Avaliação da capacidade de combinação de famílias \mathbf{S}_2 de milhopipoca por meio de diferentes testadores

Evaluation of the combining ability of S₂ popcorn families using different testers

Rafael Reccanello Barreto¹; Carlos Alberto Scapim^{2*}; Antonio Teixeira do Amaral Júnior³; Marcos de Araújo Rodovalho⁴; Rafael Augusto Vieira⁵; Adilson Ricken Schuelter¹

Resumo

O objetivo deste trabalho foi comparar três testadores para a discriminação e avaliação da capacidade combinatória de 49 famílias S₂, oriundas do híbrido de milho-pipoca IAC 125. As famílias foram avaliadas por seu desempenho *per se* e em seus cruzamentos com os testadores BRS ANGELA, IAC 125 e Linhagem 3.3. O experimento foi conduzido em látice simples, em Maringá, PR, no ano agrícola 2007/2008. Os parâmetros genéticos e fenotípicos de capacidade de expansão e rendimento de grãos foram obtidos e comparados entre si por meio das estimativas procedentes das progênies obtidas, isto é, dos *topcrosses* com cada testador e das famílias S₂ *per se*. As capacidades geral e específica de combinação foram estimadas segundo o modelo de dialelo parcial. Foram avaliadas também as heteroses dos *topcrosses* em relação aos testadores *per se*, a capacidade de discriminação dos testadores comparada por meio do índice de diferenciação e desempenho proposto por Fasoulas (1983). O testador mais adequado para avaliar as famílias S₂, em relação do rendimento de grãos e capacidade de expansão foi a linhagem 3.3.

Palavras-chave: Topcross, dialelo parcial, índice de Fasoulas, comportamento híbrido

Abstract

The objective of this work was to compare three testers for discrimination and evaluation of the combining ability of 49 S₂ families, derived from the *topcross* popcorn hybrid IAC 125. Families were evaluated by their *per se* performance and their crosses with the testers BRS ANGELA, IAC125 and Line 3.3. The experiment was conducted in lattice design, in Maringá, PR, Brazil, during 2007/2008 cropping season. Genetic and phenotypic parameters was estimated for grain yield and popping expansion, and compared using the topcrosses between families and testers and the families *per se*. General and specific combining ability were estimated according the partial diallel model. *Topcrosses* heterosis was also evaluated, and the capacity of discriminating the families was compared among testers using the differential index from Fasoulas (1983). The tester line 3.3 was the most suitable to evaluate the S₂ families in respect to grain yield and popping expansion.

Key words: Topcross, partial diallel, Fasoulas's index, hybrid performance

Pesquisadores da Cooperativa Central de Pesquisa Agrícola, Coodetec, Cascavel, PR. E-mail: rrbarreto@coodetec.com.br; adilson.schuelter@coodetec.com.br

² Prof. do Dept^o de Agronomia, Universidade Estadual de Maringá, UEM. Maringá, PR. E-mail:cascapim@uem.br

³ Prof. da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, UENF, Parque Califórnia, CEP 28012-602, Campos dos Goytacazes, RJ., E-mail: amaraljr@uenf.br

⁴ Doutorando do Programa de Pós-Graduação em Agronomia da UEM, Maringá, PR. E-mail: marcos rodovalho@hotmail.com

⁵ Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Agronomia da UEM, Maringá, PR. E-mail: rfavieira@gmail.com

^{*} Autor para correspondência

Introdução

O sucesso de um programa de melhoramento para obtenção de híbridos de linhagens está na fidedigna identificação das linhagens superiores e na capacidade destas em transmitir características desejáveis aos híbridos (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1988; VENCOVSKY; CRUZ, 1991). Em milho-pipoca, a avaliação de linhagens é recente (LARISH: BREWBAKER 1999; SAWAZAKI et al., 2000; PINTO et al., 2004; VIANA et al., 2007; SCAPIM et al., 2008; ARNHOLD; VIANA; SILVA, 2009). Excetuando-se Larish e Brewbaker (1999), que avaliaram variedades e linhagens de milho-pipoca por meio de análise dialélica, os demais pesquisadores utilizaram os procedimentos de testcrosses para inferir sobre a capacidade combinatória de linhagens.

Existem poucas pesquisas com avaliação de linhagens por meio de *testcrosses*, além da premissa de ocorrência de estreita base genética do milho pipoca (KANTETY et al., 1995), bem como ao fato de que na safra de 2009/2010 apenas três híbridos – Zélia (híbrido triplo), IAC 112 (híbrido simples modificado) e IAC 125 (híbrido triplo) – estiveram disponíveis no mercado nacional, para um país com dimensões continentais como o Brasil, temse, pois, a relevância do uso de testadores para a avaliação da capacidade combinatória de linhagens de milho-pipoca visando à geração de híbridos superiores e com adaptação às variadas condições edafoclimáticas.

A análise comparativa do uso de testadores em relação ao dialelo revela que aqueles são mais simples e rápidos quando se dispõe de um número expressivo de linhagens, minimizando a dificuldade experimental, sem haver perda de informações de inferências de componentes de variância para dialelos parciais (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987; GERALDI; MIRANDA FILHO, 1988; VIANA et al., 2007).

Aparentemente simples, o emprego do método *topcross*, ainda não está totalmente definido,

tendo-se como uma das maiores dificuldades para o melhorista a escolha do testador adequado para o grupo de linhagens que se deseja avaliar (PATERNIANI; MIRANDA FILHO, 1987). Nesse aspecto, Hallauer e Miranda Filho (1988) preceituam os diferentes tipos de testadores: i) de base ampla, quando se utiliza a própria população, em que se obtém estimativas da capacidade geral de combinação, ii) de base estreita, em que são utilizadas linhagens, sendo úteis para estimação da capacidade específica de combinação, iii) testador que não é elite, quando são utilizadas variedades em desuso ou locais, iv) testador elite, quando se utilizam materiais de elevado comportamento, v) testador correlacionado, quando pertence a mesma população ou grupo de genótipos testados, e vi) testador não correlacionado, quando refere-se a população ou grupo diferente.

Smith (1986) comparou o comportamento de linhagens per se e os híbridos topcrosses por meio de simulações computacionais com três diferentes tipos de bases genéticas dos testadores. Mostrou que qualquer que seja o testador utilizado, para caracteres condicionados por um grande número de genes e com dominância completa, as correlações entre o comportamento de linhagens e os topcrosses foram menores que 0,5, ou seja, os comportamentos linhagens expressivos das dependem exclusivamente da seleção do testador que proverá os maiores valores preditos nos híbridos. Uma metodologia importante é o uso dos testadores em dialelo parcial, por prover parâmetros genéticos que favorecem a absoluta identificação de linhagens que devem ser descartadas do programa de geração de híbridos. Todavia, essa alternativa somente é possível quando se utiliza mais de um testador para o mesmo grupo de genótipos.

O objetivo foi comparar três testadores de bases genéticas distintas na discriminação de 49 famílias S₂, oriundas do milho pipoca IAC 125, no intento de identificar o testador ideal para essas famílias.

Material e Métodos

Os híbridos topcrosses de milho pipoca foram obtidos no município de Maringá-PR, na Universidade Estadual de Maringá no ano agrícola 2006/2007. A avaliação destes foi realizada na Fazenda Experimental de Iguatemi-PR, latitude de 23°25'S e longitude de 51°57'W, da mesma instituição, no ano agrícola 2007/2008. Foram utilizadas 49 famílias S, oriundas do híbrido topcross de milho pipoca IAC-125. Os três testadores utilizados foram: a) BRS ANGELA (variedade de polinização aberta desenvolvida pela EMBRAPA-Milho e Sorgo; PACHECO et al., 2000); b) Linhagem S₇ 3.3 (oriunda da população de milho pipoca de grãos amarelos CMS-42) e c) O híbrido topcross IAC 125 (desenvolvido pelo Instituto Agronômico de Campinas – IAC). Essa metodologia seguiu as recomendações de Elias, Carvalho e André (2000).

Os trabalhos foram desenvolvidos em duas etapas: na primeira foram obtidos os híbridos topcrosses em um esquema de dialelo parcial. Foram realizados cruzamentos manuais entre as 49 famílias S_2 e dois testadores, IAC-125 e Linhagem 3.3. Para a obtenção dos híbridos topcrosses do cruzamento das 49 famílias S_2 com o testador BRS ANGELA, foi utilizada a técnica do despendoamento das famílias S_2 , obtendo assim os híbridos topcrosses. Em todos os cruzamentos foram consideradas como genitores femininos as famílias S_2 . Foi utilizada no plantio a proporção de duas fileiras femininas para cada fileira masculina.

A segunda etapa consistiu na avaliação dos híbridos *topcrosses* e das famílias S_2 *per se*. Foram conduzidos quatro experimentos em delineamento experimental látice simples, com duas repetições, três para avaliar os híbridos *topcrosses* provenientes do cruzamento das 49 famílias S_2 com cada um dos testadores, e um para avaliar as 49 famílias S_2 *per se*. Também foram avaliados os testadores como testemunhas adicionais.

Cada unidade experimental foi constituída por

uma fileira de cinco metros, com espacamento de 0,20 m entre as plantas na fileira e 0,90 m entre as fileiras. A área de plantio foi preparada com o auxílio de uma plantadora de sistema de plantio direto para marcar o espaçamento entre fileiras e realizar a adubação de plantio. A semeadura foi realizada manualmente. A adubação, segundo o resultado da análise de solo, foi efetuada no sulco de semeadura, utilizando o equivalente a 350 kg ha⁻¹ da formulação 4-14-8 (N_2 , P_2O_5 , K_2O) + zinco. A adubação nitrogenada em cobertura foi realizada em duas etapas, aos 26 dias após a emergência, utilizando 80 kg ha-1 de nitrogênio na forma de uréia e, aos 43 dias, após a emergência com sulfato de amônio. O controle das ervas daninhas foi efetuado com a aplicação de Atrazina, adicionando-se 0,5% de óleo mineral na dosagem de 1.500 g i.a. ha-1 aos 20 dias, e Paraquat nas entrelinhas, na dosagem de 200 g i.a. ha⁻¹ aos 45 dias após a semeadura.

Foram avaliados rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE). Para RG foi feita a correção para a umidade de 14%. Para a obtenção das estimativas da CE foi utilizado o valor médio de duas amostras de 30 g de grãos de cada parcela, as quais foram expandidas com o auxílio de um pipocador elétrico com controle automático de temperatura, desenvolvido pela EMBRAPA-Instrumentação Agropecuária. Cada amostra foi submetida a uma temperatura constante de 280 °C, durante 2 minutos e 10 segundos. O volume da pipoca expandida foi aferido com o auxílio de uma proveta graduada em 2.000 mL.

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2006), utilizando-se o quadrado médio do tratamento ajustado e o quadrado médio do erro efetivo para a aplicação do teste F. Quando necessário, as médias obtidas foram ajustadas, levando-se em consideração a recuperação da informação interblocos. Por meio das médias dos tratamentos ajustados foi realizada a análise em dialelo parcial, utilizando o modelo proposto por Griffing (1956), adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988) aos cruzamentos dialélicos

parciais, em que foram avaliadas pq combinações híbridas sendo p famílias S_2 (Grupo I) e q testadores (Grupo II).

A eficiência dos testadores foi quantificada inicialmente por meio da estimativa do índice de diferenciação (D) proposto por Fasoulas (1983). Este índice corresponde à percentagem de contraste entre duas médias, cuja diferença tenha sido significativa em relação ao total de contrastes possíveis entre duas médias.

A estimativa da heterose relativa de cada híbrido *topcross* foi obtida pela seguinte expressão:

$$h_{ij}(\%) = \frac{\overline{S}ij - \overline{S}j}{\overline{S}j} * 100,$$

em que:

 h_{ij} : heterose do cruzamento da i-ésima família S_2 com o testador 'j';

 \overline{S}_{ij} : média do *topcross* da família 'i' com o *topcross* 'j'; e

 \overline{S}_i : média de cada testador *per se*.

Resultados e Discussão

Os coeficientes de variação (Tabelas 1 e 2) das análises de variâncias dos experimentos em esquema látice para rendimento de grãos ficaram compreendidos dentro dos limites aceitáveis para experimentação agrícola, de acordo com Scapim, Carvalho e Cruz (1995). A capacidade de expansão também apresentou valores aceitáveis para a experimentação agrícola (respectivamente, 12,5% e 13,8%), quando comparada com outros autores (DAROS; AMARAL JÚNIOR; PEREIRA, 2004; FREITAS JÚNIOR et al., 2006; RANGEL et al., 2007; SCAPIM et al., 2010; ARNHOLD; MILANI, 2011).

Em relação aos parâmetros genéticos (Tabela 3), para rendimento de grãos, a maior variância genética ocorreu quando o testador utilizado foi a Linhagem 3.3. Por tratar-se de um testador não-relacionado geneticamente e de base genética estreita, justifica-se a maior ampliação de variabilidade nos híbridos *topcrosses*, que foram superados em aproximadamente cinco vezes pelas estimativas da variância genética expressas nas famílias S₂ *per se*, sobretudo por esses últimos serem materiais aparentados.

Tabela 1. Análises de variância para rendimento de grãos (kg ha⁻¹) e capacidade de expansão (CE, em mL g⁻¹) dos híbridos *topcrosses* oriundos de BRS ANGELA e Linhagem 3.3.

	C 1 -	Quadrados Médios								
Fontes de Variação	Graus de - Liberdade -	BRS ANG	ELA	Linhagen	1 3.3					
	Liberdade -	Rendimento	CE	Rendimento	CE					
Repetições	1	212.596,7	29,5	1.892.910,3	185,8					
Blocos/Repetições (ajustados)	12	1.586.644,6	12,9	909.589,6	40,0					
Tratamentos (ajustados)	48	1.345.997,1**	$15,7^{NS}$	1.953.006,4**	82,9**					
Erro Efetivo	36	474.392,6	12,2	468.391,6	22,8					
Média Geral		3.873,6	32,7	3.339,5	29,6					
Coeficiente de variação (%)		17,7	10,6	20,4	16,1					
Eficiência do Látice (%)		146,8	100,1	114,5	110,6					

^{**} Significativo a 5% de probabilidade, pelo teste F; NS = não significativo em p ≥ 0.05 .

Fonte: Elaboração dos autores.

Tabela 2. Análises de variância para rendimento de grãos (kg ha⁻¹) e capacidade de expansão (CE, em mL g⁻¹) do híbridos *topcrosses* oriundos de IAC 125 e das famílias S, *per se*.

	C1-		Quadrado	os Médios	
Fontes de Variação	Graus de - Liberdade -	IAC 125	1	Famílias	s S,
	Liberdade -	Rendimento	CE	Rendimento	CE
Repetições	1	1.560.569,1	23,2	758.143,0	64,7
Blocos/Repetições (ajustados)	12	357.548,7	27,8	196.156,5	6,0
Tratamentos (ajustados)	48	768.768,6**	22,6**	416.414,0**	35,5**
Erro Efetivo	36	250.971,2	12,2	107.332,6	11,3
Média Geral		2.280,1	33,0	1.097,2	28,9
Coeficiente de variação (%)		21,9	10,5	29,8	11,6
Eficiência do Látice (%)		104,5	122,0	112,1	88,3

^{**} Significativo a 5% de probabilidade, pelo teste F.

Tabela 3. Parâmetros genéticos e fenotípicos para híbridos *topcrosses* com os testadores BRS ANGELA e Linhagem 3.3 para rendimento de grãos (kg ha⁻¹) e capacidade de expansão (CE, em mLg⁻¹)

Da \$ a 4 a a	BRS ANO	GELA	Linhagem 3.3			
Parâmetros	Rendimento	CE 1	Rendimento	CE		
$\hat{\sigma}^2 p$	435.802,2	-	742.307,4	30,0		
$\hat{\sigma}^2 F$	672.998,5	-	976.503,2	41,4		
\hat{h}_i^2	0,65	-	0,76	0,73		
CV _{pi (%)}	17,04	-	25,80	18,52		

¹ Os parâmetros genéticos para CE não foram estimados em razão da não-significância (p ≥ 0,05). $\hat{\sigma}^2_p$ = variância genotípica, $\hat{\sigma}^2_F$ = variância fenotípica, \hat{h}_i^2 = herdabilidade em nível de médias e $\text{CV}_{\text{pi}(\%)}$ = coeficiente de variação genético **Fonte:** Elaboração dos autores.

Assim como para rendimento de grãos, o testador Linhagem 3.3 expressou comportamento similar para capacidade de expansão, uma vez que, também, foi obtida a maior estimativa da variância genética (Tabela 3). No entanto, os híbridos *topcrosses* que revelaram as menores variâncias genéticas para esta característica foram oriundos do cruzamento com o testador IAC 125 (Tabela 4) que é geneticamente relacionado com as famílias S₂, o qual teve sua variância genética superada em aproximadamente seis vezes pelo testador Linhagem 3.3 (Tabela 3). Percebe-se proporcionalidade entre a variância genética dos híbridos *topcrosses* e do testador relacionado IAC 125 com a variância genética das

famílias S_2 *per se*, para rendimento de grãos (Tabela 4). Os híbridos *topcrosses* do testador IAC 125 superaram em aproximadamente uma vez as famílias S_2 *per se*.

Para a capacidade de expansão, as famílias S₂ per se foram superiores em aproximadamente duas vezes a variância genética expressa nos híbridos topcrosses do testador IAC 125 (Tabela 4). Vale ressaltar que as estimativas que envolvem as famílias S₂ per se e o testador IAC 125 estão vinculadas com a variância genética intrapopulacional, por se tratarem de indivíduos oriundos da mesma população (IAC 125).

Tabela 4. Parâmetros genéticos e fenotípicos para híbridos *topcrosses* como o testador IAC 125 e famílias S₂ *per se* para rendimento de grãos (kg ha⁻¹) e capacidade de expansão (CE, em mL g⁻¹).

Da 2 4	BRS ANC	GELA	Linhagem 3.3				
Parâmetros	Rendimento	CE	Rendimento	CE			
$\hat{\sigma}^2 p$	258.898,7	5,2	154.541,0	154.541,0			
$\hat{\sigma}^2 F$	384.384,3	11,3	208.207,4	208.207,4			
$\hat{h_i}^2$	0,67	0,46	0,74	0,74			
CV _{pi}	22,32	6,91	35,83	35,83			

Foi constatado que as estimativas de herdabilidades mantiveram-se, em média, muito próximas independentemente do testador utilizado (Tabelas 3 e 4), excetuando-se o testador BRS ANGELA para capacidade de expansão (Tabela 3), pois este não foi capaz de ampliar a variabilidade genética entre as famílias estudadas.

Pelos resultados obtidos até o momento podese afirmar que a Linhagem 3.3 tende a superar os demais, constituindo-se em possibilidade de estabelecer-se como opção para seleção de linhagens visando à obtenção de híbridos superiores do Programa de Melhoramento de Milho-pipoca da Universidade Estadual de Maringá.

Na análise dialélica de Griffing (1956), adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988) houve efeito significativo das capacidades geral e específica de combinação (Tabela 5). Entre os testadores destaca-se BRS ANGELA para capacidade geral de combinação de rendimento de grãos e IAC 125 para capacidade de expansão.

Tabela 5. Análise do dialelo parcial das médias dos tratamentos de rendimento de grãos (kg ha⁻¹) e capacidade de expansão (CE, em mL g⁻¹) no estudo das capacidades geral e específica de combinação.

FV	GL	QM				
		Rendimento	CE			
Cruzamentos	146	2.220.384,0**	44,8**			
CGC i (famílias)	48	1.781.065,1**	47,6**			
CGC ii (testadores)	2	64.461.500,9**	359,8**			
CEC	96	1.143.353,5**	36,8**			
Resíduo	36	198.959,2	7,8			

^{**} Significativo a 5% de probabilidade, pelo teste F. CGC: capacidade geral de combinação. CEC: capacidade específica de combinação.

Fonte: Elaboração dos autores.

Na Tabela 6, para a variável rendimento de grãos, observa-se que de todos os cruzamentos possíveis os de melhores desempenhos para capacidade específica de combinação em relação à BRS ANGELA foram, hierarquicamente, as famílias 14, 43, 47, 33, 49, 22 e 19. As que se superaram para capacidade específica de combinação com a

Linhagem 3.3, foram em ordem decrescente: 14, 49, 35, 46, 9, 39 e 20. Para o testador IAC 125, as famílias 1, 5, 4, 6, 25, 22 e 36, expressaram, em ordem decrescente, as maiores magnitudes de estimativas da capacidade específica de combinação para rendimento de grãos.

Em relação à capacidade de expansão, entre as famílias S₂ *per se* cruzadas com BRS ANGELA sobressaíram-se para capacidade específica de combinação as progênies 14, 43, 47, 33, 49 e 22, nesta ordem. Hierarquicamente, as famílias 1, 5, 4, 31, 6 e

25 foram as que lograram melhor desempenho para capacidade específica de combinação quando em cruzamento com a Linhagem 3.3. Por sua vez, para o testador IAC 125, as famílias que expressaram melhor capacidade combinatória em ordem decrescente foram: 14, 49, 35, 46, 9 e 39 (Tabela 7).

Tabela 6. Estimativas das médias e da capacidade específica de combinação (\hat{S}_{ij}) para 49 famílias S_2 x testadores (BRS ANGELA, IAC 125 e Linhagem 3.3) quanto ao rendimento de grãos (kg ha⁻¹) com base no modelo de Griffing (1956) adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988).

	BR	S ANGELA				IAC 125			L	inhagem 3.3	
Ordem	S ₂	Rendimento	\hat{S}_{ij}	Ordem	S ₂	Rendimento	\hat{S}_{ii}	Ordem	S ₂	Rendimento	\hat{S}_{ij}
48°	1	3012	-0,72	5°	1	1930	-6,39	23°	1	2536	7,11
35°	2	2102	-0,70	7°	2	1847	0,49	39°	2	3200	0,21
47°	3	3508	2,06	14°	3	2700	-2,05	48°	3	3461	-0,01
21°	4	4092	-2,30	6°	4	2608	-3,61	31°	4	2970	5,91
32°	5	3131	-3,30	41°	5	3306	-3,40	35°	5	3986	6,70
39°	6	2913	-3,34	23°	6	3047	-1,54	40°	6	4050	4,88
22°	7	3962	-0,89	43°	7	3298	2,77	41°	7	2502	-1,88
20°	8	3024	0,66	10°	8	2245	-2,71	46°	8	3176	2,06
41°	9	2920	-2,15	9°	9	2951	4,91	17°	9	3882	-2,76
44°	10	3530	-0,56	11°	10	2963	-1,29	5°	10	3879	1,84
28°	11	4012	-4,03	34°	11	2948	3,70	19°	11	3395	0,32
26°	12	3236	-2,04	35°	12	2430	1,92	20°	12	3596	0,11
46°	13	2356	-2,35	26°	13	2172	-0,83	9°	13	3309	3,19
45°	14	4214	5,82	28°	14	3120	7,70	10°	14	2892	-13,52
19°	15	3748	-1,01	31°	15	1426	-2,46	37°	15	2979	3,47
14°	16	3308	-0,54	48°	16	1678	-0,22	44°	16	2885	0,76
24°	17	2693	1,61	3°	17	1925	4,14	32°	17	4037	-5,74
42°	18	3786	-1,14	36°	18	1570	2,02	33°	18	2148	-0,88
34°	19	4259	2,18	4°	19	0896	0,23	21°	19	3888	-2,41
23°	20	4643	-6,14	46°	20	1648	3,98	12°	20	3882	2,16
4°	21	5296	1,76	49°	21	2020	2,73	29°	21	3669	-4,49
11°	22	4865	2,31	22°	22	2451	-6,93	3°	22	2806	4,61
31°	23	4124	0,18	12°	23	2966	1,20	11°	23	6093	-1,38
7°	24	4187	1,60	42°	24	1421	-5,50	26°	24	1513	3,90
49°	25	2934	-1,09	33°	25	2292	-3,57	13°	25	3118	4,66
33°	26	4356	0,24	25°	26	2820	-2,35	42°	26	3310	2,11
43°	27	3776	0,25	8°	27	1135	1,40	28°	27	2946	-1,65
18°	28	4471	-1,63	39°	28	2811	-0,79	2°	28	3237	2,42
27°	29	3247	1,42	13°	29	2023	-1,70	8°	29	3476	0,28
15°	30	3065	-3,33	29°	30	1628	-0,69	49°	30	2197	4,02
10°	31	4005	0,21	21°	31	2785	-5,45	25°	31	4742	5,24
3°	32	5197	-3,04	45°	32	1600	0,60	34°	32	3711	2,44
36°	33	3808	3,34	1°	33	2370	1,04	15°	33	3708	-4,38
16°	34	4169	-2,59	17°	34	2849	-0,66	4°	34	3064	3,25
38°	35	5445	1,31	2°	35	2832	5,26	27°	35	4519	-6,57

continua	ação										
29°	36	3344	-1,21	44°	36	2640	-3,00	14°	36	2837	4,22
12°	37	3224	1,09	47°	37	1542	-0,43	16°	37	3775	-0,66
37°	38	3286	-0,37	16°	38	1424	-1,86	43°	38	2745	2,23
5°	39	5059	2,16	20°	39	2180	4,81	36°	39	5427	-6,96
30°	40	2936	-0,40	30°	40	1429	-2,37	22°	40	4393	2,77
8°	41	4630	1,83	32°	41	2984	1,93	38°	41	4245	-3,76
1°	42	4177	0,67	18°	42	2406	-2,20	1°	42	3255	1,53
40°	43	3791	4,65	37°	43	2964	-5,03	7°	43	2843	0,38
25°	44	4488	0,29	40°	44	1837	3,04	30°	44	3763	-3,33
9°	45	4322	1,61	15°	45	1936	-3,11	18°	45	1230	1,50
6°	46	4341	0,31	38°	46	2574	5,22	47°	46	4041	-5,52
17°	47	5387	3,35	24°	47	1821	1,99	24°	47	2095	-5,34
13°	48	5475	0,81	27°	48	2714	1,84	45°	48	4752	-2,66
_2°	49	3954	3,16	19°	49	2568	7,21	6°	49	3118	-10,36

Tabela 7. Estimativas das médias e da capacidade específica de combinação (\hat{S}_{ij}) para 49 famílias S_2 x testadores (BRS ANGELA, IAC 125 e Linhagem 3.3) quanto à capacidade de expansão-CE (mL g⁻¹) com base no modelo de Griffing (1956) adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988).

	BRS A	ANGELA			IA	C 125			Linh	agem 3.3	
Ordem	\mathbf{S}_{2}	CE	\hat{S}_{ij}	Ordem	S_2	CE	\hat{S}_{ij}	Ordem	S_2	CE	$\hat{S}_{_{ij}}$
37°	1	31,60	-0,72	20°	1	26,21	-6,39	5°	1	36,26	7,11
47°	2	33,47	-0,70	32°	2	34,94	0,49	6°	2	31,21	0,21
29°	3	32,92	2,06	17°	3	29,09	-2,05	25°	3	27,67	-0,01
43°	4	28,51	-2,30	49°	4	27,47	-3,61	30°	4	33,54	5,91
24°	5	34,27	-3,30	14°	5	34,46	-3,40	32°	5	41,10	6,70
42°	6	33,97	-3,34	18°	6	36,05	-1,54	1°	6	39,02	4,88
19°	7	30,08	-0,89	6°	7	34,02	2,77	24°	7	25,92	-1,88
17°	8	32,42	0,66	30°	8	29,33	-2,71	28°	8	30,65	2,06
25°	9	25,05	-2,15	46°	9	32,38	4,91	31°	9	21,26	-2,76
45°	10	34,66	-0,56	37°	10	34,20	-1,29	34°	10	33,88	1,84
28°	11	26,75	-4,03	28°	11	34,76	3,70	42°	11	27,93	0,32
10°	12	31,17	-2,04	47°	12	35,41	1,92	10°	12	30,15	0,11
16°	13	30,88	-2,35	44°	13	32,67	-0,83	38°	13	33,24	3,19
41°	14	34,32	5,82	12°	14	36,47	7,70	4°	14	11,81	-13,52
32°	15	30,77	-1,01	16°	15	29,60	-2,46	20°	15	32,07	3,47
38°	16	34,56	-0,54	2°	16	35,16	-0,22	40°	16	32,69	0,76
26°	17	35,34	1,61	41°	17	38,14	4,14	13°	17	24,82	-5,74
14°	18	32,93	-1,14	11°	18	36,37	2,02	26°	18	30,02	-0,88
5°	19	36,02	2,18	27°	19	34,35	0,23	36°	19	28,26	-2,41
6°	20	28,39	-6,14	5°	20	38,79	3,98	16°	20	33,51	2,16
2°	21	30,16	1,76	19°	21	31,41	2,73	29°	21	20,74	-4,49
31°	22	32,49	2,31	10°	22	23,53	-6,93	37°	22	31,62	4,61
40°	23	29,12	0,18	7°	23	30,42	1,20	15°	23	24,40	-1,38
27°	24	36,57	1,60	29°	24	29,74	-5,50	22°	24	35,69	3,90

continuaç	ão										
30°	25	35,32	-1,09	34°	25	33,13	-3,57	45°	25	37,90	4,66
18°	26	34,42	0,24	39°	26	32,12	-2,35	2°	26	33,12	2,11
3°	27	33,29	0,25	42°	27	34,71	1,40	8°	27	28,22	-1,65
49°	28	34,73	-1,63	48°	28	35,84	-0,79	12°	28	35,61	2,42
44°	29	36,82	1,42	38°	29	33,98	-1,70	18°	29	32,51	0,28
22°	30	33,12	-3,33	25°	30	36,03	-0,69	43°	30	37,30	4,02
8°	31	33,40	0,21	13°	31	28,02	-5,45	19°	31	35,26	5,24
48°	32	34,49	-3,04	9°	32	38,41	0,60	27°	32	36,80	2,44
33°	33	31,91	3,34	26°	33	29,89	1,04	11°	33	21,02	-4,38
34°	34	31,61	-2,59	40°	34	33,82	-0,66	3°	34	34,28	3,25
1°	35	26,72	1,31	21°	35	30,95	5,26	7°	35	15,67	-6,57
12°	36	30,54	-1,21	35°	36	29,03	-3,00	44°	36	32,80	4,22
13°	37	37,17	1,09	45°	37	35,92	-0,43	41°	37	32,24	-0,66
39°	38	34,45	-0,37	23°	38	33,24	-1,86	48°	38	33,87	2,23
46°	39	30,87	2,16	33°	39	33,79	4,81	47°	39	18,58	-6,96
15°	40	33,30	-0,40	24°	40	31,61	-2,37	17°	40	33,31	2,77
36°	41	34,50	1,83	15°	41	34,88	1,93	23°	41	25,73	-3,76
21°	42	36,27	0,67	8°	42	33,67	-2,20	46°	42	33,95	1,53
7°	43	36,79	4,65	3°	43	27,39	-5,03	9°	43	29,35	0,38
23°	44	32,59	0,29	36°	44	35,61	3,04	33°	44	25,80	-3,33
4°	45	34,87	1,61	31°	45	30,43	-3,11	21°	45	31,59	1,50
20°	46	30,80	0,31	4°	46	35,99	5,22	39°	46	21,80	-5,52
11°	47	36,89	3,35	43°	47	35,81	1,99	49°	47	25,03	-5,34
35°	48	32,26	0,81	1°	48	33,57	1,84	35°	48	25,61	-2,66
9°	49	32,70	3,16	22°	49	37,03	7,21	14°	49	16,01	-10,36

Analisando-se em conjunto as capacidades específicas de combinação para rendimento de grãos e capacidade de expansão das seis famílias com maiores estimativas (Tabelas 6 e 7), percebese que não houve concordância simultânea quanto a superioridade genotípica entre as progênies.

A capacidade de discriminação dos testadores foi avaliado pelo índice discriminatório D, de Fasoulas. Foi possível verificar que o testador que melhor discriminou as famílias S₂ foi a linhagem 3.3, tanto para rendimento de grãos como para capacidade de expansão. Isso reforça a linhagem 3.3 como a testadora ideal para as linhagens S₂.

No que se refere às inferências da heterose, quando as estimativas são obtidas pela diferença entre a média do híbrido *topcross* e a média da família S, *per se* correspondente com posterior

divisão desse desvio pela média da família em estudo, os resultados devem ser analisados com cautela, para evitar que famílias de valor genético inferior expressem heteroses de seus topcrosses. Tais estimativas tornam-se ainda mais irreais para rendimento de grãos, em decorrência da depressão por endogamia. Para exemplificar essa situação, as famílias 1, 14 e 34 exibiram razoáveis estimativas de heteroses em relação às demais, no cruzamento com os três testadores em estudo. Em princípio, poder-se-ia supor tratarem-se de famílias de elevado valor genético; porém isso não se confirma, posto que os rendimentos das respectivas famílias estão entre os valores menos expressivos, com respectivas magnitudes de 313,00; 427,00 e 385,00 kg ha⁻¹ para rendimento de grãos dentre as famílias S, per se estudadas (Tabela 8).

Tabela 8. Estimativas dos percentuais de heterose (h) em relação aos testadores (BRS ANGELA, Linhagem 3.3 e IAC 125) e médias dos híbridos *topcrosses* em cada cruzamento, para rendimento médio de grãos (kg ha⁻¹).

	BRS ANC	GELA	Linhager	n 3.3	IAC 12	25	S,
Famílias	Rendimento	h	Rendimento	h	Rendimento	h	Rendimento
1	3012	-21,6	2536	658,6	1930	-44,4	313
2	2102	-45,3	3200	857,1	1847	-46,8	1181
3	3508	-8,7	3461	935,3	2700	-22,2	1251
4	4092	6,4	2970	788,3	2608	-24,8	1569
5	3131	-18,5	3986	1092,2	3306	-4,7	704
6	2913	-24,2	4050	21,2	3047	-12,2	740
7	3962	3,1	2502	648,5	3298	-4,9	407
8	3024	-21,3	3176	850,0	2245	-35,3	546
9	2920	-24,0	3882	1061,1	2951	-14,9	1457
10	3530	- 8,1	3879	1060,2	2963	-14,6	1936
11	4012	4,3	3395	915,5	2948	-15,0	535
12	3236	-15,8	3596	975,7	2430	-29,9	919
13	2356	-38,7	3309	889,7	2172	-37,4	559
14	4214	9,6	2892	764,9	3120	-10,1	427
15	3748	-2,4	2979	790,9	1426	-58,9	1307
16	3308	-13,9	2885	763,0	1678	-51,6	803
17	2693	-29,9	4037	1107,5	1925	-44,5	1745
18	3786	-1,4	2148	542,6	1570	-54,7	1151
19	4259	10,8	3888	1063,0	0896	-74,1	1495
20	4643	20,8	3882	1061,1	1648	-52,5	1229
21	5296	37,8	3669	997,3	2020	-41,8	1649
22	4865	26,5	2806	739,2	2451	-29,3	1271
23	4124	7,3	6093	1722,5	2966	-14,5	1593
24	4187	8,9	1513	352,6	1421	-59,0	466
25	2934	-23,6	3118	832,5	2292	-33,9	1132
26	4356	13,3	3310	889,9	2820	-18,7	1140
27	3776	-1,7	2946	781,3	1135	-67,3	1051
28	4471	16,3	3237	868,3	2811	-19,0	1027
29	3247	-15,5	3476	939,6	2023	-41,7	1694
30	3065	-20,2	2197	557,2	1628	-53,0	383
31	4005	4,2	4742	1318,3	2785	-19,7	1354
32	5197	35,2	3711	1010,0	1600	-53,9	2058
33	3808	-0,9	3708	1009,1	2370	-31,7	1890
34	4169	8,4	3064	816,5	2849	-17,9	385
35	5445	41,6	4519	1251,6	2832	-18,4	1599
36	3344	-12,9	2837	748,6	2640	-23,9	1314
37	3224	-16,1	3775	1029,1	1542	-55,5	1089
38	3286	-14,4	2745	720,9	1424	-58,9	774
39	5059	31,6	5427	1523,3	2180	-37,1	871
40	2936	-23,6	4393	1214,0	1429	-58,8	1239
41	4630	20,4	4245	1169,5	2984	-14,0	859
42	4177	8,7	3255	873,5	2406	-30,6	1344
43	3791	-1,3	2843	750,4	2964	-14,6	1130
44	4488	16,7	3763	1025,5	1837	-47,0	836
		,		,		,	

continuação

45	4322	12,4	1230	267,8	1936	-44,2	833
46	4341	12,9	4041	1108,6	2574	-25,8	1706
47	5387	40,1	2095	526,6	1821	-47,5	665
48	5475	42,4	4752	1321,3	2714	-21,8	800
49	3954	2,9	3118	832,6	2568	-26,0	1341

Fonte: Elaboração dos autores.

Tabela 9. Estimativa do percentual de heterose (h) em relação aos testadores (BRS ANGELA, Linhagem 33 e IAC 125) e média dos híbridos *topcrosses* em cada cruzamento, para capacidade de expansão (CE, em mL g⁻¹).

Famílias -	BRS A	NGELA	Linha	igem 33	IAC	C 125	S_2	
ramilias -	CE	h	CE	h	CE	h	CE	
1	31,60	-7,3	3626	476	2621	-279	2967	
2	33,47	-1,8	3121	271	3494	-39	3483	
3	32,92	-3,4	2767	126	2909	-200	2284	
4	28,51	-16,3	3354	366	2747	-244	2134	
5	34,27	0,5	4110	673	3446	-52	3350	
6	33,97	-0,3	3902	589	3605	-09	3200	
7	30,08	-11,7	2592	55	3402	-65	2984	
8	32,42	-4,9	3065	248	2933	-193	3534	
9	25,05	-26,5	2126	-134	3238	-109	1617	
10	34,66	1,6	3388	379	3420	-59	3467	
11	26,75	-21,5	2793	137	3476	-44	2817	
12	31,17	-8,5	3015	227	3541	-26	2750	
13	30,88	-9,4	3324	353	3267	-101	2934	
14	34,32	0,6	1181	-519	3647	02	2983	
15	30,77	-9,7	3207	306	2960	-186	3234	
16	34,56	1,3	3269	331	3516	-33	2633	
17	35,34	3,6	2482	10	3814	48	3317	
18	32,93	-3,4	3002	222	3637	-00	2967	
19	36,02	5,6	2826	150	3435	-55	2734	
20	28,39	-16,7	3351	364	3879	66	2950	
21	30,16	-11,5	2074	-155	3141	-136	3100	
22	32,49	-4,7	3162	287	2353	-353	3084	
23	29,12	-14,5	2440	-06	3042	-163	2984	
24	36,57	7,2	3569	453	2974	-182	2134	
25	35,32	3,6	3790	543	3313	-89	2200	
26	34,42	0,9	3312	348	3212	-117	3033	
27	33,29	-2,3	2822	149	3471	-45	2250	
28	34,73	1,8	3561	450	3584	-14	2800	
29	36,82	7,9	3251	324	3398	-66	3300	
30	33,12	-2,8	3730	518	3603	-09	3067	
31	33,40	-2,0	3526	435	2802	-229	3267	
32	34,49	1,1	3680	498	3841	55	2900	
33	31,91	-6,4	2102	-143	2989	-178	2450	
34	31,61	-7,2	3428	395	3382	-70	3000	
35	26,72	-21,6	1567	-361	3095	-149	1850	

continuaçã	ío						
36	30,54	-10,4	3280	335	2903	-202	2950
37	37,17	9,0	3224	313	3592	-12	3517
38	34,45	1,0	3387	379	3324	-86	2917
39	30,87	-9,4	1858	-243	3379	-71	2750
40	33,30	-2,3	3331	356	3161	-131	2650
41	34,50	1,1	2573	47	3488	-41	3100
42	36,27	6,3	3395	382	3367	-74	2884
43	36,79	7,9	2935	195	2739	-247	3050
44	32,59	-4,4	2580	50	3561	-21	3167
45	34,87	2,2	3159	286	3043	-163	3200
46	30,80	-9,6	2180	-112	3599	-10	2900
47	36,89	8,2	2503	19	3581	-15	2700
48	32,26	-5,3	2561	43	3357	-77	3034
49	32,70	-4,0	1601	-347	3703	17	3250

Verificou-se estimativas negativas de heteroses, para o testador IAC 125, para rendimento de grãos (Tabela 8), o que já era esperado, vez que as famílias S₂ em estudo foram extraídas do próprio IAC 125 e, muito provavelmente tiveram rendimentos médios menores em relação ao rendimento médio da genealogia (IAC 125), em decorrência da depressão por endogamia Cabe lembrar que IAC 125 é um híbrido comercial, que expressou rendimento médio de 3471,00 kg ha⁻¹, no ano agrícola 2007/2008, cujo resultado foi obtido de ensaio implementado posteriormente aos experimentos que deram origem ao presente trabalho.

de Estimativas positivas heteroses para rendimento de grãos foram contatadas nos híbridos topcrosses derivados dos testadores BRS ANGELA e Linhagem 33 Em relação a BRS ANGELA, sobressaíram-se as famílias 21, 35, 48 e 39, não apenas por expressarem os valores mais elevados, positivamente, para rendimento de grãos (Tabela 8), mas também por revelarem elevadas magnitudes de capacidades gerais de combinação, sendo que as famílias 35, 48 e 39 compõem o grupo das seis com valores mais elevados para capacidades gerais de combinação.

Fato interessante é que as famílias que destacaram-se em relação ao testador Linhagem

33 foram as que em ordem decrescente, exibiram as maiores magnitudes heteróticas, quais sejam: 23, 39, 48, 31, 35, 40 e 41 (Tabela 8). Ademais, excetuando a família 40, as demais correspondem às seis famílias de maiores expressões quanto a capacidades gerais de combinação, além de deterem satisfatórias médias de rendimento de grãos *per se.*

A maioria das estimativas heteróticas da capacidade de expansão foi negativa para os híbridos *topcrosses* oriundos dos cruzamentos das famílias S₂ com o testador IAC 125 (Tabela 9). Apenas as progênies 14, 17, 20, 32 e 49 exibiram estimativas heteróticas positivas, com o valor mais expressivo para a família 20, com magnitude de 6,61; o que é compreensível, pois o testador IAC 125 foi o deteve maior índice de capacidade de expansão para esta safra (36,38 mL g⁻¹), por conseguinte, dificilmente seria superado por híbridos *topcrosses* oriundos da mesma genealogia.

Estimativas próximas às expressas para o testador IAC 125 foram também reveladas para o testador BRS ANGELA, com a maioria dos valores de heterose sendo negativos; fato esse também já esperado, em decorrência do elevado comportamento dessa variedade oriunda de CMS-43 quanto a expressão da capacidade de expansão, com valor de 34,10 mL g⁻¹ (Tabela 9). Entre os 20 híbridos com

maiores estimativas de heterose para capacidade de expansão oriundos do testador BRS ANGELA, apenas a família 6 conteve heterose negativa, apesar desta família ser a terceira com maior estimativa de capacidade geral de combinação.

Entre os 20 melhores híbridos, estão incluídas cinco famílias com melhores habilidades gerais de combinação para capacidade de expansão, a saber: 25, 28, 32, 5 e 6, e seus híbridos correspondem ao 9°, 11°, 19° e 20° de maiores índices de heterose. Conclui-se que o testador BRS ANGELA produziu bons híbridos para capacidade de expansão com famílias de baixo valor genético.

As maiores estimativas de heterose para capacidade de expansão foram expressas por progênies oriundas de combinação das linhagens com o testador Linhagem 33. A grande maioria das estimativas foi positiva, decorrente do demérito de Linhagem 33 para capacidade de expansão, com média de 24,56 mL g⁻¹, quando em comparação aos demais testadores.

Tomando-se por amostra os 20 melhores híbridos das famílias S_2 cruzadas com o testador Linhagem 33, três híbridos provieram de famílias com capacidades gerais de combinação negativas para capacidade de expansão, quais sejam: 1, 4 e 36. Tais famílias possuem altas capacidades específicas de combinação com o testador em questão e, destas, a 1 e a 4 estão entre as seis com maiores estimativas de capacidades de expansão.

O testador Linhagem 33 teve o mérito de que entre oito melhores híbridos que originou conterem seis famílias de maiores estimativas de capacidades gerais de combinação, quando considerada a heterose em relação ao testador *per se*.

É importante ressaltar que, para além da análise dos níveis de heterose, está a importância das inferências das heranças dos caracteres e o conhecimento da base genética dos testadores Assim, testadores que proporcionam alta heterose para rendimento tendem a ser indesejáveis, pois provavelmente estejam transmitindo genes dominantes ao topcross, capazes de mascarar o mérito das famílias, reduzindo a variabilidade genética. Por outro lado, para capacidade de expansão, a predominância da ação aditiva no controle genético do caráter reduz a importância da natureza do testador - se de base ampla versus restrita, sendo nesse caso mais relevante a frequência de alelos favoráveis com efeito aditivo no genoma do testador. Corrobora essa assertiva pesquisas que revelam a maior influência dos efeitos de dominância para rendimento de grãos e da aditividade para capacidade de expansão (PEREIRA; AMARAL JÚNIOR, 2001; SCAPIM et al., 2002; SIMON et al., 2004; FREITAS JÚNIOR et al., 2006; RANGEL et al., 2007; VIEIRA et al., 2009).

De forma prática, a seleção do melhor testador está relacionada na capacidade deste em produzir bons resultados com as famílias de alto valor genético. Tal atribuição pode ser auferida pela capacidade de combinação das famílias, em que a capacidade geral de combinação seria a de primeiro grau na ordem de importância para seleção do testador, pois esta permite aferir a aditividade existente entre famílias e testadores utilizados.

Com base nessa premissa foram elaboradas as Tabelas 10 e 11, nas quais visualizam-se tanto para rendimento de grãos quanto para capacidade de expansão, o ranqueamento das famílias para capacidade geral de combinação em associação com oito cruzamentos *topcrosses* representantes das maiores médias para rendimento de grãos, em kg ha⁻¹.

Para rendimento de grãos, apenas as famílias S_2 23, 35, 39, 41 e 48 compuseram simultaneamente os oito melhores híbridos com mais de um testador e que sequer uma família S_2 deteve bom desempenho com os testadores BRS ANGELA e IAC 125, concomitantemente (Tabela 10). Dentre as famílias que revelaram bom desempenho com mais de um testador, somente 23 e 41 constam entre as de melhores desempenhos com Linhagem 33 e IAC 125; as demais produziram bons híbridos com BRS ANGELA e Linhagem 33.

Em relação a classificação das seis famílias S_2 com maiores índices de capacidade geral de combinação (Tabela 10), nota-se que apenas a Linhagem 33 originou híbridos com elevado rendimento de grãos, quais sejam: 23, 48, 35, 39, 41 e 31. Destes,

apenas o híbrido 41 foi superado por uma família S_2 que não está entre as seis com maiores índices para capacidade geral de combinação (Tabela 10); o híbrido em questão é derivado do cruzamento da família S_2 40 com a Linhagem 33.

Tabela 10. Ordem classificatória das famílias S_2 com relação aos respectivos valores de capacidade geral de combinação (CGC) e os oito cruzamentos *topcrosses* mais expressivos com os testadores para o caráter rendimento de grãos, em em kg ha⁻¹.

E C	Híbridos topcrosses				
Famílias S ₂	BRS ANGELA	Linhagem 33	IAC125	CGC S	
5			1°		
6			4°		
7			2°		
10			8°		
14			3°		
20	8°				
21	4°				
22	7°				
23		1°	6°	1°	
31		4 °		6°	
32	5°				
35	2°	5°		3°	
39	6°	2 °		4 °	
40		6°			
41		7 °	5°	5°	
43			7°		
46		8°			
47	3°				
48	1°	3°		2 °	

Fonte: Elaboração dos autores.

Tabela 11. Ordem classificatória das famílias S_2 com relação aos respectivos valores de capacidade geral de combinação (CGC) e os sete cruzamentos *topcrosses* mais expressivos com os testadores para o caráter capacidade de expansão, em mL g^{-1} .

Familian C	Híbridos topcrosses			
Famílias S ₂	BRS ANGELA	Linhagem 33	IAC 125	$CGC S_2$
1		6°		
5		1°		1°
6		2 °	7°	3°
14			5°	
17	8°		3°	
18			6°	
19	7°			
20			1°	
24	5°	7°		

continuação				
25		3°		5°
28		8°		6°
29	3°			
30		4 °	8°	4 °
32		5°	2°	2 °
37	1°			
42	6°			
43	4°			
47	2°			
49			4°	

Analisando BRS ANGELA, observa-se que, entre os oito melhores híbridos deste testador, três não são oriundos dos cruzamentos com as famílias S₂ de maiores índices de capacidade geral de combinação São as famílias 20, 21, 22 e 32, as quais possuem baixos índices de capacidade geral de combinação para rendimento de grãos, porém com altas estimativas de capacidade específica de combinação com o testador em tese. Esse testador proporcionou que os híbridos 35, 39 e 48 ficassem nas 3^a, 4^a e 2^a colocações, respectivamente, para os índices de capacidade geral de combinação.

Ainda em relação ao testador BRS ANGELA, é oportuno perceber que o híbrido 41 é de elevado rendimento e apresenta a nona colocação para a capacidade geral de combinação. Em contrapartida os híbridos 23 e 31 da família S₂ ficaram nas 20° e 23° colocações, sendo superados por híbridos como os das famílias S₂ 45, 24 e 19, que detiveram capacidades gerais de combinação negativas, com estimativas respectivas de –668,39; –790,59; e –150,17 Esses resultados podem ser explicados pelos altos índices de capacidades específicas de combinação destas famílias S₂ com BRS ANGELA (Tabela 6).

O testador IAC 125 só foi capaz de produzir bons híbridos com apenas duas das seis famílias de maiores índices de capacidade geral de combinação; as famílias 23 e 41 que se posicionaram em 1° e 5° colocação na ordem de capacidade geral de

combinação (Tabela 10) e corresponderam ao 6° e 5° melhores híbridos para rendimento de grãos, respectivamente, com o mencionado testador (Tabela 6). Os híbridos correspondentes das outras famílias S₂ de elevadas capacidades gerais de combinação – 48, 35, 39 e 31 – foram ranqueados por 2°, 3°, 5° e 6° sítios na classificação e expressaram desempenhos insatisfatórios quando cruzados com o testador IAC 125. As combinações 48 e 31, alocadas em 2° e 6° lugares entre as famílias S₂ de maiores índices de capacidade geral de combinação (Tabela 10), foram, respectivamente, o 16° e 15° híbridos mais produtivos (Tabela 6).

Dentre as famílias com elevadas capacidades gerais de combinação, a que proporcionou híbrido com o menor desempenho com o testador IAC 125 foi a de ordem 39, que correspondeu a 4ª com maior índice de capacidade geral de combinação (Tabela 10) e apenas o 28° híbrido na classificação para rendimento de grãos (Tabela 6). Essa combinação foi superada por híbridos oriundos de famílias S₂ de capacidade geral de combinação baixas para a característica em questão, como por exemplo, as famílias S₂ 36, 12, 25 e 8, com capacidades gerais de combinação de -223,93, -77,02, -383,13 e -349,42, respectivamente.

Dos oito melhores híbridos do testador IAC 125, estão inclusas seis famílias que possuem baixos índices de capacidades gerais de combinação, a saber, 5, 7, 14, 6, 43 e 10, correspondendo ao 1°,

 2° , 3° , 4° , 7° e 8° híbridos de maiores rendimentos de grãos (Tabela 6). A família S_2 6 se destaca por possuir estimativa de capacidade geral de combinação negativa, com valor de -1042,88 As famílias 7 e 14 alocaram-se entre as seis famílias de maiores índices de capacidade específica de combinação com o testador IAC 125, e a família 10, apesar de não estar inclusa entre as seis de maiores índices, apresenta elevada estimativa do índice de capacidade específica de combinação.

Para rendimento de grãos, a análise conjunta do comportamento dos testadores permite concluir que a Linhagem 33 foi a de maior mérito por proporcionar inferências genéticas de maiores classificações para as capacidades gerais de combinação das famílias S₂, hierarquizando as progênies S₂ 23, 39, 48, 31, 35 e 40 com alocações respectivas de 1° a 6° índices de CGC.

Na concepção das oito famílias S₂ que obtiveram os melhores resultados entre os oito melhores híbridos *topcrosses* para cada testador com relação à capacidade de expansão, vê-se na Tabela 11 que a família 24 obteve bons híbridos tanto para o testador BRS ANGELA quanto para a Linhagem 33, com a 5ª colocação para o primeiro e a 7ª para a Linhagem 33 As famílias 6, 30 e 32 originaram bons híbridos com os testadores Linhagem 33 e IAC 125, impetrando classificações respectivas de 2ª e 7ª, 4ª e 8ª, e 5ª e 2ª Apenas a família 17 revelou-se com desempenho que permitisse a classificação simultânea para com BRS ANGELA e IAC 125, disposta com a 8ª e 3ª colocações, respectivamente.

Entre os três testadores, em consonância com o que ocorreu para rendimento de grãos, o testador Linhagem 33 foi o único capaz de classificar entre os seus oito melhores híbridos *topcrosses* seis famílias S₂ com elevados índices de capacidade geral de combinação. Essas famílias foram: 5, 32, 6, 30, 25 e 28 (Tabela 11). Destas, 5, 6 e 25 estão entre as seis de maiores estimativas de capacidade específica de combinação, sendo a 2ª, 5ª e 6ª na ordem de classificação, respectivamente Por sua

vez, as famílias 32, 30 e 28, apesar de não estarem classificadas entre as seis melhores, expressaram estimativas satisfatórias de capacidade específica de combinação (Tabela 7). Das seis famílias com maiores índices de capacidade geral de combinação, apenas o híbrido topcross proveniente do cruzamento do testador Linhagem 33 com a família S, 28, 8° híbrido de maior média de capacidade de expansão (Tabela 7), foi superado por outros híbridos topcrosses, oriundos de famílias de menores índices de capacidade geral de combinação. As famílias que conseguiram este êxito foram a de ordem 1, com capacidade geral de combinação baixa, estimada em -0,46, mas que em contrapartida expressou a maior capacidade específica de combinação com o referido testador; e a família 24, que revelou satisfatórios índices para capacidade geral e específica de combinação (Tabela 7).

O testador BRS ANGELA foi o único que entre os oito melhores híbridos não conteve sequer um híbrido *topcross* oriundo de cruzamento com as seis famílias de elevada capacidade geral de combinação para capacidade de expansão (Tabela 11). Entre os melhores híbridos *topcrosses* do testador BRS ANGELA, se destacam as famílias 17 e 43, com capacidade geral de combinação de 0,95 e -0,64, respectivamente, porém estas contiveram valores expressivos de capacidade específica de combinação com o testador em questão (Tabela 7).

Na composição dos oito melhores híbridos gerados com IAC 125 apenas três famílias foram ranqueadas entre as seis com maior índice para capacidade geral de combinação em relação à capacidade de expansão, a saber: 6, 30 e 32 (Tabela 11), que correspondem aos híbridos posicionados em 7°, 8° e 2° maiores valores de médias (Tabela 7). Entre os melhores híbridos *topcrosses* com o testador IAC 125, se destacaram: i) a família 14, com capacidade geral de combinação negativa, -4,28, entretanto contendo a maior capacidade específica de combinação dentre todas as famílias S₂ com o testador avaliado (Tabela 7); e ii) a família 49 que também apresenta capacidade geral de combinação

negativa para capacidade de expansão, no valor de -3,235, e é a segunda maior para capacidade específica de combinação com o testador IAC 125 (Tabela 7).

Conclusão

O melhor testador na avaliação das 49 famílias S₂ em relação a rendimento de grãos e capacidade de expansão foi a Linhagem 3.3.

Agradecimentos

Ao CNPq e Fundação Araucária pelo suporte financeiro

Referências

ARNHOLD, E.; MILANI, K. F. Rank-ordering coefficients of variation for popping expansion. *Acta Scientiarum-Agronomy*, Maringá, v. 33, n. 3, p. 527-531, 2011.

ARNHOLD, E.; VIANA, J. M. S.; SILVA, R. G. Associação de desempenho entre famílias S₃ e seus híbridos topcross de milho-pipoca. *Revista Ciência Agronômica*, Fortaleza, v. 40, n. 3, p. 396-399, 2009.

CRUZ, C. D. *Programa GENES-Biometria*. Viçosa, MG: UFV, 2006. v. 1, 382 p.

DAROS, M.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G. Recurrent selection in inbred popcorn families. *Scientia Agricola*, Piracicaba, v. 61, n. 6, p. 609-614, 2004.

ELIAS, H. T.; CARVALHO, S. P.; ANDRÉ, C. G. M. Comparação de testadores na avaliação de famílias S₂ de milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 35, n. 6, p. 1135-1142, 2000.

FASOULAS, A. C. Rating cultivars and trials in applied plant breeding. *Euphytica*, Wageninen, v. 32, n. 3, p. 939-943, 1983.

FREITAS JUNIOR, S. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G.; CRUZ, C. D.; SCAPIM, C. A. Capacidade combinatória em milho pipoca por meio de dialelo circulante. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 41, n. 11, p. 1599-1607, 2006.

GERALDI, I. O.; MIRANDA FILHO, J. B. Adapted models forth analysis of combining ability of varieties

in partial diallel crosses. *Brazilian Journal of Genetics*, Ribeirão Preto, v. 11, n. 2, p. 419-430, 1988.

GRIFFING, A. R. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. *Australian Journal of Biological Science*, Melbourne, v. 9, n. 3, p. 463-493, 1956.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames: Iowa State University, 1988.

KANTETY, R. V.; ZENG, X.; BENNETZEN, J.; ZEHR, B. E. Assessment of genetic diversity in dent and popcorn (*Zea mays* L) inbred lines using inter-simple sequence repeat (ISSR) amplification. *Molecular Breeding*, Lleida, v. 1, n. 4, p. 365-373, 1995.

LARISH, L. L. B.; BREWBAKER, J. L. Diallel analyses of temperate and tropical popcorns. *Maydica*, Bergamo, v. 44, n. 1, p. 279-284, 1999.

PACHECO, C. A. P.; GAMA, E. E. G.; PARENTONI, S. N.; SANTOS, M. S.; LOPES, M. A.; FERREIRA, A. S.; FERNANDES, F. T.; GUIMARÃES, P. E. O.; CORREA, L. A.; MEIRELLES, W. F.; FELDMAN, R. O.; MAGNAVACA, R. *BRS Angela*: variedade de milho pipoca Sete Lagoas: EMBRAPA/CNPMS, 2000. p. 1-6. (Comunicado técnico, 27).

PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO J. B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G. P. (Ed.). *Melhoramento e produção do milho*. Campinas: Fundação Cargil, 1987. p. 277-340.

PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T. Estimation of genetic components in popcorn based on nested design. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Londrina, v. 1, n. 1, p. 3-10, 2001.

PINTO, R. J. B.; SCAPIM, C. A.; FERREIRA NETO, A.; PACHECO, C. A. P.; ROYER, M.; PEDRONI, M. V.; SALVADORI, R. K.; SILVA, R. M. Analysis of testers of broad and narrow genetic base for topcrosses in popcorn breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, v. 4, n. 2, p. 152-162, 2004.

RANGEL, R. M.; AMARAL JUNIOR, A. T.; VIANA, A. P.; FREITAS JÚNIOR, S. P.; PEREIRA, M. G. Prediction of popcorn hybrid and composite means. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, v. 7, n. 2, p. 287-295, 2007.

SAWAZAKI, E.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; CASTRO, J. L.; GALLO, P. B.; GALVÃO, J. C. G.; SAES, L. A. Potencial de linhagens locais de milhopipoca para síntese de híbridos. *Bragantia*, Campinas, v. 59, n. 2, p. 143-151, 2000.

- SCAPIM, C. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; VIEIRA, R. A.; MOTERLE, L. M.; TEXERA, L. R.; VIGANÓ, J.; SANDOVAL JÚNIOR, G. B. Novos compostos de milho-pipoca para o Brasil. *Semina: Ciências Agrárias*, Londrina, v. 31, n. 2, p. 321-330, 2010.
- SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 30, n. 5, p. 683-686, 1995.
- SCAPIM, C. A.; PACHECO, C. A. P.; TONET, A.; BRACCINI, A. L.; PINTO, R. J. B. Análise dialélica e heterose de populações de milho pipoca. *Bragantia*, Campinas, v. 61, n. 3, p. 219-230, 2002.
- SCAPIM, C. A.; ROYER, M. R.; PINTO, R. J. B.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; PACHECO, C. A. P.; MOTERLE, L. M. Comparison of testers in the evaluation of combining ability of S₂ families in popcorn. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, Sete Lagoas, v. 7, n. 1, p. 83-91, 2008.

- SIMON, G. A.; SCAPIM, C. A.; PACHECO, C. A. P.; PINTO, R. J. B.; BRACCINI, A. L.; TONET, A. Depressão por endogamia em populações de milho pipoca. *Bragantia*, Campinas, v. 63, n. 1, p. 55-62, 2004.
- SMITH, O. S. Covariance between line per se and testcross performance. *Crop Science*, Madison, v. 26, n. 3, p. 540-543, 1986.
- VENCOVSKY, R.; CRUZ, C. D. Comparação de métodos de correção do rendimento de parcelas com estandes variados I Dados simulados. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 26, n. 5, p. 647-657, 1991.
- VIANA, J. M. S.; CONDÉ, A. B. T.; ALMEIDA, R. V.; SCAPIM, C. A.; VALENTINI, L. Relative importance of per se and topcross performance in the selection of popcorn S3 families. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, v. 7, n. 1, p. 74-81, 2007.
- VIEIRA, R. A.; NETO, I. L. S.; BIGNOTTO, L. S.; CRUZ, C. D.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; SCAPIM, C. A. Heterotic parametrization for economically important traits in popcorn. *Acta Scientiarum Agronomy*, Maringá, v. 31, n. 3, p. 411-419, 2009.