



RODOLFO DE CASTRO AMARAL

**DESEMPENHO DE HÍBRIDOS DE MILHO E CAPACIDADE
COMBINATÓRIA PARA ESCOLHA DE GENITORES E
CLASSIFICAÇÃO DE GRUPOS HETERÓTICOS**

LAVRAS – MG

2020

RODOLFO DE CASTRO AMARAL

**DESEMPENHO DE HÍBRIDOS DE MILHO E CAPACIDADE COMBINATÓRIA
PARA ESCOLHA DE GENITORES E CLASSIFICAÇÃO DE GRUPOS
HETERÓTICOS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética Quantitativa, para a obtenção do título de mestre.

Dr. João Cândido de Souza
Orientador

LAVRAS – MG

2020

**Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).**

Amaral, Rodolfo de Castro.

Desempenho de híbridos de milho e capacidade combinatória
para escolha de genitores e classificação de grupos heteróticos /
Rodolfo de Castro Amaral. - 2020.

79 p. : il.

Orientador(a): João Cândido de Souza.

Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de
Lavras, 2020.

Bibliografia.

1. Dialelo. 2. Padrão heterótico. 3. *Zea mays* L. I. Souza, João
Cândido de. II. Título.

RODOLFO DE CASTRO AMARAL

**DESEMPENHO DE HÍBRIDOS DE MILHO E CAPACIDADE COMBINATÓRIA
PARA ESCOLHA DE GENITORES E CLASSIFICAÇÃO DE GRUPOS
HETERÓTICOS**

**PERFORMANCE OF MAIZE HYBRIDS AND COMBINING ABILITY FOR
PARENTAL SELECTION AND HETEROTIC GROUP CLASSIFICATION**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética Quantitativa, para a obtenção do título de mestre.

APROVADO em 20 de outubro de 2020.

Dr(a). Marcela Pedroso Mendes Resende

UFG

Dr. Vinícius Quintão Carneiro

UFLA

Dr. João Cândido de Souza
Orientador

LAVRAS – MG

2020

*À minha família, por todo o amor,
carinho e confiança.*

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, Eleni e Francisco, e irmã, Rafaela, por serem minha base e não medirem esforços para a realização dos meus sonhos.

À Universidade Federal de Lavras, em especial ao programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela estrutura e oportunidade.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de mestrado.

Aos professores do programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pelos valiosos ensinamentos, em especial ao professor João Cândido de Souza, pelos conhecimentos passados ao longo do mestrado, confiança e amizade.

A todos os amigos do programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, em especial à toda a turma do semestre de 2018-2, pelos momentos de estudo, compartilhamento de conhecimento, diversão e amizade.

Aos amigos do “programa milho”, Hilda, Diego, Erik, Paula, Jean, Marco Túlio e Leonardo por todos os momentos de companheirismo, amizade e colaboração na condução dos trabalhos de pesquisa.

RESUMO

A capacidade combinatória tem o papel crucial de indicar os genótipos com maior potencial para hibridação, a ação gênica envolvida na expressão dos caracteres e gerar informações para melhorar a resposta heterótica e eficiência do uso do germoplasma. Com base no exposto, objetivou-se neste trabalho: i) avaliar genitores de milho para futura extração de linhagens; ii) classificar os grupos heteróticos de um grupo de progênies extraídas de híbridos comerciais; e iii) avaliar o desempenho de híbridos de milho para o desenvolvimento de cultivares. Para isso, foi realizado um dialelo parcial entre onze testadores, pertencentes a dois grupos heteróticos do programa de seleção recorrente recíproca da UFLA, e dez progênies extraídas de híbridos comerciais, cujos grupos heteróticos são desconhecidos. As combinações híbridas foram avaliadas na primeira e segunda safra de 2018/19 na região de Lavras-MG com o delineamento experimental látice triplo. As análises foram realizadas via REML/BLUP para avaliar a capacidade combinatória dos genitores e performance dos híbridos para os caracteres produtividade de grãos, severidade da mancha branca, número de grãos por espiga e peso de 100 grãos. A análise dialélica revelou que os efeitos não aditivos foram mais importantes apenas para produtividade de grãos, enquanto que os efeitos principalmente aditivos foram mais importantes para os demais caracteres. Foram observados genitores que se destacaram para produtividade de grãos e peso de 100 sementes em ambas as safras; e para número de grãos por espiga na primeira safra, logo, são os mais promissores para formar populações para futura extração de linhagens. Todavia, não foi possível identificar genitores favoráveis para o caráter severidade da mancha branca. Por outro lado, foram identificados híbridos com alta produtividade de grãos e boa resistência à mancha branca em ambas as safras, sendo os mais promissores para o desenvolvimento de cultivares. Todas as progênies oriundas de híbridos comerciais foram classificadas em dois grupos heteróticos.

Palavras-chave: Dialelo. Padrão heterótico. *Zea mays* L.

ABSTRACT

Combining ability plays a crucial role for indicating most potential genotypes for crossing, gene effects acting in the phenotype and provides insights on how to enhance germplasm heterotic response and breeding efficiency. Regarding to this, the objectives of my research were: i) to evaluate parentals of maize to further inbreds extraction; ii) to classificate a set of progenies derived from commercial hybrids into heterotic groups; and iii) to evaluate the performance of maize hybrids for cultivars development. In view of these purposes, a partial diallel was conducted between a group of eleven testers, belonging to two known heterotic groups of maize, which come from the reciprocal recurrent selection program of UFLA, and ten progenies derived from commercial hybrids of maize, which heterotic groups were unknown. The single crosses were evaluated in field trials at the first and second corn season of 2018/19. All trials were located at the region of Lavras-MG, Brazil, and planted following lattice design with three replications. REML/BLUP based analysis was done to evaluate the combining ability of parentals and performance of hybrids for traits grain yield, disease severity, number of kernels per ear and 100-kernel weight. The diallel-based analysis revealed that non-additive effects were more important to grain yield, whereas primarily additive effects were more important to all other traits. Furthermore, there were identified promising parents for traits grain yield and 100-kernel weight at both seasons; and for number of kernels per ear at first season, therefore, they were best for obtaining populations to further inbreds extraction. However, no crosses were found for parental selection for trait disease severity. On the other hand, there were identified promising hybrids with high grain yield and good resistance to disease at both seasons, thus, they were best for cultivars development. All progenies derived from commercial hybrids of maize were classified into two heterotic groups.

Keywords: Diallel. Heterotic pattern. *Zea mays* L.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - CGC dos genitores VAV e NAY para produtividade de grãos (PROD); severidade da mancha branca (SMB); número de grãos por espiga (NGE); e peso de 100 grãos (P100). 46
- Figura 2 - CEC das combinações VAVxNAY para produtividade de grãos (PROD); severidade da mancha branca (SMB); número de grãos por espiga (NGE); e peso de 100 grãos (P100) pelas análises individuais..... 49
- Figura 3 – Médias BLUP dos híbridos regulares VAVxNAY e testemunhas para produtividade de grãos (PROD) e severidade da mancha branca (SMB) pelas análises individuais. 52
- Figura 4 – CEC e médias BLUP dos híbridos VAVxNAY para produtividade de grãos (PROD) em t.ha⁻¹, para a primeira safra de 2018/19. 64

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Descrição dos tratamentos comuns.....	33
Tabela 2 – Descrição das progênes do grupo VAV (grupo I).	34
Tabela 3 – Descrição das progênes do Grupo NAY (grupo II).	35
Tabela 4 – Descrição dos tratamentos regulares da primeira safra de 2018/19.	36
Tabela 5 – Descrição dos tratamentos regulares da segunda safra de 2018/19.....	37
Tabela 6 – Estimativas dos componentes de variância para a blocagem do látice, genética, CGC do grupo VAV e NAY, CEC, interações de híbridos x safras, CGC's x safras, CEC's x safras, variância do erro de predição, acurácia seletiva, coeficiente de variação experimental, herdabilidade ampla entre híbridos a nível de médias e média geral.	44
Tabela 7 – Estimativas da capacidade geral de combinação dos genitores do grupo VAV, pela análise conjunta.	45
Tabela 8 – Estimativas da capacidade geral de combinação dos genitores do grupo NAY, pela análise conjunta.	45
Tabela 9 – Estimativa da capacidade específica de combinação das combinações regulares entre as progênes dos grupos VAV e NAY na primeira e segunda safra de 2018/19 (continua). ...	47
Tabela 10 - Médias BLUP dos híbridos regulares e comuns em ambas as safras (continua). .	50
Tabela 11 – CEC média dos testadores VAV do grupo “A” e do grupo “B” com as progênes NAY para produtividade de grãos (PROD), para a primeira safra de 2018/19.....	63
Tabela 12 – Estimativas das variâncias da blocagem, CGC's dos grupos VAV e NAY, CEC's, variâncias aditivas dos grupos VAV e NAY, variância de dominância, grau médio de dominância, variância do erro de predição, acurácia seletiva, coeficiente de variação experimental, herdabilidade ampla entre híbridos a nível de médias e média geral.	74
Tabela 13 – Estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) dos genitores do grupo VAV (grupo I), das análises individuais.	75
Tabela 14 – Estimativas da capacidade específica de combinação (CEC) dos híbridos VAVxNAY pela análise conjunta (continua).....	76
Tabela 15 – Médias BLUP dos híbridos regulares e testemunhas pela análise conjunta (continua).....	78

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	11
2	REFERENCIAL TEÓRICO	12
2.1	O milho híbrido.....	12
2.2	Heterose na cultura do milho.....	13
2.3	Grupos heteróticos.....	15
2.3.1	Classificação de grupos heteróticos.....	20
2.4	Escolha de genitores.....	23
2.5	Análise dialélica.....	25
2.6	Capacidade de combinação.....	28
3	MATERIAL E MÉTODOS	33
3.1	Local.....	33
3.2	Preparo da área experimental e manejo.....	33
3.3	Obtenção dos tratamentos genéticos	33
3.4	Instalação dos experimentos	36
3.5	Avaliação dos experimentos	37
3.6	Classificação dos grupos heteróticos	38
3.7	Análises estatísticas.....	39
4	RESULTADOS	43
5	DISCUSSÃO	53
6	CONCLUSÕES	65
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	66
	ANEXO	74

1 INTRODUÇÃO

Com o avanço da agricultura e a crescente importância da cultura do milho no cenário agrícola mundial, a necessidade de obter genótipos melhorados é constante desafio aos programas de melhoramento genético. O principal foco dos melhoristas de milho é o lançamento de novas cultivares mais produtivas para atender as crescentes demandas pelo grão.

Neste contexto, para o desenvolvimento de novas cultivares, a escolha de genitores é uma das etapas mais importantes no melhoramento genético do milho por hibridação, pois é essencial que os genótipos utilizados nos cruzamentos tenham um mínimo grau de capacidade de combinação, suficiente para gerar recombinantes favoráveis em alta frequência.

O produtos finais de um programa de melhoramento de milho são cultivares híbridas. Neste sentido, para a utilização inteligente do germoplasma o melhorista faz a sua divisão em grupos heteróticos. Deste modo, o número de cruzamentos e avaliações desnecessárias é minimizado, o que melhora a eficiência do programa de melhoramento no uso eficaz do germoplasma, direcionando melhor o tempo e recursos.

Os cruzamentos dialélicos possibilitam a recombinação da variabilidade genética disponível dentro do programa de melhoramento. Além disto, eles fornecem informações genéticas sobre a capacidade de combinação, sendo ferramenta para auxiliar na decisão da escolha dos genitores mais promissores e também para a classificação de grupos heteróticos.

O programa de melhoramento de milho da UFLA possui disponível em seu germoplasma progênes oriundas de seis ciclos de seleção recorrente recíproca, pertencentes a dois grupos heteróticos estabelecidos. Adicionalmente, o programa também possui disponível em seu germoplasma progênes oriundas de populações formadas de híbridos comerciais, cujas informações sobre grupos heteróticos ainda são desconhecidas e são necessárias para direcionar seus cruzamentos futuros para o desenvolvimento de novas cultivares híbridas do programa.

Diante do exposto, neste trabalho foi conduzido um dialelo parcial entre as melhores progênes oriundas de seis ciclos de seleção recorrente recíproca de milho da UFLA, formando o grupo dos testadores e as melhores progênes provenientes de populações obtidas de híbridos comerciais, formando o grupo das progênes para serem testadas. Objetivou-se com este trabalho avaliar a capacidade de combinação das progênes para classificar os grupos heteróticos das progênes oriundas de híbridos comerciais e para detectar as combinações de genitores mais promissoras para formar novas populações para o programa. Além disto, objetivou-se avaliar o desempenho dos híbridos para o desenvolvimento de cultivares.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 O milho híbrido

Metade dos incrementos na produtividade das principais espécies cultivadas nos últimos cinquenta anos são devidos ao melhoramento genético (BORÉM, A; MIRANDA G. V.; FRITSCHÉ-NETO, 2017a). No caso do milho (*Zea mays* L.) no Brasil, a produtividade consolidada do décimo segundo levantamento da safra de 2019/20 foi de 5.533,0 kg.ha⁻¹, cerca de 3,5 vezes maior do que a da safra de 1976/77, que foi estimado em 1.632,0 kg.ha⁻¹ (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2020). Este ganho ao longo do tempo foi em grande parte devido a descoberta e exploração do vigor híbrido. Os pesquisadores que primeiramente estudaram o assunto foram East (1909) e Shull (1909) no século XX, eles verificaram que a autofecundação reduzia a produção e o vigor das plantas de milho, causando depressão por endogamia, porém quando duas linhagens endogâmicas eram cruzadas o vigor era restaurado e ocorria o fenômeno da heterose na F₁ do cruzamento, gerando plantas altamente vigorosas, uniformes e produtivas.

Shull (1908) sugeriu a utilização de híbridos de milho, em sua metodologia, linhagens endogâmicas eram extraídas de uma população e posteriormente cruzadas entre si para a obtenção de cultivares híbridas. Esta estratégia possibilita refazer a mesma combinação híbrida indefinidamente através da multiplicação dos genótipos homozigotos dos seus parentais. A utilização de linhagens endogâmicas possibilita refazer a mesma combinação híbrida quando desejado, uma vez que os alelos dos parentais estão fixados para todos os locos, há apenas uma possibilidade de combinação na F₁.

A produção comercial de milho híbrido não se tornou viável em primeiro momento devido ao baixo vigor e produtividade das linhagens, cujo custo de produção era elevado (CROW; DOVE, 1998). A indústria sementeira somente se tornou viável após Jones (1918) sugerir a produção de híbridos duplos a partir do cruzamento de dois híbridos simples. Entre os anos de 1920 e 1930, chegaram ao mercado os primeiros híbridos duplos, que devido a maior produtividade em comparação às variedades de polinização aberta passaram a ser adotados pelos agricultores nos Estados Unidos.

No estado de Iowa, a adoção de área cultivada com sementes de milho híbrido saltou de 10% para 90% entre os anos de 1935 e 1939. A adoção dessa tecnologia também foi rápida em

todos os Estados do Corn Belt (CROW; DOVE, 1998). Em 1950, a produção de milho desta região já era cultivada quase na totalidade por híbridos duplos.

As vantagens da adoção do milho híbrido foram aumento de produtividade e uniformidade das plantas, esta última característica facilitou a mecanização das lavouras (CRABB, 1947). A partir da década de 60, os agricultores norte Americanos passaram a cultivar híbridos simples devido a contínua busca por maiores produtividades. Esta mudança somente foi possível devido ao melhoramento *per se* das linhagens, que tornou a produção desse tipo de híbrido viável economicamente (CROW; DOVE, 1998).

A adoção de híbridos alavancou a produtividade de milho nos EUA, de modo que até o ano de 1930 eram cultivadas somente variedades de polinização aberta, cujo incremento anual de produtividade era de apenas 1 kg.ha⁻¹ por ano. Entre 1930 a 1960, utilizando híbridos duplos, o incremento médio de produtividade passou para 63 kg.ha⁻¹ por ano, já entre 1960 e 1990 após a adoção de híbridos simples, foi cerca de 113 kg.ha⁻¹ por ano, e a partir de 1990, com o uso de mais tecnologia como os OGM's, o incremento foi para 207 kg.ha⁻¹ por ano. Metade dos ganhos foram devidos ao melhoramento e o restante à melhoria das condições ambientais (DUVICK, D.N.; CASSMAN, 1999; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). Entre os ganhos que não são devidos ao melhoramento, destacarem-se a adoção de tecnologias pelos produtores, como colheita mecânica, maior uso de adubos e novas práticas culturais.

O Brasil foi o segundo país a adotar a tecnologia do milho híbrido (SAWAZAKI, E.; PATERNIANI, 2004). O primeiro híbrido duplo Brasileiro foi produzido pelo Instituto Agrônômico de Campinas (IAC) em 1939 (PATERNIANI, 2001). Já o primeiro híbrido comercial foi produzido na Escola Superior de Agricultura de Viçosa, oriundo do cruzamento das variedades Cateto com Amarelão (SOUZA SOBRINHO, 2001).

A superioridade do milho híbrido em relação as variedades e o consequente aumento na produtividade pela sua adoção foi devido principalmente ao fenômeno da heterose (TROYER, 2006). Heterose é conceituada como a superioridade da geração F₁ em relação a média dos seus genitores (HALLAUER, 1990). A heterose é importante em diversas culturas, mas na cultura do milho é mais explorada por ser bastante expressiva.

2.2 Heterose na cultura do milho

A literatura ainda não chegou a uma conclusão sobre a base da heterose, ela apresenta duas hipóteses que vêm sendo debatidas no decorrer dos últimos 100 anos, sendo o assunto de

debate de dois simpósios, o primeiro em 1950, em Iowa e outro praticamente 50 anos depois, em 1997 no CIMMYT (CROW, 1999).

A primeira hipótese é a da dominância, ela explica a superioridade da geração F_1 em relação à média dos pais com base no acúmulo de alelos dominantes nos locos dos caracteres de interesse, neste modelo, a superioridade do genótipo ocorre devido aos alelos recessivos ficarem ocultos no heterozigoto, exibindo menos carga genética, ou seja, deve ocorrer dominância para se observar a heterose. A segunda hipótese é a da sobredominância, ela explica a heterose como a superioridade do heterozigoto, ou seja, o acúmulo de locos em heterozigose é superior aos locos em homozigose. Uma explicação bioquímica para esta hipótese seria que os dois alelos presentes no heterozigoto devem produzir proteínas diferentes e a interação entre elas deve formar uma enzima com atividade superior ao dos dois homozigotos. Como enzimas com esta atividade ainda não foram encontradas, a hipótese da dominância é a mais aceita. O melhor argumento dos defensores da hipótese da dominância é que estimativas de variância genética aditiva e de dominância, as quais apresentam, em média, dominância parcial no controle genético da produção de grãos já foram relatadas (BERNARDO, 2010; HALLAUER,; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, 2010). A fórmula (2.1) fornece a estimativa da heterose:

$$h = \bar{F}_1 - \overline{MP} \quad (2.1)$$

Em que:

h : estimativa da heterose;

\bar{F}_1 : média da geração F_1 ;

\overline{MP} : média das linhagens parentais.

Para heterose na produtividade de grãos em milho, algumas estimativas foram encontradas na literatura, como de 124,82% a 314,4% (MARTIN, J. M.; HALLAUER, 1976), e de 29,67% a 62,23% (HASSAN et al., 2019). A estratégia utilizada pelos melhoristas para maximizar a exploração da heterose é realizar cruzamentos entre linhagens que pertencem a grupos heteróticos distintos, ou seja, as linhagens precisam ser divergentes para que ocorra heterose. Esta metodologia é baseada na complementariedade de alelos dominantes oriundos de genitores diferentes, que em combinação dá origem a genótipos superiores. A heterose também é relatada para outros caracteres na cultura do milho, como estimativas de -5,1 a 6,0% para dias para o florescimento e 1,2 a 45,5% para altura de inserção da espiga (ZHANG et al., 2017); de 13,6 a 30,05% para altura de planta; de -19,42 a 12,23% para comprimento da espiga; de 10,06 a 37,35% para número de fileiras, de 14,92 a 27,15% para número de grãos por fileira;

de 16,33 a 39,34% para número de grãos por espiga; de 27,2 a 69,71% para peso da espiga e 9,66 a 29,69% para peso de 100 grãos (HASSAN et al., 2019).

2.3 Grupos heteróticos

Grupo heterótico é definido como uma coleção de germoplasma que, quando cruzada com germoplasma de outro grupo, tende a exibir maiores níveis de heterose do que quando cruzada com membros de seu próprio grupo (LEE, 1995).

Algum tempo depois, Melchinger e Gumber (1998) definiram as diferenças entre os termos grupo heterótico e padrão heterótico. Grupo heterótico refere-se a um grupo de genótipos relacionados ou não, que exibem capacidade de combinação e resposta heterótica semelhantes quando cruzados com genótipos de outro grupo geneticamente distinto. Por outro lado, padrão heterótico refere-se a um par específico de grupos heteróticos que expressa alta heterose e desempenho híbrido em cruzamento.

A formação dos grupos heteróticos ocorre pelo distanciamento genético causado pelo isolamento reprodutivo e seleção natural ou assistida entre duas populações no tempo ou no espaço (DARWIN, 1859). Um bom indicativo do padrão heterótico no milho é a textura do grão. As raças de milho Northern Flints são distantes geneticamente das Southern Dents por causa do isolamento geográfico que tiveram por cerca de 2.500 anos em condições climáticas diferentes (TROYER, 2006). Anderson e Brown (1952) relatam que uma maior expressão da heterose pode ser esperada em cruzamentos destas raças, de modo que por volta de 1850, o cruzamento Flint x Dent já era explorado em todos os programas de melhoramento dos EUA.

Nos EUA, a base genética de 87% dos híbridos de milho amplamente cultivados por cinco décadas, têm como origem as seguintes populações: Reid Yellow Dent (51%), Minnesota #13 (13%), Lancaster Sure Crop (13%), Northwestern Dent (5%) e Leaming Corn (5%). Estas populações pertencem a diferentes grupos heteróticos e o cruzamento entre eles geraram os padrões heteróticos dos híbridos Norte Americanos (TROYER, 2004 a, 2006). O uso do padrão heterótico Reid Yellow Dent x Lancaster Sure Crop tem sido e continua o mais popular (TROYER, 2006). O híbrido B73 x MO17, que foi um dos híbridos mais conhecidos no mundo apresenta como parentais as linhagens B73 e MO17, cujo padrão heterótico é Reid Yellow Dent (Southern Dent) x Lancaster Sure Crop (Northern Flint), respectivamente (TROYER, 2006).

Na China, existem cinco grupos heteróticos: Reid, Lancaster (ou Non Reid), Tangsipingtou, Luda Red Cob e Suwan-1 (FAN et al., 2008, 2009). O padrão heterótico mais

importante na China por várias décadas foi Reid x Lancaster, entretanto Fan et al. (2014) propôs o uso de três grupos heteróticos principais, adicionando o Suwan-1. A proposta de três grupos heteróticos e os novos padrões heteróticos entre Suwan-1, Reid e Lancaster aumentaram a eficiência Chinesa no desenvolvimento de híbridos comerciais de milho, quando comparado ao sistema tradicional duplo (FAN et al., 2018c). Os grupos Reid e Lancaster têm origem temperada, já o grupo Suwan-1 possui origem tropical e subtropical. Reif et al. (2004) retrata o comportamento do padrão heterótico temperado x tropical, e talvez explique as grandes diferenças encontradas entre os grupos. Fan et al. (2008) já haviam relatado há uma década que o estabelecimento deste novo grupo heterótico na China poderia ser tão importante para a obtenção de híbridos como o padrão heterótico amplamente conhecido Flint x Dent.

No Brasil, todas as variedades locais tinham baixa performance, desta forma, a introdução de germoplasma exótico teve contribuição importante para o país. Contribuições significantes foram alcançadas com o uso do germoplasma Dent, do Tuxpeño, oriundo do México e também do uso de germoplasma Flint, especialmente da Tailândia (Suwan-1), Colômbia (ETO) e Cuba (Cateto) (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010).

Grupos e padrões heteróticos no milho são determinados mais claramente em regiões temperadas, como European Flint x US Dent na Europa e Reid Yellow Dent x Lancaster nos EUA. Por outro lado, para regiões tropicais, os grupos e padrões heteróticos não são tão claramente determinados. Existe um consenso de que o padrão heterótico mais explorado pelos melhoristas em regiões tropicais é Flint x Dent (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). O principal padrão heterótico brasileiro baseia-se em Suwan-1 x Tuxpeño. Suwan-1 apresenta grãos tipo Flint e Tuxpeño grãos tipo Dent, portanto, o padrão heterótico brasileiro para o desenvolvimento de híbridos de milho também está baseado no padrão heterótico amplamente aceito Flint x Dent. As populações BR106 (Tuxpeño) x BR105 (Suwan-1) são as populações adaptadas as condições Brasileiras (PARENTONI et al., 2001).

O Suwan-1 é oriundo da Tailândia e leva o nome da estação experimental de origem. Ele é uma população melhorada obtida do composto Thai-1 na Suwan Farm Station da Kasetsart University. Este composto foi sintetizado através de 36 outras populações com o objetivo de obter uma população sintética bem heterogênea para ser amplamente adaptada as regiões da Ásia e com resistência as principais manchas foliares locais. Esta população teve tanto sucesso, que encontra-se presente no germoplasma de muitos ambientes tropicais, como os que aparecem na sequência: África, sul da Ásia, Oceania e América do sul (SRIWATANAPONGSE; JINAHYON; VASAL, 1993).

O Tuxpeño é oriundo do México e leva o nome da cidade de Tuxpan - Veracruz, que é relatada como o centro de distribuição aproximado da raça. A sua provável origem foi a hibridação entre Olotillo e Tepecintle. Esta raça foi inclusive a fonte de germoplasma dos Southern Dents Americanos (WELLHAUSEN et al., 1952). Portanto, Tuxpeño se espalhou pelo mundo e foi importante para o desenvolvimento de germoplasma tropical e temperado. Outro fato relevante, foi que sua contribuição para germoplasma tropical não se restringiu apenas a sua utilização direta, pois também foi usado na sintetização do composto Thai-1, do qual originou-se outro grupo famoso, a população Tailandesa Suwan-1.

O programa de melhoramento para o desenvolvimento de híbridos de milho da EMBRAPA foi estabelecido por volta de 1970, usando tipo de grão como o padrão heterótico. Portanto, Flint e Dent foram separados em diferentes grupos heteróticos exclusivamente por tipo do grão (LU et al., 2009).

A primeira classificação dos grupos heteróticos brasileiros de milho foi sugerida mais tarde por Parentoni et al. (2001). Foram utilizadas 28 variedades de polinização aberta (VPA's) da EMBRAPA, que representavam parte da diversidade de milho tropical usada na América do Sul. Parentoni et al. (2001) classificou o germoplasma brasileiro em quatro grupos heteróticos, baseados no método da capacidade específica de combinação e média da combinação. Após a classificação, o principal padrão heterótico brasileiro foi determinado como: grupo I x grupo II. O grupo I, inclui o Tuxpeño (BR106) e derivados dele, enquanto o grupo II inclui o Suwan-1 (BR105) e outras populações de grãos Flint.

Cantelmo et al. (2017) utilizaram marcadores moleculares Dart para fazer a classificação de grupos heteróticos via método da distância genética (DG). Os pesquisadores utilizaram 470 linhagens de uma empresa brasileira de produção de híbridos de milho como representação do atual germoplasma em uso no país. O agrupamento separou a maior parte das linhagens em dois grandes grupos, o tropical e o temperado. O grupo temperado contém germoplasma Americano e Argentino. Já o grupo tropical encontra-se subdividido nos subgrupos Suwan-1, Tropical Dent e outros. O Tuxpeño é o principal grupo dentado no Brasil e está representado no subgrupo "Tropical Dent" junto à outras variedades dentadas. A classificação deste trabalho é bem coerente com a classificação feita anteriormente por Parentoni et al. (2001), mostrando o principal padrão heterótico Brasileiro: Suwan-1 x Tuxpeño.

A heterose se expressa em função da ação gênica dominante e de diferenças nas frequências alélicas entre os parentais (FALCONER, D. S.; MACKAY, 1996), porém como na prática a frequência alélica é desconhecida, existe a necessidade de avaliar os parentais e sua

progênie para se estimar a heterose. Através de avaliações, podem ser formados grupos heteróticos dentro de um programa de melhoramento. Combinações híbridas entre grupos heteróticos têm maior probabilidade de sucesso do que combinações dentro do mesmo grupo, pois é esperado que dentro de um mesmo grupo exista uma certa similaridade de alelos fixados nos genitores, enquanto que, em grupos diferentes, espera-se divergência. Em outras palavras, cruzamentos entre grupos são mais promissores, pois espera-se maior heterose.

A estimativa dos componentes de média do híbrido simples é impactada pela contribuição dos locos em heterozigose (heterose) e homozigose, de acordo com a seguinte fórmula (2.2):

$$HS = m + a' + d \quad (2.2)$$

Em que:

HS: estimativa de produtividade do híbrido simples;

$m + a'$: contribuição dos locos em homozigose ou média dos pais (efeitos aditivos);

d : contribuição dos locos em heterozigose ou heterose (efeitos não-aditivos).

Portanto, o desempenho do híbrido depende da heterose e também da média das linhagens utilizadas na combinação híbrida (VENCOVSKY, 1987), sendo favoráveis os cruzamentos que reúnem genitores que combinem média alta e que sejam divergentes.

Com o contínuo melhoramento *per se* das linhagens feito pelos melhoristas ao longo dos anos, o sucesso no aumento da produtividade de grãos dos híbridos tem sido atribuído em maior magnitude ao melhoramento *per se* das linhagens, enquanto que a contribuição da heterose tem se mantido mais estável (TROYER, 2006; TROYER; WELLIN, 2009).

Os melhoristas de milho geralmente desenvolvem híbridos a partir de combinações entre grupos heteróticos diferentes, pois em um programa de melhoramento existe um número elevado de linhagens para serem avaliadas, fato que torna impossível a realização de todos os cruzamentos. Desta forma, perde-se a oportunidade de avaliação de todos os híbridos possíveis (FAN et al., 2014; SMITH, 1986). Quando as linhagens são separadas em grupos heteróticos, o número de cruzamentos e avaliações desnecessárias são diminuídos já que existe maior probabilidade de se encontrar as melhores combinações entre grupos. Portanto, o grande propósito da classificação de grupos heteróticos é aumentar a eficiência do melhoramento, através do direcionamento de tempo e recursos (FAN et al., 2014).

Ceccarelli (2015) define a eficiência do melhoramento com base em vários critérios, como o número de cultivares lançadas, o ganho com seleção a cada ciclo, adoção das cultivares e o custo benefício. Para um programa de desenvolvimento de híbridos, ele usa principalmente duas medidas para comparar a eficiência do melhoramento: i) razão do número de cultivares lançadas pelo número de cruzamentos feitos; e ii) razão custo benefício. Portanto, um programa de melhoramento de milho é mais eficiente se obtém maior porcentagem de híbridos comerciais por número de cruzamentos e se tem um menor custo médio por híbrido lançado.

Teoricamente, partindo do ponto de vista de eficiência no melhoramento, quanto menor o número de grupos heteróticos melhor, então o número de grupos heteróticos ideal seria dois (FAN et al., 2014). A eficiência reduz com o aumento do número de grupos heteróticos, pois o número de cruzamentos entre grupos aumenta proporcionalmente. Para ilustrar, se 36 genótipos forem separados em dois, três, quatro e seis grupos heteróticos, com número igual de genótipos em cada grupo, o número de cruzamentos (F_1 's) entre grupos seriam de 324, 432, 486 e 540, respectivamente, de um total de 630 combinações (F_1 's) possíveis (FAN et al., 2014).

A eficiência do melhoramento é demonstrada quando comparamos os 324, 432 e 630 cruzamentos do exemplo de Fan et al. (2014), correspondentes a dois, três e nenhum grupo heterótico, respectivamente, pois em ambos os casos, a probabilidade de obter-se o mesmo número de híbridos superiores poderia ser bem semelhante, entretanto, comparando-se com o número de combinações totais (630), o número de combinações seria reduzido em 48,6% e 31,4% com o uso de dois e três grupos heteróticos, respectivamente. Na ilustração de Fan et al. (2014), quando o número de grupos heteróticos é acima de dois, o número de cruzamentos entre grupos também aumenta consideravelmente e a eficiência teoricamente reduz.

Alguns genótipos muitas vezes não podem ser classificados em grupos heteróticos amplamente conhecidos. Esta ocorrência é devido ao fato que grupos heteróticos não existem naturalmente, eles são uma classificação feita por melhoristas de plantas baseados em uma longa história de prática para aumentar a eficiência do melhoramento (FAN et al., 2014). O que os pesquisadores podem fazer é tentar o seu melhor para classificar os genótipos dentro do menor número possível de grupos heteróticos. Deste modo, usando-se qualquer método de classificação, pesquisadores talvez tenham que forçar alguns genótipos dentro de certos grupos heteróticos ou utilizar no máximo três grupos (FAN et al., 2014).

Fan et al. (2008, 2014, 2018 c) recomendam a utilização de até três grupos heteróticos. Para a decisão, dois princípios devem ser respeitados: i) obter maior número de combinações superiores com número reduzido de cruzamentos, e ii) perder poucas combinações superiores.

No primeiro princípio, fica evidente que o número ideal de grupos heteróticos seria dois. Por outro lado, no segundo princípio, caso o pesquisador tenha que forçar genótipos que combinam bem com os dois grupos dentro de um deles, a escolha mais adequada seria aquela que leva a menor perda de boas combinações híbridas dentro de grupos. Neste caso o pesquisador deverá escolher entre dois e três grupos heteróticos.

Fan et al. (2014) classificou linhagens de milho em três grupos heteróticos, pois elas combinaram bem com os testadores dos grupos heteróticos Reid e Non Reid. Caso ele forçasse estas linhagens dentro de um destes dois grupos, em ambos os casos seriam perdidos 20% dos melhores híbridos interpopulacionais. Segundo o autor, perder esse número de híbridos superiores não é aceitável, especialmente quando estavam entre os mais bem ranqueados. Neste estudo estabeleceu-se um novo grupo heterótico na China, o Suwan-1 (FAN et al., 2014).

Fan et al. (2018c) avaliaram a eficiência do melhoramento utilizando três grupos heteróticos (Reid, Non Reid e Suwan-1) ao invés do sistema tradicional duplo (Reid e Non Reid). Neste trabalho, três grupos (3GH) foram mais eficientes do que dois (2GH), pois após a classificação, 2GH perdeu cerca de 20% mais híbridos do que 3GH e o custo médio por híbrido não foi alterado, ou seja, mais cruzamentos foram realizados com 3GH, contudo, mais híbridos foram encontrados e a razão custo benefício foi a mesma. Os híbridos perdidos por 2GH tiveram produtividade $\geq 5\%$ acima da testemunha e têm grandes chances de tornarem-se comerciais, portanto, é inaceitável perdê-los. Nesta linha de raciocínio, as estratégias de melhoramento para aumentar a eficiência em uma visão de longo prazo deveriam ser repensadas e talvez ser considerado a utilização de 3GH, quando for adequado, para um programa de melhoramento mais produtivo, que lança maior número de híbridos ao longo do tempo.

2.3.1 Classificação de grupos heteróticos

As linhagens podem ser classificadas em diferentes grupos heteróticos utilizando informações de relação de pedigrees, performance fenotípica para determinado caráter, adaptabilidade e estabilidade, capacidade de combinação (top crosses ou cruzamentos dialélicos) e distância genética estimada com caracteres morfológicos ou marcadores moleculares (BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, 2007).

Dentre os métodos citados, dois deles são amplamente utilizados para a classificação de grupos heteróticos. O primeiro é o método da capacidade de combinação (CC), ele utiliza informações da capacidade específica de combinação com alguma informação de pedigree e/ou

performance fenotípica (CEC + PROD) (CROSSA; GARDNER; MUMM, 1987; FAN et al., 2018b, 2009). O outro método emprega vários marcadores moleculares para computar similaridade genética (SG) ou distância genética (DG) para agrupar os genótipos (BARATA; CARENA, 2006; FAN et al., 2009).

No primeiro método (CC), os delineamentos genéticos dialelo e top cross são amplamente utilizados (BARATA; CARENA, 2006; FAN et al., 2016, 2018b). Neste método, para a classificação dos grupos heteróticos, deve-se utilizar pelo menos um testador de cada grupo heterótico para a classificação dos genótipos. Fan et al. (2016) demonstra que esta é a estratégia mais economicamente eficiente, uma vez que as estimativas de capacidade de combinação (CGC e CEC) se comportam de forma semelhante se um ou mais testadores de cada grupo heterótico é utilizado. No entanto, deve ser ressaltado a necessidade de utilizar um testador representativo de cada grupo, pois estimativas de CC não são confiáveis quando cada grupo heterótico não está bem representado por pelo menos um testador (FAN et al., 2016 b).

Os resultados de Fan et al. (2016) estão de acordo com Melchinger e Gumber (1998), que definem grupo heterótico como um grupo de genótipos relacionados ou não, e que apresentam capacidade de combinação e resposta heterótica similar quando cruzados com genótipos de grupo heterótico distinto. Esta definição supõe que quando um grupo heterótico possui um testador representativo, as estimativas de capacidade de combinação não mudam em sentido, ou seja, se o cruzamento deste testador com outro genótipo (testado) é entre grupos heteróticos diferentes, eles se combinam bem e se são entre grupos iguais não, sendo a afirmativa anterior inválida para testadores que não representam bem o grupo.

O delineamento genético abordado anteriormente é o top cross. Para classificar os genótipos em grupos heteróticos pelo top cross, um testador representativo de cada grupo é cruzado com todas as linhagens cujo grupo heterótico deseja-se determinar. Top crosses são muito utilizados, principalmente quando existem muitos genótipos para serem testados.

Um dos maiores propósitos de conduzir um delineamento de testadores x genótipos é identificar test-crosses com alta produtividade de grãos, deste modo para identificar test-crosses que tenham potencial de tornar-se híbridos comerciais de milho, o uso de testadores de diferentes grupos heteróticos torna-se necessário e quanto maior o número de testadores usados de cada grupo melhor para o desenvolvimento de híbridos (FAN et al., 2016 b).

Como relatado anteriormente, quando o melhorista possui um testador representativo de cada grupo heterótico, as estimativas de capacidade de combinação geradas pelos cruzamentos não mudam em direção, de modo que um cruzamento testador x genótipo apresentará boa

capacidade de combinação quando são pertencentes a grupos diferente e o contrário quando são de grupos iguais. Todavia, somente a direção da capacidade de combinação não é eficiente para selecionar os melhores híbridos, deve-se levar em conta a magnitude dos valores, pois diferentes cruzamentos entre testadores e genótipos variam substancialmente em relação a magnitude da capacidade de combinação. Fan et al. (2016 b) recomenda usar o maior número de testadores possível de cada grupo heterótico para aumentar as chances de serem identificadas combinações superiores com potencial de tornarem-se híbridos comerciais de milho.

O delineamento genético abordado anteriormente é o dialelo parcial e ele pode ser entendido como uma combinação de vários top-crosses. Neste esquema de cruzamentos, os testadores serão alocados em um grupo diferente dos genótipos, sendo que os testadores têm grupo heterótico conhecido e os genótipos não. Este método gera informações da capacidade de combinação para seleção de genitores ao mesmo tempo que classifica os genótipos de grupo não definido quanto ao seu respectivo grupo heterótico em um mesmo delineamento dialélico. Segundo Melchinger (1999), os cruzamentos dialélicos são uma boa opção para classificar e estabelecer grupos heteróticos, desde que o grupo a ser testado seja pequeno.

Como comentado, o método CEC + PROD é o mais usado para classificação de grupos heteróticos via estimativas da capacidade de combinação, entretanto não é o único. Fan et al. (2009) propôs o método HSGCA, este método não utiliza apenas a CEC do método tradicional, ele também utiliza informações da CGC. Como a variância da produção de grãos pode ser destrinchada em variância de CGC e CEC, a junção de CGC e CEC pode ser uma boa ferramenta para a classificação, pois explica maior variabilidade do que a CEC sozinha. Fan et al. (2009) relata que o método HSGCA foi superior ao método ao método da CEC + MÉDIA em 23,6%, sugerindo que HSGCA foi mais eficiente em classificar grupos heteróticos. Mais informações sobre o método HSGCA podem ser encontradas em Fan et al. (2008, 2009).

Outra alternativa para a classificação de grupos heteróticos é utilizar marcadores moleculares para análises de distância ou similaridade genética (RICHARD et al., 2016). O emprego dos marcadores moleculares é usualmente rápido e elimina a necessidade de cruzamentos e avaliações de campo. Na cultura do milho, o uso alguns marcadores moleculares foram relatados para classificar grupos heteróticos com base em distância genética, os SNP (RICHARD et al., 2016; WU et al., 2016); SSR (BARATA; CARENA, 2006; FAN et al., 2009); e Dart (CANTELMO; VON PINHO; BALESTRE, 2017). Entretanto, foram encontradas na literatura várias ocasiões onde a classificação de linhagens de milho em grupos heteróticos via

método da capacidade de combinação e marcadores moleculares divergiram-se (BARATA; CARENA, 2006; FAN et al., 2009; MENKIR et al., 2004).

Na literatura existem críticas ao uso de marcadores para a classificação de grupos heteróticos, pois eles classificam genótipos em diferentes grupos por pedigree e não por comportamento heterótico (AGUIAR et al., 2008; BARATA; CARENA, 2006; LI et al., 2001). Barata e Carena (2006) classificaram grupos heteróticos via capacidade de combinação e marcadores moleculares SSR, eles mostraram que mesmo grupos heteróticos de germoplasmas geneticamente similares não poderiam ser identificados com precisão e confiabilidade com marcadores moleculares, mesmo quando o germoplasma disponível era diverso. Menkir et al. (2004), conduzindo estudos similares, encontraram combinações com alta produtividade de grãos em vários test-crosses dentro dos grupos heteróticos classificados por marcadores moleculares (AFLP e SSR), mostrando divergência genética e boa capacidade de combinação dentro dos grupos. Ambos os autores ressaltam que classificação de grupos heteróticos por distância genética estimada via marcadores moleculares não podem prever heterose. Portanto, para a classificação de grupos heteróticos de forma mais confiável, existe a necessidade de avaliação de campo, mesmo que os genótipos sejam relacionados.

2.4 Escolha de genitores

No melhoramento genético do milho por hibridação, há quatro etapas fundamentais: escolha de genitores para gerar populações, condução das populações segregantes até a homozigose, avaliação dos híbridos em diversos ambientes e anos e seleção de cultivares. Deste modo, seja a cultura autógama ou alógama, há o constante desafio de se identificar as melhores combinações na etapa inicial do melhoramento, que quando cruzadas, dão origem a populações promissoras para extração de linhagens, ou também na etapa final do melhoramento de culturas alógamas, onde o objetivo é identificar as combinações com performance superior para desenvolvimento de cultivares híbridas.

A escolha adequada de genitores para hibridação determina a taxa de sucesso do programa, pois é fundamental que variabilidade genética esteja presente no cruzamento para a obtenção de genótipos superiores. A seleção de genitores é uma das etapas mais importantes no melhoramento e uma das decisões mais importantes que um melhorista precisa fazer. A decisão deve ser a mais próxima do ideal possível, pois genitores com potencial genético reduzido levam à perda de tempo e dinheiro (BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, 2007).

Em um programa de melhoramento, muitas populações são obtidas e avaliadas anualmente, mas nem todas apresentam potencial genético para que genótipos com desempenho superior ao dos seus respectivos genitores sejam selecionados. Para auxiliar o melhorista, diferentes métodos foram propostos, dentre eles podem-se destacar os que utilizam apenas informações dos genitores, como o comportamento *per se* e a distância genética ou métodos que avaliam os genitores com base no desempenho de suas progênes, como a capacidade combinatória.

O comportamento *per se* utiliza o comportamento fenotípico dos genitores para sua seleção, neste método a decisão depende dos objetivos do melhoramento, que podem ser por exemplo: genótipos com as melhores médias para os caracteres alvo, como produtividade de grãos, qualidade de grão, ciclo vegetativo ou reprodutivo ou resistência a pragas e doenças. Selecionar genitores com base no fenótipo é constantemente insuficiente para garantir a presença de genótipos superiores nas suas progênes, pois os genitores foram escolhidos pelo fenótipo, assim qualquer caráter desejável que se encontra neles pode ser aleatório e não herdável, deste modo não será passado adiante para sua progênie (GANDIN, 1982).

A distância genética promove a seleção de genitores com base em distância ou similaridade genética estimada por meio de caracteres morfológicos, moleculares ou pedigree. O coeficiente de parentesco foi a primeira medida de pedigree usada para avaliar a relação entre genótipos (MALECOT, 1949), este coeficiente é definido como a probabilidade de que dois alelos possam ser idênticos por descendência em um genótipo oriundo de um dado cruzamento. O pior entrave para sua utilização é a falta disponibilidade de informações públicas sobre pedigree (BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, 2007). Na cultura do milho, a aplicação do coeficiente de parentesco pode ser encontrada em Smith et al. (1990).

O uso de marcadores de DNA (AFLP, SSR e SNP) para estimar distância genética entre genótipos têm sido bastante utilizados devido ao desenvolvimento de ferramentas de mapeamento genético. Estudos já mostraram que a distância genética estimada por meio dos marcadores de DNA podem ser usados para prever o desempenho de híbridos, porém somente para cruzamentos onde os genitores pertencem ao mesmo grupo heterótico e não podem ser estendidas para cruzamentos entre diferentes grupos (BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, 2007). Na cultura do milho, a aplicação da distância genética via utilização de marcadores de DNA e suas críticas podem ser encontrados em Barata e Carena (2006).

Outra forma de estimar distância genética é via análise multivariada, esta análise permite a junção de várias variáveis em uma análise. Distâncias genéticas medidas por caracteres

fenotípicos são uma das principais técnicas multivariadas usadas para escolha de genitores. A distância genética entre genótipos é uma maneira de tentar prever a variabilidade genética entre combinações híbridas (CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, 2014), entretanto em paralelo aos estudos de distância genética, é também necessário que os genótipos selecionados apresentem média alta e adaptabilidade e estabilidade para produtividade de grãos para ter alta probabilidade de encontrar-se genótipos superiores na progênie. As críticas deste método são devido as avaliações basearem-se em expressões fenotípicas dos caracteres, pois estes são muito influenciados pelo ambiente, e deste modo reduzir a precisão das estimativas para caracteres quantitativos (BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, 2007).

A estratégia mais adequada para seleção de genitores é a identificação de genitores com base no desempenho de suas progênes. Bertan, Carvalho e Oliveira (2007) relatam ser essencial que os genótipos utilizados nos cruzamentos tenham um mínimo grau de capacidade de combinação, suficiente para gerar recombinantes favoráveis em alta frequência.

Dois delineamentos genéticos utilizam as estimativas de capacidade de combinação para seleção de genitores: dialelo e top-cross. A melhor maneira de determinar a capacidade de combinação dos genitores é através de cruzamentos dialélicos, este método torna possível a avaliação de progênes de meios irmãos e irmãos germanos em um delineamento genético fatorial. As desvantagens da análise dialélica são a dificuldade de obtenção todas os cruzamentos e o grande trabalho envolvido na sua avaliação, assim como quando o número de genitores é grande, o que pode tornar esta metodologia inviável. Neste sentido, o método do top cross pode ser usado como uma alternativa ao dialelo para se estimar a capacidade de combinação entre genótipos, contudo, como neste método os valores de capacidade de combinação são obtidos em relação ao testador, a dificuldade neste método é encontrar bons testadores (CARVALHO et al., 2003).

2.5 Análise dialélica

Os cruzamentos dialélicos possibilitam a recombinação da variabilidade genética disponível dentro do programa de melhoramento, ocorrendo a combinação entre todos os genitores, onde com “n” genitores é possível a obtenção de “n²” combinações (F₁'s, recíprocos e parentais). Eles são bastante utilizados para estimar as melhores combinações entre genitores para a escolha das populações segregantes mais promissoras (BALDISSERA, 2012; VALÉRIO et al., 2009).

As metodologias para a análise dialélica mais empregadas são as de Gardner e Eberhart (1966), Griffing (1956) e Hayman (1954). A metodologia de Gardner e Eberhart (1966) consiste em incluir, no mínimo p populações, em que os genitores estão em equilíbrio de Hardy-Weinberg e os $p(p - 1)/2$ híbridos F_1 's. Ela promove informações detalhadas sobre o potencial *per se* dos genitores e da heterose em seus híbridos. Segundo Cruz e Regazzi (1994) e Vencovsky e Barriga (1992) a metodologia de Griffing (1956) é uma das mais utilizadas.

Os métodos da análise dialélica baseiam-se nos conceitos desenvolvidos por Rojas e Sprague (1952) e Sprague e Tatum (1942) sobre a capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC). Griffing (1956), possui quatro métodos:

- i. São inclusas todas as p^2 combinações, ou seja, pais, F_1 's e recíprocos;
- ii. São inclusas todas as combinações com exceção dos recíprocos;
- iii. São inclusas todas as combinações com exceção dos genitores;
- iv. São inclusas apenas as gerações F_1 's.

O método II é muito utilizado no melhoramento, uma vez que permite ao pesquisador a estimação da heterose pelo contraste entre a geração F_1 e a média dos parentais. Todavia, obter todas as sementes necessárias para formar os tratamentos F_1 's já é uma tarefa difícil, portanto métodos que incluem os parentais e/ou recíprocos se tornam muitas vezes um empecilho. Neste contexto, o método IV é um dos mais utilizados pela maior flexibilidade do delineamento genético e pelo menor número de combinações híbridas para serem avaliadas.

Fan et al. (2014) relata que a inclusão de cruzamentos recíprocos impacta CGC e CEC, assim como a identificação de combinações híbridas de alta produtividade que não poderiam ser encontradas somente com avaliação de F_1 's. Fan et al. (2014) relata que a inclusão dos recíprocos no método III identificou híbridos até 7,2% mais produtivos do que o melhor híbrido avaliado pelo método IV, o que fortemente sugere que a inclusão dos recíprocos pode ser importante para encontrar combinações de desempenho superior.

As diferenças na capacidade de combinação (CGC e CEC) e produtividade de grãos obtidas com a inclusão dos recíprocos são devidas aos efeitos materno e não materno, pois mesmo quando as mesmas linhagens são usadas, os métodos III e IV se diferem. No método III, as variâncias de CGC e CEC tendem a ser mais confiáveis que no método IV, pois os efeitos de CGC e CEC do método IV estão confundidos com o efeito materno, enquanto que no método III ocorre a separação do efeito materno nos recíprocos (FAN et al., 2014; MAHGOUB, 2011). Fan et al. (2014) demonstra que a inclusão dos recíprocos também influencia a classificação dos grupos heteróticos, deste modo, quando os efeitos de CEC são obtidos por cruzamentos

dialélicos que utilizam informações de recíprocos, não é incomum ver classificações diferentes daqueles métodos que não utilizam recíprocos, mesmo que as linhagens utilizadas nos cruzamentos dialélicos sejam as mesmas (FAN et al., 2014). Como o principal método de classificação de grupos heteróticos utiliza as informações da CEC + PROD, não é difícil enxergar como a adição dos recíprocos influencia na classificação de grupos heteróticos.

O número de cruzamentos no dialelo completo é dado pela expressão $[n(n + 1)]/2$; em que n é o número de genitores que participam dos cruzamentos. Segundo Veiga et al. (2000), quando existem muitos genitores, ocorrem limitações no seu uso devido ao elevado custo. Nestes casos, o uso do delineamento dialélico parcial é aconselhável, pois foi desenvolvido com o propósito de possibilitar o aumento do número de genitores que podem ser incluídos em um esquema de cruzamentos dialélicos. O número de cruzamentos no dialelo parcial é dado pela expressão $I \times J$; em que I e J são o número de genitores do grupo um e dois, respectivamente. O dialelo parcial permite o cruzamento entre grupos e não dentro de grupos. Neste contexto, para maior eficiência, os cruzamentos deste delineamento devem ser entre grupos heteróticos diferentes, com características dentro do grupo em comum e divergentes entre grupos (MIRANDA FILHO, J. B.; GORGULHO, 2001; VENCOVSKY, R.; BARRIGA, 1992).

O modelo de dialelo parcial foi esclarecido por Kempthorne e Curnow (1961), como o método desenvolvido para aumentar o número de genitores que podem ser incluídos nos cruzamentos dialélicos (HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010). De acordo com Bernini e Paterniani (2012) e Vencovsky (1987), parâmetros genéticos importantes podem ser estimados pelos cruzamentos dialélicos, como as variâncias de CGC, CEC, variâncias aditiva e de dominância e grau médio de dominância.

O modelo geral dialélico propicia a análise dialélica via modelos mistos e generaliza a definição dos efeitos de capacidade de combinação introduzidos pelas metodologias tradicionais e gera um modelo linear para análise dialélica para todos os quatro métodos de Griffing (1956) descritos anteriormente, assim como para as outras metodologias de análise dialélica, desde que os efeitos genéticos sejam aleatórios (MÖHRING; MELCHINGER; PIEPHO, 2011). Os modelos de Gardner e Eberhart (1966), Griffing (1956) e Hayman (1954) podem ser obtidos do modelo geral proposto por Möhring, Melchinger e Piepho (2011) adicionando algumas restrições entre os componentes de variância dos parentais e cruzamentos ou retirando alguns efeitos fixos ou aleatórios do modelo geral. Portanto, a análise de Griffing (1956) pode ser feita sob uma abordagem BLUP, e os componentes de variância estimados pelo método REML, utilizando o algoritmo AI (*Average Information*).

O método de análise REML (Restricted Maximum Likelihood) são modelos com alta precisão para uma grande amplitude de aplicações, podendo inclusive ser uma alternativa para substituição do método dos momentos para estimar os componentes de variância, assim como possibilitar a análise de dados balanceados ou desbalanceados (geneticamente ou estatisticamente) (BORGES et al., 2010).

Quando os dados são balanceados e não existe informações da matriz de parentesco dos genitores, o método dos mínimos quadrados e o emprego de modelos mistos apresentam o mesmo poder de classificação dos genótipos, no entanto, via modelos mistos apresentam menores estimativas de erro padrão de predição (WHITE, T.L.; HODGE, 1989). A classificação pode ser alterada com o aumento no desbalanceamento dos dados, neste caso como o método REML estima os componentes da variância considerados pelo BLUP, ele é o mais recomendado para situações de desbalanceamento (BERNARDO, 2010).

Segundo Resende (2002) o uso do REML/BLUP apresenta vantagens como melhor predição dos parâmetros genéticos e maior poder de discriminação entre genótipos. Outra vantagem é que ele permite bons resultados em trabalhos que apresentam heterogeneidade da variância, o que ocorre com frequência com dados desbalanceados (PIEPHO, H. P.; MÖHRING, 2006; VALENTE, 2010). Arnhold et al. (2009), Bernardo (2010), Fritsche-Neto et al. (2010) e Guimarães et al. (2010) relatam resultados bastante favoráveis quanto ao uso do REML/BLUP na cultura do milho.

2.6 Capacidade de combinação

A escolha de genitores é uma das etapas mais importantes em um programa de melhoramento, pois fazer seleção apenas através de fenótipos desejáveis é insuficiente para se obter progênies com potencial genético superior. A estratégia mais adequada é a identificação de genitores cuja capacidade combinatória seja superior em combinações híbridas de milho. Algumas metodologias foram propostas como o comportamento *per se*, a distância genética entre os genitores e a capacidade de combinação (rever tópico 2.5), esta última pode ser desdobrada em capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) (SPRAGUE; TATUM, 1942)

As estimativas de CGC são funções de diferenças nas frequências alélicas entre os genitores de um grupo heterótico e o efeito médio de uma substituição alélica no outro grupo heterótico, de acordo com a equação (2.6), e restrição $\sum_i^n g_i = 0$ (VENCOVSKY, 1987):

$$CGC = (p_i - \bar{p})[a + (1 - 2t)d] \quad (2.6)$$

Em que:

CGC: capacidade geral de combinação;

p_i: frequência do alelo favorável na linhagem sendo cruzada;

\bar{p} : frequência alélica média do alelo favorável no grupo de linhagens sendo testadas;

a: valor genotípico dos homozigotos;

t: frequência do alelo favorável no genitor utilizado como testador dos demais;

d: desvio de dominância.

A CGC está associada a performance média de um genitor em relação a média dos demais e está relacionada principalmente aos efeitos aditivos (BERNARDO, 1992; HALLAUER; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, 2010; VENCOVSKY, 1987). Já a CEC é função dos efeitos de dominância e do produto das diferenças entre as frequências alélicas dos grupos heteróticos envolvidos no cruzamento, de acordo com a seguinte equação (2.7), e restrição $\sum_i^n s_{ij} = 0$ (VENCOVSKY, 1987):

$$CEC = 2d[(p_i - \bar{p})(\bar{t} - t_i)] \quad (2.7)$$

Em que:

CEC: capacidade específica de combinação;

p_i: frequência do alelo favorável da linhagem do grupo heterótico *i*;

\bar{p} : frequência alélica média do alelo favorável no grupo heterótico *i*;

t_i: frequência do alelo favorável da linhagem do grupo heterótico *j*;

\bar{t} : frequência alélica média do alelo favorável no grupo heterótico *j*;

d: desvio de dominância.

A CEC está associada aos efeitos não aditivos (dominância e epistáticos). Estimativas negativas de CEC ocorrem geralmente quando $(p_i - \bar{p})$ e $(\bar{t} - t_i)$ tiverem sinais trocados, ou seja, quando as linhagens forem semelhantes ou de pouca divergência genética (BERNARDO, 1992; HALLAUER,; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, 2010; VENCOVSKY, 1987).

Como na prática as frequências alélicas dos genitores é desconhecida, existe a necessidade de testá-los em experimentos com repetições para se obter as estimativas de CGC e CEC. Os seguintes estimadores de mínimos quadrados são usados para se obter as estimativas de CGC (2.8) e CEC (2.9), respectivamente, com as restrições: $\sum_i^n g_i = 0$ e $\sum_i^n s_{ij} = 0$.

$$CGC = Y_i - \bar{Y}_{..} \quad (2.8)$$

Em que:

CGC: capacidade geral de combinação;

Y_i : média das progênies do genitor *i*;

$\bar{Y}_{..}$: média geral.

$$CEC = Y_{ij} - \mu - g_i - g_j \quad (2.9)$$

Em que:

CEC: capacidade específica de combinação;

Y_{ij} : média da combinação *ij*;

μ : média geral.

g_i : capacidade geral de combinação do genitor *i*;

g_j : capacidade geral de combinação do genitor *j*.

Estimação de CGC e CEC é muito utilizada no melhoramento do milho, estudos indicam eficiência destes parâmetros para indentificar divergências genéticas entre as linhagens endogâmicas para escolha de combinações híbridas e classificação de suas linhagens em grupos heteróticos (FAN et al., 2008, 2009, 2014, 2018 a, 2018 b; TERRON et al., 1997).

A CGC está associada principalmente a genes de efeito aditivo, sua definição é o comportamento médio de uma linhagem em combinações híbridas, ou seja, o comportamento médio de sua progênie em relação a média (SPRAGUE; TATUM, 1942). O seu conhecimento é importante para indicação dos melhores cruzamentos e seleção de genitores. Por outro lado, a CEC é um parâmetro que estima o desvio do comportamento esperado em um cruzamento ao que era esperado com base na CGC dos genitores e sua importância está relacionada aos efeitos gênicos não aditivos, ou seja, resultados que levam certas combinações a serem superiores ou inferiores em relação à média das linhagens envolvidas (SPRAGUE; TATUM, 1942). A relação entre CEC e heterose é bem próxima, sendo que as combinações híbridas de milho com as melhores estimativas de CEC podem gerar híbridos com maior heterose (MURTADHA; ARIYO; ALGHAMDI, 2018; OLIBONI et al., 2013).

A interação genótipos x ambientes também contribui como uma grande fonte de variação em experimentos de híbridos de milho. As estimativas de CGC e CEC podem interagir tanto com os locais como com os anos e safras agrícolas. A CEC inclui desvios de dominância

e epistasia, além de também incluir uma porção significativa da interação genótipos x ambientes nas análises individuais (ROJAS; SPRAGUE, 1952). Devido a grande influência do ambiente sobre as estimativas de CGC e CEC, a produtividade de grãos de híbridos derivados de genitores com alta interação CGC x ambientes será impactada quando cultivada em um ambiente diferente daqueles ao qual foram desenvolvidos, podendo haver mudança de ranqueamento dos híbridos, assim como mudança no comportamento heterótico dos genitores (FAN et al., 2008).

Segundo Deitos (2004), existe a necessidade de recomendação de híbridos e seleção de genitores para regiões específicas, de modo a capitalizar a interação genótipos x ambientes ao favor do melhorista. Esta estratégia é devido a magnitude da interação genótipos x ambientes influenciar na capacidade de combinação e portanto necessita-se do teste dos híbridos em um número de ambientes representativos, no qual o melhorista julgar adequado para a recomendação de cultivares por macrorregião.

Segundo Aguiar et al. (2004), Buzinaro (2017), Muradha (2018) e Oliboni et al. (2013) para a seleção de combinações híbridas, são desejáveis aquelas com as estimativas mais favoráveis de CEC, e que o cruzamento envolva pelo menos um genitor que possua alta estimativa favorável de CGC.

As estimativas de capacidade de combinação podem ser usadas para classificação de grupos heteróticos. Quando o grupo de genótipos a ser testado é grande, os top crosses podem ser utilizados, nestes cruzamentos são utilizados testadores de grupos heteróticos amplamente conhecidos para testar os genótipos de grupo não conhecido, sendo o primeiro grupo testador do segundo. Fan et al. (2016 b) demonstra que devem ser incluídos pelo menos um testador de cada grupo heterótico, pois caso contrário, as estimativas de CGC para algumas linhagens ficam viesadas quando comparadas com as estimativas de CGC onde pelo menos um testador de cada grupo heterótico foi incluído.

Por outro lado, quando o grupo é pequeno, os cruzamentos dialélicos são uma boa opção (MELCHINGER, 1999). Este tipo de cruzamento tem sido bastante usado na cultura do milho para inferir sobre divergência genética entre as linhagens e a sua alocação em grupos heteróticos (FAN et al., 2008; PINTO, R. M. C. DE; GARCIA, A. A. F.; SOUZA JR., 2001; TERRON et al., 1997). Neste método, a capacidade específica de combinação é usada para se estimar os efeitos genéticos e classificar os genótipos quanto aos seus respectivos grupos heteróticos (LAUDE; CARENA, 2014; MELCHINGER, 1999).

A CEC é considerada uma medida de distância entre as linhagens, sendo que quando desejamos classificar as linhagens em dois grupos heteróticos, os cruzamentos com efeitos de

CEC positivos e significativos e que apresentem média alta indicam que as linhagens pertencem a grupos heteróticos opostos e cruzamentos com efeitos de CEC negativos e significativos e média baixa revelam que as linhagens pertencem ao mesmo grupo heterótico (FAN et al., 2018a, 2018b; LAUDE; CARENA, 2014).

Em determinados casos, algumas linhagens podem ter boa capacidade de combinação com os dois grupos heteróticos e conseqüentemente originar os híbridos mais produtivos com mais de um grupo. Neste caso, o pesquisador pode considerar o estabelecimento de um novo grupo heterótico ou forçar estas linhagens dentro de algum dos grupos heteróticos. No segundo caso, a prioridade para a classificação será manter o maior número de híbridos superiores (FAN et al., 2014).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Local

Os experimentos foram conduzidos no Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico da UFLA em Lavras – MG. O local é situado a 951 metros de altitude, 21°12' de latitude sul e 45°59' de longitude oeste. O clima da região segundo classificação Köppen, é Cwa, clima temperado úmido com inverno seco e verão quente (KOTTEK et al., 2006).

3.2 Preparo da área experimental e manejo

Em todas as safras, foram coletadas amostras de solo para análise de rotina de fertilidade 30 dias antes do plantio. A área foi submetida a dessecação 10 dias antes do plantio com os herbicidas Roundup WG® (Glifosato) + Aurora 400 EC® (Triazolona) nas doses de 3 L/ha e 30 ml/ha, respectivamente. A área foi sulcada no espaçamento de 0,6 m entre linhas. A adubação de plantio em ambas as safras foi de 350 kg.ha⁻¹ do formulado comercial 8(N): 28(P₂O₅): 16(K₂O) e a adubação de cobertura foi de 200 kg.ha⁻¹ de uréia (45% N), realizada no estágio fenológico V4. Os tratos culturais foram realizados de acordo com recomendações de Borém, Galvão e Pimentel (2017).

3.3 Obtenção dos tratamentos genéticos

Os tratamentos comuns (testemunhas) foram os híbridos comerciais DKB390, 30F53 e BM820 (Tabela 1).

Tabela 1 – Descrição dos tratamentos comuns.

Híbrido	Classificação	Empresa	Eventos
DKB390	Híbrido simples	Monsanto	VT PRO 2™
30F53	Híbrido simples	DuPont Pioneer	VYHR®
BM820	Híbrido triplo	Biomatrix	Convencional

Legenda: “VT PRO 2™” reúne os eventos YieldGard® e Roundup Ready 2™ para proteção contra lagartas e tolerância ao herbicida glifosato, respectivamente. “VYHR®” reúne os eventos Leptra® e Roundup Ready 2™, para proteção contra lagartas e tolerância ao herbicida glifosato, respectivamente.

Os tratamentos regulares do dialelo foram obtidos através do cruzamento entre as progênies de dois grupos denominados VAV e NAY, cujas sementes foram obtidas na segunda safra de 2017/18 em Lavras – MG. Para tal, houve a proteção das espigas antes da emissão dos estilo-estigmas em todas as progênies dos dois grupos. Após a emissão do pendão, efetuou-se a coleta de pólen, aos quais foram transportados de um grupo para o outro até as espigas protegidas, gerando irmãos germanos em cruzamentos recíprocos entre grupos.

O grupo I do dialelo foi denominado de grupo VAV e foi constituído por onze progênies parcialmente endogâmicas, as quais foram obtidas por Cardoso (2018). Para tal, foram utilizadas progênies S_1 remanescentes das populações “A” e “B” (grupos heteróticos) dos ciclos 0, 3 e 6 de seleção recorrente recíproca (SRR) de milho da UFLA. O grupo VAV foi composto das onze progênies com as estimativas mais favoráveis de capacidade de combinação, independente do ciclo. Posteriormente, as populações foram conduzidas até $S_{2:3}$ para realização dos cruzamentos e obtenção dos híbridos avaliados na primeira e segunda safra de 2018/19. O método de condução das populações foi o “espiga por fileira”. Neste trabalho, apenas uma amostra das progênies selecionadas dos ciclos 0, 3 e 6 foram utilizadas para compor o grupo I (testadores). Entre as onze progênies deste grupo, seis são classificadas como pertencentes ao grupo heterótico “A” e cinco ao grupo heterótico “B” (Tabela 2).

Tabela 2 – Descrição das progênies do grupo VAV (grupo I).

Progênie	Textura	Grupo heterótico	Geração 2018/19
VAV ₁	Flint	A	S _{2:3}
VAV ₂	Flint	A	S _{2:3}
VAV ₃	Flint	A	S _{2:3}
VAV ₄	Flint	A	S _{2:3}
VAV ₅	Flint	A	S _{2:3}
VAV ₆	Flint	B	S _{2:3}
VAV ₇	Flint	B	S _{2:3}
VAV ₈	Flint	B	S _{2:3}
VAV ₉	Flint	B	S _{2:3}
VAV ₁₀	Flint	B	S _{2:3}
VAV ₁₂	Dent	A	S _{2:3}

Observação: são onze progênies VAV no total, a numeração saltando a progênie VAV₁₁ e inserindo a progênie VAV₁₂ foi elaborada para facilitar o rastreamento das populações de origem pelo programa.

O grupo II do dialelo foi denominado de grupo NAY e foi constituído por dez progênes parcialmente endogâmicas, as quais foram obtidas por Oliveira (2018) (em fase de elaboração)¹. Para compor o grupo NAY, foram selecionadas as dez melhores progênes provenientes de populações obtidas de híbridos comerciais por estimativas de $m + a'e d$. As populações de origem de todas as progênes NAY são indicadas na Tabela 3 e cada população é oriunda de um híbrido comercial diferente. Todavia, ao contrário das progênes do grupo VAV, as progênes do grupo NAY ainda não possuem grupos heteróticos definidos (Tabela 3). Para obter os híbridos da primeira e segunda safra de 2018/19 foi utilizada a geração S_{2:3}. O método de condução das populações também foi o “espiga por fileira”.

Tabela 3 – Descrição das progênes do Grupo NAY (grupo II).

Progênie	Textura	População	Geração
NAY ₁₃	Flint	E	S _{2:3}
NAY ₁₄	Flint	A	S _{2:3}
NAY ₁₅	Flint	A	S _{2:3}
NAY ₁₆	Dent	P5	S _{2:3}
NAY ₁₇	Dent	P6	S _{2:3}
NAY ₁₈	Flint	A	S _{2:3}
NAY ₁₉	Flint	C	S _{2:3}
NAY ₂₀	Dent	C	S _{2:3}
NAY ₂₁	Flint	A	S _{2:3}
NAY ₂₂	Flint	A	S _{2:3}

¹ OLIVEIRA, N. N. S. DE. **Métodos de escolha de populações para extração de linhagens de milho**. Lavras: UFLA, 2018.

3.4 Instalação dos experimentos

Os híbridos originados pelo dialelo parcial (11x10) foram avaliados na primeira e segunda safra do ano agrícola de 2018/19. O espaçamento foi de 0,6 m entre linhas e 0,25 m entre plantas. As datas de plantio foram 17/11/2018 e 07/02/2019 para a primeira e segunda safra, respectivamente.

Na primeira safra de 2018/19, o dialelo parcial foi desbalanceado, com 87 tratamentos regulares (Tabela 4) e três testemunhas (DKB390, 30F53 e BM820) (Tabela 1), totalizando 90 tratamentos, avaliados em três repetições. O delineamento experimental foi o alfa látice triplo 10x9 (k.s). As 270 parcelas foram constituídas por uma linha de quatro metros, com densidade de plantio de quatro plantas.m⁻¹. O experimento teve área total de 729 m².

Tabela 4 – Descrição dos tratamentos regulares da primeira safra de 2018/19.

		GRUPO II									
		NAY ₁₃	NAY ₁₄	NAY ₁₅	NAY ₁₆	NAY ₁₇	NAY ₁₈	NAY ₁₉	NAY ₂₀	NAY ₂₁	NAY ₂₂
GRUPO I	VAV ₁	1x13	-	-	1x16	1x17	1x18	1x19	1x20	1x21	1x22
	VAV ₂	2x13	-	2x15	2x16	2x17	-	2x19	2x20	2x21	2x22
	VAV ₃	3x13	3x14	3x15	3x16	3x17	3x18	3x19	3x20	3x21	3x22
	VAV ₄	4x13	4x14	4x15	4x16	4x17	4x18	-	-	-	4x22
	VAV ₅	5x13	5x14	-	5x16	5x17	5x18	-	5x20	5x21	5x22
	VAV ₆	6x13	6x14	-	-	6x17	-	-	6x20	6x21	6x22
	VAV ₇	7x13	-	7x15	7x16	-	7x18	7x19	7x20	7x21	-
	VAV ₈	8x13	-	8x15	8x16	8x17	8x18	8x19	8x20	8x21	8x22
	VAV ₉	9x13	9x14	-	9x16	9x17	9x18	-	-	9x21	-
	VAV ₁₀	10x13	10x14	10x15	-	10x17	10x18	10x19	10x20	10x21	10x22
	VAV ₁₂	12x13	12x14	12x15	12x16	12x17	12x18	-	12x20	12x21	12x22

Na segunda safra de 2018/19, o dialelo parcial foi desbalanceado, com 79 tratamentos regulares (Tabela 5) e duas testemunhas (DKB390 e 30F53) (Tabela 1), totalizando 81 tratamentos avaliados em três repetições. O delineamento experimental foi o látice quadrado triplo 9x9 (k²). As 243 parcelas foram constituídas por uma linha de quatro metros, com densidade de plantio de quatro plantas.m⁻¹. O experimento teve área total de 656.1 m².

Tabela 5 – Descrição dos tratamentos regulares da segunda safra de 2018/19.

		GRUPO II									
		NAY ₁₃	NAY ₁₄	NAY ₁₅	NAY ₁₆	NAY ₁₇	NAY ₁₈	NAY ₁₉	NAY ₂₀	NAY ₂₁	NAY ₂₂
GRUPO I	VAV ₁	1x13	-	-	1x16	1x17	1x18	1x19	1x20	-	1x22
	VAV ₂	2x13	-	2x15	2x16	2x17	-	2x19	2x20	2x21	-
	VAV ₃	3x13	3x14	3x15	3x16	3x17	3x18	3x19	3x20	3x21	3x22
	VAV ₄	4x13	4x14	4x15	4x16	4x17	4x18	-	-	-	4x22
	VAV ₅	5x13	5x14	-	5x16	5x17	5x18	-	5x20	5x21	5x22
	VAV ₆	-	6x14	-	-	6x17	-	-	6x20	6x21	6x22
	VAV ₇	7x13	-	7x15	-	-	7x18	-	7x20	7x21	-
	VAV ₈	-	-	-	8x16	8x17	8x18	8x19	8x20	8x21	8x22
	VAV ₉	9x13	9x14	-	-	9x17	9x18	-	-	9x21	-
	VAV ₁₀	10x13	10x14	10x15	-	10x17	10x18	10x19	10x20	10x21	10x22
	VAV ₁₂	12x13	12x14	12x15	12x16	12x17	12x18	-	12x20	12x21	12x22

3.5 Avaliação dos experimentos

Foram avaliados os seguintes caracteres agronômicos:

- i. Estande (STD): corresponde ao número de plantas.parcela⁻¹;
- ii. Severidade da mancha branca (SMB): as avaliações foram realizadas pela escala diagramática para o complexo mancha branca (*Phaeosphaeria maydis* / *Pantoea ananatis*) proposto por Sachs et al. (2011), no estágio fenológico R4. Três plantas de cada parcela foram selecionadas ao acaso, sendo avaliadas três folhas em cada planta (folha imediatamente abaixo da espiga, folha da espiga e folha imediatamente acima da espiga).
- iii. Produtividade de grãos (PROD): peso de grãos da parcela, obtido em kg.parcela⁻¹, corrigido para o teor de umidade de 13% e transformado para kg.ha⁻¹.

1. Fórmula para correção do peso de grãos para o teor de 13% de umidade:

$$P_{13\%} = \frac{P_i(100 - U)}{87}$$

Em que:

$P_{13\%}$: é o peso de grãos corrigido para 13%, em kg.parcela⁻¹;

P_i : é o peso de grãos inicial, não corrigido em kg.parcela⁻¹;

U : é o teor de umidade de grãos da parcela.

2. A extrapolação para PROD em kg.ha⁻¹ foi estimada utilizando a produção de grãos por parcela à 13% de umidade ($P_{13\%}$), área útil da parcela (2,4 m²) e a área equivalente a um hectare (10000 m²), de acordo com a seguinte equação:

$$PROD = (P_{13\%} \times 10000)/2,4$$

- iv. Teor de umidade dos grãos (U): o teor de umidade médio em porcentagem (%), foi obtido de uma amostra das sementes de 20 espigas aleatória do ensaio. A umidade final foi obtida da média de cinco medições da amostra de sementes, utilizando o determinador eletrônico de umidade Gehaka G650.
- v. Número de fileiras (NFIL): número médio de fileiras de grãos de três espigas representativas de cada parcela;
- vi. Número de grãos por fileira (NGF): número médio de grãos por fileira de três espigas representativas de cada parcela;
- vii. Número de grãos por espiga (NGE): correspondente à multiplicação (NFIL x NGF);
- viii. Peso de 100 grãos (P100): peso, em gramas, de 100 grãos contados após a debulha de cada parcela e corrigidos para 13% de umidade.

3.6 Classificação dos grupos heteróticos

A classificação dos grupos heteróticos foi realizada pelo método da capacidade específica de combinação e média de produtividade de grãos (CEC + PROD) para o caráter produtividade de grãos apenas para a primeira safra. Para tal, o grupo VAV (grupo I) foi utilizado no dialelo como o grupo dos testadores, uma vez que já possuem grupos heteróticos conhecidos (“A” ou “B”), e o grupo NAY (grupo II) utilizado como o grupo das progênies testadas, ou seja, cujos grupos heteróticos eram desconhecidos e desejava-se determiná-los.

As seguintes etapas descritas por Fan et al. (2014, 2018a, 2018b) foram utilizadas para a classificação pelo método da CEC + PROD: i) os cruzamentos com baixa PROD e CEC menor que zero tiveram as progênies alocadas no mesmo grupo do testador, ii) as combinações com alta PROD ou CEC maior que zero tiveram a progênie alocada no grupo oposto ao do testador, e iii) caso alguma progênie tenha sido alocada em mais de um grupo heterótico pelas etapas anteriores, o critério de desempate foi manter as progênies que originaram os híbridos mais produtivos entre grupos heteróticos.

3.7 Análises estatísticas

Anteriormente as análises individuais, o atendimento ao pressuposto para normalidade dos erros foi verificado pelo teste de Shapiro e Wilk (1965), e o da homogeneidade das variâncias residuais pelo teste de Bartlett (1937). As análises individuais e conjunta foram realizadas via abordagem de modelos mistos e os componentes de variância estimados utilizando o método da máxima verossimilhança restrita (REML). Os dados para as análises foram relativos a quatro variáveis: produtividade de grãos, severidade da mancha branca, número de grãos por espiga e peso de 100 sementes.

O seguinte modelo misto (6.1) foi utilizado para as análises dialélicas individuais visando a obtenção das estimativas da capacidade geral de combinação e capacidade específica de combinação para todos os caracteres avaliados:

$$Y = X\beta + Z_1b + Z_2g_1 + Z_3g_2 + Z_4s + e \quad (6.1)$$

Em que:

Y : é o vetor de observações;

β : é o vetor de efeitos fixos da repetição;

' b ', ' g_1 ', ' g_2 ', ' s ' e ' e ': são os vetores de efeitos aleatórios de bloco dentro da repetição, capacidade geral de combinação do grupo I (CGC_{g1}) e do grupo dois (CGC_{g2}), capacidade específica de combinação (CEC) e resíduo, respectivamente;

X , Z_1 , Z_2 , Z_3 e Z_4 : são as matrizes de incidência que relacionam as observações aos efeitos ' β ', ' b ', ' g_1 ', ' g_2 ' e ' s ', respectivamente.

Os efeitos aleatórios do modelo foram assumidos seguirem distribuição normal com médias e variâncias definidas a seguir:

$$\begin{bmatrix} b \\ g_1 \\ g_2 \\ s \\ e \end{bmatrix} \sim N \left\{ \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} I\sigma_b^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_{g1}^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{g2}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_s^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & R\sigma_e^2 \end{bmatrix} \right\}$$

Em que:

σ^2_b : é o componente de variância associado aos blocos dentro das repetições;

σ^2_{g1} : é o componente de variância associado à CGC do grupo I;

σ^2_{g2} : é o componente de variância associado à CGC do grupo II;

σ^2_s : é o componente de variância associado à CEC;

σ^2_e : é o componente de variância residual.

Anteriormente à análise conjunta, foi verificado a homogeneidade das variâncias residuais pelo teste de Hartley (1950). O seguinte modelo misto (6.2) foi utilizado para a análise dialéctica conjunta visando a obtenção das estimativas da capacidade geral de combinação (CGC), capacidade específica de combinação (CEC), interação de CGC's x safras e interação de CEC's x safras para todos os caracteres avaliados:

$$Y = X\beta + Z_1b + Z_2g_1 + Z_3g_2 + Z_4s + Z_5g_1l + Z_6g_2l + Z_7sl + \bar{e} \quad (6.2)$$

Em que:

β : é o vetor de efeitos fixos da safra e da repetição dentro de safra;

' b ', ' g_1 ', ' g_2 ', ' s ', ' g_1l ', ' g_2l ', ' sl ' e ' \bar{e} ': são os efeitos aleatórios de bloco dentro da repetição e safra, capacidade geral de combinação do grupo I (CGC_{g1}) e dois (CGC_{g2}), capacidade específica de combinação (CEC), interação entre $CGC's_{g1}$ e safras e $CGC's_{g2}$ e safras, interação entre CEC's e safras e resíduo médio, respectivamente;

$X, Z_1, Z_2, Z_3, Z_4, Z_5, Z_6$ e Z_7 : são as matrizes de incidência que relacionam as observações ' y ' aos efeitos ' β ', ' b ', ' g_1 ', ' g_2 ', ' s ', ' g_1l ', ' g_2l ' e ' sl ', respectivamente.

Os efeitos definidos como aleatórios no modelo foram assumidos seguirem distribuição normal com médias e variâncias definidas como:

$$\begin{bmatrix} b \\ g_1 \\ g_2 \\ s \\ g_1 \times l \\ g_2 \times l \\ s \times l \\ e \end{bmatrix} \sim N \left\{ \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} I\sigma_b^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_{g1}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_{g2}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_s^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_{g1l}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_{g2l}^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_{sl}^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & R\sigma_e^2 \end{bmatrix} \right\}$$

Em que:

σ_b^2 : é o componente de variância associado aos blocos dentro das repetições e safras;

σ_{g1}^2 : é o componente de variância associado à CGC do grupo I;

σ_{g2}^2 : é o componente de variância associado à CGC do grupo II;

σ_s^2 : é o componente de variância associado à CEC;

σ_{g1l}^2 : é o componente de variância associado a interação entre CGC's g_1 e safras;

σ_{g2l}^2 : é o componente de variância associado a interação entre CGC's g_2 e safras;

σ_{sl}^2 : é o componente de variância associado a interação entre CEC's e safras;

σ_e^2 : é o componente de variância residual média.

Após as análises, as significâncias das variâncias dos efeitos aleatórios foram avaliadas pelo teste LRT (*Likelihood Ratio Test*) e o valor das predições BLUP pelo erro padrão associado a estimativa BLUP, ambos a 5% de significância. A precisão experimental foi avaliada segundo recomendações de Resende e Duarte (2007), utilizando estimativas do coeficiente de variação experimental ($CV_e\%$) (6.3) e acurácia seletiva ($r\hat{g}g$) (6.4).

$$CV_e(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\bar{Y}_{..}} \times 100 \quad (6.3)$$

Em que:

$CV_e(\%)$: é o coeficiente de variação experimental;

σ_e^2 : é a variância do erro experimental;

$\bar{Y}_{..}$: é a média geral do experimento.

$$r\hat{g}g = \sqrt{1 - \left(\frac{PEV}{\sigma_G^2}\right)} \times 100 \quad (6.4)$$

Em que:

$r\hat{g}g$: é a acurácia seletiva;

PEV : é a variância do erro de predição dos BLUP's;

σ_G^2 : é a variância genotípica entre os tratamentos.

Todas as análises foram realizadas no software R v.3.6.2 (R CORE TEAM, 2019), utilizando o pacote ASReml-R 4.0 (BUTLER et al., 2017). Os gráficos foram construídos pelo pacote ggplot2 (WICKHAM, 2016).

4 RESULTADOS

A variância genética entre híbridos foi significativa ($p < 0,05$) para todos os caracteres. Para a capacidade geral de combinação (CGC), foi observada variância significativa ($p < 0,05$) para produtividade de grãos e número de grãos por espiga para as progênes do grupo I (VAV); e para severidade da mancha branca, número de grãos por espiga e peso de 100 sementes para as progênes do grupo II (NAY). Para a capacidade específica de combinação (CEC), foi observada variância significativa ($p < 0,05$) para os caracteres produtividade de grãos, severidade da mancha branca e número de grãos por espiga (Tabela 6).

O componente da interação híbridos x safras foi significativo ($p < 0,05$) para todos os caracteres. Foi observada significância ($p < 0,05$) para a interação CGC's do grupo VAV x safras para severidade da mancha branca e peso de 100 grãos, enquanto que não foi observada interação CGC's do grupo NAY x safras para nenhum caráter. O componente da interação CEC's x safras foi significativo ($p < 0,05$) para produtividade de grãos, número de grãos por espiga e peso de 100 sementes (Tabela 6).

Tabela 6 – Estimativas dos componentes de variância para a blocagem do látice, genética, CGC do grupo VAV e NAY, CEC, interações de híbridos x safras, CGC's x safras, CEC's x safras, variância do erro de predição, acurácia seletiva, coeficiente de variação experimental, herdabilidade ampla entre híbridos a nível de médias e média geral.

Parâmetros	PROD ¹	SMB ²	NGE ³	P100 ⁴
σ^2_{bloco}	0,076	0,142*	0,0	2,482*
σ_G^2	1,800*	0,222*	2433,2*	3,146*
$\sigma_{CGC\ VAV}^2$	0,968*	0,110	1401,6*	1,818
$\sigma_{CGC\ NAY}^2$	0,0	0106*	576,25*	1,969*
σ_{CEC}^2	1,032*	0,081*	669,20*	0,107
$\sigma_{G \times E}^2$	0,536*	0,277*	469,60*	2,655*
$\sigma_{CGC\ VAV \times E}^2$	0,123	0,243*	0,0	1,033*
$\sigma_{CGC\ NAY \times E}^2$	0,0	0,043	0,0	0,0
$\sigma_{CEC \times E}^2$	0,400*	0,037	467,09*	1,696*
σ^2_{erro}	2,513	0,642	2368,9	12,22
<i>PEV</i>	0,560	0,123	572,4	1,754
<i>r\hat{g}(%)</i>	82,99	66,78	87,45	66,52
<i>CVe(%)</i>	19,50	19,95	9,15	12,37
h_a^2	0,689	0,446	0,765	0,442
<i>Média</i>	8,130	4,015	531,8	28,26

Legenda: ¹produtividade de grãos (t.ha⁻¹); ²severidade da mancha branca, ³número de grãos por espiga; ⁴peso de 100 grãos (g). '*' Significativo a 5% pelo teste LRT.

Fonte: do autor (2020).

Observou-se CGC significativa ($p < 0,05$) e favorável para produtividade de grãos na progênie VAV₄; número de grãos por espiga nas progênies VAV₃, VAV₄ e NAY₂₀; e peso de 100 grãos na progênie NAY₁₄. Nenhuma CGC foi favorável e diferente de zero para severidade da mancha branca (Tabelas 7 e 8 e Figura 1).

Tabela 7 – Estimativas da capacidade geral de combinação dos genitores do grupo VAV, pela análise conjunta.

GENITOR	PROD ¹	SMB ²	NGE ³	P100 ⁴
VAV ₁	0,062	0,007	30,66	0,058
VAV ₂	0,169	0,215	14,90	-0,745
VAV ₃	0,442	0,200	37,22*	-0,117
VAV ₄	1,323*	-0,359	58,73*	-0,211
VAV ₅	-1,041*	0,070	-61,55*	-0,521
VAV ₆	0,913	-0,307	-20,57	2,562
VAV ₇	-1,283*	0,304	-18,36	-1,056
VAV ₈	-0,625	-0,032	-35,28*	0,222
VAV ₉	1,004	-0,276	-3,85	1,397
VAV ₁₀	-0,421	0,007	-18,26	-0,771
VAV ₁₂	-0,543	0,170	16,36	-0,818

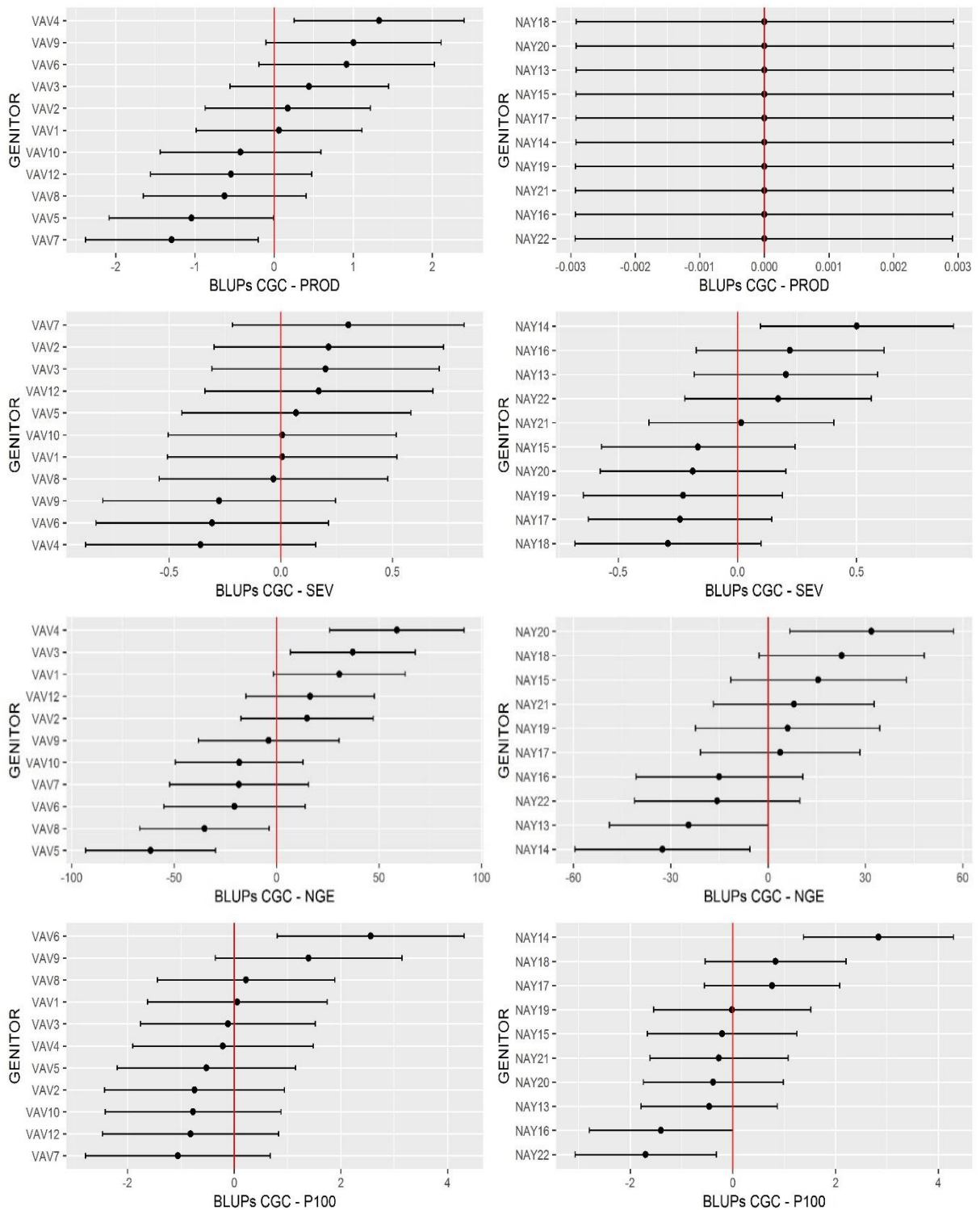
Legenda: ¹produtividade de grãos (t.ha⁻¹); ²severidade da mancha branca; ³número de grãos por espiga; ⁴peso de 100 grãos (g). '*' Significativo a 5% pelo erro padrão associado a estimativa BLUP. Fonte: do autor (2020).

Tabela 8 – Estimativas da capacidade geral de combinação dos genitores do grupo NAY, pela análise conjunta.

GENITOR	PROD ¹	SMB ²	NGE ³	P100 ⁴
NAY ₁₃	-0,024	0,204	-24,50*	-0,460
NAY ₁₄	0,003	0,502*	-32,58*	2,834*
NAY ₁₅	-0,006	-0,165	15,53	-0,208
NAY ₁₆	0,017	0,221	-15,07	-1,399*
NAY ₁₇	0,000	-0,241	3,75	0,764
NAY ₁₈	-0,032	-0,291	22,67	0,832
NAY ₁₉	0,010	-0,228	6,05	-0,015
NAY ₂₀	-0,026	-0,187	31,94*	-0,381
NAY ₂₁	0,013	0,016	7,95	-0,272
NAY ₂₂	0,046	0,170	-15,73	-1,696*

Legenda: ¹produtividade de grãos (t.ha⁻¹); ²severidade da mancha branca; ³número de grãos por espiga; ⁴peso de 100 grãos (g). '*' Significativo a 5% pelo erro padrão associado a estimativa BLUP. Fonte: do autor (2020).

Figura 1 - CGC dos genitores VAV e NAY para produtividade de grãos (PROD); severidade da mancha branca (SMB); número de grãos por espiga (NGE); e peso de 100 grãos (P100).



Legenda: PROD (produtividade de grãos); SMB (severidade da mancha branca); NGE (número de grãos por espiga); P100 (peso de 100 grãos). As linhas vermelhas na vertical são as médias gerais e as linhas pretas na horizontal são os intervalos de confiança dos BLUP's. '*' Significativo a 5% pelo erro padrão associado a estimativa BLUP.

Fonte: do autor (2020)

Observou-se CEC's significativas ($p < 0,05$) e favoráveis para produtividade de grãos nas combinações híbridas VAV₃xNAY₂₀, VAV₃xNAY₁₈ e VAV₄xNAY₁₆ para a primeira safra e VAV₁xNAY₁₈, VAV₃xNAY₁₈ e VAV₄xNAY₂₂ para a segunda safra. Para número de grãos por espiga, observou-se CEC's significativas ($p < 0,05$) e favoráveis nas combinações VAV₁₂xNAY₂₀, VAV₄xNAY₁₈, VAV₃xNAY₁₈, VAV₂xNAY₂₀ e VAV₅xNAY₁₆ para a primeira safra. Não foram observadas CEC's significativas para severidade da mancha branca em ambas as safras e para número de grãos por espiga na segunda safra (Tabelas 6 e 9 e Figura 2).

Tabela 9 – Estimativa da capacidade específica de combinação das combinações regulares entre as progênies dos grupos VAV e NAY na primeira e segunda safra de 2018/19 (continua).

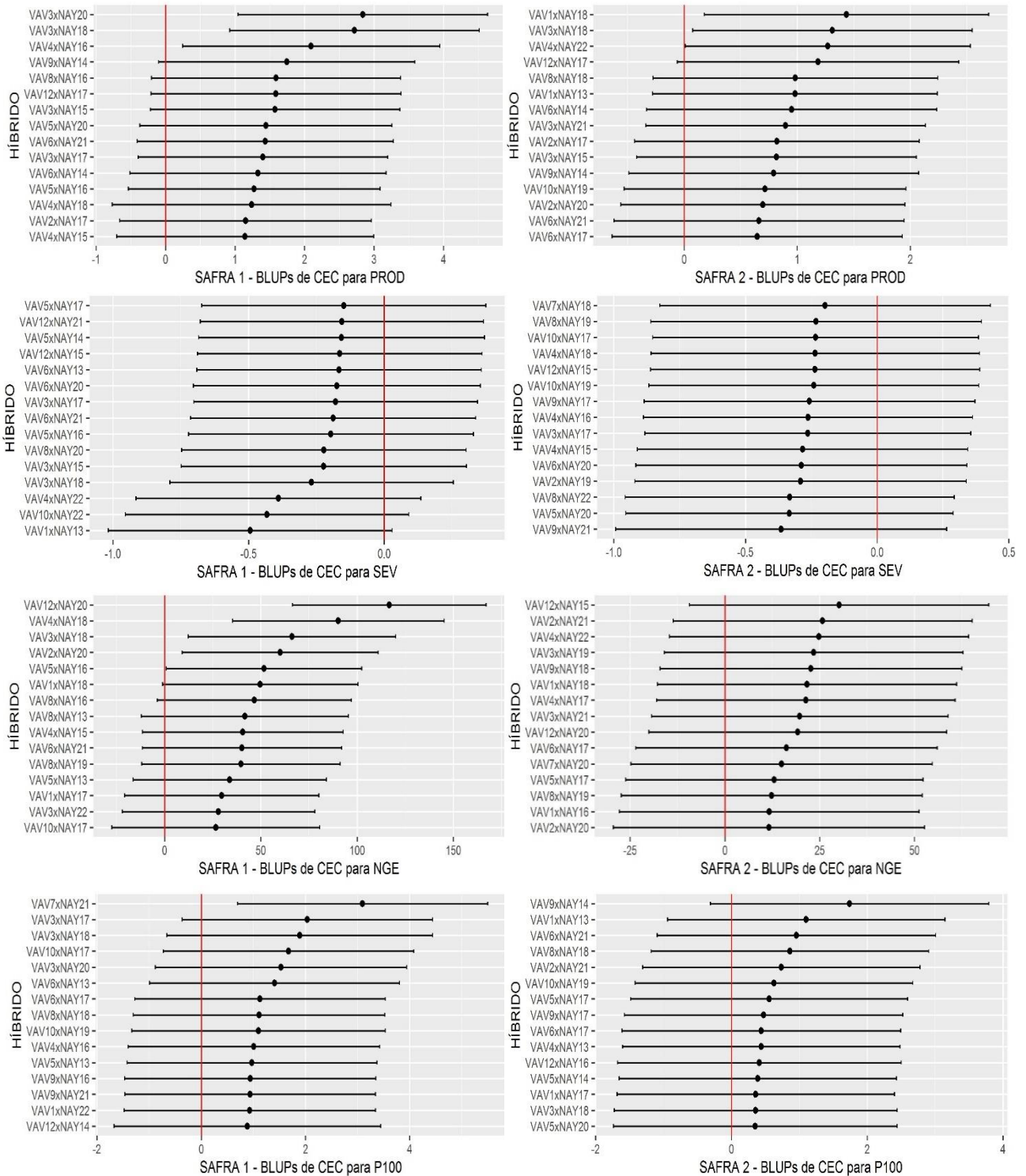
COMBINAÇÃO	PROD ¹		SMB ²		NGE ³		P100 ⁴	
	1ª safra	2ª safra	1ª safra	2ª safra	1ª safra	2ª safra	1ª safra	2ª Safra
VAV10xNAY13	0,867	0,185	0,179	0,172	20,586	4,085	-0,126	-0,134
VAV10xNAY14	-0,591	-0,085	0,160	-0,185	-13,253	-1,322	0,257	-0,422
VAV10xNAY15	-0,871	-0,634	0,114	0,044	0,114	-6,069	-0,68	-0,336
VAV10xNAY17	-0,278	0,607	-0,088	-0,234	26,631	3,959	1,675	-0,226
VAV10xNAY18	-0,956	-1,204	-0,08	0,221	-48,682	-7,857	-0,797	-0,03
VAV10xNAY19	0,376	0,715	-0,112	-0,241	-33,441	2,369	1,099	0,626
VAV10xNAY20	-0,022	0,143	0,339	0,017	-13,128	1,458	-1,073	-0,272
VAV10xNAY21	0,355	0,137	0,073	0,162	19,698	1,365	-1,254	0,112
VAV10xNAY22	0,502	-0,489	-0,432	-0,036	12,716	-3,369	0,717	0,33
VAV12xNAY13	-0,861	0,031	0,175	-0,009	-43,779	10,222	-1,213	-0,103
VAV12xNAY14	0,553	-0,525	-0,01	0,186	-39,57	-14,092	0,885	-0,048
VAV12xNAY15	0,613	0,541	-0,164	-0,236	23,32	30,107	0,72	0,254
VAV12xNAY16	-0,747	-0,800	0,068	0,075	-18,344	-13,018	0,057	0,410
VAV12xNAY17	1,588	1,184	0,10	0,019	5,009	-25,513	-0,412	-0,002
VAV12xNAY18	-0,542	0,104	0,003	-0,178	-42,697	0,000	-0,59	-0,341
VAV12xNAY20	0,196	-0,13	0,09	-0,192	116,647*	19,19	-0,512	0,263
VAV12xNAY21	-1,377	-0,133	-0,157	0,129	-1,722	5,945	-1,161	-0,181
VAV12xNAY22	-0,497	-0,841	0,231	0,221	26,18	-7,779	-0,751	-0,48
VAV1xNAY13	0,08	0,980	-0,494	-0,090	-4,904	8,17	0,036	1,102
VAV1xNAY16	0,908	0,213	0,165	-0,096	21,007	11,672	0,013	-0,284
VAV1xNAY17	-1,155	-0,794	-0,114	0,155	29,676	2,817	-1,996	0,358
VAV1xNAY18	0,972	1,435*	0,058	0,031	49,62	21,639	-0,506	0,272
VAV1xNAY19	-0,030	0,106	-0,123	0,209	12,498	-17,349	0,231	-0,674
VAV1xNAY20	-0,471	-0,483	0,183	-0,083	-22,473	-9,962	-0,332	-0,142
VAV1xNAY21	0,837	-	-0,012	-	-3,508	-	0,253	-
VAV1xNAY22	-1,424	-1,092	0,089	0,018	-39,485	-6,699	0,930	-0,554
VAV2xNAY13	0,172	0,482	0,178	-0,072	21,381	-12,159	0,402	0,040
VAV2xNAY15	-0,113	-0,228	0,012	0,295	6,968	4,791	0,434	0,108
VAV2xNAY16	-1,387	-0,346	0,082	-0,143	-51,759*	-8,026	-1,862	-0,958
VAV2xNAY17	1,150	0,820	-0,094	0,202	1,311	4,227	0,192	-0,102
VAV2xNAY19	0,045	-0,870	-0,004	-0,291	11,476	-20,913	0,419	-0,012
VAV2xNAY20	0,719	0,696	-0,019	0,392	60,016*	11,61	-0,526	-0,065
VAV2xNAY21	0,102	-0,059	-0,052	-0,181	-1,468	25,768	-0,977	0,734
VAV2xNAY22	-0,621	-	-0,017	-	-26,583	-	-0,499	-
VAV3xNAY13	-	-1,235	0,117	0,162	-42,264	-14,147	-0,775	-0,131
VAV3xNAY14	-1,235	0,041	0,228	-0,011	-0,234	-6,700	-0,053	0,312
VAV3xNAY15	1,575	0,817	-0,223	-0,073	18,967	-9,963	0,817	0,114

VAV3xNAY16	-3,232*	-0,894	-0,134	-0,009	-40,85	-10,93	-0,312	0,100
VAV3xNAY17	1,399	-0,227	-0,18	-0,263	-35,119	-11,775	2,035	-0,059
VAV3xNAY18	2,718*	1,311*	-0,268	-0,194	66,148*	7,808	1,889	0,356
VAV3xNAY19	-1,618	0,022	0,134	0,392	22,873	23,408	-0,725	0,061
VAV3xNAY20	2,839*	0,579	-0,117	0,163	10,629	6,027	1,529	-0,111
VAV3xNAY21	-0,627	0,896	-0,025	-0,022	25,28	19,733	0,330	-0,093
VAV3xNAY22	-0,680	-1,063	0,398	0,102	27,979	8,627	-0,807	-0,806
VAV4xNAY13	-	0,295	-0,069	-0,021	-62,491*	-3,665	0,104	0,440
VAV4xNAY14	-1,060	-0,203	0,226	0,430	-26,506	-12,786	-0,006	-0,579
VAV4xNAY15	1,142	-0,16	0,008	-0,283	40,556	-8,723	-0,578	0,129
VAV4xNAY16	2,093*	-0,215	-0,047	-0,263	-13,699	-3,483	1,008	-0,164
VAV4xNAY17	0,232	-0,006	0,160	0,063	21,422	21,365	0,042	-0,336
VAV4xNAY18	1,237	0,296	-0,143	-0,235	90,210*	9,878	-0,036	0,186
VAV4xNAY22	-1,214	1,270*	-0,39	0,066	5,721	24,777	-0,283	0,180
VAV5xNAY13	1,020	0,562	0,121	-0,133	33,81	-14,368	0,970	-0,590
VAV5xNAY14	-1,264	-0,993	-0,158	0,017	-21,152	8,871	0,617	0,389
VAV5xNAY16	1,274	-0,088	-0,197	0,24	51,598*	-5,217	0,036	-0,328
VAV5xNAY17	-0,967	0,472	-0,149	-0,129	-7,891	13,014	-0,463	0,556
VAV5xNAY18	-1,835*	-0,098	0,205	0,164	-27,91	-19,775	-0,224	-0,369
VAV5xNAY20	1,442	-0,03	-0,139	-0,333	-49,289	9,179	0,387	0,351
VAV5xNAY21	-1,383	-0,111	0,232	0,078	1,393	-1,400	-0,928	-0,649
VAV5xNAY22	-0,257	-0,766	0,222	0,088	-53,358*	-15,588	-0,514	0,343
VAV6xNAY13	0,127	-	-0,167	-	-27,342	-	1,405	-
VAV6xNAY14	1,329	0,950	-0,147	0,173	-4,979	2,457	0,685	0,029
VAV6xNAY17	-0,833	0,646	0,341	0,03	-20,801	16,248	1,127	0,44
VAV6xNAY20	0,370	-0,902	-0,175	-0,288	-16,714	-18,074	0,278	0,082
VAV6xNAY21	1,435	0,662	-0,188	-0,051	40,152	-10,678	0,384	0,958
VAV6xNAY22	-0,187	-1,049	0,018	-0,026	-1,502	5,605	0,212	-0,420
VAV7xNAY13	0,061	-0,431	0,222	-0,060	16,33	-0,298	-0,414	-0,192
VAV7xNAY15	-0,636	0,106	0,115	0,146	-4,952	2,608	-1,328	-0,042
VAV7xNAY16	-1,745	-	0,197	-	-9,474	-	-1,686	-
VAV7xNAY18	0,420	-0,374	-0,098	-0,198	17,17	-7,22	-0,652	0,215
VAV7xNAY19	-0,685	-	-0,078	-	-29,155	-	-0,89	-
VAV7xNAY20	0,873	0,328	-0,021	0,269	24,634	14,933	-0,461	0,150
VAV7xNAY21	-	-1,148	-0,127	0,052	-22,763	-22,447	3,094*	-0,575
VAV8xNAY13	0,925	-	-0,069	-	41,708	-	-0,932	-
VAV8xNAY15	-0,978	-	-0,051	-	-31,097	-	-0,269	-
VAV8xNAY16	1,588	0,631	0,285	0,179	46,621	3,562	0,686	0,179
VAV8xNAY17	-1,570	-0,439	-0,036	0,158	-12,300	2,160	-0,918	-0,150
VAV8xNAY18	-0,003	0,984	-0,049	0,051	-58,197*	-0,472	1,108	0,862
VAV8xNAY19	0,001	-0,036	-0,086	-0,232	39,636	12,315	0,155	-0,361
VAV8xNAY20	-1,110	-0,465	-0,223	-0,177	-27,75	-1,346	0,044	-0,233
VAV8xNAY21	-1,032	-1,104	0,172	0,289	-40,97	-13,797	-1,033	-0,090
VAV8xNAY22	0,672	0,089	0,11	-0,332	-12,379	-11,55	-0,215	-0,012
VAV9xNAY13	0,662	0,314	0,103	0,149	-11,447	-5,134	0,265	-0,657
VAV9xNAY14	1,744	0,791	-0,101	0,082	15,07	-7,364	0,777	1,740
VAV9xNAY16	0,186	-	-0,028	-	-10,088	-	0,939	-
VAV9xNAY17	-1,331	-0,584	-0,126	-0,257	-11,092	-16,285	-0,941	0,474
VAV9xNAY18	0,469	0,306	0,046	0,130	13,26	22,685	0,525	-0,619
VAV9xNAY21	-0,440	0,588	0,023	-0,364	2,539	2,664	0,937	-0,324
Máximo	2,839	1,435	0,398	0,43	116,647	30,107	3,094	1,740
Mínimo	-3,232	-1,235	-0,494	-0,364	-62,491	-25,513	-1,996	-0,958

Legenda: ¹produtividade de grãos (t.ha⁻¹); ²severidade da mancha branca, ³número de grãos por espiga, ⁴peso de 100 grãos (g). “1ª Safra”: primeira safra de 2018/19; e “2ª Safra”: segunda safra de 2018/19.

* Significativo a 5% pelo erro padrão da estimativa BLUP. Fonte: do autor (2020)

Figura 2 - CEC das combinações VAVxNAY para produtividade de grãos (PROD); severidade da mancha branca (SMB); número de grãos por espiga (NGE); e peso de 100 grãos (P100) pelas análises individuais.



Legenda: SAFRA 1 (primeira safra 2018/19); SAFRA 2 (segunda safra 2018/19); PROD (produtividade de grãos); SMB (severidade da mancha branca); NGE (número de grãos por espiga); e P100 (peso de 100 grãos). As linhas vermelhas na vertical são as médias gerais e as linhas pretas na horizontal são os intervalos de confiança dos BLUP's. '*' Significativo a 5% pelo erro padrão associado a estimativa BLUP. Fonte: do autor (2020).

Observou-se que os híbridos VAV₃xNAY₁₈, VAV₆xNAY₂₁ e VAV₄xNAY₁₈ se destacaram para a primeira safra e o híbrido VAV₉xNAY₂₁ para a segunda safra, com alta produtividade de grãos e boa tolerância à mancha branca (Tabela 10 e Figura 3).

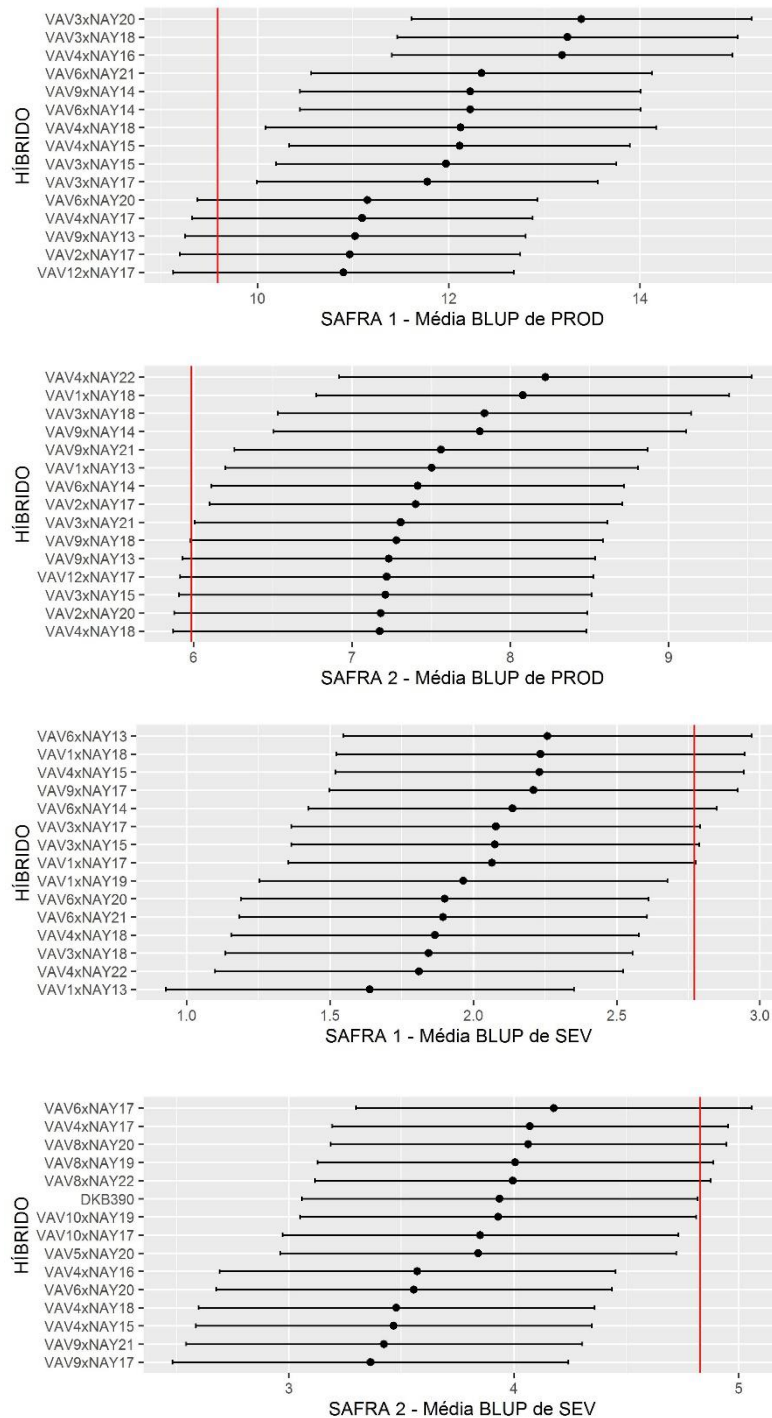
Tabela 10 - Médias BLUP dos híbridos regulares e comuns em ambas as safras (continua).

HÍBRIDO	PROD ¹		SMB ²		NGE ³		P100 ⁴	
	1ªsafra	2ªsafra	1ªsafra	2ªsafra	1ªsafra	2ªsafra	1ªsafra	2ªsafra
30F53	9,431	3,358*	4,309*	5,479	596,7	470,8	31,25	21,04
BM820	10,112	-	3,4	-	562,2	-	31,0	-
DKB390	9,459	5,148	2,552	3,936*	611,4	569,4*	31,54	21,75
VAV10xNAY13	10,321	5,935	3,521*	5,075	563,4	483,3	31,62	21,13
VAV10xNAY14	8,683	5,625	3,401	4,875	514,5*	466,5	34,15	21,39
VAV10xNAY15	8,4	4,927	2,987	4,601	576,5	479,8	30,48	20,74
VAV10xNAY17	9,039	6,484	2,576	3,85*	591,0	497,7	34,41	21,6
VAV10xNAY18	8,266	4,299*	2,52	4,841	522,8*	483,5	31,29	22,02
VAV10xNAY19	9,778	6,591	2,463	3,93*	527,7	489,3	33,58	23,33
VAV10xNAY20	9,32	5,871	3,493*	4,43	570,8	504,6	30,12	21,03
VAV10xNAY21	9,75	5,848	3,011	5,031	587,3	491,1	30,04	22,05
VAV10xNAY22	9,908	4,977	2,262	4,608	557,0	475,4	32,35	21,79
VAV12xNAY13	8,144	5,787	3,752*	4,948	526,1*	507,8	30,06	21,51
VAV12xNAY14	9,813	5,064	3,284	5,908*	519,2*	459,5	34,63	22,77
VAV12xNAY15	9,813	6,415	2,67	4,232	638,7*	566,3*	32,35	23,02
VAV12xNAY16	8,281	4,715	3,596*	4,968	565,8	461,9	31,33	22,89
VAV12xNAY17	10,902	7,22	3,168	4,671	599,4	458,7	31,51	22,57
VAV12xNAY18	8,525	5,913	2,864	4,255	565,4	496,1	31,51	21,45
VAV12xNAY20	9,409	5,576	3,256	4,181	754,0*	555,8*	30,79	22,9
VAV12xNAY21	7,577*	5,557	2,752	5,262	598,8	517,3	30,14	21,27
VAV12xNAY22	8,566	4,598*	3,811*	5,413	604,8	484,3	30,17	19,7
VAV1xNAY13	9,607	7,504*	1,639*	5,084	581,8	512,6	31,80	26,10*
VAV1xNAY16	10,527	6,482	3,012	4,957	622,1	520,2	31,29	21,52
VAV1xNAY17	8,172	5,316	2,065	5,267	639,0*	521,6	29,42	24,66
VAV1xNAY18	10,604	8,080*	2,235	5,058	681,8*	566,0*	31,54	24,16
VAV1xNAY19	9,47	6,393	1,965*	5,489	628,3*	477,7	32,36	20,75
VAV1xNAY20	8,97	5,643	2,671	4,788	607,6	508,8	31,12	22,51
VAV1xNAY21	10,442	-	2,311	-	608,4	-	32,05	-
VAV1xNAY22	7,859	4,826	2,742	5,369	541,8	495,1	32,48	20,5
VAV2xNAY13	9,871	6,961	3,392	5,251	597,6	465,4	32,25	22,01
VAV2xNAY15	9,541	6,054	2,659	5,841*	617,7	518,3	31,97	22,42
VAV2xNAY16	8,113	5,86	3,285	4,989	525,4*	474,3	28,71	18,58*
VAV2xNAY17	10,969	7,405*	2,523	5,523	591,9	516	32,32*	22,46
VAV2xNAY19	9,724	5,26	2,60	4,563	613,1	462,6	32,62	21,73
VAV2xNAY20	10,493	7,182	2,694	5,944*	687,2*	541,9	30,77	21,88
VAV2xNAY21	9,78	6,254	2,693	5,067	595,4	555,6*	30,34	24,13
VAV2xNAY22	8,979	-	2,959	-	542,4	-	30,53	-
VAV3xNAY13	-	4,703	3,104	5,910*	543,2	472,9	30,8	21,37
VAV3xNAY14	8,804	6,254	3,265	6,044*	584	485,3	33,79	23,89
VAV3xNAY15	11,973*	7,213	2,076	5,175	652,7*	501,5	32,59	22,66
VAV3xNAY16	6,562*	5,057	2,753	5,392	555	480	30,89	21,75
VAV3xNAY17	11,777*	5,946	2,079	4,635	572,7	496,7	34,93*	22,37
VAV3xNAY18	13,242*	7,838*	1,845*	4,821	708,2*	540,1	35,03*	23,76

VAV3xNAY19	8,235	6,219	2,676	6,150*	647,4*	558,6*	31,2	21,99
VAV3xNAY20	13,389*	6,889	2,319	5,538	652,5*	542,4	33,69	21,71
VAV3xNAY21	9,498	7,310*	2,518	5,481	648,4*	555,3*	32,25	21,8
VAV3xNAY22	9,431	4,79	3,587*	5,770*	625,7*	527,4	30,2	18,65*
VAV4xNAY13	-	7,137	2,50	4,205	524,9*	518,4	31,92	23,42
VAV4xNAY14	9,627	6,506	3,019	5,713*	555,3	499,1	33,8	21,65
VAV4xNAY15	12,114*	6,596	2,231	3,465*	678,4*	529,2	30,64	22,92
VAV4xNAY16	13,186*	6,459	2,61	3,571*	591,2	519,7	32,66	21,27
VAV4xNAY17	11,096	6,798	2,571	4,072	638,1*	585,4*	32,19	21,96
VAV4xNAY18	12,127*	7,176	1,867*	3,477*	737,9*	571,9*	32,32	23,15
VAV4xNAY22	9,276	8,223*	1,811*	4,395	601	583,7*	30,86	22,26
VAV5xNAY13	9,833	6,197	3,379	4,589	549,1	410,3*	33,10	19,88
VAV5xNAY14	7,317*	4,220*	2,71	5,455	476,2*	452,9	34,30	23,92
VAV5xNAY16	10,114	5,338	2,843	5,268	580,1	428,7*	31,31	20,21
VAV5xNAY17	7,603*	6,078	2,469	4,277	519,6*	481,8	31,52	24,07
VAV5xNAY18	6,632*	5,424	3,042	4,924	517,0*	427,6*	32,05	21,12
VAV5xNAY20	10,306	5,457	2,592	3,842*	500,4*	492,6	32,08	23,23
VAV5xNAY21	7,182*	5,308	3,293	5,05	537,2	452,7	30,49	19,97
VAV5xNAY22	8,495	4,404*	3,552*	5,043	449,3*	418,9*	30,50	21,99
VAV6xNAY13	10,869	-	2,259	-	507,3*	-	33,75	-
VAV6xNAY14	12,225*	7,416*	2,138	5,423	522,2*	475,3	34,46	26,88*
VAV6xNAY17	9,79	7,08	2,811	4,179	532,7*	522,7	33,74	28,00*
VAV6xNAY20	11,15	5,094	1,901*	3,556*	565,1	468,8	31,99	26,07*
VAV6xNAY21	12,345*	7,064	1,895*	4,366	609	469,7	32,33	28,56*
VAV6xNAY22	10,524	4,846	2,528	4,411	535,9	497,5	31,58	23,26
VAV7xNAY13	8,884	4,706	3,648*	5,318	574,8	458,6	31,15	20,75
VAV7xNAY15	8,085	5,32	3,105	5,556	584,5	484,7	29,55	21,31
VAV7xNAY16	6,850*	-	3,718*	-	553,7	-	28,94	-
VAV7xNAY18	9,295	4,816	2,499	4,768	611,2	473	31,44	22,32
VAV7xNAY19	8,042	-	2,656	-	545,6	-	30,85	-
VAV7xNAY20	9,789	5,608	2,909	5,711*	627,5	518,6	30,87	21,91
VAV7xNAY21	-	3,775*	2,721	5,535	552,8	433,9*	35,85*	19,89
VAV8xNAY13	10,064	-	2,906	-	576	-	30,50	-
VAV8xNAY15	7,801*	-	2,574	-	523,8*	-	31,01	-
VAV8xNAY16	10,7	6,57	3,623*	5,014	586,5	477,7	32,16	23,22
VAV8xNAY17	7,155*	5,381	2,582	4,726	526,6*	488	30,9	23,48
VAV8xNAY18	8,901	7,117	2,455	4,577	494,7*	491,4	33,83	25,99
VAV8xNAY19	8,904	5,814	2,46	4,007	594,4	502,1	32,28	22,07
VAV8xNAY20	7,667*	5,267	2,288	4,064	536,9	493	31,57	22,69
VAV8xNAY21	7,750*	4,504*	3,087	5,342	500,9*	455,9	30,32	22,9
VAV8xNAY22	9,659	5,896	3,162	3,996	507,9*	453,5	30,89	22,44
VAV9xNAY13	11,023	7,234	3,055	4,532	544,9	464,3	32,18	22,45
VAV9xNAY14	12,225*	7,810*	2,608	4,946	564,6	458,2	34,89*	30,44*
VAV9xNAY16	10,478	-	2,823	-	557,3	-	32,59	-
VAV9xNAY17	8,776	6,148	2,21	3,363*	563,3	462,2	30,91	26,41*
VAV9xNAY18	10,808	7,282	2,406	4,241	611,1	545,1	33,06	23
VAV9xNAY21	9,782	7,563*	2,612	3,423*	585,8	496,9	33,04	23,47
Média	9,59	5,99	2,77	4,83	578,6	496,04	31,86	22,57
Máximo	13,39	8,22	4,31	6,15	754,0	585,40	35,85	30,44
Mínimo	6,56	3,36	1,64	3,36	449,3	410,30	28,71	18,58

Legenda: ¹produtividade de grãos; ²severidade da mancha branca, ³número de grãos por espiga, ⁴peso de 100 grãos. '*' Significativo a 5% pelo erro padrão associado a estimativa BLUP. Fonte: do autor (2020).

Figura 3 – Médias BLUP dos híbridos regulares VAVxNAY e testemunhas para produtividade de grãos (PROD) e severidade da mancha branca (SMB) pelas análises individuais.



Legenda: SAFRA 1 (primeira safra 2018/19); SAFRA 2 (segunda safra 2018/19); PROD (produtividade de grãos); SMB (severidade da mancha branca). As linhas vermelhas na vertical são as médias gerais e as linhas pretas na horizontal são os intervalos de confiança dos BLUP's. '*' Significativo a 5% pelo erro padrão associado a estimativa BLUP.

Fonte: do autor (2020)

5 DISCUSSÃO

A experimentação no melhoramento genético de plantas é essencial para o contínuo desenvolvimento de novas cultivares. Neste contexto, para se obter sucesso na seleção dos melhores genótipos é desejável que a precisão experimental seja alta para uma boa inferência a respeito dos valores genotípicos dos tratamentos (RESENDE; DUARTE, 2007). A precisão experimental deste trabalho foi avaliada pela acurácia seletiva ($r\hat{g}g$) e coeficiente de variação experimental (CV_e).

As acurácias para todos os caracteres foram altas (>70%) (Tabela 12 do anexo). A acurácia informa sobre o correto ordenamento dos genótipos para fins de seleção e sobre a eficácia da inferência acerca do valor genotípico (RESENDE, 2002). Portanto, estes resultados viabilizam o sucesso na prática da seleção de híbridos e genitores com alta precisão para todos os caracteres neste trabalho, pois os respectivos valores genéticos foram preditos com alta precisão.

Todos os CV_e 's foram abaixo de 20%, com exceção dos CV_e 's para PROD na segunda safra e SMB na primeira safra (Tabela 12 do anexo), demonstrando a qualidade na condução dos experimentos e indicando boa precisão experimental (PIMENTEL GOMES, 1985). O CV_e mede o nível de variação residual como proporção da média do experimento, de modo que quanto maior é o erro, menor é o poder do teste em discriminar os tratamentos (FRITSCHENETO et al., 2012). CV_e 's altos para PROD são muito comuns por ser um caráter controlado por muitos genes e ser altamente influenciado pelo ambiente (RESENDE; DUARTE, 2007). Já para SMB, CV_e 's elevados podem estar relacionados a desuniformidade da doença, uma vez que a infecção do patógeno ocorreu de forma natural no campo (COLOMBO et al., 2014). Outros trabalhos na literatura apresentaram CV_e 's semelhantes aos encontrados neste trabalho, para PROD (BUZINARO, 2017; FERNANDO; PINTO, 2017; RODRIGUES, 2019); e para SMB (AMARAL, 2005; BERGHETTI, 2018; TEIXEIRA et al., 2017).

O delineamento experimental em látice se justificou apenas para o caráter SMB na primeira safra e PROD, SMB e P100 na segunda safra (Tabela 12), revelando a existência de heterogeneidade dentro das repetições completas e justificando o uso dos blocos incompletos para controlar a heterogeneidade ambiental e comparação dos tratamentos mais adequadamente, principalmente na segunda safra. Para todos os caracteres que o delineamento do látice não foi efetivo, o experimento poderia ter sido avaliado no delineamento experimental de blocos casualizados (DBC) (Tabela 6).

A existência de variabilidade genética é fundamental para se realizar a seleção. Neste sentido, o componente de variância genética entre híbridos foi significativo ($p < 0,05$) para todos os caracteres avaliados (Tabela 6). Estes resultados revelam a existência de variabilidade genética entre as combinações VAVxNAY para seleção de híbridos, assim como viabilizam a análise dialélica, para destrinchamento da variância genética em seus componentes da capacidade de combinação.

Para o desenvolvimento de híbridos, a análise das combinações VAVxNAY revelou a possibilidade de seleção para todos os caracteres, visto que os componentes de variância genética foram significativos para todos os caracteres avaliados (Tabela 6). Este resultado revela alta variabilidade genética entre as combinações para praticar seleção. Todavia, foi realizada seleção apenas para os caracteres PROD e SMB devido a sua maior relevância agrônômica para o desenvolvimento de híbridos de milho e também por NGE e P100 serem componentes de rendimento de grãos, ou seja, componentes de PROD.

A interação entre híbridos e safras foi significativa para todos os caracteres (Tabela 6), sugerindo que os híbridos VAVxNAY se comportam diferentemente ao longo das safras para todos os caracteres. Portanto, os melhores híbridos ranqueados em uma safra, podem não apresentar, necessariamente, superioridade em outra safra. A interação já era prevista, pois houve avaliação dos híbridos em condições de primeira safra (safra de verão) e segunda safra (safrinha), onde os respectivos regimes de chuvas e temperaturas ambientais são divergentes (BUZINARO, 2017). Neste contexto, para os caracteres que a interação foi significativa, a seleção foi direcionada especificadamente para cada uma das safras.

Para o caráter PROD, dez híbridos se destacaram para as condições de primeira safra (Tabela 10), sendo que o melhor híbrido produziu $13,99 \text{ t.ha}^{-1}$ e a melhor testemunha BM820 produziu $10,11 \text{ t.ha}^{-1}$. Na segunda safra, nove híbridos se destacaram, sendo que o melhor híbrido ($8,22 \text{ t.ha}^{-1}$) produziu 15,5% acima da melhor testemunha DKB390 ($5,15 \text{ t.ha}^{-1}$) (Tabela 10 e Figura 3). Este resultado revela o grande potencial dos híbridos para o desenvolvimento de híbridos para safra e para safrinha, pois foram competitivos em produtividade com híbridos comerciais amplamente plantados.

Para o caráter SMB, sete híbridos se destacaram para a resistência à mancha branca nas condições de primeira safra, sendo que o híbrido mais resistente teve nota 1,6 e a melhor testemunha (DKB390) teve nota 2,6. Na segunda safra, dez híbridos se destacaram, incluindo uma testemunha (DKB390), sendo que o híbrido mais resistente teve nota 3,3 e a melhor testemunha (DKB390) teve nota 3,9 (Tabela 10 e Figura 3). Foi observada maior severidade da

doença nas condições de segunda safra (safrinha), este fato pode ser justificado devido ao acúmulo de inócuos no campo em decorrência de cultivos sucessivos de milho (GODOY; AMORIN; FILHO, 1998).

Foi possível identificar três híbridos para a primeira safra e um para a segunda com alta produtividade de grãos (PROD) e com boa tolerância à mancha branca (SMB), sendo os híbridos com maior chance de um dia tornarem-se comerciais (Tabela 10 e Figura 3).

Após o término da análise de competição dos híbridos VAVxNAY, a análise dialélica foi realizada. Esta análise teve como objetivo destrinchar a variabilidade genética nos seus componentes de CGC e CEC para a seleção de combinações de genitores e para classificar as progênes oriundas dos híbridos comerciais (progênes NAY) em grupos heteróticos pelo método da CEC + PROD.

O componente de variância de CGC do grupo VAV (grupo I) foi significativo ($p < 0,05$) para os caracteres PROD e NGE (Tabela 6). Este resultado indica que existem genitores que se destacam no grupo VAV para os dois caracteres em relação a frequência de alelos favoráveis. Este resultado também sugere que toda a variância genética aditiva detectada para SMB e P100 nas combinações VAVxNAY foram oriundas apenas das progênes NAY (Tabela 6). Uma vez que as progênes VAV são testadores de dois grupos heteróticos (Tabela 1), ficou evidenciado a divergência genética entre grupos heteróticos quanto à frequência de alelos favoráveis para PROD e NGE, fundamental para a expressão da heterose na presença de dominância para o caráter.

O componente de variância de CGC do grupo NAY (grupo II) foi significativo ($p < 0,05$) para SMB, NGE e P100. Este resultado revela que existem genitores que se destacam neste grupo para os três caracteres em relação a frequência de alelos favoráveis (Tabela 6). Analisando mais detalhadamente o caráter PROD, foi observado que as variâncias de CGC do grupo NAY das safras individuais também foram iguais a zero (Tabela 12). Estes resultados sugerem que toda a variância genética aditiva detectada para PROD nas combinações VAVxNAY foram oriundas apenas do grupo VAV e que a frequência de alelos favoráveis nas progênes NAY são semelhantes entre si para PROD, o que não era esperado, já que vieram de populações oriundas de híbridos comerciais diferentes (Tabela 3).

Houve interação entre CGC's do grupo VAV x safras somente para SMB e P100, enquanto que não ocorreu interação entre CGC's do grupo NAY x safras para nenhum caráter (Tabela 6). Estes resultados indicam que o comportamento médio das progênes VAV e NAY foram consistentes ao longo das safras para todos os caracteres, com exceção de SMB e P100

no grupo VAV. Para os caracteres que a interação de CGC's do grupo VAV x safras foi significativo, as progênies com as melhores CGC's em uma safra, podem não apresentar, necessariamente, superioridade em outra safra.

Analisando mais detalhadamente a interação CGC's do grupo VAV x safras para SMB e P100, foi observado que a variância de CGC da conjunta foi estatisticamente igual a zero (Tabela 6), revelando que as variâncias de CGC significativas encontradas nas análises individuais para SMB em ambas as safras e para P100 na segunda safra (Tabela 12) estavam na verdade inflacionadas pela interação CGC's VAV x safras, visto que a interação inflaciona a variância genética nas análises individuais (RAMALHO et al., 2012; RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012). Portanto, a mudança de comportamento da CGC dos genitores do grupo VAV para os dois caracteres ao longo das safras individuais foi devida ao efeito da interação CGC's VAV x safras e não devido a superioridade de CGC de algum genitor.

Pela CGC, foi possível identificar genitores com alta frequência de alelos favoráveis para todos os caracteres, com exceção de SMB (Tabela 7 e 8 e Figura 1). Este resultado revela que as progênies com CGC significativa e favorável podem gerar em média híbridos com média superior a média geral para o respectivo caráter. Já para SMB, não observar genitores que se destacaram para SMB era esperado, pois as populações que originaram as progênies VAV e NAY nunca foram selecionadas para resistência à doenças, deste modo não era esperado detectar alelos favoráveis para a resistência à mancha branca em progênies que foram extraídas de populações não melhoradas para o caráter.

Ainda na análise dialélica, o componente de variância de CEC foi significativo para PROD, SMB e NGE (Tabela 6). Estes resultados indicam que para os três caracteres os efeitos não aditivos atuaram na variância genotípica e que pelo menos uma combinação VAVxNAY teve CEC diferente de zero, ou seja, pelo menos uma CEC se desviou do comportamento esperado com base na CGC dos genitores (SPRAGUE; TATUM, 1942).

Houve interação CEC's x safras significativa para PROD, NGE e P100, indicando que o comportamento das combinações híbridas VAVxNAY variaram ao longo das diferentes safras para CEC nos três caracteres (Tabela 6). Portanto, com exceção de SMB, as combinações com as melhores CEC's em uma safra, podem não apresentar, necessariamente, superioridade em outra safra. Neste contexto, para os caracteres que a interação CEC's x safras foi significativa, a seleção foi direcionada especificadamente para cada uma das safras.

Analisando mais detalhadamente a interação CEC's x safras para P100, foi observado que a variância de CEC da conjunta foi estatisticamente igual a zero (Tabela 6), revelando que

a variância de CEC significativa encontrada na primeira safra para P100 (Tabela 12) estava na verdade inflacionada pela interação CEC's x safras, visto que a interação inflaciona a variância genética nas análises individuais (RAMALHO et al., 2012; RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012). Portanto, a mudança de comportamento da CEC ao longo das safras individuais para P100 foi devida ao efeito da interação CEC's x safras e não devida a superioridade da CEC de alguma combinação híbrida.

Pela CEC, foi possível identificar combinações com boa complementariedade de alelos favoráveis para aumentar o caráter PROD em ambas as safras; e para aumentar NGE na primeira safra. Por outro lado, não foram encontradas combinações que contribuíram para aumentar SMB em ambas as safras e NGE na segunda safra (Tabela 9 e Figura 2). A grande maioria dos trabalhos relatam que a mancha branca possui controle genético aditivo, sendo relatados de dois a quatro genes de grande efeito e muitos genes de pequeno efeito que controlam a resistência à doença (AMARAL, 2005; NIHEI; FERREIRA, 2012; OLIVEIRA, 2018a). Portanto, CEC significativa para SMB não era esperada, uma vez que ela não revela significância na ausência de dominância no controle do caráter (VENCOVSKY, R.; BARRIGA, 1992). Para NGE, a ausência de significância somente na segunda safra pode ser devida ao erro experimental elevado, uma vez que ele foi maior do que a variância genética, reduzindo o poder do teste em discriminar os tratamentos (FRITSCHÉ-NETO et al., 2012).

É importante ressaltar que para a CEC do caráter SMB, apesar do componente de variância de CEC ter sido significativo para o caráter (Tabela 6), não foram observadas CEC's com predições diferentes de zero (Figura 2). Portanto, não foram consideradas combinações favoráveis para CEC no caráter SMB.

Neste trabalho, variâncias de CGC e CEC significativas foram observadas para PROD, SMB e NGE (Tabela 6), indicando a atuação de efeitos aditivos e não aditivos e que as combinações com os efeitos mais favoráveis de CEC podem gerar híbridos com maior heterose (MURTADHA et al., 2018; OLIBONI et al., 2013). Por outro lado, para o caráter P100 apenas a variância de CGC foi significativa, indicando que apenas efeitos principalmente aditivos atuaram (Tabela 6). Este fato pode ser explicado pela ausência de diferença nas frequências alélicas entre as progênies VAV para este caráter (TABELA 6 e 7), zerando a equação da CEC de Vencovsky (1987) (Equação 2.7) ou pelo fato da capacidade específica não revelar significância se não houver dominância no controle do caráter, em virtude de ser esperada dos efeitos gênicos de dominância e epistasia (VENCOVSKY, R.; BARRIGA, 1992).

A relação entre as variâncias de CGC (grupo I + grupo II) e CEC da análise conjunta (Tabela 6) indicaram o efeito gênico predominante e mais importante para explicar a variância genética para os quatro caracteres, ou seja, indicaram se a ação gênica foi predominantemente aditiva ou não aditiva. A predominância de CGC não necessariamente implica ausência de dominância, isso ocorreria somente se a frequência alélica média para cada um dos diferentes locos envolvidos na expressão do caráter fosse 0,5. A dominância também afeta a CGC e não apenas o desvio dos homozigotos em relação à média (RIBEIRO; RAMALHO; PRADO, 2014).

Houve predomínio de efeitos principalmente aditivos para SMB, NGE e P100, indicando que foram predominantes e mais importantes para explicar a variação genética dos três caracteres. Já para PROD, houve predomínio de efeitos não aditivos, revelando que foram relativamente predominantes e mais importantes para explicar a variação genética de PROD.

Vários pesquisadores já relataram em diversas oportunidades sobre os efeitos gênicos predominantes para o controle dos caracteres PROD, SMB, NGE e P100 na cultura do milho. Para SMB, os trabalhos de Nihei (2012) e Vivek et al. (2010) corroboram com predomínio de efeitos aditivos para a resistência à mancha branca, o que difere do resultado de Amaral (2005), que reportou predomínio dos efeitos não aditivos para a mancha branca mesmo sob condições de infestação natural ou artificial. Para NGE, os trabalhos de Erdal et al. (2015) e Ribeiro et al. (2014) corroboram com o predomínio de efeitos aditivos, no entanto, resultados opostos foram reportados por Hassan et al. (2019) e Singh et al. (2012). Para P100, os trabalhos de Alves (2006) e Ribeiro et al. (2014) corroboram com o predomínio de efeitos aditivos, enquanto que os trabalhos de Buzinaro (2017), Gerhardt et al. (2018) e Hassan et al. (2019) reportaram predomínio dos não aditivos. Para PROD, os trabalhos de Gerhardt (2018), Hassan et al. (2019) e Luz (2019) corroboram com predomínio de efeitos não aditivos, no entanto, outros trabalhos já relataram o predomínio de efeitos aditivos, como os de Badu-apraku et al. (2015), Sousa et al. (2019) e Vieira et al. (2011).

O predomínio de efeitos principalmente aditivos pode ser verificado através da correlação entre os melhores híbridos e o desempenho superior de CGC de pelo menos um de seus genitores, assim como o predomínio de efeitos não aditivos pode ser comprovado pela correlação entre os melhores híbridos e o desempenho superior da CEC desta combinação de genitores. Por exemplo, para PROD, os três melhores híbridos para cada safra foram obtidos exatamente pelas três melhores CEC's, independentemente da CGC. Já para SMB, os melhores híbridos foram obtidos pelos cruzamentos que envolveram pelo menos um dos genitores com os menores valores absolutos de CGC, mesmo que a predição não foi diferente de zero. Estes

resultados sugerem que os melhores híbridos puderam ser preditos apenas com base na CEC das combinações para PROD ou na CGC de pelo menos um genitor para SMB.

No melhoramento genético por hibridação, a escolha de genitores é uma das etapas mais importantes, pois para se obter populações com alto potencial genético, a estratégia correta é a identificação de genitores cuja capacidade combinatória seja superior em combinações híbridas para reunir média alta e variabilidade genética. Os genótipos usados nos cruzamentos devem ter um mínimo grau de capacidade de combinação, suficiente para gerar recombinantes favoráveis em alta frequência (BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, 2007).

A seleção de genitores neste trabalho foi realizada pelo método ideal, ou seja, as combinações com altas estimativas favoráveis de CEC e que o cruzamento envolveu pelo menos um genitor com alta estimativa favorável de CGC, conforme alguns autores sugerem (AGUIAR et al., 2004; BUZINARO, 2017; MURTADHA, 2018; OLIBONI et al., 2013); e também apenas com base nas estimativas mais favoráveis de CEC, conforme realizada em outros trabalhos (COLOMBO et al., 2014; HASSAN et al., 2019; MURTADHA et al., 2018). A seleção de genitores foi realizada para PROD e NGE para a primeira e segunda safra, individualmente, devido as interações CEC's x safras significativas para os dois caracteres.

Para NGE, os genitores mais promissores para primeira safra foram VAV₁₂xNAY₂₀, VAV₄xNAY₁₈, VAV₃xNAY₁₈ e VAV₂xNAY₂₀, pois estes cruzamentos reuniram CEC elevada e pelo menos um genitor que se destacou para CGC, ou seja, VAV₃, VAV₄ ou NAY₂₀. Já para a segunda safra, nenhuma combinação de genitores foi encontrada, pois todas as CEC's foram iguais a zero (Tabelas 7, 8 e 9 e Figuras 1 e 2).

Para PROD, os genitores mais promissores para a primeira safra foram VAV₄xNAY₁₆ e para a segunda safra foram VAV₄xNAY₂₂, pois ambas as combinações reuniram CEC alta e um genitor com CGC acima da média (VAV₄) (Tabelas 7, 8 e 9 e Figuras 1 e 2). Todavia, a seleção de genitores pra PROD também foi realizada apenas com base nas estimativas mais favoráveis de CEC, uma vez que as duas melhores CEC's para as duas safras não envolveram pelo menos um genitor que se destacou para CGC. Genitores promissores não precisam necessariamente se destacar para CGC para complementar-se bem e gerar recombinantes com alta frequência de alelos favoráveis, pois as populações mais promissoras são as que acumulam maior número de locos efetivos, independentemente de seus genitores se destacarem para CGC. Portanto, baseando-se apenas na CEC favorável, as combinações VAV₃xNAY₂₀ e VAV₃xNAY₁₈ foram selecionadas para a primeira safra e as combinações VAV₁xNAY₁₈ e VAV₃xNAY₁₈ para a segunda safra (Tabela 9 e Figura 2).

Foram encontrados alguns trabalhos onde os pesquisadores fizeram seleção de genitores apenas por estimativas favoráveis de CEC. Hassan et al. (2019) selecionaram genitores de milho pelo método ideal para PROD e componentes de rendimento de grãos, assim como não deixaram de selecionar boas combinações apenas pela CEC. Resultados análogos foram encontrados por Colombo et al. (2014) para resistência à ferrugem polissora no milho. Murtadha et al. (2018) selecionaram genitores de milho para PROD e componentes de rendimento de grãos apenas com base nas estimativas mais favoráveis de CEC, pois os híbridos mais produtivos apresentaram o padrão de genitores ruim x ruim, contudo, eles sugerem o avanço dos genitores até a homozigose para se ter mais segurança na repetibilidade das CEC's antes da seleção. Portanto, nestes estudos os cruzamentos que envolveram pelo menos um parental com alta estimativa de CGC não originaram, necessariamente, as melhores combinações híbridas, assim como observado neste trabalho em algumas combinações para PROD.

Os caracteres SMB e P100 tiveram controle genético principalmente aditivo. Para estes caracteres, quanto maior a estimativa de CGC melhor. Deste modo, as populações originadas de cruzamentos entre genitores com boa CGC possuem maior frequência de alelos favoráveis e assim aumentam a probabilidade de serem encontradas linhagens que superem os genitores. Portanto, para a escolha de genitores, busca-se por cruzamentos que apresentem média favorável e que pelo menos um de seus genitores tenha boa CGC (KRAUSE; RODRIGUES; LEAL, 2012). Neste contexto, para SMB não houve genitores que se destacaram para reduzir a severidade da mancha branca em ambas as safras, pois nenhum genitor teve CGC diferente de zero e favorável (Tabelas 7 e 8 e Figura 1). Já para P100, os cruzamentos que envolveram o genitor NAY₁₄ e tiveram média alta podem ser bastante promissores para aumentar P100 em ambas as safras, como os cruzamentos VAV₉xNAY₁₄ em ambas as safras e VAV₆xNAY₁₄ na segunda safra (Tabelas 7, 8 e 10).

Não observar genitores que se destacaram para SMB era esperado, pois as populações que originaram as progênies VAV e NAY nunca foram selecionadas para resistência à doenças e deste modo não era esperado detectar alelos favoráveis para a resistência à mancha branca em progênies que foram extraídas de populações não melhoradas para o caráter.

Não houve genitores ou combinações de genitores que se destacaram simultaneamente para todos os caracteres, com exceção por VAV₃xNAY₁₈ para PROD em ambas as safras e NGE na primeira safra. Este resultado indica que a seleção de genitores deve ser direcionada

somente para o caráter desejado e que a seleção de genitores para um caráter não será efetiva, necessariamente, para os outros caracteres simultaneamente.

Após a análise dialélica e obtenção das estimativas da capacidade de combinação, o próximo passo foi a classificação dos grupos heteróticos das progênes oriundas de híbridos comerciais (progênes NAY) para melhorar a resposta heterótica e eficiência do uso destas progênes em futuros cruzamentos do programa.

Para a classificação dos grupos heteróticos, usar um testador de cada grupo é a estratégia mais economicamente eficiente, uma vez que as direções da capacidade de combinação se comportam semelhantemente se um ou mais testadores de cada grupo heterótico são utilizados. No entanto, deve ser ressaltado a necessidade de utilizar um testador representativo de cada grupo, pois as estimativas da capacidade de combinação não são confiáveis quando cada grupo heterótico não está bem representado por pelo menos um testador (FAN et al., 2016).

Neste trabalho, os genótipos do grupo VAV foram usados como testadores dos grupos heteróticos “A” e “B”, contudo, os grupos “A” e “B” não podem ser bem representados por um único testador VAV. Portanto, uma amostra de mais testadores de cada grupo foi utilizada para maior representatividade. Adicionalmente, além da direção da capacidade de combinação, devemos considerar a magnitude dos valores para selecionar híbridos. Neste contexto, quanto maior o número de testadores de cada grupo melhor para aumentar as chances de serem identificadas combinações únicas com grande potencial para tornarem-se híbridos comerciais (FAN et al., 2016). Neste trabalho foram utilizados vários testadores para os grupos heteróticos “A” e “B” para representá-los melhor e para realizar a seleção de híbridos.

A classificação dos grupos heteróticos foi realizada apenas para produtividade de grãos e para a primeira safra, pois os testadores do grupo VAV pertencem à dois grupos heteróticos bem estabelecidos pelo programa de melhoramento de milho da UFLA para performance em condições de primeira safra, podendo não ser bons testadores para condições de segunda safra.

O método usado para a classificação foi o da capacidade de combinação (CEC + PROD). Para tal, foram seguidas as etapas de Fan et al. (2014, 2018a, 2018b). Na etapa “i”, VAV₃xNAY₁₆ e VAV₅xNAY₁₈ foram as únicas combinações que apresentaram conjuntamente baixa PROD (Tabela 10 e Figura 4) e CEC menor que zero (Tabela 9 e Figura 4), sugerindo que seus genitores não se combinam bem e a realização destes cruzamentos foram desnecessárias. Portanto, NAY₁₆ e NAY₁₈ foram alocadas no grupo “A”, ou seja, o mesmo grupo dos testadores VAV₃ e VAV₅. Na etapa “ii”, as combinações que mais se destacaram para PROD ou CEC foram VAV₃xNAY₂₀, VAV₃xNAY₁₈, VAV₄xNAY₁₆, VAV₆xNAY₂₁,

VAV₉xNAY₁₄, VAV₆xNAY₁₄, VAV₄xNAY₁₈, VAV₄xNAY₁₅, VAV₃xNAY₁₅ e VAV₃xNAY₁₇ (Figura 4). Estes resultados indicam que as perdas destas combinações devem ser minimizadas durante a alocação dos grupos, pois, após a classificação, os cruzamentos serão realizados apenas entre grupos e não dentro do mesmo grupo. Como VAV₃ e VAV₄ são testadores do grupo “A” e VAV₆ e VAV₉ são testadores do grupo “B”, as progênies NAY₁₄ e NAY₂₁ foram alocadas no grupo “A”; e NAY₁₅, NAY₁₆, NAY₁₇, NAY₁₈ e NAY₂₀ alocadas no grupo “B”.

Ocorreu a seguinte inconsistência durante a classificação pelo método da CEC + PROD seguindo os passos de Fan et al. (2014, 2018a, 2018b): NAY₁₆ foi classificada no grupo “A” pelo passo “i” e no grupo “B” pelo passo “ii”. Fan et al. (2014) relata ser bem comum precisar forçar algum genótipo dentro de algum grupo em qualquer tentativa de classificação, pois grupos heteróticos não existem naturalmente, eles são uma classificação feita pelo homem baseado em uma longa história de prática para aumentar a eficiência do melhoramento.

Neste contexto, em relação as progênies que ficaram sem grupo, o pesquisador pode fazer as seguintes considerações: i) optar por descartá-las se elas não originaram nenhum híbrido promissor; ii) forçá-las dentro de algum dos dois grupos heteróticos e tentar manter o máximo possível dos melhores híbridos; e iii) formar um novo grupo heterótico caso grande parte dos melhores híbridos sejam perdidos após a classificação. Que tal alocar NAY₁₆ no grupo “B”? Deste jeito, nenhum híbrido superior foi perdido, inclusive o híbrido VAV₄xNAY₁₆ que foi um dos três mais bem ranqueados (Figura 4). Este híbrido apresentou PROD de 13,19 t.ha⁻¹ (Tabela 10) e seria perdido se NAY₁₆ fosse alocada no grupo “A”. Deste modo, a classificação final da progênie NAY₁₆ foi o grupo “B”.

Os resultados anteriores não foram suficientes para sugerir o grupo das progênies NAY₁₃, NAY₁₉ e NAY₂₂. É importante destacar que elas não participaram de nenhum dos cruzamentos que originaram os híbridos mais produtivos, portanto, nenhum híbrido promissor seria perdido seja qual for o grupo que elas se encaixarem mais (Figura 4). Neste contexto, para tentar forçá-las dentro de algum dos grupos heteróticos não existe nenhum método técnico publicado, o que o melhorista pode fazer é usar critérios mais subjetivos.

Neste trabalho, a informação da CEC média foi considerada como a informação auxiliar para ajudar neste processo. A CEC média foi calculada pela média aritmética das CEC's de todos os testadores de um grupo com cada uma das dez progênies NAY. Por exemplo, os testadores VAV₆, VAV₇, VAV₈, VAV₉ e VAV₁₀ são testadores do grupo “B”, portanto a CEC média do grupo “B” com a progênie NAY₁₃ foi + 0.345 (Tabela 11).

Tabela 11 – CEC média dos testadores VAV do grupo “A” e do grupo “B” com as progênes NAY para produtividade de grãos (PROD), para a primeira safra de 2018/19.

	NAY ₁₃	NAY ₁₄	NAY ₁₅	NAY ₁₆	NAY ₁₇	NAY ₁₈	NAY ₁₉	NAY ₂₀	NAY ₂₁	NAY ₂₂
VAV ₁₂	-0,861	0,553	0,613	-0,747	1,588	-0,542	-	0,196	-1,377	-0,497
VAV ₁	0,080	-	-	0,908	-1,155	0,972	-0,030	-0,471	0,837	-1,424
VAV ₂	0,172	-	-0,113	-1,387	1,150	-	0,045	0,719	0,102	-0,621
VAV ₃	-	-1,235	1,575	-3,232*	1,399	2,718*	-1,618	2,839*	-0,627	-0,680
VAV ₄	-	-1,060	1,142	2,093*	0,232	1,237	-	-	-	-1,214
VAV ₅	1,020	-1,264	-	1,274	-0,967	-1,835*	-	1,442	-1,383	-0,257
$\bar{X}TA$	0,103	-0,752	0,804	-0,182	0,375	0,510	-0,534	0,945	-0,490	-0,782
VAV ₆	0,127	1,329	-	-	-0,833	-	-	0,370	1,435	-0,187
VAV ₇	0,061	-	-0,636	-1,745		0,420	-0,685	0,873	-	-
VAV ₈	0,925	-	-0,978	1,588	-1,570	-0,003	0,001	-1,110	-1,032	0,672
VAV ₉	0,662	1,744	-	0,186	-1,331	0,469	-	-	-0,440	-
VAV ₁₀	0,867	-0,591	-0,871	-	-0,278	-0,956	0,376	-0,022	0,355	0,502
$\bar{X}TB$	0,528	0,827	-0,828	0,010	-1,003	-0,018	-0,103	0,028	0,080	0,329

Legenda: $\bar{X}TA$ e $\bar{X}TB$ são as CEC's médias dos testadores VAV do grupo “A” e “B”, respectivamente, com cada progênie NAY. Fonte: do autor (2020).

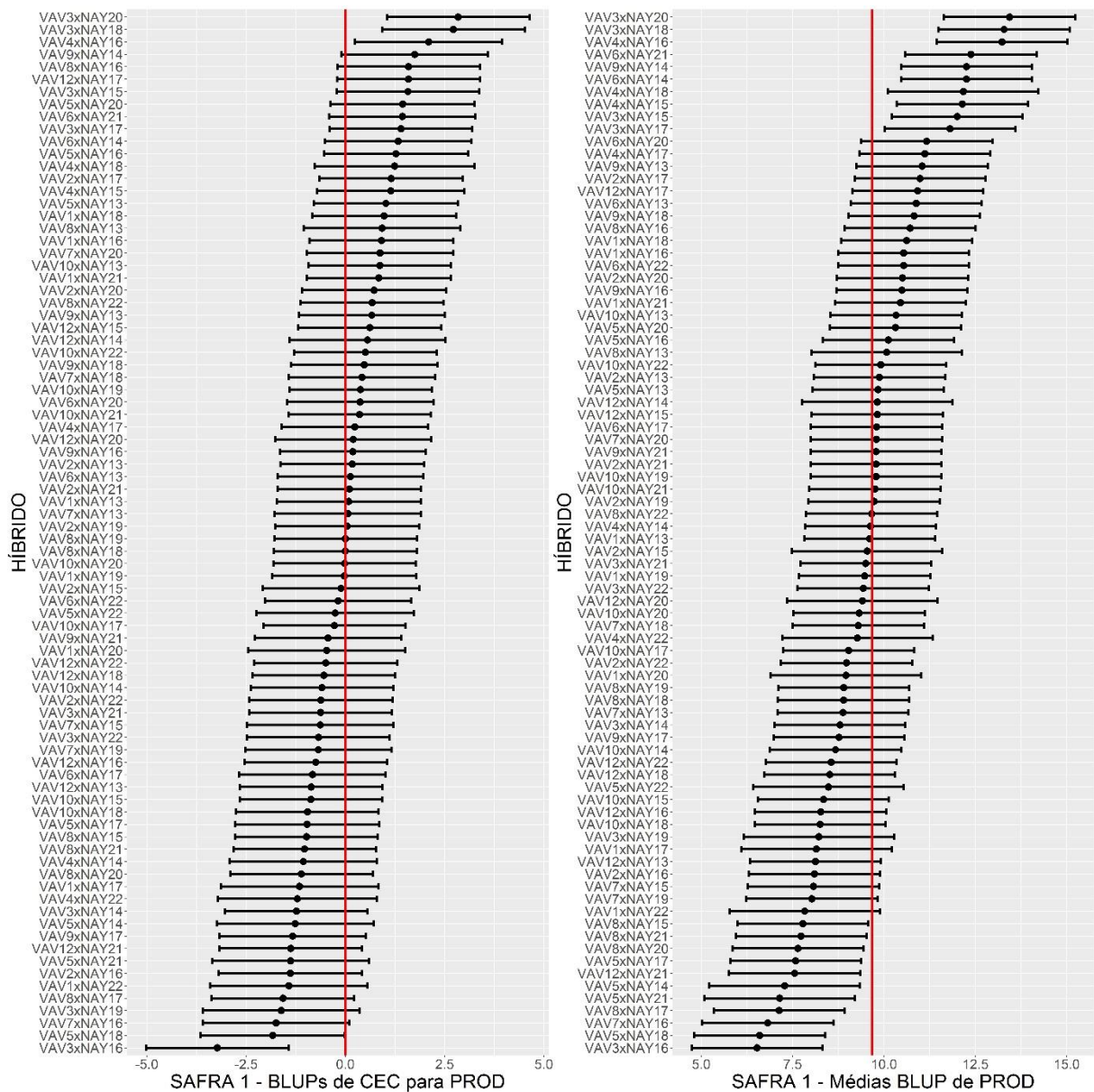
A CEC média indicou que as três progênes foram mais para o grupo “A” do que para o “B” (Tabela 11), pois obtiveram menor CEC média com testadores do grupo “A” e maior com o “B”. A seguinte classificação final das progênes NAY foi gerada: NAY₁₃, NAY₁₄, NAY₁₉, NAY₂₁ e NAY₂₂ foram alocadas no grupo heterótico “A” e NAY₁₅, NAY₁₆, NAY₁₇, NAY₁₈ e NAY₂₀ no grupo heterótico “B”. Nenhum dos híbridos com as maiores produtividades de grão foram perdidos dentro de grupos após a classificação (Figura 4).

Foi observado que as progênes NAY₁₄, NAY₁₅, NAY₁₈, NAY₂₁ e NAY₂₂ são oriundas da mesma população, contudo, nem todas foram classificadas no mesmo grupo heterótico. Este resultado pode ser explicado pelo fato desta população ser oriunda de híbridos comerciais, uma vez que eles são formados pela junção de dois grupos heteróticos, era esperado que progênes oriundas da mesma população fossem classificadas em grupos heteróticos diferentes.

Assim como neste trabalho, foram relatados na literatura diversas ocasiões onde houve dificuldades na classificação de alguns genótipos em grupos heteróticos. Amegbor et al. (2017) conduziu um estudo para classificar linhagens de milho em grupos heteróticos sob condições ótimas e estressantes pelo método da CEC + PROD e pelo método HSGCA (CGC + CEC), em ambas os métodos e condições ambientais não foi possível classificar todas as linhagens.

Resultados análogos foram encontrados por Konaté et al. (2017), onde quatro linhagens ficaram sem grupo. Já Fan et al. (2014), utilizando dialelo método III e IV, precisou estabelecer um novo grupo heterótico, pois não foi possível classificar e nem forçar algumas linhagens dentro dos grupos heteróticos existentes, pois em ambos os casos 20% dos melhores híbridos seriam perdidos.

Figura 4 – CEC e médias BLUP dos híbridos VAVxNAY para produtividade de grãos (PROD) em t.ha⁻¹, para a primeira safra de 2018/19.



Legenda: CEC (capacidade específica de combinação); PROD (produtividade de grãos). As linhas vermelhas na vertical são as médias gerais e as linhas pretas na horizontal são os intervalos de confiança. '*' Significativo a 5% pelo erro padrão associado a estimativa BLUP.

Fonte: do autor (2020)

6 CONCLUSÕES

Foram identificados híbridos com bom desempenho para os caracteres produtividade de grãos e severidade da mancha branca na primeira e na segunda safra.

Foram observadas combinações de genitores promissoras para número de grãos por espiga e produtividade de grãos na primeira safra e para produtividade de grãos na segunda safra. Os cruzamentos que envolveram a progênie NAY₁₄ foram promissores para peso de 100 sementes em ambas as safras. Não foi possível identificar combinações promissoras para os caracteres severidade da mancha branca em ambas as safras ou para número de grãos por espiga na segunda safra.

Foi possível classificar todas as progênies obtidas de híbridos comerciais (progênies NAY) em dois grupos heteróticos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGUIAR, C. G. et al. Análise dialélica de linhagens de milho na safrinha. **Ciência Rural**, v. 34, n. 6, p. 1731–1737, 2004.
- AGUIAR, C. G. et al. Heterotic groups in tropical maize germplasm by test crosses and simple sequence repeat markers. **Genetics and Molecular Research**, v. 7, n. 4, p. 1233–1244, 2008.
- ALVES, G. F. **Relações entre seleção de testadores de milho e suas divergências genéticas**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2006.
- AMARAL, A. L. DO. **Etiologia e genética da resistência à Mancha Branca do milho**. Porto Alegre: Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2005.
- AMEGBOR, I. K.; BADU-APRAKU, B.; ANNOR, B. Combining ability and heterotic patterns of extra-early maturing white maize inbreds with genes from *Zea diploperennis* under multiple environments. **Euphytica**, v. 213, n. 1, p. 1–16, 2017.
- ANDERSON, E.; BROWN, W. L. Heterosis. In: **Origin of corn belt maize and its genetics significance**. Ames: Iowa State University, 1952. p. 124–148.
- ARNHOLD, E. et al. Evaluation of Top-Cross Popcorn Hybrids Using Mixed Linear Model Methodology. **Chilean journal of agricultural research**, v. 69, n. 1, p. 46–53, 2009.
- BADU-APRAKU, B. et al. Heterotic responses among crosses of IITA and CIMMYT early white maize inbred lines under multiple stress environments. **Euphytica**, v. 206, n. 1, p. 245–262, 2015.
- BALDISSERA, J. N. Capacidade combinatória e efeito recíproco em características agronômicas do feijão. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 33, n. 2, p. 471–480, 2012.
- BARATA, C.; CARENA, M. J. Classification of North Dakota maize inbred lines into heterotic groups based on molecular and testcross data. **Euphytica**, v. 151, n. 3, p. 339–349, 2006.
- BARTLETT, M. S. Properties of sufficiency and statistical tests. **Proceedings of the Royal Society of London. Series A - Mathematical and Physical Sciences**, v. 160, n. 901, p. 268–282, 1937.
- BERGHETTI, J. **Intensidade da Mancha Branca, podridões de colmo e qualidade de grãos em híbridos de milho sob épocas de semeadura e doses de nitrogênio**. Lages: Universidade do Estado de Santa Catarina, 2018.
- BERNARDO, R. Relationship between single-cross performance and molecular marker heterozygosity. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 83, n. 5, p. 628–634, 1992.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press, 2010.
- BERNINI, C. S.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Estimativas de Parâmetros de Heterose em Híbridos de Populações F2 de Milho. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 42, n. 1, p. 56–62, 2012.

- BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C. DE. Parental Selection Strategies in Plant Breeding Programs. **Journal of Crop Science and Biotechnology**, v. 10, n. 4, p. 211–222, 2007.
- BORÉM, A; GALVÃO, J. C. C.; PIMENTEL, M. A. **Milho: do plantio à colheita**. 2. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2017.
- BORÉM, A; MIRANDA G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 7. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2017.
- BORGES, V. et al. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 32, n. 4, p. 643–649, 2010.
- BUTLER, D. G. et al. **ASReml-R Reference Manual Version 4**. Hemel Hempstead, UK VSN International Ltd, 2017. Disponível em: <<http://www.homepages.ed.ac.uk/iwhite/asrem1/uop>>
- BUZINARO, R. **Capacidade combinatória de linhagens e seleção de híbridos eficientes no uso de Azospirillum brasilense e nitrogênio em milho**. Jaboticabal: Universidade Estadual Paulista, 2017.
- CANTELMO, N. F.; VON PINHO, R. G.; BALESTRE, M. Genomic analysis of maize lines introduced in the early stages of a breeding programme. **Plant Breeding**, v. 136, n. 6, p. 845–860, 2017.
- CARDOSO, G. A. **Progresso genético e análise de trilha na seleção recorrente em milho**. Lavras: UFLA, 2018.
- CARVALHO, P. C. . et al. Environmental effects on grain yield in oat and their influences on genetic parameter estimates. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, p. 1149–1155, 2003.
- CECCARELLI, S. Efficiency of Plant Breeding. **Crop Science**, v. 55, p. 87–97, 2015.
- COLOMBO, G. A. et al. Análise dialélica para resistência a ferrugem polissora em milho em diferentes níveis de adubação fosfatada. **Bragantia**, v. 73, n. 1, p. 65–71, 2014.
- CONAB. **Acompanhamento da safra Brasileira de grãos 2019/2020**: Décimo segundo levantamento, setembro, 2020, Brasília. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safra/safra/safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos>>. Acesso em: 30 set. 2020.
- CRABB, A. R. **The hybrid-corn makers: prophets of plenty**. New Brunswick: Rutgers University, 1947.
- CROSSA, J. .; GARDNER, C. O. .; MUMM, R. F. Heterosis among populations of maize (*Zea mays* L .) with different levels of exotic germplasm. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 73, p. 445–450, 1987.
- CROW, F. Dominance and Overdominance. In: **Genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison: American Society of Agronomy, 1999. p. 49–58.
- CROW, J. F.; DOVE, W. F. The Beginning of Hybrid Maize. **Genetics**, v. 148, n. 3, p. 923–928, 1998.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2014.

CRUZ, C. D. .; CARNEIRO, P. C. S. .; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012.

DARWIN, C. R. **The origin of species**. London: John Murray, 1859.

DEITOS, A. **Capacidade de combinação de cultivares de milho em diferentes condições ecogeográficas**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2004.

DUVICK, D.N.; CASSMAN, K. G. Post – Green Revolution Trends in Yield Potential of Temperate Maize in the. **Crop Science**, v. 39, n. 6, p. 1622–1630, 1999.

EAST, E. M. The distinction between development and heredity in inbreeding. **American Naturalist**, v. 43, p. 173–181, 1909.

ERDAL, S. et al. Combining abilities of grain yield and yield related traits in relation to drought tolerance in temperate maize breeding. **Turkish Journal of Field Crops**, v. 20, n. 2, p. 203–212, 2015.

FALCONER, D. S.; MACKAY, R. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. London: Longman Malaysia, 1996.

FAN, X. et al. Combining Ability Estimation for Grain Yield of Maize Exotic Germplasm Using Testers from Three Heterotic Groups. **Crop Science**, v. 56, p. 2527–2535, 2016.

FAN, X. et al. Improving Breeding Efficiency of a Hybrid Maize Breeding Program Using a Three Heterotic-Group Classification. **Agronomy Journal**, v. 10, n. 4, p. 1209–1216, 2018a.

FAN, X. et al. Combining Ability of Yellow Lines Derived from CIMMYT Populations for Use in Subtropical and Tropical Midaltitude Maize Production Environments. **Crop Science**, v. 58, p. 169–179, 2018b.

FAN, X. M. et al. A new maize heterotic pattern between temperate and tropical germplasms. **Agronomy Journal**, v. 100, n. 4, p. 917–923, 2008.

FAN, X. M. et al. Classifying Maize Inbred Lines into Heterotic Groups using a Factorial Mating Design. **Agronomy Journal**, v. 101, n. 1, p. 106–1, 2009.

FAN, X. M. et al. Reciprocal diallel crosses impact combining ability, variance estimation, and heterotic group classification. **Crop Science**, v. 54, n. 1, p. 89–97, 2014.

FERNANDO, J.; PINTO, N. **Adaptabilidade e estabilidade em populações de milho**. Jataí: Universidade Federal de Goiás, 2017.

FRITSCHÉ-NETO, R. et al. Prediction of genotypic values of maize hybrids in unbalanced experiments. **Cropp Breeding and Applied Biotechnology**, v. 10, n. 1, p. 32–39, 2010.

FRITSCHÉ-NETO, R. et al. Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 34, n. 1, p. 99–101, 2012.

GANDIN, C. L. **Analysis of segregating population and combining ability effects from different genotypes on the main characters of importance in wheat**. Porto Alegre: Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 1982.

GARDNER, C.; EBERHART, S. Analysis and Interpretation of the Variety Cross Diallel and Related Populations. **Biometrics**, v. 22, n. 3, p. 439–452, 1966.

GERHARDT, I. F. S. **Melhoramento do milho pipoca: eficiência da adaptação a solos pobres em fósforo**. [s.l.] Universidade Estadual do Norte Fluminense, 2018.

GODOY, C. V.; AMORIN, L.; FILHO, B. **Efeito da mancha de phaeosphaeria maydis na eficiência fotossintética de plantas de milho**. Congresso Brasileiro de Fitopatologia. **Anais...**Fortaleza - CE: Fitopatologia Brasileira, 1998

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Science**, v. 9, p. 463–493, 1956.

GUIMARÃES, L. J. M. et al. **Avaliação de híbridos de milho em múltiplos ensaios utilizando modelos mistos**. XXVIII Congresso Nacional de Milho e Sorgo. **Anais...**Goiânia: 2010

HALLAUER, A. R. **Methods used in developing maize inbreds**. Bergamo: Maydica, 1990.

HALLAUER, A. R. .; CARENA, M. J. .; MIRANDA FILHO, J. D. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3. ed. New York: Springer-Verlag, 2010.

HARTLEY, H. O. The use of range in analysis of variance. **Biometrika**, v. 37, p. 271–280, 1950.

HASSAN, A. A. et al. Study on Combining Ability and Heterosis in Maize (*Zea mays* L.) Using Partial Diallel Analysis. **International Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 6, n. 2, p. 520–526, 2019.

HAYMAN, B. I. The Theory and Analysis of Diallel Crosses. **Genetics**, v. 45, n. 2, p. 789–809, 1954.

JONES, D. F. **The effects of inbreeding and crossbreeding upon development**. New Haven: Bulletin of the Connecticut Agricultural Experimental Station, , 1918. (Nota técnica).

KONATÉ, L.; BAFFOUR, B. A.; TRAORE, D. Combining ability and heterotic grouping of early maturing provitamin A maize inbreds across Striga infested and optimal growing environments. **Journal of Agriculture and Environment for International Development**, v. 111, n. 1, p. 157–173, 2017.

KOTTEK, M. et al. World Map of the Köppen-Geiger climate classification updated. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 15, p. 259–263, 2006.

KRAUSE, W.; RODRIGUES, R.; LEAL, N. R. Capacidade combinatória para características agronômicas em feijão-de-vagem. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, n. 3, p. 522–531, 2012.

LAUDE, T. P.; CARENA, M. J. Diallel analysis among 16 maize populations adapted to the northern U.S. Corn Belt for grain yield and grain quality traits. **Euphytica**, v. 200, n. 1, p. 29–44, 2014.

LEE, M. DNA Markers and Plant Breeding Programs. **Advances in Agronomy**, v. 55, p. 265–344, 1995.

LI, X. H. Heterosis among CIMMYT population and chinese key inbred in maize. **Acta Agronomy**, v. 27, p. 575–581, 2001.

LU, Y. et al. Molecular characterization of global maize breeding germplasm based on genome-wide single nucleotide polymorphisms. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 120, p. 93–115, 2009.

LUZ, L. S. **Capacidade de combinação entre híbridos comerciais de milho em ambientes contrastantes de nitrogênio**. [s.l: s.n.].

MAHGOUB, G. M. A. Partitioning of General and Specific Combining Ability Effects for Estimating Maternal and Reciprocal Effects. **Journal of Agricultural Science**, v. 3, n. 2, p. 213–222, 2011.

MALECOT, A. **The mathematics of inheritance**. Paris: Masson and Cie, 1949.

MARTIN, J. M.; HALLAUER, A. R. Relation between heterozygosis and yield for four types of maize inbred lines. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v. 5, p. 119–135, 1976.

MELCHINGER, A. E. Genetic diversity and heterosis. In: **The genetics and exploitation of heterosis in crops**. Madison: ASA, 1999. p. 99–118.

MELCHINGER, A. E.; GUMBER, R. K. Overview of Heterosis and Heterotic Groups in Agronomic Crops. In: **Concepts and breeding of heterosis in crop plants**. Madison: CSSA, 1998. p. 29–44.

MENKIR, A. et al. Grouping of tropical mid-altitude maize inbred lines on the basis of yield data and molecular markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 108, n. 8, p. 1582–1590, 2004.

MIRANDA FILHO, J. B.; GORGULHO, E. P. Cruzamentos com testadores e dialelos. In: **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 650–671.

MÖHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; PIEPHO, H. P. Reml-based diallel analysis. **Crop Science**, v. 51, n. 2, p. 470–478, 2011.

MURTADHA, M. A.; ARIYO, O. J.; ALGHAMDI, S. S. Analysis of combining ability over environments in diallel crosses of maize (*Zea mays* L.). **Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences**, v. 17, n. 1, p. 69–78, 2018.

NIHEI, T. H. .; FERREIRA, M. J. Diallel analysis of maize inbred lines with emphasis on resistance to leaf diseases. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 47, n. 3, p. 369–377, 2012.

OLIBONI, R. et al. Análise dialélica na avaliação do potencial de híbridos de milho para a geração de populações- base para obtenção de linhagens. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 34, n. 1, p. 7–18, 2013.

OLIVEIRA, A. S. **Potencial genético de populações exóticas de milho para o melhoramento visando caracteres agrônômicos e resistência aos fitopatógenos**. [s.l.] Universidade Federal de Uberlândia, 2018a.

OLIVEIRA, N. N. S. DE. **Métodos de escolha de populações para extração de linhagens de milho**. Lavras: UFLA, 2018b.

PARENTONI, S. N. et al. Heterotic groups based on yield-specific combining ability data and phylogenetic relationship determined by RAPD markers for 28 tropical maize open pollinated varieties. **Euphytica**, v. 121, p. 197–208, 2001.

PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Use of heterosis in maize breeding: history, methods and perspectives – a review. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 1, n. 2, p. 159–178, 2001.

PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J. Selection in cultivar trials—Is it ignorable? **Crop Science**, v. 46, n. 1, p. 192–201, 2006.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. São Paulo: Nobel, 1985.

PINTO, R. M. C. DE; GARCIA, A. A. F.; SOUZA JR., C. L. DE. Alocação de linhagens de milho derivadas das populações BR-105 e BR-106 em grupos heteróticos. **Scientia Agricola**, v. 58, n. 3, p. 541–548, 2001.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing** Vienna, Austria, 2019. Disponível em: <<https://www.r-project.org/>>

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2. ed. Lavras: Ed. UFLA, 2012.

REIF, J. C. et al. Tropical , Subtropical , and Temperate Germplasm by SSR Markers. **Crop Science**, v. 44, p. 326–334, 2004.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.

RIBEIRO, C. B. .; RAMALHO, M. A. P. .; PRADO, P. E. R. . Contribuição dos caracteres vegetativos e reprodutivos da planta de milho para a heterose na produção de grãos. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 13, n. 1, p. 59–68, 2014.

RICHARD, C. et al. Genetic diversity and heterotic grouping of the core set of southern African and temperate maize (*Zea mays* L) Inbred lines using SNP markers. **Maydica**, v. 61, n. 1, p. 9, 2016.

RODRIGUES, M. C. **Capacidade de combinação e efeito recíproco de linhagens de milho tropical em ambientes contrastantes de nitrogênio**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2019.

ROJAS, B. A.; SPRAGUE, G. F. A Comparison of Variance Components in Corn Yield Trials: III. General and Specific Combining Ability and Their Interaction with Locations and Years¹. **Agronomy Journal**, v. 44, p. 462–466, 1952.

SACHS, P. J. D. et al. Escala diagramática para avaliação da severidade da mancha branca em milho. **Summa Phytopathologica**, v. 37, n. 4, p. 202–204, 2011.

SAWAZAKI, E.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z. Evolução dos cultivares de milho no Brasil. In: **Tecnologias de produção do milho**. 20. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2004. p. 13–53.

SHAPIRO, S. S.; WILK, M. B. An Analysis of Variance Test for Normality (Complete Samples). **Biometrika**, v. 52, p. 591–611, 1965.

SHULL, G. H. The composition of a field of maize. **American Breeders Association Report**, v. 4, p. 296–301, 1908.

SHULL, G. H. **A pure line method of corn breeding**. Washington: American Breeders Association Report, 1909.

SINGH, P. K. et al. Combining Ability and Heterosis in Quality Protein. **The Bioscan**, v. 7, n. 2, p. 337–340, 2012.

SMITH, O. S. Covariance between Line per se and Testcross Performance¹. **Crop Science**, v. 26, n. 3, p. 540–543, 1986.

SOUSA, N. V. DE et al. **Análise dialélica para caracteres agronômicos na cultura do milho**. XI EPCCC Encontro Internacional de Produção Científica. **Anais...**Maringá, PR: 2019

SOUZA SOBRINHO, F. **Divergência genética de híbridos simples e alternativas para a obtenção de híbridos duplos de milho**. Lavras: Lavras, 2001.

SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General vs. Specific Combining Ability in Single Crosses of Corn¹. **Agronomy Journal**, v. 34, n. 10, p. 923, 1942.

SRIWATANAPONGSE, S.; JINAHYON, S.; VASAL, S. K. **Suwan-1: Maize from Thailand to the World**. México: CIMMYT, 1993.

TEIXEIRA, F. F. et al. Maize pre-breeding for resistance to white spot and polysora rust. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 16, n. 2, p. 273–286, 2017.

TERRON, A. et al. Determinacion Del Patron Heterotico De 30 Lineas De. **Maydica**, v. 8, n. 1, p. 26–34, 1997.

TROYER, A. F. Background of U.S. hybrid corn II: Breeding, climate, and food. **Crop Science**, v. 44, n. 2, p. 370–380, 2004.

TROYER, A. F. Adaptedness and heterosis in corn and mule hybrids. **Crop Science**, v. 46, p. 528–543, 2006.

TROYER, A. F.; WELLIN, E. J. Heterosis decreasing in hybrids: Yield test inbreds. **Crop Science**, v. 49, n. 6, p. 1969–1976, 2009.

VALENTE, M. S. F. **Emprego do BLUP/REML na avaliação genética de linhagens elites de milho-pipoca**. Viçosa: Ed. UFV, 2010.

VALÉRIO, I. P. et al. Estabilidade da produção e da capacidade de combinação de diferentes populações de aveia. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 30, n. 2, p. 331–346, 2009.

VEIGA, R. D.; FERREIRA, D. F.; RAMALHO, M. A. P. **Eficiência dos dialelos circulantes na escolha dos genitores** Brasília Pesquisa Agropecuária Brasileira, , 2000.

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

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: **Melhoramento e produção de milho**. 2. ed. Campinas: Fundação Cargil, 1987. p. 122–201.

VIEIRA, R. A. et al. Diallel analysis of yield, popping expansion, and southern rust resistance in popcorn lines. **Revista Ciencia Agronomica**, v. 42, n. 3, p. 774–780, 2011.

VIVEK, B. S. et al. Diallel analysis of grain yield and resistance to seven diseases of 12 African maize (*Zea mays* L.) inbred lines. **Euphytica**, v. 172, n. 3, p. 329–340, 2010.

WELLHAUSEN, E. J. et al. **Races of Maize in Mexico: Their Origin, Characteristics and Distribution**. Massachusetts: Bussey Institution of Harvard University, 1952.

WHITE, T.L.; HODGE, G. R. **Predicting breeding values with applications in forest tree improvement**. London: Kluwer, 1989.

WICKHAM, H. **ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis** New York Springer-Verlag, , 2016.

WU, Y. et al. Molecular characterization of CIMMYT maize inbred lines with genotyping-by-sequencing SNPs. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 129, n. 4, p. 753–765, 2016.

ZHANG, X. et al. Heterosis and combining ability of seven maize germplasm populations. **Euphytica**, v. 213, n. 2, p. 1–11, 2017.

ANEXO

Tabela 12 – Estimativas das variâncias da blocagem, CGC's dos grupos VAV e NAY, CEC's, variâncias aditivas dos grupos VAV e NAY, variância de dominância, grau médio de dominância, variância do erro de predição, acurácia seletiva, coeficiente de variação experimental, herdabilidade ampla entre híbridos a nível de médias e média geral.

Parâmetro	PROD ¹		SMB ²		NGE ³		P100 ⁴	
	1ª safra	2ª safra	1ª safra	2ª safra	1ª safra	2ª safra	1ª safra	2ª safra
σ^2_{bloco}	0,036	0,162*	0,166*	0,106*	0,0	0,0	0,326	4,678*
σ_G^2	3,283*	1,425*	0,359*	0,662*	3695,9*	2147,0*	4,321*	7,427*
$\sigma_{CGC}^2 g1$	1,376*	0,654*	0,187*	0,505*	1380,9*	1377,4*	0,084	6,502*
$\sigma_{CGC}^2 g2$	0,000	0,029	0,119*	0,182*	673,1*	423,9*	2,583*	1,382*
σ_{CEC}^2	2,111*	0,854*	0,100*	0,137	1793,3*	568,4*	2,337*	1,292
σ^2_{erro}	3,180	1,689	0,509	0,784	1687,7	3037,6	10,48	14,32
$\sigma_A^2 g1$	2,935	1,395	0,399	1,078	2946,0	2938,5	0,179	13,870
$\sigma_A^2 g2$	0,0	0,061	0,254	0,388	1435,9	904,2	5,510	2,947
σ_D^2	1,568	0,364	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
gmd	1,034	0,707	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
PEV	0,961	0,430	0,125	0,201	560,43	743,77	2,052	3,244
$r\hat{g}(\%)$	84,10	83,57	80,69	83,45	92,11	80,84	72,46	75,05
$CVe(\%)$	18,45	21,39	26,45	18,46	7,11	11,18	10,11	16,55
h_a^2	0,707	0,698	0,651	0,696	0,848	0,654	0,525	0,563
$Média$	9,665	6,075	2,697	4,795	577,98	492,83	32,00	22,87

Legenda: safra 1 e safra 2 são a primeira e segunda safra de 2019/20, respectivamente. ¹produtividade de grãos (t.ha⁻¹); ²severidade da mancha branca, ³número de grãos por espiga, ⁴peso de 100 grãos (g). '*' Significativo a 5% pelo erro padrão associado a estimativa BLUP.

Fonte: do autor (2020).

Tabela 13 – Estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) dos genitores do grupo VAV (grupo I), das análises individuais.

PROGÊNIES	PROD ¹		SMB ²		NGE ³		P100 ⁴	
	1ª safra	2ª safra	1ª safra	2ª safra	1ª safra	2ª safra	1ª safra	2ª safra
VAV ₁	-0,185	0,279	-0,465*	0,536	32,67	24,93	-0,049	0,396
VAV ₂	0,044	0,380	0,160	0,743*	16,43	12,84	-0,087	-1,279
VAV ₃	0,742	0,189	-0,129	0,910*	41,13*	29,29	0,141	-1,297
VAV ₄	1,584*	0,978*	-0,475*	-0,897*	42,52*	66,30*	0,009	-0,721
VAV ₅	-1,285*	-0,807	0,256	-0,032	-56,06*	-61,27*	-0,004	-1,489
VAV ₆	1,460*	0,235	-0,592*	-0,595	-24,02	-10,76	0,147	5,483*
VAV ₇	-1,116	-1,164*	0,391	0,771*	-6,323	-30,11	-0,084	-2,243
VAV ₈	-0,982	-0,260	0,098	-0,238	-42,14*	-22,12	-0,049	0,975
VAV ₉	0,841	1,084*	-0,154	-0,963*	-1,353	-8,32	0,090	3,092*
VAV ₁₀	-0,403	-0,479	0,284	-0,292	-22,15	-13,04	-0,007	-1,774
VAV ₁₂	-0,700	-0,436	0,625*	0,057	19,29	12,26	-0,107	-1,144
NAY ₁₃	0,0	0,040	0,352*	0,130	-21,92	-20,35	-0,307	-0,240
NAY ₁₄	0,0	-0,001	0,234	0,919*	-34,01*	-23,07	3,496*	1,519
NAY ₁₅	0,0	0,015	-0,224	-0,141	20,22	9,508	-0,976	0,243
NAY ₁₆	0,0	-0,050	0,461*	-0,022	-9,378	-18,97	-1,238	-1,117
NAY ₁₇	0,0	0,057	-0,219	-0,340	-1,184	7,619	0,377	1,019
NAY ₁₈	0,0	0,093	-0,386*	-0,278	22,12	19,90	0,793	0,569
NAY ₁₉	0,0	-0,002	-0,320	-0,216	8,965	-0,127	0,319	-0,384
NAY ₂₀	0,0	-0,009	-0,096	-0,308	30,99*	24,62	-0,736	0,023
NAY ₂₁	0,0	-0,009	-0,073	0,121	6,993	5,333	-0,392	-0,115
NAY ₂₂	0,0	-0,133	0,271	0,135	-22,79	-4,457	-1,337	-1,517

Legenda: ¹produtividade de grãos (t.ha⁻¹); ²severidade da mancha branca, ³número de grãos por espiga, ⁴peso de 100 grãos (g). '*' Significativo a 5% pelo erro padrão associado a estimativa BLUP.

Fonte: do autor (2020)

Tabela 14 – Estimativas da capacidade específica de combinação (CEC) dos híbridos VAVxNAY pela análise conjunta (continua).

GENITOR	PROD ¹	SMB ²	NGE ³	P100 ⁴
VAV10xNAY13	0,524	0,201	12,22	-0,014
VAV10xNAY14	-0,301	-0,026	-2,95	-0,025
VAV10xNAY15	-0,674	0,114	-4,25	-0,064
VAV10xNAY17	0,173	-0,210	11,97	0,049
VAV10xNAY18	-0,997	0,083	-22,58	-0,033
VAV10xNAY19	0,463	-0,233	-8,84	0,091
VAV10xNAY20	0,132	0,228	-5,13	-0,064
VAV10xNAY21	0,274	0,153	7,14	-0,047
VAV10xNAY22	-0,049	-0,303	3,68	0,062
VAV12xNAY13	-0,330	0,098	-6,01	-0,052
VAV12xNAY14	-0,017	0,102	-21,04	0,031
VAV12xNAY15	0,685	-0,245	28,91	0,067
VAV12xNAY16	-0,786	0,070	-15,85	0,061
VAV12xNAY17	1,399*	0,075	-17,12	-0,007
VAV12xNAY18	-0,097	-0,108	-18,64	-0,051
VAV12xNAY20	0,030	-0,124	50,91*	0,012
VAV12xNAY21	-0,732	-0,010	2,52	-0,060
VAV12xNAY22	-0,740	0,279	4,14	-0,049
VAV1xNAY13	0,529	-0,343	5,04	0,094
VAV1xNAY16	0,498	0,029	15,06	-0,011
VAV1xNAY17	-0,931	0,029	10,90	-0,055
VAV1xNAY18	1,238	0,079	30,58	0,009
VAV1xNAY19	0,028	0,091	-9,95	-0,044
VAV1xNAY20	-0,436	0,063	-17,78	-0,027
VAV1xNAY21	0,512	-0,017	-1,21	0,019
VAV1xNAY22	-1,369*	0,076	-17,99	0,019
VAV2xNAY13	0,354	0,048	0,18	0,034
VAV2xNAY15	-0,176	0,193	5,38	0,030
VAV2xNAY16	-0,811	-0,072	-22,90	-0,149
VAV2xNAY17	0,944	0,101	3,47	0,010
VAV2xNAY19	-0,408	-0,189	-12,03	0,026
VAV2xNAY20	0,701	0,256	28,86	-0,027
VAV2xNAY21	0,061	-0,141	18,18	0,035
VAV2xNAY22	-0,482	-0,022	-14,03	-0,002
VAV3xNAY13	-0,920	0,168	-23,45	-0,055
VAV3xNAY14	-0,542	0,120	-3,78	0,008
VAV3xNAY15	1,178	-0,169	-2,04	0,027
VAV3xNAY16	-1,984*	-0,105	-22,11	-0,006
VAV3xNAY17	0,547	-0,277	-21,60	0,046
VAV3xNAY18	2,083*	-0,282	26,62	0,094
VAV3xNAY19	-0,735	0,399	22,72	-0,040
VAV3xNAY20	1,685*	0,031	4,82	0,038
VAV3xNAY21	0,111	-0,029	20,82	-0,007
VAV3xNAY22	-0,943	0,305	15,78	-0,113
VAV4xNAY13	0,200	-0,059	-24,23	0,046
VAV4xNAY14	-0,665	0,393	-18,23	-0,056
VAV4xNAY15	0,351	-0,158	4,97	-0,008
VAV4xNAY16	0,767	-0,200	-8,84	0,032
VAV4xNAY17	0,082	0,163	20,14	-0,044

VAV4xNAY18	0,701	-0,219	33,14	0,008
VAV4xNAY22	-0,003	-0,208	21,11	0,010
VAV5xNAY13	0,859	-0,017	4,44	0,002
VAV5xNAY14	-1,042	-0,123	2,83	0,027
VAV5xNAY16	0,592	0,089	15,75	-0,010
VAV5xNAY17	-0,177	-0,174	7,94	0,022
VAV5xNAY18	-0,871	0,223	-22,94	-0,039
VAV5xNAY20	0,721	-0,297	-10,89	0,054
VAV5xNAY21	-0,658	0,188	0,10	-0,102
VAV5xNAY22	-0,551	0,167	-26,62	0,015
VAV6xNAY13	0,194	-0,106	-12,76	0,031
VAV6xNAY14	1,068	0,008	3,86	0,000
VAV6xNAY17	-0,114	0,229	6,03	0,077
VAV6xNAY20	-0,326	-0,260	-19,05	0,003
VAV6xNAY21	0,951	-0,122	6,73	0,083
VAV6xNAY22	-0,785	0,004	5,36	-0,043
VAV7xNAY13	-0,035	0,098	5,86	-0,019
VAV7xNAY15	-0,049	0,161	-0,01	-0,051
VAV7xNAY16	-1,103	0,137	1,86	-0,052
VAV7xNAY18	0,185	-0,184	-0,08	-0,019
VAV7xNAY19	-0,369	-0,076	-7,97	-0,019
VAV7xNAY20	0,775	0,173	16,17	0,003
VAV7xNAY21	-0,795	-0,064	-24,60	0,094
VAV8xNAY13	0,591	-0,061	16,53	-0,038
VAV8xNAY15	-0,700	-0,044	-14,92	-0,011
VAV8xNAY16	1,107	0,271	21,26	0,040
VAV8xNAY17	-0,935	0,084	-1,21	-0,049
VAV8xNAY18	0,619	0,021	-19,23	0,127
VAV8xNAY19	0,031	-0,197	23,10	-0,015
VAV8xNAY20	-0,679	-0,238	-10,81	-0,012
VAV8xNAY21	-1,024	0,283	-21,85	-0,037
VAV8xNAY22	0,315	-0,145	-9,71	0,009
VAV9xNAY13	0,449	0,156	-6,27	-0,053
VAV9xNAY14	1,175	-0,022	1,46	0,169
VAV9xNAY16	0,042	-0,020	-1,73	0,018
VAV9xNAY17	-0,966	-0,235	-16,16	-0,007
VAV9xNAY18	0,349	0,127	19,46	-0,051
VAV9xNAY21	0,038	-0,227	1,40	0,007
Máximo	2,083	0,399	50,91	0,169
Mínimo	-1,984	-0,343	-26,62	-0,149

Legenda: ¹produtividade de grãos (t.ha⁻¹); ²severidade da mancha branca, ³número de grãos por espiga, ⁴peso de 100 grãos (g). '*' Significativo a 5% pelo erro padrão associado a estimativa BLUP.

Fonte: do autor (2020).

Tabela 15 – Médias BLUP dos híbridos regulares e testemunhas pela análise conjunta (continua).

HÍBRIDO	PROD ¹	SMB ²	NGE ³	P100 ⁴
30F53	6,72	4,85*	527,6	27,19
BM820	8,43	4,35	520,9	27,43
DKB390	7,57	3,68	594,9*	27,48
VAV10xNAY13	8,37	4,42	518,8	27,29
VAV10xNAY14	7,45	4,32	487,6*	28,65
VAV10xNAY15	7,02	4,08	523,6	26,66
VAV10xNAY17	7,99	3,66	540,2	28,75
VAV10xNAY18	6,63	3,98	501,2	27,60
VAV10xNAY19	8,33	3,64	508,9	28,95
VAV10xNAY20	7,92	4,20	535,2	26,63
VAV10xNAY21	8,11	4,23	535,1	26,89
VAV10xNAY22	7,77	3,81	512,1	27,82
VAV12xNAY13	7,30	4,47	516,6	26,63
VAV12xNAY14	7,70	4,63	486,4	29,33
VAV12xNAY15	8,48	3,83	601,8*	28,47
VAV12xNAY16	6,82	4,42	508,1	28,00
VAV12xNAY17	9,29	4,14	521,9	27,85
VAV12xNAY18	7,57	3,90	522,9	27,32
VAV12xNAY20	7,74	4,02	648,4*	27,61
VAV12xNAY21	6,88	4,21	555,3	26,66
VAV12xNAY22	6,89	4,64	539,1	26,13
VAV1xNAY13	8,74	3,76	544,8	29,32
VAV1xNAY16	8,74	4,21	567,6	27,40
VAV1xNAY17	7,08	3,95	576,2	27,77
VAV1xNAY18	9,54*	3,95	621,2*	28,68
VAV1xNAY19	8,19	4,03	546,0	27,51
VAV1xNAY20	7,64	4,01	554,5	27,60
VAV1xNAY21	8,70	3,86	555,4	28,29
VAV1xNAY22	6,61	4,26	516,5	27,66
VAV2xNAY13	8,62	4,42	525,0	27,92
VAV2xNAY15	8,03	4,37	564,6	28,03
VAV2xNAY16	7,32	4,30	497,0	25,00*
VAV2xNAY17	9,31	4,23	552,0	28,21
VAV2xNAY19	7,77	3,91	530,4	27,96
VAV2xNAY20	9,02	4,43	614,1*	27,14
VAV2xNAY21	8,31	4,13	578,7	28,11
VAV2xNAY22	7,61	4,16	505,6	27,27
VAV3xNAY13	7,13	4,56	504,7	27,05
VAV3xNAY14	7,83	4,67	530,1	29,54
VAV3xNAY15	9,78*	3,94	570,8	28,36
VAV3xNAY16	6,19*	4,27	514,1	27,31
VAV3xNAY17	9,07	3,75	531,6	29,08
VAV3xNAY18	10,79*	3,74	621,0*	29,97
VAV3xNAY19	7,55	4,50	601,3*	27,48
VAV3xNAY20	10,34*	4,15	594,3*	28,49
VAV3xNAY21	8,58	4,20	599,9*	27,86
VAV3xNAY22	7,40	4,70	573,4	25,69
VAV4xNAY13	8,98	3,76	522,2	28,41
VAV4xNAY14	8,35	4,47	525,0	28,58

VAV4xNAY15	9,51*	3,40	598,6*	27,80
VAV4xNAY16	10,00*	3,58	553,2	27,84
VAV4xNAY17	9,20	3,74	612,5*	27,76
VAV4xNAY18	9,85*	3,28*	647,6*	28,47
VAV4xNAY22	9,06	3,57	598,8*	27,41
VAV5xNAY13	8,28	4,21	471,1*	27,59
VAV5xNAY14	6,15*	4,24	462,2*	29,49
VAV5xNAY16	8,01	4,25	495,9	26,97
VAV5xNAY17	7,12	3,77	498,8	28,48
VAV5xNAY18	6,31*	4,20	466,4*	27,67
VAV5xNAY20	8,13	3,67	492,4	28,53
VAV5xNAY21	6,59	4,34	490,1	26,31
VAV5xNAY22	6,76	4,42	430,4*	27,19
VAV6xNAY13	9,03	3,84	479,1	29,16
VAV6xNAY14	10,02*	4,05	496,2	30,87*
VAV6xNAY17	8,66	3,87	528,2	31,13*
VAV6xNAY20	8,41	3,34*	512,1	29,54
VAV6xNAY21	9,89*	3,61	532,6	30,69*
VAV6xNAY22	7,93	3,84	513,0	28,14
VAV7xNAY13	7,09	4,56	508,8	27,00
VAV7xNAY15	7,07	4,45	530,0	26,60
VAV7xNAY16	6,05*	4,52	514,2	26,39
VAV7xNAY18	7,33	3,95	535,5	27,63
VAV7xNAY19	6,94	4,02	509,1	27,40
VAV7xNAY20	8,01	4,43	568,5	27,33
VAV7xNAY21	6,35	4,29	486,4*	28,69
VAV8xNAY13	8,42	4,13	531,2	27,21
VAV8xNAY15	6,77	3,99	491,5	27,70
VAV8xNAY16	8,91	4,45	527,4	28,21
VAV8xNAY17	6,58*	3,97	505,5	27,99
VAV8xNAY18	8,31	3,89	492,9	30,37
VAV8xNAY19	7,67	3,69	544,6	28,04
VAV8xNAY20	6,85	3,64	513,1	27,94
VAV8xNAY21	6,48*	4,36	476,5*	27,61
VAV8xNAY22	8,02	3,94	477,1*	27,59
VAV9xNAY13	9,36	4,07	500,3	28,01
VAV9xNAY14	10,20*	4,06	505,7	32,62*
VAV9xNAY16	8,73	4,08	516,9	28,37
VAV9xNAY17	7,77	3,36*	507,4	29,19
VAV9xNAY18	9,24	3,74	576,9	28,57
VAV9xNAY21	8,92	3,51	537,7	28,93
Máximo	10,79	4,85	648,4	32,62
Mínimo	6,05	3,28	430,4	25,0

Legenda: ¹produtividade de grãos (t.ha⁻¹); ²severidade da mancha branca, ³número de grãos por espiga, ⁴peso de 100 grãos (g). '*' Significativo a 5% pelo erro padrão associado a estimativa BLUP.

Fonte: do autor (2020)