

DESEMPENHO DE HÍBRIDOS SIMPLES COMO TESTADORES DE LINHAGENS DE MILHO EM *TOP CROSSES*¹

Pedro Luiz Nurmberg²
João Cândido de Souza³
Pedro Hélio Estevam Ribeiro⁴

RESUMO

O presente trabalho foi realizado com o objetivo de comparar três híbridos simples como testadores de linhagens de milho. Foram utilizadas 61 linhagens endogâmicas provenientes do CIMMYT (México) em cruzamento *top cross* com três híbridos simples comerciais (AG9012, C333 B e Z8392). Os híbridos *top crosses* de cada testador foram avaliados em três locais: Boa Vista, RR; Lavras, MG; e Lambari, MG. Os experimentos foram instalados, utilizando-se o delineamento em látice simples 8 x 8. Como testemunhas foram utilizados os híbridos simples AG9012, C333 B e Z8392. A análise da variância conjunta, realizada com as médias ajustadas provenientes das análises individuais, indicou a existência de diferenças significativas para praticamente todas as fontes de variação. O desempenho médio dos *top crosses* variou de acordo com o testador utilizado, sendo a maior média observada com o testador C333B. A produtividade média das testemunhas foi cerca de 15% superior ao desempenho dos *top crosses*. A interação *top crosses* x testadores foi significativa, indicando que os testadores diferem quanto à capacidade de discriminação das linhagens sob avaliação. A existência de variabilidade genética entre testadores e entre linhagens foi detectada pela análise de variância e confirmada pela análise do dialelo parcial. Houve predominância da capacidade geral de combinação sobre a capacidade específica de combinação, podendo-se inferir que a maioria dos locos dos testadores deve estar em heterozigose. Assim, é possível, a partir do comportamento dos híbridos *top crosses*, inferir a respeito do desempenho das linhagens *per se*. Apesar de as interações *top crosses* x testadores e *top crosses* x locais terem sido significativas a herdabilidade na maioria dos casos foi expressiva, sendo em alguns casos, superior à herdabilidade estimada para o

¹ Aceito para publicação em 27.10.2000.

² Estudante Pós-Graduação DBI/UFLA. Cx. P. 37. 37200-000 Lavras, MG.

³ DBI/UFLA. Cx. P. 37. 37200-000 Lavras, MG. E-mail: cansouza@ufla.br

⁴ Embrapa. Cx. P. 133. 69301-9970 Boa Vista, RR. E-mail: pestevam@cpafrr.embrapa.br

próprio local, evidenciando que, independentemente da interação, algumas linhagens sobressaíram em todas as situações. De acordo com as estimativas de herdabilidade, capacidade geral de combinação e o desempenho dos híbridos *top crosses*, o híbrido simples C333B foi mais eficiente na discriminação das linhagens.

Palavras-chaves: *Zea mays*, melhoramento, capacidade geral e específica de combinação.

ABSTRACT

PERFORMANCE OF SINGLE CROSS HYBRIDS AS TESTERS OF MAIZE LINES IN TOP CROSSES

The objective of this study was to compare three maize single cross hybrids as inbred line testers. Sixty one inbred lines from CIMMYT (Mexico) were used in top cross with three commercial single cross hybrids (AG9012, C333B and Z8392), and evaluated in three different environments: Boa Vista (RR), Lavras (MG) and Lambari (MG). The experiments were conducted in a single 8 x 8 lattice design, using the single cross hybrids (AG9012, C333B and Z8392) as checkers. Significant differences for all sources of variation were found, and a combined analysis of variance was done with the adjusted means obtained from the individual analysis. The average performance varied according to the tester used and was greater for tester C333 B. The mean grain yield of the checks was 15% superior than the top crosses. The top crosses x testers interaction was significant indicating that the testers differ in their ability to discriminate the inbred lines. The occurrence of genetic variability between testers and between lines was detected by variance analysis and was confirmed by partial diallel analysis. General combining ability predominated over the specific combining ability, making possible to deduce that most of the loci in the testers are in heterozygosis. Thus, it is possible to information the performance of the lines considering the top cross obtain means. Even though the top cross x tester and top cross x environment interactions were significant, the realized heritability was expressive in most cases. In some cases it was superior to the heritability estimated for the environment itself. According to the estimates of heritability, general combining ability and the performance of top crosses, the single cross hybrid tester C333B was the most efficient in discriminating the yield capacity of the lines.

Key words: *Zea mays*, breeding, general and specific combining ability.

INTRODUÇÃO

O desenvolvimento do milho híbrido tem sido um dos fatores responsáveis pelo aumento na produção mundial de alimentos, principalmente nas últimas décadas. Essa contribuição é verificada em todo o mundo, principalmente no Brasil, onde a produtividade média vem aumentando continuamente em decorrência da utilização de cultivares superiores.

Na obtenção de um cultivar híbrido existem algumas etapas a serem cumpridas. A primeira delas é a escolha da população para a extração de linhagens; a segunda consiste na autofecundação dessa população até

atingir a homozigose; e a terceira é a avaliação das linhagens obtidas em combinações híbridas.

Dessas etapas, a mais trabalhosa e que exige maior dedicação é a avaliação da capacidade combinatória das linhagens. Essa avaliação é normalmente realizada por meio de um testador (2, 3, 6), obtendo-se *top crosses* para serem avaliados em experimentos com repetições. Esse método tem por objetivo avaliar o mérito relativo das linhagens em cruzamentos com o testador, eliminando as de desempenho inferior, tornando mais racional e eficiente o programa de melhoramento.

Entre as inúmeras decisões a serem tomadas por ocasião da obtenção dos *top crosses* está a escolha do testador apropriado. Há na literatura, fundamentos teóricos que possibilitam promover essa escolha (15). Entretanto, essa fundamentação teórica tem como princípio a frequência alélica no testador e o tipo de ação gênica. Principalmente a primeira informação é, na maioria das vezes, impossível de ser obtida na prática. Por essa razão, na grande maioria dos casos, na escolha dos testadores, os melhoristas utilizam processos empíricos, sobretudo baseados na experiência de avaliações anteriores ou na necessidade de identificar linhagens para combinações específicas com dada população.

Há na literatura inúmeros relatos de trabalhos comparando testadores (5, 7). Contudo, são escassos os casos em que são utilizados híbridos simples com essa finalidade. O uso de híbrido simples tem como vantagem a possibilidade de se identificar linhagens superiores para obtenção de híbridos triplos e também pelo fato de que, dado loco (B), o alelo B pode assumir apenas as frequências de 1 quando for BB, $\frac{1}{2}$ quando for Bb ou 0 quando for bb. Assim, quando forem comparados dois ou mais híbridos simples como testadores, pode-se fazer inferência sobre a predominância de um dado tipo de loco, ou seja, BB, Bb ou bb.

O presente trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar o desempenho de três híbridos simples comerciais como testadores de linhagens de milho em *top crosses*.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizadas 61 linhagens provenientes do CIMMYT- México (Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo), em cruzamento *top cross* com três híbridos simples comerciais (AG9012, C333B, Z8392). Foi realizado o cruzamento entre os três testadores e as 61 linhagens endogâmicas, num esquema dialélico parcial, de modo que todas as linhagens foram polinizadas com os diferentes testadores. Os cruzamentos foram efetuados manualmente, utilizando-se as linhagens endogâmicas como genitor feminino, em área experimental do Departamento de Biologia da UFLA, durante a safra do ano agrícola 98/99.

As avaliações dos *top crosses* foram realizadas durante a safra agrícola do ano 1999/2000 em três locais: Boa Vista, RR; Lavras, MG; e

Lambari, MG. Boa Vista está localizada a 02°54' N de latitude, 60°42' W de longitude e a 92 m de altitude. Lavras está situada a 21°14' S de latitude, 40°17' W de longitude e 919 m de altitude. As coordenadas de Lambari são 21°58' de latitude, 45°22' W de longitude e 916 metros de altitude.

Foram conduzidos em cada local três experimentos distintos, um para cada testador. O delineamento utilizado foi um látice 8 x 8, com duas repetições. Os tratamentos consistiram dos 61 *top crosses* mais três testemunhas, os híbridos simples AG9012, C333B e Z8392.

Os experimentos conduzidos em Lavras e Lambari foram instalados durante a primeira quinzena do mês de outubro de 1999 e em Boa Vista, no mês de maio desse mesmo ano. A parcela constou de uma única linha de três metros de comprimento. A adubação de semeadura foi realizada de acordo com a análise de solo, e em cobertura foram aplicados 80 kg/ha de N, aos 25 dias após a emergência das plântulas (DAE). Foi utilizado o espaçamento de 0,90 m entre as linhas, semeando-se 10 sementes por metro, objetivando deixar cinco plantas por metro no desbaste, o qual foi efetuado cerca de 25 DAE, coincidindo com a época da adubação nitrogenada em cobertura. Os tratos culturais realizados foram os normalmente recomendados para a cultura em cada região.

Os dados referentes ao peso de espigas despalhadas (t/ha) foram corrigidos para a umidade padrão de 13%, antes de serem submetidos à análise da variância.

Realizou-se inicialmente a análise da variância individual de cada testador e local. Com as médias ajustadas provenientes das análises individuais, foram realizadas as análises da variância combinada para cada local, da variância conjunta para cada testador e conjunta, considerando os três testadores e os três locais simultaneamente.

A partir das covariâncias entre as médias dos 61 *top crosses* dos diferentes testadores e locais, foram obtidas as estimativas da variância genética e da herdabilidade.

Obtiveram-se também os limites inferior e superior (intervalo de confiança) das estimativas de herdabilidade (h^2), conforme as expressões apresentadas por Knapp et al. (10).

Os valores de herdabilidade realizada (%) foram obtidos pela

expressão
$$h_r = \left(\frac{ds_2 / \overline{m_2}}{ds_1 / \overline{m_1}} \right) 100;$$

em que

ds_1 é o diferencial de seleção dos *top crosses* selecionados no ambiente 1 (ambiente ou local);

ds_2 é o diferencial de seleção dos *top crosses* selecionados no ambiente 2;

$\overline{m_1}$ é a média geral de todos os *top crosses* no ambiente 1;

\overline{m}_2 é a média dos *top crosses* selecionados no ambiente 2.

A partir das médias ajustadas dos tratamentos por ambiente, realizou-se ainda a análise dialélica conforme metodologia proposta por Griffing em 1956, adaptada por Geraldi e Miranda Filho (8). Foram avaliadas “pq” combinações híbridas, sendo “p” linhagens endogâmicas e “q” testadores.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Por meio da análise da variância conjunta detectaram diferenças significativas em praticamente todas as fontes de variação, exceto as interações *top crosses* x locais/AG9012, locais x testemunhas/testador e local x testemunhas x *top crosses* (Quadro 1).

Os locais em que os experimentos foram conduzidos diferem amplamente quanto às condições ambientais. Boa Vista está localizada na região norte do Brasil, próximo à linha do Equador, com apenas 92 m de altitude. Em consequência, as temperaturas médias são cerca de 10 °C acima das médias dos demais locais; porém, a precipitação média anual é menor. O fato expressivo é que nesse local a cultura do milho é semeada nos meses de maio a junho, ao passo que em Lavras e Lambari a semeadura é feita de outubro a dezembro.

Embora Boa Vista não esteja localizada nas regiões tradicionais de cultivo do milho, o desempenho médio dos *top crosses* nesse ambiente foi superior à média dos demais locais (Quadro 2). Essa superioridade foi mais expressiva em relação aos experimentos de Lambari, atingindo 19%. É preciso salientar que, provavelmente, a razão dessa superioridade seja atribuída ao fato de que, em Boa Vista, os experimentos tenham sido conduzidos em uma área de pivô-central e foram efetuadas irrigações para suprir períodos com deficiência hídrica.

Os testadores utilizados são três híbridos simples, recomendados para a região Sudeste pelo seu elevado potencial produtivo. Esse fato foi confirmado neste trabalho, pois a menor produtividade média desses híbridos, utilizados como testemunha, foi a do Z8392, sendo, porém, superior a 8,0 t/ha de espigas despalhadas (Figura 1).

A existência de diferenças entre os híbridos contribuiu para que se detectasse interação significativa ($p < 0,01$) *top crosses* x testadores. Essa interação mostra que os testadores diferem quanto à capacidade de discriminar as linhagens. As diferenças significativas verificadas entre testadores na avaliação de linhagens e, ou, famílias endogâmicas são freqüentemente relatada na literatura (3, 5, 6).

QUADRO 1 – Análise de variância conjunta dos dados de produção de espigas despalhadas (t/ha), referente aos experimentos de Boa Vista, RR; Lavras, MG; e Lambari, MG

Fonte de variação	G.L.	Soma dos quadrados	Quadrado médio
Rep/locais/testadores	9	5,997	0,396 ^{ns}
Locais	2	538,478	269,478**
Tratamentos	191	1311,828	6,868**
Testadores	2	217,05	108,525**
<i>Top crosses</i>	60	532,954	8,883**
<i>Top crosses</i> x testadores	120	294,74	2,456**
<i>Top cross/AG9012</i>	60	210,36	3,506**
<i>Top cross/C333B</i>	60	340,46	5,674**
<i>Top cross/Z8392</i>	60	276,86	4,614**
Entre testemunhas	2	118,504	59,252**
Testemunha/testadores	6	42,78	7,13**
Testemunha vs <i>top crosses</i>	1	105,80	105,80**
Local x tratamento	382	1149,282	3,008**
Local x testadores	4	185,446	46,361**
Local x <i>top crosses</i>	120	357,93	2,983**
Local x testad. x <i>top crosses</i>	240	547,448	2,281**
Top cross x local/AG9012	120	241,92	2,016 ^{ns}
Top cross x local/C333B	120	396,74	3,306**
Top cross x local/Z8392	120	266,70	2,222*
Local x testemunha	4	34,986	8,746**
Local x testem./testador	12	17,032	1,419 ^{ns}
Local x testem. vs <i>top crosses</i>	1	6,440	6,440 ^{ns}
Erro médio	483	811,44	1,68
CVe(%)			14,07

*, ** significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

QUADRO 2 – Estimativas de variância genética (σ^2_G), herdabilidade (h^2) e médias da produção de espigas despalhadas (t/ha) relativas à avaliação das 61 linhagens em cruzamento com três testadores em três locais

Efeito	Var. genét. linhagens	Herdabilidade			
		LI (%)	h^2 (%)	LS (%)	Média (t/ha)
Linhagens independ. do testador e do local	$\hat{\sigma}^2_{P=0,3278}$	46,91	66,42	78,05	9,209
Linhagens independ. do testador/Boa Vista	$\hat{\sigma}^2_{P1=0,3008}$	22,59	50,20	68,00	9,903
Linhagens independ. do testador/Lavras	$\hat{\sigma}^2_{P2=0,4648}$	22,06	49,86	67,78	9,303
Linhagens independ. do testador/Lambari	$\hat{\sigma}^2_{P3=0,518}$	30,15	54,91	71,12	8,310
Linhagens independ. do local/AG9012	$\hat{\sigma}^2_{L1=0,250}$	9,08	42,80	62,42	9,302
Linhagens independ. do local/C333B	$\hat{\sigma}^2_{L2=0,388}$	7,81	41,05	61,89	9,611
Linhagens independ. do local/Z8392	$\hat{\sigma}^2_{L3=0,392}$	23,79	50,98	68,49	8,513
Linhagens dentro AG9012 Boa Vista	$\hat{\sigma}^2_{P11=0,237}$	-17,49	30,98	60,05	10,31
Linhagens dentro AG9012 Lavras	$\hat{\sigma}^2_{P12=0,901}$	-30,17	23,53	55,74	9,468
Linhagens dentro AG9012 Lambari	$\hat{\sigma}^2_{P13=0,972}$	-1,69	38,98	63,39	8,349
Linhagens dentro C333B Boa Vista	$\hat{\sigma}^2_{P21=0,378}$	0,67	40,41	64,24	10,187
Linhagens dentro C333B Lavras	$\hat{\sigma}^2_{P22=2,300}$	7,27	44,37	66,62	10,442
Linhagens dentro C333B Lambari	$\hat{\sigma}^2_{P32=0,858}$	10,06	46,04	67,63	8,284
Linhagens dentro Z8392 Boa Vista	$\hat{\sigma}^2_{P31=0,314}$	-8,89	36,03	62,97	9,402
Linhagens dentro Z8392 Lavras	$\hat{\sigma}^2_{P32=1,161}$	0,57	41,60	66,20	8,146
Linhagens dentro Z8392 Lambari	$\hat{\sigma}^2_{P33=1,933}$	24,44	55,62	74,31	8,295

Não há consenso na literatura com relação aos critérios na escolha de um bom testador. Em princípio, o melhor testador é aquele que discrimina corretamente as linhagens sob avaliação. Como medida de discriminação de linhagens, podem-se utilizar as estimativas de variância genética entre os *top crosses*. Verificou-se que essas diferiram amplamente entre os testadores e os locais de avaliação (Quadro 2). Contudo, as comparações dessas estimativas ficam prejudicadas pelos erros que estão associados e pela interferência da produtividade do experimento na

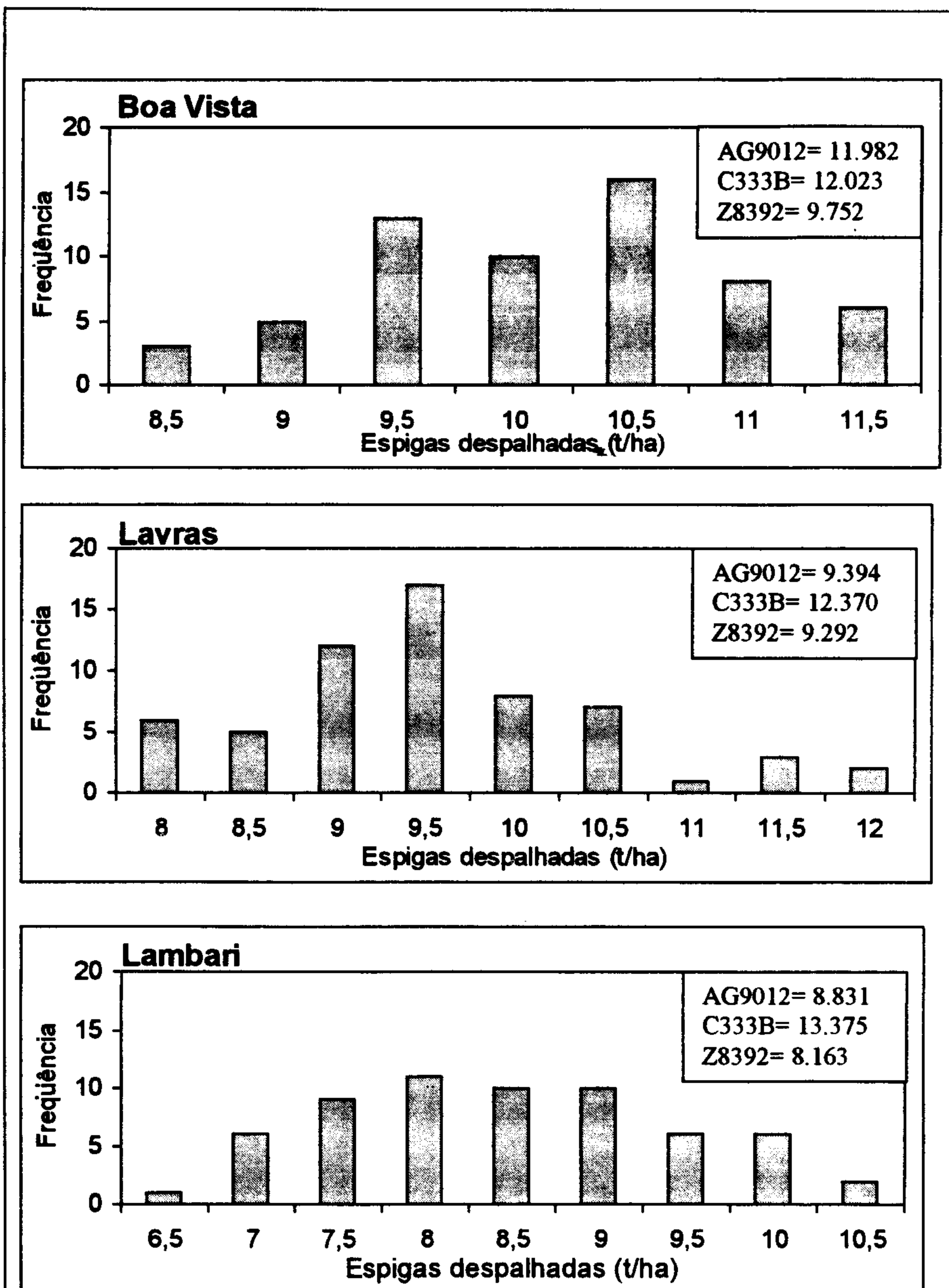


FIGURA 1 – Distribuição de frequência da produção de espigas despalhadas (t/ha) dos *top crosses* na média dos três testadores, em cada local, e produtividade média das testemunhas.

magnitude dessas estimativas. Nessa situação, a estimativa da herdabilidade (h^2) é mais apropriada, pois é comparável em qualquer situação. Se forem consideradas as estimativas de herdabilidade das linhagens por testador na média dos três locais, a variação foi pequena, e todas estão dentro do limite de confiança da estimativa. A partir desse resultado poder-se-ia inferir que os três testadores foram igualmente eficientes em discriminar as linhagens.

Contudo, quando se consideram as estimativas por testador e locais, a variação foi mais expressiva, conforme era previsto, em decorrência da interação significativa *top crosses* x locais x testadores, (Quadro 2). Observa-se que no caso do testador AG9012, o limite inferior da comportamento coincidente nos três locais, o híbrido simples C333B foi o que melhor discriminou as linhagens, embora o Z8392, em Lambari, apresentasse uma estimativa de herdabilidade superior. Tais resultados corroboram as estimativas de capacidade geral de combinação na discriminação dos testadores. Em trabalho comparando testadores, Elias (6) também utilizou a estimativa de herdabilidade para identificar os melhores testadores quanto à capacidade de discriminação. Verificou-se também que as diferenças nas estimativas da herdabilidade foram pequenas.

A estimativa de herdabilidade também auxilia na avaliação da possibilidade de sucesso com a seleção das linhagens. Na média dos nove experimentos, a herdabilidade foi de 66,4%. A comparação de estimativas de herdabilidade com outras obtidas em outros trabalhos é dificultada sobretudo pela diferença no número e tipo de famílias avaliadas. Em trabalho realizado em Lavras utilizando três testadores, Elias (6) obteve valores ligeiramente inferiores aos relatados nesse trabalho (53,5%). Inúmeras estimativas de herdabilidade são encontradas na literatura, porém envolvendo a avaliação de famílias *per se*. No caso da avaliação de famílias de meios-irmãos, também em Lavras, Aguiar (1), Arriel et al. (4) e Pacheco (13) obtiveram estimativas de herdabilidade variando entre 8% e 31%. Já em levantamento realizado por Lamkey e Hallawer (11), a partir de experimentos conduzidos nos Estados Unidos, constatou-se herdabilidade média de 68% quando foram utilizadas famílias de irmãos germanos, 58,5% com meios-irmãos e 78,5 com S_1 ou S_2 .

Outra alternativa metodológica na identificação de testadores é por meio da análise dialélica. Esse procedimento foi utilizado por Castellanos et al. (5) com a mesma finalidade. No presente trabalho, como as linhagens foram cruzadas com os híbridos simples, tem-se um dialelo parcial, em que

as linhagens pertencem ao grupo 1 e os híbridos simples ao grupo 2 (8). Constatou-se que as linhagens diferiram na capacidade geral de combinação, o mesmo ocorrendo com os testadores (Quadro 3). Esses resultados evidenciam que há diferença tanto entre as linhagens quanto entre os híbridos.

Embora a capacidade específica de combinação também tenha sido significativa, 72% da variação entre os *top crosses* foi explicada pela capacidade geral de combinação, indicando que apesar de ocorrer dominância, houve predominância dos efeitos aditivos dos genes. A existência de efeitos aditivos no controle da produtividade de grãos de milho é freqüentemente relatada (9).

A maior estimativa de capacidade geral de combinação entre os testadores foi de 0,4693, observada nos híbridos simples C333B, enquanto em AG9012 e Z8392 foi de 0,1600 e -0,6292, respectivamente. É preciso enfatizar que a interação capacidade geral de combinação x ambientes foi significativa; porém, de modo geral, o C333B destacou-se nos três locais.

Em qualquer híbrido simples são esperadas três categorias de locos: aqueles cujos alelos favoráveis estão em homozigose – portanto fixados com freqüência do alelo favorável $p = 1$; os locos cujos alelos desfavoráveis estão fixados – freqüência do alelo favorável $p = 0$; e o locos em heterozigose, freqüência alélica $p = 1/2$. Assim, quando se utiliza um híbrido simples, pode-se inferir sobre a contribuição de cada um desses tipos de locos, para o testador a partir da expressão da capacidade de combinação apresentada por Vencovsky (15), isto é, $CC = (p_i - p) [\alpha + (1 - 2t)\delta]$. Deve-se observar que, nos locos em que a freqüência alélica do testador é $1/2$ ($t = 1/2$), apenas os efeitos aditivos é que explicam a capacidade combinatória e, na realidade, está sendo medida a diferença entre a freqüência alélica das linhagens e a freqüência alélica da população.

Como houve predominância dos efeitos aditivos na análise dialélica, pode-se inferir que grande parte dos locos dos testadores devem estar em heterozigose. A depressão por endogamia é normalmente observada nos híbridos simples utilizados no Brasil, conforme relatam Lima (12) e Souza Filho et al. (14). Em princípio, pode-se inferir que o híbrido simples C333B, que apresentou o maior valor de capacidade geral de combinação, é provavelmente o que possui maior número de locos em heterozigose.

Nesse contexto, é interessante também comentar que o desempenho de um híbrido depende da contribuição dos locos em homozigose e dos

locos em heterozigose, ou seja, a média do híbrido simples ($H\bar{S}$) é fornecida pela expressão: $H\bar{S} = m + a + d$ (15), em que $m+a$ corresponde ao desempenho médio das linhas *per se* e d , aos efeitos de dominância dos genes. Assim, é importante proceder a avaliação do desempenho das linhagens *per se*. Essa avaliação é dificultada pelo baixo vigor das linhagens, o que reduz a precisão experimental e inviabiliza qualquer

QUADRO 3 – Análise dialélica conjunta dos dados de produção de espigas despalhadas, referente aos experimentos de Boa Vista, Lavras e Lambari

Fonte de variação	G.L.	Quadrados Médios
Ambientes	2	266,281**
Cruzamentos	182	5,838**
CGC 1	60	8,882**
CGC 2	2	117,466**
CEC	120	2,576**
Cruzamento x ambiente	364	2,970**
CGC 1 x ambiente	120	2,982**
CGC 2 x ambiente	4	44,014**
CEC x ambiente	240	2,280**
Resíduo	511	1,678
R ² CGC 1		0,5015
R ² CGC 2		0,2211
R ² CGC 1+2		0,7227
R ² CEC		0,2774

*, ** significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

inferência. Se fosse possível identificar um híbrido simples com todos os locos em heterozigose, esse seria o testador ideal para avaliar o desempenho das linhagens *per se*.

Nos locos do híbrido simples em que a frequência alélica é 1 ou 0, os efeitos de dominância participam da capacidade de combinação. Como a capacidade específica de combinação foi significativa no cruzamento dialélico, isto implica, como era esperado, que os híbridos simples envolvidos possuem não só locos em heterozigose. Quando a frequência alélica do testador é $t = 1$, essa é uma condição desfavorável do testador, pois os efeitos de dominância contribuem para reduzir a estimativa da

capacidade combinatória das linhagens, reduzindo a discriminação. Quando a frequência alélica do testador é 0, ocorre o oposto, o que é uma condição altamente favorável na discriminação das linhagens. Infelizmente, em vista dos resultados já apresentados, não é possível fazer inferência precisa sobre o tipo de loco predominante em cada testador.

Embora as interações testadores *x top crosses* e locais *x top crosses* tenham sido significativas, constatou-se que a herdabilidade realizada na maioria dos casos foi expressiva, chegando inclusive, em alguns casos, a ser superior à herdabilidade estimada para o próprio ambiente (Quadro 4). Em princípio, isso indica que, mesmo ocorrendo interação, algumas linhagens sobressaíram independente do testador e do local de avaliação. O mesmo fato foi constatado no extremo oposto, isto é, algumas linhagens apresentaram baixo desempenho nas diferentes condições.

Foi estimado o diferencial de seleção de cada local e testador, considerando as seis melhores linhagens de cada “ambiente” (Quadro 5). Também foi estimado o diferencial de seleção que seria obtido, considerando as seis melhores linhagens, na média dos três locais e três testadores. Verifica-se que em nenhuma das condições os dois diferenciais de seleção coincidiram, indicando que em nenhuma situação houve concordância nas seis melhores linhagens, o que era esperado, se se considerar a presença de interação.

Contudo, em nenhuma situação o valor do d_s , considerando as seis melhores linhagens na média dos ambientes, seria inferior a 54,8%, o que evidencia que, embora os locais sejam bem contrastantes e os testadores diferentes em potencial produtivo, a seleção na média propiciaria ganhos expressivos em todas as condições. O progresso esperado com a seleção das seis melhores linhagens em todas as condições seria de 10,34% da média geral.

Quando se cruza uma linhagem com um híbrido simples, tem-se um híbrido triplo. Assim, na presente situação têm-se 183 híbridos triplos, sendo possível identificar aqueles que são mais promissores. A produtividade média dos híbridos triplos variou de 6,5 a 12,0 t/ha de espigas despalhadas a (Figura 1). Os seis híbridos triplos mais produtivos são todos derivados do cruzamento das linhagens com o testador C333B. Chama atenção, ainda, o fato de que em três desses seis híbridos triplos mais produtivos, as linhagens genitoras estão entre as melhores quanto à capacidade geral de combinação.

QUADRO 4 – Valores de herdabilidade realizada com a seleção variando testadores 2 a 2 no mesmo local e para o mesmo testador em locais diferentes.

	T	Locais								
		Boa Vista			Lavras			Lambari		
		1	2	3	1	2	3	1	2	3
Boa Vista	1	<u>30,98</u>	19,86	50,27	26,69	45,84	13,52	12,48	7,71	61,20
	2		<u>40,41</u>	-2,39	10,44	46,76	7,42	12,73	24,17	17,79
	3			<u>36,03</u>	16,63	36,38	26,89	15,25	49,34	50,12
Lavras	1				<u>23,53</u>	75,75	59,63	35,86	61,38	77,61
	2					<u>44,37</u>	58,88	48,35	52,83	23,66
	3						<u>41,60</u>	5,74	35,49	64,07
Lambari	1							<u>38,98</u>	84,63	35,14
	2								<u>41,60</u>	63,52
	3									<u>55,62</u>

* Valores sublinhados referem-se à estimativa de h^2 do testador (T) em cada local. Testadores: 1 (AG9012), 2 (C333B) e 3 (Z8392).

QUADRO 5 – Diferencial de seleção (ds) das seis melhores linhagens em cada local e testador, diferencial de seleção das seis melhores linhagens na média geral dos ambientes (ds_1) e porcentagem do diferencial de seleção das seis melhores linhagens na média geral em relação ao diferencial de seleção, considerando cada testador e local

Local	Testador	ds	(ds_1)	ds_1/ds (%)
Boa Vista	AG-9012	1,766	1,248	70,67
	C-333 B	2,087	1,143	54,77
	Z-8392	1,686	0,998	59,19
Lavras	AG-9012	2,043	1,255	61,43
	C-333 B	3,134	2,079	66,34
	Z-8392	2,263	1,978	87,41
Lambari	AG-9012	1,813	1,072	59,13
	C-333 B	2,14	1,699	79,39
	Z-8392	2,191	1,738	79,32

CONCLUSÕES

Com base nas estimativas de herdabilidade (h^2), na capacidade geral de combinação e no desempenho médio dos híbridos *top crosses*, o híbrido simples C333B mostrou-se mais eficiente na discriminação das linhagens.

Embora as interações *top crosses* x locais e *top crosses* x testadores fossem significativas, foi possível identificar linhagens com boa performance em todos os ambientes.

REFERÊNCIAS

1. AGUIAR, P.A. Avaliação de progênies de meios irmão da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambiente. Lavras, ESAL, 1986. 68p. (Dissertação de mestrado).
2. AGUIAR, J.F.M. Avaliação do potencial genético de linhagens endogâmicas e respectivos testadores obtidos de duas populações de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ, 1984. 118p. (Dissertação de mestrado).
3. AGUIAR, J.F.M. Comparação de testadores para avaliação da capacidade de combinação de linhagens de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, ESALQ, 1990. 166p. (Tese de doutorado).
4. ARRIEL, E.F.; PACHECO, C.A.P. & RAMALHO, M.A.P. Avaliação de famílias de meios-irmãos da população de milho CMS-39 em duas densidades de semeadura. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 28: 849-54, 1993.
5. CASTELLANOS, A.R.; HALLAUER, A.R. & CORDOVA, H.S. Relative performance of testers to identify elite lines of corn (*Zea mays* L.). Maydica, 43: 217-26, 1998.
6. ELIAS, H.T. Comparação de testadores na avaliação de famílias S₂ de milho (*Zea mays* L.). Lavras, UFLA, 1997. 61p. (Dissertação de mestrado).
7. GAMA, E.E.G.; MAGNAVACA, R.; PARENTONI, S.N.; PACHECO, C.A.P.; GUIMARÃES, P.E.O. & OLIVEIRA, A.C. Evaluation of maize (*Zea mays* L.) top crosses for their potential use in a breeding program. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 28: 481-7, 1993.
8. GERALDI, I.O. & MIRANDA FILHO, J.B. de. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. Revista Brasileira de Genética, 11: 419-30, 1988.
9. HALLAUER, A. R. & MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative genetics in maize breeding. 2.ed. Ames, Iowa State University, 1988. 468p.
10. KNAPP, S.J.; STOUP, W.W. & ROSS, W.M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis. Crop Science, 25: 192-4, 1985.
11. LAMKEY, K.R. & HALLAUER, A.R. Heritability estimated from recurrent selection experiments in maize. Maydica, 32: 61-78, 1987.
12. LIMA, M.W.P. Alternativa de escolha de populações de milho para extração de linhagens. Lavras, UFLA, 1999. 49p. (Dissertação de mestrado).
13. PACHECO, C. A. P. Avaliação de progênies de meios irmãos da população de milho CMS-39 em diferentes condições de ambiente - 2º ciclo de seleção. Lavras, ESAL, 1987. 109p. (Dissertação de mestrado).
14. SOUZA SOBRINHO, F.; RAMALHO, M.A.P. & SOUZA, J.C. Heterose de alguns híbridos em uso na Região Sudeste. In: Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 22, Recife. 1998, Anais, Recife, ABMS/IAPA/Embrapa Milho e Sorgo, 1998. CD-ROM.
15. VENKOVSKY, R. Herança Quantitativa. In: Paterniani, E. & Viegas, G.P. (eds.). Melhoramento e produção do milho. Campinas, Fundação Cargill, 1987. p.137-214.