

Avaliação de híbridos duplos de milho obtidos do cruzamento entre híbridos simples de milho do mercado

Yasmin Fernanda Federice^{1*}; Celso Gonçalves de Aguiar¹

¹Curso de Agronomia, Centro Universitário Assis Gurgacz (FAG), Cascavel, Paraná.

¹*yffederice@gmail.com

Resumo: Com a procura de híbridos de milho que visam aumentar a produtividade, o papel do melhorista de planta tem sido de extrema importância no programa de melhoramento genético. Sendo assim o objetivo do presente trabalho foi avaliar a produtividade de híbridos de milho duplo, obtidos a partir do cruzamento dialético de meia tabela de híbridos de milho simples do mercado. Foi avaliado a produtividade em relação aos genitores e os filhos (F_1). O experimento foi desenvolvido na fazenda escola CEDETEC, localizada no Centro Universitário Assis Gurgacz, Cascavel - PR, no período de agosto de 2022, com término em julho de 2023. O delineamento utilizado foi o Delineamento em Blocos Casualizados (DBC), as parcelas foram constituídas por 2 linhas de 5 metros com espaçamento de 0,50 metros e um metro de corredor sendo o experimento composto por 21 tratamentos (6 tratamentos parentais e 15 combinações dos parentais), com duas repetições totalizando 42 unidades experimentais. Os dados foram analisados pelo programa estatístico Assistat e as variáveis analisadas foram: a altura da espiga, número de plantas por parcela, número de plantas acamadas, número de plantas quebradas, número de espigas, peso de mil sementes, e produtividade em kg/ha^{-1} . Para as condições em que os dados foram obtidos as variáveis analisadas não apresentaram diferenças significativas demonstrando a similaridade dos híbridos que estão sendo utilizados no mercado sendo possível explorar novas populações para extração de linhagens para formação de novos híbridos, destaque para os tratamentos T7 (B2418 VYHR x P3310 VYHR), T12 (P3310 VYHR x NK467 VIP3) e T21 (DKB255 PRO3 x AG9035 PRO3), populações que podem ser promissoras para extração de linhagens na formação de novas combinações.



Palavra-Chave: Produtividade; melhoramento; cruzamento; *Zea mays*.

Evaluation of double corn hybrids obtained by crossing simple corn hybrids on the market

Abstract: With the search for corn hybrids that aim to increase productivity, the role of the plant breeder has been extremely important in the genetic improvement program. The aim of this study was to evaluate the productivity of double maize hybrids, which were produced by dialectically crossing half a table of single maize hybrids on the market. Productivity was evaluated in relation to the parents and the offspring (F_1). The experiment was carried out at the CEDETEC school farm, located at the Assis Gurgacz University Center, Cascavel - PR, from August 2022 to July 2023. The design used was the Randomized Block Design (DBC), the plots consisted of 2 rows of 5 meters with a spacing of 0.50 meters and a corridor of one meter. The experiment consisted of 21 treatments (6 parental treatments and 15 combinations of the parents), with three replications totaling 63 experimental units. The data was analyzed using the Assistat statistical program and the variables analyzed were: ear height, number of plants per plot, number of lodged plants, number of broken plants, number of ears, weight of a thousand seeds, and yield in kg/ha^{-1} . For the conditions in which the data was obtained, the variables analyzed did not show significant differences, demonstrating the similarity of the hybrids that are being used on the market, and it is possible to explore new populations for the extraction of strains for the formation of new hybrids, especially treatments T7 (B2418 VYHR x P3310 VYHR), T12 (P3310 VYHR x NK467 VIP3) and T21 (DKB255 PRO3 x AG9035 PRO3), populations that could be promising for the extraction of strains for the formation of new combinations.

Keyword: Productivity; improvement; crossing; *Zea mays*.

Introdução

Hoje em dia, com a procura de variedades de híbridos de milho que visam aumentar a produtividade, o papel do melhorista de planta tem sido de extrema importância no programa de melhoramento genético. Desta forma a decisão do melhorista deve ser a mais assertiva, caso contrário isso implicará na perda de tempo e dos recursos destinados ao melhoramento. Assim, o cruzamento dialético é uma das alternativas mais utilizadas, pois permite obter estimativas de parâmetros úteis na seleção de genitores para hibridação, e ações gênicas responsáveis pela determinação dos caracteres de interesse.

O milho é da espécie *Zea mays L.*, pertencente à família das Poaceae, é cultivada em muitas partes do Mundo como Estados Unidos da América, Índia, Brasil e entre outros (BARROS e CALADO, 2014). A família Poaceae contém cerca de 700 gêneros e 10.000 espécies, sendo que no Brasil ocorrem cerca de 170 gêneros e 1.500 espécies (SOUZA e LORENZI, 2008), e com mais de 150 espécies de milho destinadas ao consumo humano e ração animal (ABIMILHO, 2021).

De acordo com a associação Brasileira dos Produtores de Milho - ABIMILHO (2022) a produção de milho no Brasil na safra de 21/22 foi de 121,7 milhões de toneladas, sendo que 42 milhões de toneladas são voltados à exportação e 1,5 milhões de toneladas para importação, e o restante direcionado a outros usos, como sementes, consumo industrial, humano e animal.

A produção de milho da safra de 20/21 foi de 19.943,6 hectares, já a da safra de 21/22 foi de 21.581,9 hectares, contendo um aumento de área de 8,2% entre uma safra e outra. Com essa estimativa é possível observar que a cultura vem crescendo a cada ano, e dentre as regiões do Brasil o centro-sul é a região que mais contém área de plantio de milho no país, com um total de 17.324,5 hectares (CONAB, 2022).

Com o aumento da demanda da produtividade da cultura do milho, melhoramento de plantas tem um papel fundamental no desenvolvimento da cultura, com o método de cruzamento dialético, é possível estimar a capacidade combinatória entre linhagens endogâmicas, e aferir as ligações diretas e indiretas fenotípicas e genéticas de caracteres morfológicos sobre elementos do rendimento (NARDINO, 2013).

As análises dialéticas representam uma técnica amplamente empregada no campo do melhoramento de milho, abrangendo desde o estudo da capacidade de combinação de genótipos, que varia de linhagens puras até populações geneticamente diversas (BERNINI, 2011). Há uma sólida base teórica para essa abordagem, estabelecida por pesquisadores HAYMAN (1954) e GRIFFING (1956), que definiram os cruzamentos dialéticos como o resultado do cruzamento exclusivo entre linhagens puras.

Um marco significativo na história do melhoramento de plantas é a descoberta do fenômeno da heterose, também conhecido como vigor híbrido (BERNINI, 2011). A nomenclatura "heterose" foi dada por Shull (1948) e se refere ao fenótipo resultante do cruzamento entre duas linhagens endogâmicas distintas, independentemente da base genética. Falconer & Mackay (1996), conceituaram a heterose como o desempenho superior das plantas híbridas F₁ em comparação com a média de seus parentais homozigotos para uma característica específica.

Para explicar a heterose, a hipótese de dominância é mencionada, destacando a ação complementar dos alelos dominantes superiores de múltiplos locos presentes nas linhagens parentais endogâmicas, enquanto os alelos recessivos são considerados prejudiciais para o desempenho dos indivíduos (SHULL, 1909). Esta teoria fornece uma base sólida para compreender o fenômeno da heterose no contexto do melhoramento de milho (BERNINI, 2011).

Assim, o uso de híbridos de milho comercial como fonte de linhagem, é uma opção mais rápida para aquisição de novas combinações de linhagens endogâmicas, contudo é importante efetuar combinações dos materiais que têm maior capacidade de combinação entre si (AGUIAR, 2007). Por isso é essencial que o pesquisador mantenha o foco no desenvolvimento de linhagens para hibridação, já que uma base de material genético muito semelhante pode ocasionar em uma pesquisa fracassada, desta forma comprometendo todo o programa de melhoramento (AGUIAR, 2007).

Diante do exposto o objetivo do presente trabalho foi avaliar as variáveis produtivas dos híbridos de milho duplos, produzidos a partir do cruzamento de híbridos de milho simples comercial, assim fazendo a comparação da produtividade entre genótipos e os F₁.

Material e Métodos

O experimento foi desenvolvido na fazenda escola, localizado no Centro Universitário Assis Gurgacz, Cascavel (PR), cujas coordenadas geográficas são 24°94'01,35" S, 53°51'14,25" O, com 693 m de altitude. O clima da região é temperado mesotérmico e úmido, com temperatura média anual em torno de 21°C, e o solo desta região é classificado como Latossolo Vermelho Distroférrico conforme sistema brasileiro de classificação de solos (EMBRAPA, 2006). O experimento foi instalado em agosto de 2022, com término em julho de 2023.

Para a obtenção dos híbridos duplos, foram utilizados os híbridos da Tabela 1. O primeiro plantio foi realizado no dia 26 de agosto de 2022, onde foram plantadas 4 linhas de cada híbrido, com intervalos de 7 dias entre as linhas para cada híbrido, com o objetivo de obter

sementes suficientes de cada cruzamento para o plantio do campo de experimento F₁. As parcelas foram espaçadas entre si de 0,90 metros entre as linhas, com 5 metro de distância cada linha. Duas sementes foram semeadas por cova, e após a emergência, apenas uma planta foi selecionada.

Tabela 1 - Descrição dos híbridos comerciais utilizados para obtenção de híbridos duplos para o presente experimento.

Tratamentos	Empresa	Híbrido	Trai's
1	BREVANT	B2418 VYHR	VYHR
2	PIONEER	P3310 VYHR	VYHR
3	SYNGENTA	NK467 VIP3	VIP3
4	FORSEED	2B210 PW	PW
5	DEKALB	DKB255 PRO3	PRO3
6	AGROCERES	AG9035 PRO3	PRO3

Fonte: arquivo pessoal, 2022.

Os cruzamentos obtidos foram realizados de acordo com o método tradicional, com a proteção das espigas e do pendão, obtendo três espigas por cruzamentos. Através dos cruzamentos dialéticos, esperava-se obter um total de 15 híbridos duplos. Após a obtenção desses híbridos, foi montado o experimento, reunindo os 15 híbridos duplos e seus respectivos parentais, conforme indicado na Tabela 2.

Tabela 2 - Descrição dos híbridos duplos (H.D) e seus parentais (H.S).

Tratamentos	Combinação	Genótipos	Tipo	Geração
1	Parental	B2418 VYHR	H.S.	F1
2	Parental	P3310 VYHR	H.S.	F1
3	Parental	NK467 VIP3	H.S.	F1
4	Parental	2B210 PW	H.S.	F1
5	Parental	DKB255 PRO3	H.S.	F1
6	Parental	AG9035 PRO3	H.S.	F1
7	1x2	B2418 VYHR / P3310 VYHR	H.D.	F1
8	1x3	B2418 VYHR / NK467 VIP3	H.D.	F1
9	1x4	B2418 VYHR / 2B210 PW	H.D.	F1
10	1x5	B2418 VYHR / DKB255 PRO3	H.D.	F1
11	1x6	B2418 VYHR / AG9035 PRO3	H.D.	F1
12	2x3	P3310 VYHR / NK467 VIP3	H.D.	F1
13	2x4	P3310 VYHR / 2B210 PW	H.D.	F1
14	2x5	P3310 VYHR / DKB255 PRO3	H.D.	F1
15	2x6	P3310 VYHR / AG9035 PRO3	H.D.	F1
16	3x4	NK467 VIP3 / 2B210 PW	H.D.	F1
17	3x5	NK467 VIP3 / DKB255 PRO3	H.D.	F1
18	3x6	NK467 VIP3 / AG9035 PRO3	H.D.	F1
19	4x5	2B210 PW / DKB255 PRO3	H.D.	F1
20	4x6	2B210 PW / AG9035 PRO3	H.D.	F1
21	5x6	DKB255 PRO3 / AG9035 PRO3	H.D.	F1

Fonte: arquivo pessoal, 2022.

A instalação do campo de experimento F₁ ocorreu na safrinha no dia 28 de fevereiro de 2023, com um total de 2 blocos. Foram semeadas 2 linhas de cada híbrido, com espaçamento de 0,28 metros entre plantas e 0,45 metros entre as linhas, com 5 metro de distância cada linha. Assim como o primeiro plantio duas sementes foram semeadas por cova, e após a emergência, apenas uma planta foi selecionada.

Para cada cruzamento, foram avaliados quanto à altura da espiga, número de plantas por parcela, número de plantas acamadas, número de plantas quebradas, número de espigas, peso de mil sementes, e produtividade em kg ha⁻¹. Essas variáveis ofereceram uma análise abrangente do desempenho dos cruzamentos e da produtividade do milho na safra de 2023.

Para avaliação dos híbridos, para cada variável foi coletado dados de acordo com os seguintes critérios:

i) altura da espiga (AP), determinada com o uso de uma trena para registrar a distância vertical da base da planta até a inserção da primeira espiga, foi avaliadas cinto plantas ao acaso de cada parcela.

ii) plantas por hectare (POP 1), foi contado o número de plantas por parcela, e feito o cálculo para plantas por hectare, utilizando o seguinte cálculo (população de plantas X espaçamento) / 10.000 m².

iii) espiga por hectare (POP 2), foi contado o número de espigas por parcela e dividido pelo número de plantas por parcela, e em seguida transformado para espigas por hectare (espigas por parcela / n° de plantas por parcela) X espaçamento / 10.000 m².

iv) porcentagem de plantas acamadas (AC), determinada através da contagem no número de plantas acamada em cada parcela, dividido pelo número total de plantas por parcela.

v) porcentagem de plantas quebradas (QB), determinada através da contagem no número de plantas quebradas em cada parcela, dividido pelo número total de plantas por parcela.

vi) peso de mil sementes (PMS), foi determinado através do peso de mil sementes contadas de forma manual, e pesadas com uso de uma balança de precisão.

vii) produtividade por hectare (kg ha⁻¹), determinada através do cálculo da produtividade total de milho colhido por parcela multiplicado pelo espaçamento, e dividido por 10.000 m², assim apresentando o rendimento da cultura.

viii) prolificidade (PROL), determinado através da contagem do número de espigas por plantas de cada parcela.

Segundo Bernini (2011), é comum nos programas de melhoramento a avaliação de inúmeras variáveis relacionadas aos componentes de produção, pois são importantes fatores na caracterização de populações e seus híbridos por estarem relacionados com a produtividade.

O delineamento utilizado foi o DBC (Delineamento em Bloco Casualizados), para as análises individuais, os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de significância, com auxílio do programa estatístico ASSISTAT (SILVA e AZEVEDO, 2016).

Resultados e Discussão

Foram realizadas as análises de variância dos parâmetros, cujos resultados e os coeficientes de variação do experimento encontrando-se nas Tabelas 3. Não foi observada significância estatística para as variáveis de produtividade (kg ha^{-1}), plantas por hectare, altura da espiga e prolificidade (número de espigas por planta). As variáveis PMS, POP 1, POP 2, não apresentaram homogeneidade, por isso não foram eficientes nas análises de variância.

Tabela 3 - Quadrados médios da análise de variância dos parâmetros de produtividade em kg ha^{-1} , altura da espiga (AP) em centímetros e prolificidade - nº espigas por planta (PROL) em Cascavel-PR, 2023.

FV	GL	QM - (QUADRADOS MÉDIOS)		
		kg ha^{-1}	AP	PROL
		kg	(cm)	Espigas/planta
Bloco	1	221484,75	680,02	0,004
Tratamento	20	886894,46 ^{ns}	81,75 ^{ns}	0,012 ^{ns}
Erro	20	1579723,70	57,22	0,014
CV (%)		18,57	6,79	11,060
Média Geral		6768,70	111,35	1,080
DMS (5%)		5121,26	30,82	0,488

* significativo a 5 % de probabilidade pelo Teste F; ns não significativo a 5 % de probabilidade pelo Teste F. ** significativo a 1 % de probabilidade pelo Teste F; ns não significativo a 1 % de probabilidade pelo Teste F.

Os dados obtidos são congruentes com o estudo de Silva e Aguiar (2017), que também não tiveram diferenças significativas nos tratamentos de kg/ha^{-1} que demonstra uma semelhança entre as pesquisas.

Além disso, os resultados obtidos por Bernini (2011) e Santos *et al.* (2013), estão em concordância com o estudo no que diz respeito a variável de altura das espigas. Os tratamentos também não apresentaram significância estatística nas pesquisas, indicando um comportamento paralelo entre os tratamentos. No melhoramento genético de milho procuram-se genótipos que exibem pouca ou nenhuma heterose para o caráter altura de plantas, já que as cultivares comerciais devem ser preferencialmente de porte baixo (BERNINI, 2011).

Os coeficientes de variação (C.V.) apresentaram valores aceitáveis para as seis variáveis analisadas. Os valores do C.V. para a variável altura da espiga foi baixo, já para produtividade (kg ha^{-1}) e prolificidade foi considerada de magnitude média, que expressa uma boa precisão experimental, de acordo com GOMES (1977) e SCAPIM, CARVALHO e CRUZ (1995).

Os resultados dos testes de normalidade de Shapiro-Wilk e Lilliefors foram realizados para avaliar a distribuição dos dados das variáveis estudadas. Os resultados indicaram que os altura da espiga, prolificidade e produtividade em kg por hectare foram obtidas distribuições normais, com p-valores maiores que 0,05. No entanto, as variáveis plantas por hectare, espigas por hectare, não atendem a essa suposição, indicando distribuições não normais.

Com base nos dados apresentados na Tabela 4 e 5, não foram observadas diferenças estatisticamente significativas entre os genótipos em relação as variáveis.

Tabela 4 - Médias das variáveis de produtividade em kg ha^{-1} , peso de mil semente (PMS) em gramas, plantas por hectare (POP 1) e espigas por hectare (POP 2) em Cascavel-PR, 2023.

Trat.	Genótipos	kg ha^{-1}	PMS	POP 1	POP 2
		kg	g	Plantas ha^{-1}	Espigas ha^{-1}
1	B2418 VYHR	6.275	260,71	66.000	89.000
2	P3310 VYHR	8.189	265,87	70.000	80.000
3	NK467 VIP3	6.808	323,14	68.000	69.000
4	2B210 PW	7.285	273,19	61.000	59.000
5	DKB255 PRO3	7.750	303,67	67.000	70.000
6	AG9035 PRO3	7.229	259,85	72.000	69.000
7	B2418 VYHR/P3310 VYHR	7.284	264,31	76.000	87.000
8	B2418 VYHR/NK467 VIP3	6.574	311,84	69.000	75.000
9	B2418 VYHR/2B210 PW	5.761	242,56	64.000	71.000
10	B2418 VYHR/DKB255 PRO3	5.621	273,48	62.000	68.000
11	B2418 VYHR/AG9035 PRO3	6.712	263,92	75.000	78.000
12	P3310 VYHR/NK467 VIP3	7.283	272,27	71.000	75.000
13	P3310 VYHR/2B210 PW	6.676	272,68	72.000	88.000
14	P3310 VYHR/DKB255 PRO3	5.822	253,11	66.000	65.000
15	P3310 VYHR/AG9035 PRO3	6.685	103,59	68.000	73.000
16	NK467 VIP3/2B210 PW	5.858	279,36	67.000	70.000
17	NK467 VIP3/DKB255 PRO3	7.058	300,17	67.000	73.000
18	NK467 VIP3/AG9035 PRO3	6.989	250,07	69.000	72.000
19	2B210 PW/DKB255 PRO3	6.448	255,72	65.000	78.000
20	2B210 PW/AG9035 PRO3	6.573	289,51	72.000	70.000
21	DKB255 PRO3/AG9035 PRO3	7.264	305,95	65.000	71.000
CV (%)		18,57			
Média Geral		6768,70	267,85	68190,47	73809,52
DMS (5%)		5121,26			

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas não diferem estatisticamente entre si pelo teste tukey a 5%

Apesar de não terem sido identificadas diferenças estatisticamente significativas nos dados de produtividade em kg ha^{-1} , é importante destacar que, em termos de quantidade, alguns dos híbridos duplos se destacaram. Especificamente, o tratamento T7 (B2418 VYHR x P3310 VYHR) que apresentou uma média de 7.284 kg ha^{-1} , o tratamento T12 (P3310 VYHR x NK467 VIP3) registrou uma média de 7.283 kg ha^{-1} e o tratamento T21 (DKB255 PRO3/AG9035 PRO3) alcançou uma média de 7.264 kg ha^{-1} . Em contrapartida, o tratamento 10 (B2418 VYHR x DKB255 PRO3) obteve o menor resultado, com uma produção de 5.621 kg ha^{-1} , representando uma diferença de aproximadamente 22% em relação à produtividade total (Tabela 4).

Segundo a Embrapa (2016), a produtividade é descrita como uma das características mais importantes, seja qual for a cultura utilizada. Assim a principal meta do melhoramento genético é criar variedades de plantas mais produtivas, e para isso, é importante entender como as diferentes características estão correlacionadas, pois a seleção de uma característica pode afetar outras que estão interligadas (SANTOS e VENCOVSKI, 1986).

Tabela 5 - Médias das variáveis de porcentagem de plantas acamadas (%AC), porcentagem de plantas quebradas(%QB), altura da espiga (AP) em centímetros e prolificidade - nº espigas por planta (PROL) em Cascavel-PR, 2023.

Trat.	Genótipos	% AC	% QB	AP	PROL
		%acamadas	%quebradas	cm	Espigas/planta
1	B2418 VYHR	6.07	7.44	102	1,35
2	P3310 VYHR	4.29	4.29	118	1,14
3	NK467 VIP3	4.41	0.00	122	1,01
4	2B210 PW	3.43	12.50	118	0,97
5	DKB255 PRO3	2.99	7.49	118	1,05
6	AG9035 PRO3	0.00	8.51	107	0,96
7	B2418 VYHR/P3310 VYHR	6.67	9.03	113	1,15
8	B2418 VYHR/NK467 VIP3	4.33	10.17	112	1,09
9	B2418 VYHR/2B210 PW	6.27	14.22	107	1,11
10	B2418 VYHR/DKB255 PRO3	6.46	14.79	116	1,09
11	B2418 VYHR/AG9035 PRO3	2.67	14.76	112	1,04
12	P3310 VYHR/NK467 VIP3	7.11	7.11	109	1,06
13	P3310 VYHR/2B210 PW	5.71	16.91	119	1,22
14	P3310 VYHR/DKB255 PRO3	4.60	13.69	98	0,98
15	P3310 VYHR/AG9035 PRO3	1.43	17.92	116	1,07
16	NK467 VIP3/2B210 PW	3.03	16.31	114	1,05
17	NK467 VIP3/DKB255 PRO3	5.93	9.05	117	1,09
18	NK467 VIP3/AG9035 PRO3	5.80	8.70	113	1,04
19	2B210 PW/DKB255 PRO3	1.47	12.90	106	1,19
20	2B210 PW/AG9035 PRO3	1.43	13.98	105	0,97
21	DKB255 PRO3/AG9035 PRO3	2.78	4.84	103	1,11
CV (%)				6,79	11,06
Média Geral		4,13	10,69	111,35	1,080
DMS (5%)				30,82	0,488

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas não diferem estatisticamente entre si pelo teste tukey a 5%

Na Tabela 4, os dados de PMS não foram normais, no entanto os híbridos duplos mais notáveis foram o tratamento 8 (B2418 VYHR x NK467 VIP3), com um peso médio de 311,84 gramas por mil sementes, e o tratamento 21 (DKB255 PRO3 x AG9035 PRO3), com um peso médio de 305,95 gramas por mil sementes. Por outro lado, o híbrido duplo com desempenho mais baixo foi o tratamento 15 (P3310 VYHR/AG9035 PRO3), apresentando um peso médio de 103,59 gramas por mil sementes.

Segundo a pesquisa por Bernini (2011) em Campinas, Mococa e Palmital, no que se referente a caráter de PMS os resultados foram significativos nos três experimentos, indicando diferenças entre os híbridos. O experimento de Santos *et al.* (2013) e Silva e Aguiar (2017),

também mostram resultado semelhantes a pesquisa de Bernini, o que demonstra efeitos contrários a atual pesquisa.

Os tratamentos T12 (P3310 VYHR x NK467 VIP3), T17 (NK467 VIP3 x DKB255 PRO3) e T7 (B2418 VYHR x P3310 VYHR) tiveram as maiores incidências de plantas acamadas e quebradas (Tabela 5). Esses resultados sugerem que esses materiais demandam atenção especial durante o processo de seleção de plantas.

Nos programas de melhoramento genético, a identificação da diversidade genética entre os materiais desempenha um papel fundamental. A heterose em híbridos é influenciada pelo quadrado das diferenças nas frequências gênicas entre as populações e pelo grau de dominância, como observado em estudos anteriores (SCAPIM *et al.*, 2002). De acordo com Bernini (2011), é importante destacar que a ausência de heterose não indica necessariamente a inexistência de diversidade genética, uma vez que, se os efeitos de dominância não forem predominantemente unidirecionais em muitos locos, pode ocorrer uma compensação de efeitos entre esses locos.

No que diz respeito ao peso de sementes, o híbrido F₁ B2418 VYHR x NK467 VIP3 (T8) se destacou com uma estimativa média de 311,84 gramas, enquanto o híbrido F₁ P3310 VYHR x AG9035 PRO3 (T15) apresentou a menor estimativa, com 103,59 gramas.

Os resultados obtidos neste estudo evidenciam uma considerável diversidade entre os híbridos F₁ B2418 VYHR x P3310 VYHR (T7), F₁ P3310 VYHR x NK467 VIP3 (T12) e F₁ DKB255 PRO3 x AG9035 PRO3 (T21). Isso sugere um grande potencial para a utilização desses híbridos em programas de melhoramento, uma vez que essa diversidade pode ser aproveitada no seu uso de populações base para melhoramento, gerando assim populações com ampla variabilidade genética, ou para a aplicação direta em programas de seleção recorrente recíproca, explorando cruzamentos específicos para aprimoramento genético.

O melhoramento visa obter genótipos superiores, mas a expressão desses genótipos, que são os fenótipos, depende, entre outros, do ambiente em que este genótipo está inserido (CHAVES, 2001). No entanto, é importante observar que os dados deste estudo foram afetados pelas condições climáticas, incluindo fortes ventos que danificaram plantas próximas à borda.

Conclusão

Para as condições em que os dados foram obtidos as variáveis analisadas não apresentaram diferenças significativas demonstrando a similaridade dos híbridos que estão sendo utilizados no mercado sendo possível explorar novas populações para extração de linhagens para formação de novos híbridos, destaque para os tratamentos T7 (B2418 VYHR x P3310 VYHR), T12 (P3310 VYHR x NK467 VIP3) e T21 (DKB255 PRO3 x AG9035 PRO3),

populações que podem ser promissoras para extração de linhagens na formação de novas combinações.

Referência

ABIMILHO. Associação Brasileira das Indústrias de Milho. Estatísticas de milho Brasil. 2021. Disponível em: <http://www.abimilho.com.br/estatisticas>. Acesso em: 10 de setembro de 2022.

ABIMILHO. Associação Brasileira das Indústrias de Milho. Estatísticas de milho Brasil. 2022. Disponível em: <http://www.abimilho.com.br/estatisticas>. Acesso em: 10 de setembro de 2022.

AGUIAR, C. G. Determinação de grupos heteróticos em milho utilizando marcadores moleculares e cruzamentos teste. 2007. Disponível em: <http://livros01.livrosgratis.com.br/cp053366.pdf>. Acesso em: 11 de setembro de 2022.

BARROS, J. F.; CALADO, J. G. A cultura do milho. 2014. Disponível em: <https://dspace.uevora.pt/rdpc/handle/10174/10804>. Acesso em: 09 de setembro de 2022.

BELLUCCI, A. A. Avaliação de populações derivadas de híbridos de milho (*Zea mays L.*) em cruzamentos nos esquemas dialélico e “top cross”. 1994. 133f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – USP, Piracicaba.

BERNINI, C. S. Avaliação agronômica e heterose de híbridos de populações F2 de milho, visando nova alternativa para o estado de São Paulo. 2011. Tese de Doutorado. INSTITUTO AGRONÔMICO.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In.: NASS, L. L et al. (Ed.) **Recursos genéticos e melhoramento - Planta**. Rondonópolis: Fundação MT, p. 673-713, 2001.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. Boletim da safra de grãos. 2022. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>. Acesso em: 09 de setembro de 2022.

EMBRAPA. Sistema Brasileiro de Classificação de Solos (Brasília, DF), 2^a Edição, 2006.

EMBRAPA. Variabilidade genética, ferramentas e mercado : anais / **Simpósio Melhoramento de Plantas da Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas**, Regional Distrito Federal. Brasília - DF, 2016.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. *Introduction to quantitative genetics*. 4 ed. London: Longman, 1996. 464p.

GOMES, F.P. Curso de estatística experimental. Sao Paulo: Nobel, 1977. 430p, 1977.
GRIFFING, B. *A Generalized Treatment of the Use of Diallel Crosses in Quantitative Inheritance*. Heredity, 1956.

GRIFFING, J. B. A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. *Heredity*, London, v.10, p. 31-50, 1956.

HAYMAN, B.I. **The theory and analysis of diallel crosses.** *Genetics*, Austin, v.39, p. 789-809, 1954.

NARDINO, M. **Cruzamento Dialético Parcial entre Linhagens Endogâmicas de milho.** 2013. Disponível em: http://coral.ufsm.br/ppgaaa/images/Maicon_Nardino.pdf. Acesso em: 10 de setembro de 2022.

SANTOS, J.; VENCOVSKY, R. Correlação fenotípica e genética entre alguns caracteres agronômicos do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*, L.). **Ciência e Prática**, São Paulo, v.10, n.3, p.265-272, 1986.

SANTOS, M. D. C.; FERREIRA, E. A.; GALLO, P. B.; PATERNIANI, M. E. A G. Z. Análise dialélica de híbridos simples de milho visando à obtenção de híbridos de F2. **Revista Agrotecnologia** (ISSN 2179-5959), v. 4, n. 1, p. 31-45, 2013.

SCAPIM, C. A.; CARVALHO, C. G. P.; CRUZ, C. D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para cultura do milho. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v.30, n.5, p.683-685. 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.

SHULL, G. H. **A pure line method of corn breeding.** Amer. Breed. Assoc. Rept., v. 5, p. 51-59, 1909.

SHULL, G. H. What is “heterosis”? **Genetics**, Austin, v.33, n.5, p.439-446, 1948.

SILVA, F. A. S.; AZEVEDO, C. A. V. The Assistat Software Version 7.7 and its use in the analysis of experimental data. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, n. 39, p. 3733-3740, 2016.

SILVA, V. F. T.; AGUIAR, C. G. Híbridos duplos de milho obtidos a partir de híbridos simples comerciais com estimativa da capacidade geral e específica de combinação. **Revista Cultivando o Saber**, p. 169-193, 2017.

SOUZA, V. C.; LORENZI, H. **Botânica Sistemática.** 2.ed. Nova Odessa: Instituto Plantarum, 2008. 198 p.