga (NF); número de grãos por fileira da espiga (NGF); massa de grãos por espiga (MGE); espessura do grão (EG); largura do grão (LG); comprimento do grão (CG); massa de cem grãos (MCG); massa do sabugo (MS); diâmetro do sabugo (DS).

Para Possamai et al. (2001), plantas mais altas e com inserção de espigas superiores apresentam vantagens na colheita, reduzindo perdas e aumentando a pureza dos grãos na colheita mecanizada.

Quando analisadas a heterose da variável largura do grão, não houve incremento desse caractere, independente da linhagem endogâmica S6 utilizada no cruzamento Top Cross.



## CONSIDERAÇÕES FINAIS

O uso de cruzamentos Top-Cross em linhagens endogâmicas S6 de milho auxiliam na avaliação das linhas que apresentam heterose nas progênes. Destacando-se para possíveis cruzamentos futuros e até obtenção de híbridos com superioridade na produção de grãos.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CARVALHO, I.R. **MELHORAMENTO GENÉTICO E BIOMETRIA APLICADA A PRODUTIVIDADE E BIOFORTIFICAÇÃO DE GRÃOS DE MILHO**. 2018,160. Tese (Programa De Pós-Graduação em Agronomia) – Universidade Federal de Pelotas, Pelotas/RS.
- EMBRAPA, **Centro Nacional de Pesquisa de Solos - Sistema brasileiro de classificação de solos**. 2.ed. Rio de Janeiro: Embrapa, 2006. 306p.
- LIMA, M. W. P.; SOUZA, E. A.; RAMALHO, M. A. P. Procedimento para escolha de populações de milho promissoras para extração de linhagens. **Bragantia**, v.59, n.2, p.153-158, 2000.
- MIRANDA FILHO, J. B.; VIÉGAS, G. P. Milho híbrido. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargil, 1987. cap. 7, p. 277-340.
- MORENO, J. A. **Clima do Rio Grande do Sul**. 1.ed. Porto Alegre: Secretaria da Agricultura, 1961, 124p.
- POSSAMAI, J.M. et al. **Sistemas de preparo do solo para o cultivo do milho safrinha**. **Bragantia**, v.60, n.2, p.79-82, 2001
- SAWAZAKI, E. et al. Potencial de linhagens de populações locais de milho pipoca para síntese de híbridos. **Bragantia**, v. 59, n. 02, p. 143-151, 2000.