

WEMERSON MENDONÇA REZENDE

**CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO ENTRE LINHAGENS DE MILHO
TROPICAL EM DIFERENTES CONDIÇÕES AMBIENTAIS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título *Magister Scientiae*.

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2020**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

R467c
2020

Rezende, Wemerson Mendonça, 1995-
Capacidade de combinação entre linhagens de milho
tropical em diferentes condições ambientais / Wemerson
Mendonça Rezende. – Viçosa, MG, 2020.
65 f. : il. ; 29 cm.

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Milho - Melhoramento genético. 2. Genótipos. 3. Stress
(Fisiologia). 4. Nível do mar. 5. Milho híbrido. 6. Plantas -
Efeito do nitrogênio. 7. Estresse por calor. 8. Nitrogênio -
Fixação. I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de
Agronomia. Programa de Pós-Graduação em Genética e
Melhoramento. II. Título.

CDD 22 ed. 633.152

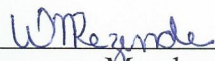
WEMERSON MENDONÇA REZENDE

**CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO ENTRE LINHAGENS DE MILHO
TROPICAL EM DIFERENTES CONDIÇÕES AMBIENTAIS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título *Magister Scientiae*.

APROVADA: 20 de fevereiro de 2020.

Assentimento:



Wemerson Mendonça Rezende
Autor



Rodrigo Oliveira de Lima
Orientador

À minha irmã Bárbara Raquel
e amigos pelo apoio ímpar e
incessante que por mim
prestaram.

OFEREÇO

Ao meu pai Enismar Evangelista de
Rezende e à minha mãe Maria
Aparecida de Carmo Mendonça
Rezende, pelo exemplo de força e
honestidade, por sempre ajudarem na
minha formação pessoal e profissional,
por todo o amor, apoio e incentivo.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela vida, por tudo que me concedeu e por estar presente em todos os momentos de minha vida.

Aos meus pais, Enismar e Maria Aparecida, minha irmã Barbara Raquel e todos os familiares pelo apoio, incentivo e amor. Mãe, seu cuidado e dedicação foram que deram, em alguns momentos, a esperança para seguir. Pai, sua presença significou segurança e certeza de que não estou sozinho nessa caminhada.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), em especial ao Departamento de Agronomia, pela oportunidade de realização do curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (Fapemig) e à Fundação Arthur Bernardes (Funarbe), pelo financiamento dos projetos.

Ao orientador, professor Dr. Rodrigo Oliveira de Lima, pelo aprendizado, apoio, amizade e instruções na execução do trabalho.

Aos professores, Dr. José Eustáquio de Souza Carneiro, Dr. Pedro Crescêncio Souza Carneiro e Dr. Carlos Nick Gomes, pela participação na banca de defesa de dissertação.

Ao professor Dr. Tiago de Souza Marçal pelo auxílio nas análises genético-estatísticas ao decorrer do trabalho.

À equipe do Programa Milho-UFV, estagiários, bolsistas de iniciação científica e pós-graduandos, pelo apoio, amizade e ajuda na execução do projeto, pois sem eles não seria possível a condução dos experimentos.

Aos funcionários do Campo Experimental de Coimbra, da Estação Experimental da Horta Nova e do Vale da Agronomia, por toda dedicação e suporte na condução do experimento.

Aos amigos durante essa caminhada, pela valiosa amizade e apoio para realização desta etapa de minha vida.

A todos vocês, meu muito obrigado.

BIOGRAFIA

Wemerson Mendonça Rezende, filho de Enismar Evangelista de Rezende e Maria Aparecida do Carmo Mendonça Rezende, nasceu em Piacatuba / Leopoldina - MG, em 22 de fevereiro de 1995.

Em 2010, iniciou o curso de Eletrotécnica no Centro Federal de Educação Tecnológica de Minas Gerais, obtendo título em dezembro de 2012.

Em 2013, ingressou na Universidade Federal de Viçosa, onde se graduou em Agronomia, obtendo título em janeiro de 2018.

Em março de 2018, iniciou o curso de Mestrado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa em fevereiro de 2020.

“Talvez não tenha conseguido fazer o melhor, mas lutei para que o melhor fosse feito. Não sou o que deveria ser, mas Graças a Deus, não sou o que era antes”.

Marthin Luther King

RESUMO

REZENDE, Wemerson Mendonça, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2020. **Capacidade de combinação entre linhagens de milho tropical em diferentes condições ambientais.** Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.

A análise dialélica é um dos métodos mais usados para a caracterização e seleção de genitores superiores em um programa de melhoramento de milho. O emprego desse método permite estimar a capacidade de combinação entre genitores e avaliar o desempenho deles em cruzamentos. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi identificar linhagens promissoras para formação de uma população base para fins de desenvolvimento de híbridos de milho para condições de estresses. Para isso, avaliou-se 190 combinações híbridas (CH), provenientes de um dialelo completo entre 20 linhagens de milho e seis híbridos comerciais (testemunhas) de milho em cinco ambientes de Minas Gerais, na safra 2018/2019. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos incompletos (látice quadrado 14 x 14) com duas repetições. Cada unidade experimental foi constituída de uma linha de quatro metros, espaçadas em 0,8 metros. Os caracteres avaliados foram: dias até o florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm) e espiga (AE, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹). Os dados foram submetidos à análise dialélica pelo método 4 de Griffing. O coeficiente de variação experimental variou de 1,84% (FF, em Coimbra 2, sob condições normais de N) a 32,21% (PG, em Coimbra 1, em baixo nível de N). As estimativas de capacidade geral de combinação (CGC) foram significativas para quase todos os caracteres avaliados, exceto para PG em Viçosa 2. Esse fato viabiliza a seleção de linhagens superiores para serem usadas como genitoras na formação de população base. As estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) foram significativas para alguns caracteres avaliados em alguns ambientes. Na análise conjunta, a interação CGC x ambientes foi significativa para todos os caracteres pelo teste qui quadrado ($P < 0,05$). Já a interação CEC x ambientes foi significativa pelo teste qui quadrado ($P < 0,05$) para PG. As linhagens que apresentaram maiores estimativas de CGC para PG ao longo dos ambientes foram VML124, VML090 e VML083. Dentre as combinações híbridas, a VML022xVML115 e VML003xVML016 se destacaram por apresentarem alta estimativa de CEC, além de seus parentais serem de grupos heteróticos distintos. Conclui-se que existem genótipos que apresentam estimativas desejáveis da CGC e da CEC, o que indica que podem ser selecionados para a obtenção de população base de melhoramento, associado à avaliação em vários ambientes devido à interação desses efeitos com o ambiente.

Palavras-chave: *Zea mays* L.. Dialelo. Terras baixas. Estresse abiótico.

ABSTRACT

REZENDE, Wemerson Mendonça, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2020. **Combining ability among tropical maize lines in different environmental conditions.** Adviser: Rodrigo Oliveira de Lima.

The diallelic analysis is one of the most used methods for the characterization and selection of superior parents in a maize breeding program. The use of this method makes it possible to estimate the combining ability between parents and to evaluate their performance at crossings. Thus, our objective was to estimate the combining ability among maize inbred lines under multiple environmental conditions. For this, 190 hybrid combinations (CH) derived from a diallel design of 20 inbred lines and six commercial maize hybrids were evaluated in five environments in Minas Gerais State, 2018/2019 season. The trial design used was an incomplete block (square lattice 14 x 14) with two replications. Plots were 4 m long, with one row spaced 80 cm apart and plot size of 3.2 m². We evaluated five traits: days to pollen shedding (DTP, days), days to silking (DTS, days), plant height (PH, cm), ear height (EH, cm), and grain yield (GY, kg ha⁻¹). The data were subjected to a diallelic analysis by method 4 of Griffing. The coefficient of variation ranged from 1.84% (DTS, in Coimbra 2) to 32.21% (GY, in Coimbra 1, at a low N). The estimates of general combining ability (GCA) were significant for almost all traits evaluated, except for GY in Viçosa 2. Thus, it is possible to select superior inbred lines for forming a synthetic population that can be used as a base population to develop new inbred lines. The estimation of specific combining ability (SCA) was significant for some traits evaluated in some environments. In the combined analysis, the GCA x environment interaction was significant for all characters by the chi-square test ($P < 0.05$). The SCA x environment interaction was significant by the chi-square test ($P < 0.05$) for GY. The lines that had the highest GCA to GY estimates across environments were VML124, VML090, and VML083. Among the hybrid combinations, VML022xVML115 and VML003xVML016 stood out for presenting a high estimate of SCA, in addition to their parents being from different heterotic groups. In conclusion, some genotypes present desirable estimates of GCA and SCA, which indicates that they can be selected to obtain a breeding base population, associated with evaluation in various environments due to the interaction of these effects with the environment.

Keywords: *Zea mays* L. Diallel. Lowlands. Abiotic stress.

SUMÁRIO

1	Introdução	10
2	Referencial teórico	13
2.1	Importância do milho	13
2.2	Melhoramento para estresses abióticos	14
2.2.1	Melhoramento para tolerância a baixo nitrogênio	14
2.2.2	Melhoramento para tolerância ao calor e seca	16
2.3	Grupos heteróticos	18
2.4	Dialelos	21
3	Objetivos	24
4	Material e Métodos	25
4.1	Material genético	25
4.2	Execução experimental	26
4.3	Caracteres avaliados	27
4.4	Análises genético-estatísticas	28
5	Resultados	32
5.1	Diversidade genética	32
5.2	Amplitude e média de valores genotípicos	33
5.3	Estimativas de componentes de variância e herdabilidade	35
6	Discussão	43
7	Conclusões	49
8	Referências	50
9	Anexos	58

1 Introdução

O milho é um dos cereais mais cultivados no planeta e amplamente usado desde a alimentação humana até a produção de ração para alimentação animal (ABIMILHO, 2018). O milho representa um importante percentual da economia agrícola mundial. A cada dia, a gama de possibilidades do seu uso é aumentada. Atualmente, ele tem grande importância na produção de etanol, principalmente em países desenvolvidos como os Estados Unidos da América. Estima-se que 142 milhões de toneladas de milho, cerca de 39% da produção total, sejam designadas para produção de etanol nos EUA, enquanto que no Brasil a estimativa de produção de milho destinada à produção de etanol foi de 2,6 milhões de toneladas em 2019, representando 2,5% da produção total (USDA, 2019).

Na safra 2018/19, a área plantada com milho no Brasil, foi de aproximadamente 17,5 milhões de hectares. O Brasil é o terceiro maior produtor do grão, atrás apenas dos Estados Unidos da América e China, com uma produção aproximada de 101 milhões de toneladas na safra 2018/19 (USDA, 2019). A média brasileira de produtividade de milho é considerada baixa, em torno de 5.715 kg ha^{-1} na safra 2018/19, abaixo de países como os Estados Unidos da América ($11.100 \text{ kg ha}^{-1}$) e Argentina (8.680 kg ha^{-1}). Isso acontece em parte devido ao uso limitado de recursos pelos produtores, associado ao uso de cultivares que exigem muitos recursos como luz, água, temperatura e nutrientes para que possam expressar seu máximo potencial produtivo. Outros fatores limitantes da produtividade brasileira são as condições edafoclimáticas em que nosso país está inserido. Condições estas de baixa fertilidade no solo, elevadas temperaturas acompanhadas de baixa amplitude térmica, comuns de regiões tropicais.

Com as mudanças climáticas que afetam o planeta, as condições ideais para o cultivo do milho se tornam cada vez mais escassas. Falta de água e temperaturas elevadas são os dois principais fatores que influenciam negativamente no desenvolvimento da lavoura de milho, fazendo-se jus o desenvolvimento de cultivares que se adaptam melhor a essas condições. Atualmente, mais de 95% da área plantada com milho é cultivada com algum tipo de híbrido. O desenvolvimento desses cultivares híbridos, na sua maior parte, fica a cargo das instituições privadas, onde o foco se volta quase que exclusivamente para o desenvolvimento de cultivares mais produtivos. Essas empresas investem muitos recursos nesse processo, como importação de germoplasma, mão de obra qualificada e infraestrutura, entre outros. Dessa forma, as pesquisas para desenvolvimento de cultivares

resistentes às condições de estresse fica sob responsabilidade das instituições públicas. Essas instituições avaliam linhagens em diversas condições ambientais, como ambientes com condições normais, estresse por nitrogênio, estresse por fósforo, estresse por alumínio, déficit hídrico e excesso de temperatura, por exemplo.

Entre os diferentes fatores de mudança climática, a temperatura é um dos principais fatores que afetam o crescimento, o desenvolvimento e o rendimento das culturas agrícolas. Altas temperaturas, tanto diurna quanto noturna podem alterar as funções fisiológicas normais das culturas em comparação com as cultivadas sob a temperatura ideal durante o dia e a noite (PRASAD et al., 2011; SHI et al., 2013; PERAUDEAU et al., 2015). No milho, a alta temperatura diurna e noturna diminui os parâmetros de crescimento (área foliar e acúmulo de biomassa), taxa fotossintética, transpiração, eficiência no uso da água e eficiência quântica máxima de PSII (fotossistema II) (BEN- ASHER et al., 2008; SONOJ et al. 2016). A disponibilidade de água também é um fator extremamente importante no desenvolvimento da cultura, uma vez que a água é responsável, além de outras funções, pela manutenção da pressão osmótica das células. Além desses fatores, o nitrogênio também desempenha um papel crucial no crescimento e desenvolvimento da cultura, por ser constituinte de várias moléculas essenciais como aminoácidos, clorofila, entre outras, e sua falta acarreta uma perda significativa na produtividade.

Dessa forma, faz-se necessário o desenvolvimento de cultivares mais responsivos sob condições de estresse, visando sempre o aumento da produção de grãos. Para a obtenção de bons cultivares híbridos, é de suma importância que se façam estudos com genitores que poderão dar origem a novos cultivares. O conhecimento de grupos heteróticos é uma ferramenta fundamental na escolha das linhagens que serão utilizadas como parentais. Grupos heteróticos são grupos de plantas que quando cruzadas entre si os híbridos não apresentam heterose, mas quando cruzadas com plantas de outro grupo há heterose significativa (HALLAUER et al., 2010). Para a alocação das linhagens em grupos heteróticos, existem algumas metodologias, como análise de diversidade genética, uso de testcrosses e dialelos. Nesse contexto, o uso de dialelos é eficiente para obter informações sobre o controle genético de caracteres quantitativos (JINK et al., 1953). As metodologias mais comuns de análise dialélica utilizadas são as propostas por Griffing (1956), que estimam a capacidade geral e específica de combinação e fornecem informações sobre a predominância da ação genética; o método proposto por Gardner e Eberhart (1966), que avalia os efeitos de variedades e heterose varietal; e o método

proposto por Hayman (1954), que fornece informações sobre os mecanismos básicos de herança, valores genéticos e limites de seleção.

Os estudos publicados avaliando híbridos sob diversas condições ambientais, condições estas, de estresse por algum fator crucial no desempenho produtivo do milho, são ainda são proeminentes. Nesse contexto, o Programa Milho, programa de melhoramento de milho da Universidade Federal de Viçosa, tem desenvolvido inúmeras linhagens de milho e vem realizando diversos trabalhos com o foco na avaliação de linhagens sob circunstâncias de baixo nível de nitrogênio, baixo nível de fósforo, déficit hídrico e temperaturas elevadas. No entanto, algumas dessas linhagens ainda não foram avaliadas em cruzamentos e, portanto, não há informações sobre a capacidade geral e específica de combinação dessas linhagens sob condições de estresses de seca, de baixa disponibilidade de nitrogênio e altas temperaturas.

2 Referencial teórico

2.1 Importância do milho

O milho (*Zea mays* L.) é uma espécie da família das Poáceas e é cultivado em quase todos os continentes, exceto na Antártida. Pode ser cultivado em terras ao nível do mar até mais de 3.000 metros de altitude. O milho é originado do teosinto e teve sua origem na América Central, mais especificamente no México e na Guatemala (BEADLE, 1978). O milho começou a ser domesticado pelo homem a aproximadamente 8 mil anos. Os principais caracteres selecionados foram: produtividade de grãos, resistência a pragas e doenças, capacidade de adaptação, entre outros, dando origem ao milho que conhecemos hoje (BEADLE, 1978). Ele é um cereal de grande importância econômica, cultural e social e ocupa lugar de destaque na agricultura brasileira e mundial. Ele pode ser utilizado de diversas formas, desde a alimentação humana e animal, até na indústria de alta tecnologia na produção de glucose, borracha, embalagens biodegradáveis, etanol e etc. (DUARTE et al., 2006; MÔRO e FRISTSCHE-NETO, 2015). O grão de milho é composto, predominantemente, de carboidratos e proteínas. Portanto, é considerado um alimento energético para as dietas humana e animal (PAES, 2008).

O Brasil se destaca como terceiro maior produtor mundial de milho, atrás apenas dos Estados Unidos e China. A produção brasileira estimada é de aproximadamente 101 milhões de toneladas na safra 2018/2019, numa área plantada de cerca de 17,5 milhões de hectares, com uma produtividade média em torno de 5.700 kg ha⁻¹ (CONAB, 2019). A baixa produtividade de grãos que predomina no Brasil é reflexo da escolha/posicionamento inadequado de cultivares, do emprego inadequado de algumas tecnologias de cultivo como o uso de sementes não certificadas, baixo uso de fertilizantes, uso de populações de plantas abaixo do recomendado. Outro fator, é que esses cultivares não apresentam um desempenho satisfatório quando submetidos à algum estresse fisiológico. Além disso, como o cultivo de milho ocorre ao longo de todo o país, e durante vários meses, estresses abióticos, como deficiência de nutrientes, principalmente de nitrogênio e fósforo, estresses hídrico, condições adversas do solo como toxidez por alumínio, salinidade, e condições climáticas como temperaturas elevadas ou mesmo baixas temperaturas, representam alguns dos problemas enfrentados pelo produtores que prejudicam drasticamente o desempenho da lavoura (MUNDIM et al., 2018). Entretanto, a produtividade de grãos brasileira tem aumentado. O melhoramento genético associado

à adoção e uso consciente de novas tecnologias proporcionaram aumento no rendimento de grãos do milho nos últimos 20 anos. Entre as principais práticas adotadas pelos produtores de milho que foram responsáveis pelo aumento da produtividade de grãos, destacam-se três: híbridos mais responsivos ao uso de tecnologias e mais tolerantes ao aumento de população de plantas, introdução de cultivares transgênicos e aumento na dose de nitrogênio (N) aliada a níveis equilibrados de outros nutrientes. Estas práticas proporcionam uma maior expressão do potencial genético dos híbridos modernos, ou seja, uma maior resposta à tecnologia empregada. Os ganhos constantes de produtividade estão relacionados diretamente com o desenvolvimento de novos híbridos mais responsivos e mais tolerantes ao estresse de seca. A biotecnologia aplicada ao desenvolvimento de híbridos, adoção de práticas modernas de manejo e otimização dos recursos naturais estão atreladas a esse aumento. Na safra 2019/2020, foram disponibilizados 196 cultivares de milho no mercado brasileiro e, desses, 130 são cultivares transgênicos (66,33%). Em relação ao tipo de cultivar, 135 são híbridos simples (69%), 9 são híbridos triplos (4,6%), 6 duplos (3,1%) e 11 são variedades de polinização aberta (5,6%) (EMBRAPA, 2020).

2.2 Melhoramento para estresses abióticos

2.2.1 Melhoramento para tolerância a baixo nitrogênio

O milho apresenta um potencial produtivo muito elevado. Dessa forma, ele tem uma exigência nutricional elevada. Dentre os macronutrientes, a maior exigência é pelo nitrogênio (N), fósforo (P) e potássio (K). O N é o nutriente absorvido em maior quantidade pela planta de milho. A sua deficiência é considerada um dos principais fatores limitantes da produtividade de grãos no milho (ZUCARELI et al., 2014; JANDREY, 2016). Ele é constituinte de vários compostos orgânicos, como aminoácidos e proteínas, os quais estão associados aos processos fisiológicos da fotossíntese, respiração e absorção iônica (TAIZ e ZEIGER, 2010). Estudos observaram que o aumento na produtividade de milho no século passado foi associado com aumento da adubação nitrogenada (DUVICK, 1997). No caso do milho, o suprimento inadequado de N limita a produção. Estima-se que 25% do custo total de produção de milho advém do uso de fertilizantes nitrogenados (KIST et al., 2016). A deficiência de N é caracterizada pelo sintoma que se inicia nas folhas mais velhas, por ser um nutriente móvel na planta, observando um amarelecimento em forma de "V" invertido ao longo da nervura principal

que inicia na ponta da folha e prolonga até o meio evoluindo para estado de necrose, e em alguns casos deformações na ponta das espigas (MALAVOLTA et al., 1997).

As doses utilizadas de N influenciam na produtividade de grãos. O aproveitamento de N pela cultura do milho decresce com a extrapolação das doses aplicadas, tendo como consequência a perda de amônia, ou seja, perde-se mais N com o aumento da dose aplicada. Ressalta-se que a resposta da cultura às doses de N depende de vários fatores como: histórico da área, tipo de solo, condições climáticas e do material genético utilizado (FERNANDES et al., 2005). Para cada 60 kg ha⁻¹ de grãos produzidos, na maioria dos cereais, é necessário 1 kg ha⁻¹ de N (VERGUTZ e NOVAIS, 2015). O N é absorvido desde os estádios iniciais de desenvolvimento da planta de milho, até perto da maturação fisiológica (GALVÃO et al., 2015). No germoplasma de milho em todo o mundo, existe uma enorme variação na resposta à adubação nitrogenada (WORKU et al., 2007). Porém, a maioria dos programas de melhoramento privados visam o desenvolvimento de cultivares para condições ideais de N e não incluem avaliação do germoplasma em condições de baixo N como parte do programa de desenvolvimento de híbridos.

O uso eficiente de nutrientes pelas plantas pode reduzir os custos com fertilizantes, diminuir as taxas de perdas de nutrientes e melhorar a produtividade. Fatores genéticos e fisiológicos são responsáveis pela capacidade das plantas em absorver e utilizar os nutrientes (BALIGAR et al., 2001). Uma estratégia muito eficaz é a identificação de linhagens eficientes no uso de N, o que pode acarretar à obtenção de híbridos eficientes no uso desse nutriente e, dessa forma, reduzir o custo com adubação nitrogenada e os impactos ambientais gerados com o uso excessivo desse tipo de adubo (MUNDIM et al., 2018). Alguns estudos têm sido conduzidos com objetivo de identificar materiais genéticos para condições de baixo N, principalmente em condições tropicais, em sua maioria, por instituições públicas. Makumbi et al. (2011) avaliaram a produtividade de grãos de híbridos provenientes de um dialelo entre linhagens originadas de três programas de melhoramento, e encontraram comportamento diferencial dos híbridos, quando avaliados em três ambientes: bem nutridos e irrigados, sob estresse hídrico e com deficiência de N. Abe et al. (2013) avaliaram a performance de híbridos experimentais e comerciais em condições de baixo e ótimo nível de aplicação de N. Constataram que os híbridos se diferem na capacidade de absorção e armazenamento de N, assim como acúmulo e produção de biomassa. Fernandes et al. (2005) constataram que diferentes doses de N influenciam na massa de grãos e na produtividade de grãos. Dovale et al. (2012) concluíram que independente da disponibilidade de N, a eficiência na absorção é

o componente mais importante na eficiência do uso de N, e que os efeitos genéticos aditivos tem maior importância para os caracteres associados à eficiência no uso de N. Em outro trabalho, Rodrigues et al. (2017) observaram que há variabilidade genética para eficiência no uso de N em um conjunto de 64 linhagens de milho tropical avaliados em condições contrastantes de N. Os autores constataram uma redução na produtividade de grãos de aproximadamente 25% quando em condições de estresse desse nutriente e identificaram alta correlação do número de grãos por espiga com a eficiência no uso de N.

2.2.2 Melhoramento para tolerância ao calor e seca

O entendimento das exigências climáticas do milho ao longo de seu desenvolvimento é um fator imprescindível quando se pensa em altas produtividades. No Brasil, existem diversas regiões produtoras agrícolas, as quais fazem cultivo do milho no verão e na safrinha, que na maioria dos casos, são cultivados em condições de sequeiro. Atualmente, a semeadura de milho segunda safra representa 75% do cultivo total no país, e essa época de cultivo é caracterizado por apresentar baixa disponibilidade hídrica (CONAB, 2019). Um dos fatores mais limitantes à produtividade da lavoura de milho é o déficit hídrico, o qual pode causar perdas na ordem de até 50%. Porém, condições de temperatura/calor também apresentam grande influência sobre o rendimento de grãos na cultura. Inúmeras alterações fisiológicas, como trocas gasosas, e condutância estomática, são alteradas quando estão sob condições estressantes (BRITO et al., 2013; GUIMARÃES et al., 2014).

Regiões tropicais baixas abrigam amplas áreas do território brasileiro, e genericamente, são descritas como de baixa altitude, com estratos de 0 até 700 m acima do nível do mar. Nestas regiões, radiação solar, temperatura e umidade constituem-se dentre os fatores de maior limitação ao desenvolvimento e respostas do milho. Nessas condições, existe uma tendência de se ter temperaturas mais elevadas associadas a estresses hídricos. A maior temperatura do ar diurna aumenta a transpiração das plantas, causando maior perda de água por estas. Porém, o maior efeito da temperatura do ar no cultivo do milho em regiões de baixa altitude se dá pelo aumento da respiração noturna; neste caso, ocorre o aumento da respiração de manutenção das plantas e parte dos fotoassimilados (que seriam utilizados na respiração para suprir a energia para o crescimento) acaba sendo utilizada no reparo e na manutenção do metabolismo da planta,

de modo a evitar que entre em estresse severo. Altas temperaturas noturnas têm também associação com precoce senescência e maturidade; consequentemente, o período de enchimento de grãos é reduzido. Por fim, a maior temperatura do ar noturna reduz a assimilação líquida de carbono diária e, consequentemente, reduz o desenvolvimento e a produtividade da cultura (SOUZA e BARBOSA, 2015).

Segundo Penariol et al. (2010), a produtividade pode ficar comprometida se o estresse hídrico coincidir com o período do florescimento, fase que determina a quantidade de óvulos a serem fecundados e, por consequência, a produção de grãos. Diante deste cenário, fica evidente a importância de programas de melhoramento voltados exclusivamente à seleção de linhagens e de híbridos adaptados ao cultivo em regiões e épocas cujas condições climáticas não são ideais, visando obter materiais mais produtivos, responsivos, precoces, com menor porte, grãos com rápida perda de água, resistentes a pragas e doenças e menos afetados por regime de chuvas e limitações de radiação solar e de temperatura. Em nível fisiológico, o estresse hídrico acarreta diminuição da atividade fotossintética, reduzindo a eficiência de conversão da radiação interceptada em biomassa. Há observações de que o melhoramento para tolerância à seca, em populações tropicais, altera a divisão de fotoassimilados, privilegiando o desenvolvimento da espiga (MUGO et al., 2003).

A altitude tem ação indireta na produtividade de milho (DURÃES, 2006), influenciando indiretamente processos fisiológicos importantes, como fotossíntese, respiração, e absorção de água e nutrientes. A produtividade do milho em condições de terras altas pode chegar a patamares elevados, chegando a 18 ton ha⁻¹, e em contrapartida, em condições de terras baixas, esse patamar fica em torno de 5 – 8 ton ha⁻¹, considerando um nível tecnológico satisfatório na condução da lavoura. Essa diferença de produtividades pode estar intimamente relacionada ao nível de tecnificação aplicado no cultivo. Porém, as limitações edafoclimáticas são um grande limitante dessa produtividade (DURÃES, 2006). Em condições de terras baixas, onde as temperaturas diurnas/noturnas geralmente são mais elevadas, ocorre uma redução no período de enchimento de grãos. Consequentemente, ocasiona uma redução na produtividade (BADU-APRAKU et al., 1983). Nessas condições, a atividade da redutase do nitrato é reduzida. Assim, o processo de liberação do N disponível para a planta será afetado. O aumento da respiração também é bastante notável quando há o aumento da temperatura, ocasionando uma redução drástica da taxa fotossintética líquida. Outro fator limitante nessas regiões é a umidade no solo, principalmente na fase que antecede o VT (estádio

de transição entre a fase vegetativa e a reprodutiva, caracterizado pela emissão completa do pendão).

Embora a planta de milho seja eficiente em converter a energia luminosa em matéria seca do grão, em condições de estresse, ela acumula considerável matéria seca no colmo, bainhas de folhas, sabugo e brácteas após florescimento. Parte dessa matéria seca será translocada para o grão mais tarde, na fase de enchimento de grãos. Assim, a falta de água nessa fase é um fator crucial na obtenção de altas produtividades. Durães et al. (2002) avaliaram cultivares de milho de diferentes ciclos na região centro e sul do Brasil e observaram menores produtividades de grãos de milho em baixas altitudes (<700 m) em relação a altas altitudes, apresentando maiores diferenças na região Sul, para todos os grupos de maturidade de milho.

Alguns reflexos da temperatura sobre o milho é o aborto de grãos jovens da espiga, o qual ocorre geralmente nos grãos da ponta da espiga. Isso acontece devido ao rápido acúmulo de matéria seca pelos grãos mais velhos da base da espiga. Esse aborto é mais comum em condições de baixa população de plantas, uma vez que a ocorrência de mais espigas por planta é frequente, e ocasiona uma competição intraplanta pelos fotoassimilados (DURÃES, 2006).

Apesar de todos esses fatores irem contra a produção de milho em regiões de terras de baixa altitude, é possível obter-se elevados rendimentos de grãos de milho mesmo em regiões de baixa altitude, desde que a cultura seja manejada adequadamente (ARGENTA et al., 2003). Segundo esses autores, ao se ter uma adequação do método de cultivo, com as condições edafoclimáticas da região, as produtividades alcançadas podem se equiparar.

2.3 Grupos heteróticos

Grupo heterótico tem sido definido como uma coleção de germoplasma que, quando cruzada com germoplasma de outro grupo, tende a exibir maiores níveis de heterose que quando cruzada com indivíduos de seu próprio grupo (REIF et al., 2005). Dessa forma, linhagens que apresentam elevada heterose em cruzamento e/ou elevada capacidade específica de combinação são alocados em grupos heteróticos distintos, enquanto aquelas linhagens que não apresentam estes resultados são alocadas no mesmo grupo heterótico (HALLAUER et al., 2010). A definição dos grupos heteróticos é de suma importância e tem implicações diretas nos programas de melhoramento, que tem como objetivo desenvolvimento de híbridos, uma vez que os cruzamentos entre linhagens

são teoricamente direcionados e não feitos de forma aleatória. O êxito de um programa de melhoramento de milho depende diretamente da efetividade na identificação das melhores linhagens a serem usadas como parenteais para o desenvolvimento de híbridos superiores. Uma das principais dificuldades enfrentadas pelo melhorista é a escolha das linhagens a serem utilizadas para a síntese de híbridos. A escolha das linhagens deve fundamentar-se na capacidade de combinação das linhas parentais, e devido a isso deve-se separar os genitores em grupos heteróticos de modo a maximizar o vigor híbrido (BALESTRE et al., 2008; HALLAUER et al., 2010).

A alocação correta de linhagens em seus respectivos grupos heteróticos evita o desenvolvimento e avaliação de híbridos não promissores que seriam descartados, contribuindo para aumentar a eficiência nos programas de melhoramento. Assim, linhagens originárias de materiais alocados em um determinado grupo heterótico são avaliadas em cruzamentos com genótipos de forma que se saiba, a priori, que esses cruzamentos deverão apresentar médias superiores àqueles realizados dentro de um mesmo grupo heterótico. Diante disto, os cruzamentos são orientados para explorar de forma eficaz a heterose e/ou a capacidade específica de combinação entre os genótipos de grupos heteróticos distintos (PINTO et al., 2001). De acordo com Reif et al. (2005), já são conhecidos alguns grupos heteróticos nos germoplasmas de milho ao redor do mundo. A exemplo, temos no Estados Unidos da América e Canadá os grupos heteróticos Stiff Stalk (SS) e Non-Stiff Stalk (NSS), onde inúmeras linhagens, a exemplo B73 (SS) e MO17 (NSS), quando avaliadas em cruzamentos, apresentaram heterose significativa. No germoplasma tropical, tem sido propostos dois grupos: Tuxpeño e não-Tuxpeño. Esse último engloba as seguintes raças de milho: Cuban Flint, Coastal Tropical Flint (Caribbean Flint), Tuson e ETO Composite.

Segundo Melchinger e Gumber (1998), os seguintes critérios são úteis para identificar os grupos heteróticos: expressivo desempenho e variância genética nos cruzamentos entre grupos heteróticos distintos; bom desempenho *per se* dos indivíduos e boa adaptação dos grupos heteróticos. O ideal é que as linhagens produzam grande quantidade de pólen e grãos a fim de viabilizar a produção de sementes F1; e, baixa depressão endogâmica entre cruzamentos provenientes de linhagens pertencentes ao mesmo grupo heterótico. Na literatura, vários métodos têm sido propostos para alocar linhagens em grupos heteróticos: análise da diversidade genética (FARIA et al., 2020; BECKETT et al., 2017; GRASSI et al., 2015; MORALES et al., 2010), uso de testadores (GUIMARÃES et al., 2011;) e através de análises dialélica, que apesar de ser possível

extrair muitas informações, não é muito empregado devido ao grande número de cruzamentos necessários (PINTO et al., 2001).

Nos casos em que há poucas linhagens, é aconselhável a realização de cruzamentos dialélicos, mas havendo um grande número de populações e genitores, Pinto et al. (2001) sugerem a utilização de cruzamentos do tipo testcrosses. Nesses, realiza-se o cruzamento do germoplasma a ser alocado, com genótipos representativos de cada um dos grupos heteróticos já existentes e, posteriormente, são alocados de acordo com o desempenho do híbrido testcross. Contudo, isso é possível apenas quando o programa já possui testadores representativos de cada um dos grupos heteróticos. No caso de programas nos quais o germoplasma ainda não está agrupado, uma alternativa é utilizar como testadores, genótipos que apresentem estimativas de alta magnitude da capacidade específica de combinação (PINTO et al., 2001), ou testadores de base genética ampla que já são sabidamente discriminadores eficientes para cada grupo heterótico.

A utilização de marcadores moleculares tem sido amplamente adotada como ferramenta para a avaliação da diversidade genética entre populações de milho doce, visando prever o desempenho dos híbridos (PINTO et al., 2016). Contudo, alguns autores refutam o uso de marcadores moleculares, uma vez que marcadores identificam divergência em todo o genoma e muitas vezes, as regiões marcadas não estão relacionadas na expressão de genes relacionados a caracteres de interesse. De acordo com Barrios et al. (2009), o uso de marcadores moleculares para a alocação de linhagens em grupos heteróticos tem sido bastante eficiente para populações de milho de germoplasma temperado, onde a genealogia das linhagens é bem conhecida e a base genética é estreita. Porém, alguns estudos comprovam que os resultados de dialelos foram mais favoráveis para a constituição de grupos heteróticos comparado aos marcadores moleculares (BALESTRE et al., 2008). Ainda assim, o uso de dialelos associado aos marcadores moleculares permite aumentar a eficiência na definição dos grupos heteróticos (BERNARDO, 2010). Gonzalez et al. (1997) empregaram o método de dialelo para alocar dez linhagens de milho subtropical em dois grupos heteróticos. Eles basearam-se nas estimativas de capacidade específica de combinação para alocar genitores no mesmo grupo heterótico quando esta foi negativa e progenitores em grupos heteróticos distintos quando houve estimativa de CEC positiva. Em outro estudo, Pinto et al. (2001) alocaram 18 linhagens provenientes de duas populações em quatro grupos heteróticos. Eles consideraram as estimativas de CEC como medidas de distância genética entre os genitores. Para gerar a matriz de dissimilaridade genética, foi adicionada uma constante

à estimativa de CEC a fim de tornar todas com sinal positivo. De posse da matriz de dissimilaridade foi obtido o dendrograma pelo método UPGMA e realizada a dispersão gráfica dos dados pelo método de ordenação de coordenadas principais utilizando-se de um sistema de três coordenadas. A expectativa de que genitores divergentes proporcionem bons híbridos decorre do fato de que a heterose é função dos efeitos da dominância dos genes para o caráter em questão e do quadrado da diferença das frequências gênicas de seus genitores, além de efeitos epistáticos, que geralmente são negligenciados (FALCONER et al., 1996).

2.4 Dialelos

Os dialelos se destacam como um dos delineamentos genéticos mais usados para estudar herança de algum caráter e para alocar linhagens em grupos heteróticos com base em estimativas de CEC (HALLAUER et al., 2010). Eles têm sido frequentemente utilizados em programas de melhoramento de diversas culturas, sendo mais intensamente na cultura do milho. As metodologias de análises dialélicas mais utilizadas no melhoramento de plantas são: proposta por Griffing (1956), que estima os efeitos e as somas de quadrados da capacidade geral e específica de combinação; a metodologia de Gardner e Eberhart (1966) visa avaliar o potencial de variedades per se e em combinações híbridas, por meio de estimativas de efeitos varietais e da heterose manifestada no híbrido; a proposta por Hayman (1954) permite avaliar o potencial de linhagens endogâmicas e estimar parâmetros genéticos úteis no entendimento do controle genético de caracteres e na avaliação da eficácia do emprego de estratégias de melhoramento. Dentre as metodologias de análise dialélica, a proposta por Griffing (1956), permite obter as estimativas da capacidade geral de combinação ($\widehat{G}_t$), além de proporcionar informações sobre a concentração de genes predominantemente aditivos em seus efeitos e são de grande utilidade na indicação de genitores a serem utilizados em programas de melhoramento intrapopulacional (CRUZ et al., 2012).

De acordo com Cruz et al. (2012), uma baixa estimativa de $\widehat{G}_t$, positiva ou negativa, indica que o valor da capacidade geral de combinação do genitor, obtida com base em suas populações híbridas, não difere muito da média geral da população dialélica. Se os valores de $\widehat{G}_t$ são altos, positivos ou negativos, há indício de que o genitor em questão é muito superior ou inferior aos demais genitores do dialelo, com relação ao desempenho médio das progênies. Os efeitos da capacidade específica de combinação

(S_{ij}), estimados como desvio do comportamento em relação ao que seria esperado com base na capacidade geral de combinação, são medidas dos efeitos gênicos não aditivos. São desejáveis aquelas combinações híbridas com estimativas de S_{ij} mais favoráveis, que envolvam pelo menos um dos genitores que tenha apresentado o mais favorável efeito de $\hat{G}_1$ (CRUZ et al., 2012). Os efeitos de S_{ij} são úteis em determinar as melhores combinações híbridas, mas não especificam qual dos genitores deve ser utilizado como parental feminino ou masculino no cruzamento. Makumbi et al. (2011) avaliaram um conjunto de híbridos provenientes de um dialelo entre 15 linhagens originárias de três programas de melhoramento distintos. Estes avaliaram os híbridos em três ambientes que caracterizavam-se por: seca, estresse por nitrogênio e condições ótimas de umidade e nutrientes. Os autores observaram através da análise dialélica que em condições ótimas e em ambientes de seca, os efeitos aditivos são mais importantes que os não aditivos. Porém, para o ambiente com estresse por nitrogênio, não foi observado resposta similar. Fritsche-Neto et al. (2010) estudaram os efeitos genéticos envolvidos na herança de caracteres relacionados à eficiência de utilização de P em milho, empregando análise dialélica. Foram avaliadas 15 combinações híbridas provenientes de um cruzamento dialélico entre seis cultivares comerciais de milho, que foram selecionadas levando em consideração adaptação e potencial produtivo. Os autores concluíram que os efeitos não aditivos têm maior importância para caracteres relacionados à eficiência da utilização do fósforo, dessa forma a seleção deve ser realizada nas combinações híbridas. Em outro trabalho, Meza et al. (2011) estimaram a CGC e CEC de 120 combinações híbridas, oriundas de um cruzamento dialélico entre 16 linhagens de milho branco. Determinaram o comportamento desses genitores em relação à alta qualidade de proteínas. Os autores ratificaram a preponderância de efeitos aditivos para o caráter de interesse, e deste modo identificaram linhagens como prováveis genitores para formação de uma variedade sintética com base na CGC das mesmas. Aproveitaram também as estimativas de CEC para a seleção de linhagens que se combinam bem e tem a possibilidade de desenvolver híbridos com potencial para elevada qualidade de proteínas.

Badu-Apraku et al. (2013) investigaram o controle genético de caracteres relacionados à resistência a *Striga hermonthica* e também à condições de baixo nitrogênio. Foram avaliados 190 híbridos provenientes de um dialelo entre 20 linhagens de endosperma amarelo, selecionadas para maior número de espigas por planta. Nesse trabalho, os autores concluíram que a CGC foi maior que CEC, ou seja, para os caracteres

avaliados, os efeitos aditivos são mais importantes que os não aditivos na herança dos caracteres. Souza et al. (2010) estudaram a inter-relação de nitrogênio (N) e fósforo (P) na capacidade de combinação e seleção em milho, com o intuito de identificar o controle genético de caracteres agronômicos de milho, em ambientes contrastantes de nitrogênio e fósforo. Realizaram-se cruzamentos dialélicos entre oito cultivares de milho, de diferentes instituições. As 28 combinações híbridas obtidas foram avaliadas em quatro ambientes, em combinações de alto e baixo N e P. Foi observado efeito do ambiente sobre o controle genético para a maioria dos caracteres estudados por eles. Segundo os mesmos, para rendimento de grãos, a capacidade específica de combinação não é importante quando existe estresse de N ou P.

Pinto et al. (2001) utilizaram um dialelo parcial para alocar linhagens de milho derivadas das populações BR105 e BR106 em grupos heteróticos. Para isso, oito linhagens S₃ da população de milho BR105 e dez da BR106 foram cruzadas ao nível interpopulacional em esquema de dialelo parcial. Os 80 híbridos simples obtidos foram avaliados em látice em três locais na região de Piracicaba – SP. Os autores utilizaram as estimativas das capacidades específicas de combinação (CEC) e a inspeção visual dos dendrogramas e dos gráficos resultantes das análises de agrupamento e de coordenadas principais para a formação dos grupos heteróticos. Os autores alocaram as linhagens em quatro grupos heteróticos. De posse dessa informação, os cruzamentos poderão ser direcionados e o processo de melhoramento se tornará mais eficiente, evitando a obtenção e a avaliação de cruzamentos (híbridos) desnecessários.

3 Objetivos

Estimar as capacidades de combinação geral e específica entre linhagens elite de milho do Programa Milho sob diferentes condições ambientais.

Avaliar a influência dos estresses abióticos sobre as estimativas de capacidade de combinação das linhagens.

Identificar linhagens elite de milho do Programa Milho para a formação de populações base para fins de melhoramento.

Alocar as linhagens em grupos heteróticos distintos para futuros usos dentro do programa de melhoramento.

4 Material e Métodos

4.1 Material genético

Para a realização desse trabalho, foram utilizadas 20 linhagens endogâmicas de milho do banco de germoplasma do Programa Milho da Universidade Federal de Viçosa (Tabela 1). Elas foram selecionadas com base nos seguintes critérios: 1) desempenho *per se* para caracteres agronômicos, principalmente produtividade de grãos e ciclo (FARIA et al., 2020); 2) desempenho para eficiência no uso de N (RODRIGUES et al., 2017); 3) desempenho para caracteres de raiz em condições contrastantes de N (TORRES et al., 2019); 4) desempenho para caracteres de raiz em condições contrastantes de fósforo (SCHUSTER, 2017); 5) diversidade genética baseada em dados de marcadores moleculares e fenotípicos (FARIA et al., 2020); e 6) informações de pedigree/origem.

Tabela 1. Descrição das 20 linhagens de milho usadas neste estudo

Linhagem	Origem ⁶	Grupos		Critérios
		Genotípico ⁵	Fenotípico	
VML 003	BALU551	2	1	Origem ⁶ ; Per
VML016	DKB435	3	8	NUE ² ; DG ⁵
VML017	BR106	3	4	Origem ⁶ ; DG ⁵ ;
VML022	Z8447	5	6	NUE ¹ ; DG ⁵ ;
VML024	CMS050	7	5	Per se ¹
VML031	A3663	1	1	Origem ⁶ ; DG ⁵
VML048	NITROFLINT	5	12	Per se ¹
VML059	C333	3	1	Origem ⁶ ; DG ⁵
VML076	STRIKE	1	13	Origem ⁶ ; Per
VML083	30F53	3	5	Origem ⁶ ; DG ⁵ ;
VML084	30F87	6	11	Origem ⁶ ; DG ⁵
VML090	AG4051	4	11	Per se ¹
VML095	P3041	12	16	DG ⁵
VML102	GARRA	11	8	Origem ⁶ ; DG ⁵ ;
VML115	AI30	13	17	Origem ⁶ ; DG ⁵ ;
VML124	AG7575	1	13	Origem ⁶ ; Per
VML144	CMS28	3	1	Per se ¹
VML158	DKB199	1	4	Origem ⁶ ; DG ⁵ ;
VML165	A010	10	4	DG ⁵ ; Per se ¹
VML172	AG900	9	1	DG ⁵ ; Per se ¹

Fonte: ¹desempenho fenotípico *per se* (FARIA et al., 2020); ²desempenho para eficiência no uso de N (RODRIGUES et al., 2017); ³desempenho para caracteres de raiz em condições contrastantes de N (TORRES et al., 2019); ⁴desempenho para caracteres de raiz em condições contrastantes de fósforo (SCHUSTER, 2017); ⁵com base numa análise de diversidade genotípica baseada em dados moleculares (FARIA et al., 2020); ⁶origem/pedigree.

As linhagens foram usadas como genitoras e cruzadas em esquema de um dialelo completo sem recíprocos, $p * [p - 1] / 2 = 20 * [20 - 1] / 2 = 190$ combinações híbridas, em que p refere-se ao número de linhagens. Os cruzamentos para obtenção das 190 combinações híbridas foram realizados na Unidade de Ensino e Pesquisa (UEPE) Diogo Alves de Mello, localizado em Viçosa-MG. Sementes de cada uma das 20 linhagens foram plantadas em parcelas de dois metros de comprimento, montado de forma a se ter um esquema de linhas paralelas, onde as linhagens a serem cruzadas ficaram lado a lado. Após a maturação fisiológica, todas as plantas das duas linhas foram colhidas em *bulk*, desprezando-se o efeito de recíproco. Essas sementes foram colocadas em sacos de papel e armazenadas em câmara fria e seca para posterior avaliação das combinações híbridas.

4.2 Execução experimental

Na safra 2018/2019, as 190 combinações híbridas e seis híbridos comerciais (30F53VYH, BG7049YH, BM207, BM709PRO2, DKB230PRO3 e DKB390PRO3) usados como testemunhas foram avaliados em cinco diferentes ambientes da Zona da Mata de Minas Gerais: dois na UEPE Coimbra (20°50'30"S, 42°48'30"W, altitude de 713 m), pertencente ao Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa, situada em Coimbra – MG, um em condição de baixo N e outro em alto N; UEPE Horta Nova (20°45'40"S, 42°49'26,7"W, altitude de 661 m), pertencente ao Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa, situada em Viçosa – MG; UEPE Clibas Vieira (20°44'40"S, 42°50'28"W, altitude de 663 m), pertencente ao Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa, situada em Viçosa – MG; e Sítio do Tanque (21°31'37,5"S, 42°47'47,8"W, altitude de 224 m), pertencente ao produtor rural Enismar Evangelista de Rezende, situado em Piacatuba, Leopoldina – MG. Com o intuito de facilitar a apresentação e discussão dos resultados, foi adotada a seguinte denominação aos ambientes: i) Leopoldina: Sítio do Tanque – Piacatuba, ambiente caracterizado por um nível adequado de N, baixa altitude (terras baixas), elevadas temperaturas e baixa disponibilidade hídrica; ii) Coimbra 1: Estação Experimental de Coimbra, ambiente caracterizado por baixo nível de N; iii) Coimbra 2: Estação Experimental de Coimbra, ambiente caracterizado por um nível adequado de N; iv) Viçosa 1: Estação Experimental da Horta Nova, ambiente caracterizado por um nível adequado de N; v) Viçosa 2: Estação

Experimental Clibas Vieira, ambiente caracterizado por um nível adequado de N e seca durante a fase vegetativa dos experimentos.

Os experimentos foram realizados em delineamento de látice quadrado 14x14 com duas repetições. Cada parcela foi constituída de uma linha de quatro metros de comprimento, espaçadas entre elas em 0,80 m, com área útil de 3,2 m². A semeadura foi realizada na segunda quinzena de novembro de 2018. Aproximadamente 25 dias após o plantio, realizou-se desbaste nas parcelas a fim de obter uma população de aproximadamente 62,5 mil plantas ha⁻¹.

A adubação utilizada no ambiente de baixo N foi de 196 kg ha⁻¹ de MAP (mono-amônio-fosfato, que contém 50% de P₂O₅ e 10% de N), no sulco de plantio. A adubação de cobertura foi realizada com 100 kg ha⁻¹ de KCl (cloreto de potássio, que contém 60% de K₂O), ao lado do sulco de plantio 25 dias após o plantio, sem complementação de adubação nitrogenada. Nos demais ambientes realizou-se uma aplicação de 400 kg ha⁻¹ de formulado N-P-K, 8-28-16 no plantio, e uma adubação nitrogenada de cobertura de 550 kg ha⁻¹ de sulfato de amônio, em estágio V6, aproximadamente 30 dias após plantio. Os demais tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do milho na região (GALVÃO et al., 2015).

4.3 Caracteres avaliados

Os caracteres agronômicos e de arquitetura de planta avaliados nos experimentos foram: altura de planta (AP, cm) e altura de espiga (AE, cm), que é a distância do nível do solo até a inserção da folha bandeira e do nível do solo até a inserção da espiga superior, respectivamente; dias até o florescimento masculino (FM, dias) e florescimento feminino (FF, dias), mensurado quando 50% das plantas da parcela apresentassem pelo menos 2/3 do pendão com as anteras abertas e apresentassem estilo-estigma visíveis, respectivamente; produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹), colheita manual de todas as espigas da parcela separadamente, debulhadas em debulhador elétrico e os grãos pesados e determinada a umidade. Os dados de produção por parcela foram extrapolados para um hectare e expressos em quilograma por hectare com umidade corrigida para 14,5%.

4.4 Análises genético-estatísticas

Após a obtenção e tabulação dos dados fenotípicos realizou-se análises de variância e dialélica para cada ambiente para avaliar a existência de variabilidade genotípica entre os híbridos de milho. As análises individuais para o delineamento em látice quadrado foram realizadas segundo o modelo estatístico: $Y_{ijk} = \mu + g_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ijk}$, em que: y_{ijk} é o valor observado obtido do i -ésimo genótipo avaliado no k -ésimo bloco, dentro da j -ésima repetição; μ é uma constante inerente a todas as observações, sendo a média geral ajustada para dado local; g_i é o efeito do i -ésimo híbrido ($i = 1, 2, \dots, 190$); r_j é o efeito da j -ésima repetição ($j = 1, 2$); $b_{k(j)}$ é o efeito do k -ésimo bloco dentro da j -ésima repetição ($k = 1, 2, \dots, 14$; $j = 1, 2$); e e_{ijk} é o erro aleatório associado à observação y_{ijk} . Em seguida, procedeu-se uma análise de variância conjunta para os cinco ambientes, seguindo o seguinte modelo estatístico: $Y_{ijkl} = \mu + g_i + a_l + ga_{il} + r_{j(l)} + b_{k(jl)} + e_{ijkl}$, em que: y_{ijkl} é o valor observado obtido do i -ésimo genótipo avaliado no l -ésimo ambiente, no k -ésimo bloco, dentro da j -ésima repetição; μ é uma constante inerente a todas as observações; g_i é o efeito do i -ésimo híbrido ($i = 1, 2, \dots, 190$); a_l é o efeito do l -ésimo ambiente ($l = 1, 2, \dots, 5$); $r_{j(l)}$ é o efeito da j -ésima repetição dentro do l -ésimo ambiente; ga_{il} é o efeito da interação do i -ésimo genótipo com o l -ésimo ambiente; $b_{k(jl)}$ é o efeito do k -ésimo bloco dentro da j -ésima repetição no l -ésimo ambiente; e e_{ijkl} é o erro aleatório associado à observação y_{ijkl} .

Para a análise dialélica foi utilizada a metodologia proposta por Griffing (1956), método 4. Os efeitos das combinações híbridas foram considerados aleatórios, visto que representa uma amostra do painel de linhagens do programa de melhoramento de milho da Universidade Federal de Viçosa. As testemunhas e os ambientes foram considerados como fixos. As análises foram realizadas no software R e o pacote “ASReml – R” (BUTLER et al., 2018), via modelos mistos segundo o modelo estatístico para a análise individual de cada ambiente: $Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + \bar{e}_{ij}$, em que: Y_{ij} : valor médio do híbrido ij ($i, j = 1, 2, \dots, p$, $i < j$); m : média; g_i, g_j : efeitos da capacidade geral de combinação do i -ésimo ou j -ésimo genitor respectivamente; s_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os genitores de ordem i e j ; $\bar{e}_{ij}$: erro experimental médio. No método 4, considera-se $s_{ij} = s_{ji}$. Para análise conjunta dos cinco ambientes, o modelo estatístico utilizado foi: $Y_{ij} = m + l_k + g_i + g_j + s_{ij} + (lg)_{ik} + (lg)_{jk} + (ls)_{ijk} +$

$\bar{e}_{ijk}$, em que: Y_{ij} : valor médio do híbrido ij ($i, j = 1, 2, \dots, p, i < j$); m : constante; l_k : efeito do ambiente k ; g_i, g_j : efeitos da capacidade geral de combinação do i -ésimo ou j -ésimo genitor respectivamente; s_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os genitores de ordem i e j ; $(lg)_{ik}, (lg)_{jk}$: efeitos da interação entre a capacidade geral de combinação dos pais de ordem i e j respectivamente, com os ambientes k ; $(ls)_{ijk}$: efeito da interação entre a capacidade específica de combinação entre os pais i e j e o ambiente k ; $\bar{e}_{ij}$: erro experimental médio.

Os efeitos de CGC para cada genitor foi estimado de acordo com o seguinte estimador: $\hat{g}_i = \frac{1}{(p-2)} [Y_i - (p-1)\hat{m}]$, em que: $\hat{g}_i$: estimativa da CGC do genitor i ; p : número de genitores do conjunto; $Y_i = \sum_j Y_{ij}$, somatório em j dos valores médios dos híbridos quando ($i \neq j$); $\hat{m}$: estimativa da média geral. Os efeitos de capacidade específica de combinação (CEC) entre os genitores foram estimados conforme a fórmula: $\hat{s}_{ij} = Y_{ij} - (\hat{m} + \hat{g}_i + \hat{g}_j)$, em que: $\hat{s}_{ij}$: estimativa do efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os genitores de ordem i e j ; Y_{ij} : valor médio do híbrido ij ($i, j = 1, 2, \dots, p, i < j$); $\hat{m}$: estimativa da média geral; $\hat{g}_i, \hat{g}_j$: efeitos da capacidade geral de combinação do i -ésimo ou j -ésimo genitor respectivamente.

Para se verificar a predominância dos efeitos gênicos sobre o controle do caráter, onde tem-se ambos efeitos de CGC e CEC significativos, baseia-se na relação proposta por Baker (1978). De acordo com o autor, a variância entre os híbridos simples é dada por $\sigma_{HS}^2 = 2\sigma_{CGC}^2 + \sigma_{CEC}^2$, e a proporção devida à CGC é obtida por $\hat{\sigma}_{CGC}^2 / \hat{\sigma}_{CEC}^2 = 2\sigma_{CGC}^2 / (2\sigma_{CGC}^2 + \sigma_{CEC}^2)$, que indica a previsibilidade do desempenho dos híbridos com base apenas nos efeitos da CGC. Portanto, se essa proporção for próxima de um, isso sugere que o desempenho dos híbridos pode ser previsto com precisão com base na média dos efeitos da CGC dos pais. Essa razão pode indicar qual metodologia focar os esforços com relação ao controle genético de cada caráter.

O coeficiente de variação experimental ($CV_{e\%}$) foi estimado de acordo com a equação: $CV_{e\%} = \sqrt{\hat{\sigma}_e^2 / \mu} * 100$, onde $\hat{\sigma}_e^2$ é a variância residual e μ a média geral do caráter. A variância aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) foi obtida pela seguinte equação: $\hat{\sigma}_A^2 = 4 * \hat{\sigma}_{CGC}^2$, sendo $\hat{\sigma}_{CGC}^2$ o componente de variância genético relacionado à capacidade geral de combinação. Da mesma forma, a variância devida aos desvios de dominância ($\hat{\sigma}_D^2$) foi obtida de acordo com a equação: $\hat{\sigma}_D^2 = 4 * \hat{\sigma}_{CEC}^2$, onde $\hat{\sigma}_{CEC}^2$ é o componente de variância genético

relacionado à capacidade específica de combinação. As estimativas de herdabilidade no sentido restrito e amplo, respectivamente, foram calculadas pelas seguintes expressões: $h^2 = \hat{\sigma}_A^2 / (\hat{\sigma}_A^2 + \hat{\sigma}_D^2 + \hat{\sigma}_e^2)$ e $H^2 = (\hat{\sigma}_A^2 + \hat{\sigma}_D^2) / (\hat{\sigma}_A^2 + \hat{\sigma}_D^2 + \hat{\sigma}_e^2)$, em que h^2 é a estimativa de herdabilidade no sentido restrito, $\hat{\sigma}_A^2$, $\hat{\sigma}_D^2$ e $\hat{\sigma}_e^2$, são as estimativas da variância aditiva, devido aos desvios de dominância, residual, respectivamente.

Além da análise dos dados fenotípicos, foi realizada uma análise de diversidade genética das linhagens de milho com base em dados de marcadores moleculares. As 20 linhagens de milho foram genotipadas com 3.713 SNP's que se encontram distribuídos nos dez cromossomos do milho (FAN et al., 2003). Desses 3.713 SNP's, 3.330 continham informações e posição no cromossomo. Posteriormente, foi realizado o controle de qualidade e os SNP's foram filtrados, e restaram um subconjunto filtrado de 3.083 SNP's que foram selecionados para análise de caracterização genética. Primeiramente, a distância genética entre as linhagens foi estimada pela distância de Roger modificada por Wright (1978). A partir das distâncias genéticas, foi elaborado um dendrograma utilizando a análise de agrupamento (cluster) UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average*), e a determinação do número de grupos foi realizada de forma subjetiva. A análise de diversidade genética entre as 20 linhagens foi realizada com o auxílio do software R, através do pacote “ade4genet” (JOMBART et al., 2018). A consistência do agrupamento foi avaliada pelo coeficiente de correlação cofenética (SOKAL et al., 1962).

Foi realizado também a alocação das linhagens nos grupos heteróticos baseando-se nas estimativas das capacidades específicas de combinação (CEC) para produtividade de grãos (PG). As estimativas de CEC foram consideradas como medidas de distância entre as linhagens, sendo que cruzamentos com efeitos de CEC positivos indicam que as linhagens pertencem a grupos heteróticos opostos e cruzamentos com efeitos de CEC negativos indicam que pertencem ao mesmo grupo heterótico. A partir da matriz das estimativas das capacidades específicas de combinação foi construído o dendrograma pelo método UPGMA. Como existem estimativas negativas das capacidades específicas de combinação, na realização das análises de agrupamento foi necessário adicionar uma constante a elas. Essa constante apenas transformou os valores negativos em positivos, mas sem alterar a posição dessas estimativas.

A seleção das linhagens com maior frequência de alelos favoráveis (alta CGC) ao longo dos ambientes foi realizada com emprego do índice baseado na distância genótipo-ideótipo (CRUZ, 2006). Foi adotado um valor ideal para cada ambiente, tomando por

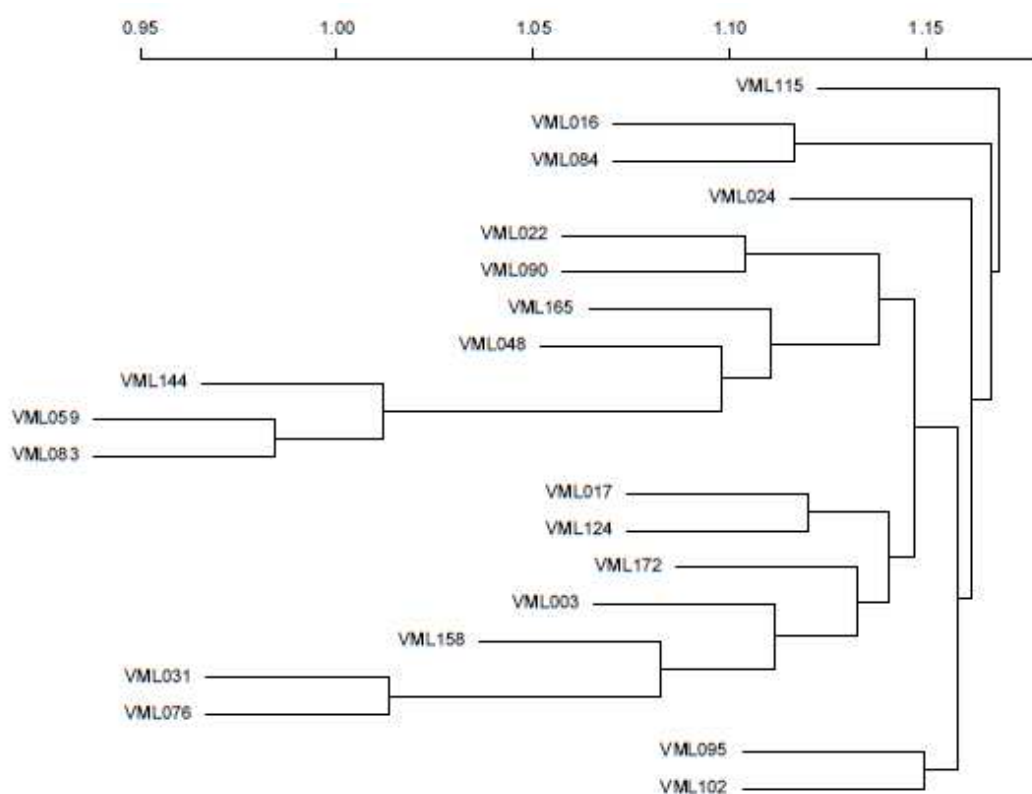
base apenas PG, criando desse modo, um genótipo ideal (ideótipo). Nesse índice, utilizou-se as estimativas de CGC para o cálculo das dissimilaridades. As distâncias foram calculadas segundo a seguinte fórmula: $d_{jI} = \sqrt{\sum_{i=1}^{20} (x_{ij} - x_{Ii})^2}$, em que: d_{jI} é a distância euclidiana entre o genótipo j e o ideótipo I ($j = 1, \dots, 20$); x_{ij} estimativa da CGC do genótipo j no ambiente i; e x_{Ii} estimativa da maior CGC do genótipo no ambiente i, considerado como ideótipo. As linhagens que apresentaram as menores distâncias com relação ao ideótipo foram selecionadas. Essas linhagens serão inter cruzadas para formação de uma população base de melhoramento.

5 Resultados

5.1 Diversidade genética

Para a análise de agrupamento das linhagens foram utilizados os dados de diversidade genética obtidos por marcadores moleculares (*single nucleotide polymorphism*, SNP's). Com base na matriz de distância genética obtida, detectaram-se maiores distâncias genéticas entre as linhagens VML031 e VML083 (1,214), e VML115 e VML124 (1,213) e as menores distâncias entre as linhagens VML059 e VML083 (0,984), e VML059 e VML144 (0,994), com distância média entre as linhagens de 1,091 (Anexo 1). A partir da análise de agrupamento pelo método UPGMA foi possível a construção de um dendrograma, em que se pode observar, através do método de Mojena (1977), a formação de três grupos (Figura 1). No grupo 1, foram alocadas 17 linhagens; no grupo 2 foram alocadas as linhagens tropicais VML016 (DKB435) e VML084 (30F87); e o grupo 3 foi composto pela linhagem VML115 (Al30). O coeficiente de correlação cofenética foi de 0,62.

Figura 1. Análise de agrupamento pelo método UPGMA de 20 linhagens de milho, com base na matriz de distância genética obtida a partir de dados moleculares



5.2 Amplitude e média de valores genotípicos

O coeficiente de variação experimental (CV%) aponta uma medida da precisão que os caracteres foram avaliados. Entre os caracteres de ciclo e arquitetura de planta, caracteres menos influenciados pelo meio, foi observado uma variação de 1,84% (FM, em Coimbra 2) a 10,68% (AE, em Viçosa 2; Tabela 2). Por outro lado, PG é um caráter muito influenciado pelo ambiente e o CV% variou de 13,82% (Leopoldina) a 32,21% (Coimbra 1). Em se tratando dos caracteres FM e FF, pode-se observar que as menores médias foram obtidas em Leopoldina, ambiente caracterizado pelo excesso de temperatura e déficit hídrico. Para esses mesmos caracteres, foi observado uma maior variação nos valores genotípicos estimados (8,5 e 7,1 dias para FM e FF, respectivamente) para Coimbra 1, sob estresse de N. Para AP e AE, as menores médias encontradas foram em Viçosa 2, devido ao forte estresse hídrico durante a fase vegetativa da cultura. Outro ponto a ser observado é que em todos os cinco ambientes avaliados, a média obtida pelos híbridos experimentais foi menor que das testemunhas para os caracteres de ciclo e arquitetura de planta.

Tabela 2. Estimativas de média geral ($\bar{X}_G$), média das testemunhas ($\bar{X}_T$), média dos híbridos experimentais ($\bar{X}_E$), coeficientes de variação experimental ($CV_{e\%}$), mínimo e máximo para os caracteres dias para o florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm) e espiga (AE, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹) avaliados em 190 combinações híbridas e seis testemunhas, em cada um dos cinco ambientes

Parâmetros	FM	FF	AP	AE	PG
Leopoldina					
$\bar{X}_G$	57,56	60,09	214,49	124,16	7.638,95
$\bar{X}_T$	59,31	59,94	220,84	130,41	9.544,65
$\bar{X}_E$	57,51	60,09	214,29	123,96	7.578,77
$CV_{e\%}$	2,19	3,39	5,51	6,03	13,82
Mín	55,06	57,75	187,48	105,61	5.823,46
Máx	60,36	63,13	250,25	145,73	10.490,67
Coimbra 1					
$\bar{X}_G$	66,83	69,92	209,42	107,39	5.201,81
$\bar{X}_T$	68,73	71,23	211,84	111,40	5.586,17
$\bar{X}_E$	66,74	69,86	209,30	107,20	5.183,31
$CV_{e\%}$	1,98	3,98	6,06	8,89	32,21
Mín	62,93	66,67	176,12	91,77	3.719,32
Máx	71,40	73,76	234,60	130,85	9.277,50
Coimbra 2					
$\bar{X}_G$	65,57	67,11	224,89	125,39	8.392,66
$\bar{X}_T$	65,78	67,29	227,46	130,78	9.730,85
$\bar{X}_E$	65,56	67,11	224,81	125,22	8.350,40
$CV_{e\%}$	1,84	2,73	5,40	8,27	16,26
Mín	62,97	63,89	205,36	113,22	5.895,55
Máx	68,11	70,08	239,02	136,29	10.754,50
Viçosa 1					
$\bar{X}_G$	65,50	64,47	229,67	144,24	7.711,47
$\bar{X}_T$	67,13	66,16	237,67	148,52	8.783,38
$\bar{X}_E$	65,39	64,36	229,15	143,96	7.641,56
$CV_{e\%}$	4,46	3,69	6,52	7,68	18,63
Mín	61,98	57,65	214,74	135,53	3.982,57
Máx	65,95	67,74	251,08	155,01	9.532,46
Viçosa 2					
$\bar{X}_G$	63,78	64,67	176,47	84,04	5.924,37
$\bar{X}_T$	65,13	65,58	180,44	88,09	6.844,59
$\bar{X}_E$	63,71	64,62	176,26	83,82	5.874,90
$CV_{e\%}$	3,08	3,27	5,96	10,68	23,56
Mín	61,06	62,32	153,49	70,14	4.177,31
Máx	66,61	66,97	205,54	98,18	7.397,05

A produtividade de grãos é o principal caráter avaliado dentro dos programas de melhoramento de milho. Dentre os híbridos experimentais, a menor média foi obtida em Coimbra 1, com 5.183 kg ha^{-1} , e a maior média foi observada em Coimbra 2, de 8.350 kg ha^{-1} (Tabela 2). A maior variação de produtividade observada foi em Coimbra 1, onde também foi obtido o menor média observado nos experimentos. Pode-se notar que a menor variação de PG foi obtida em Viçosa 2, o que mostra que o estresse pode ter influenciado negativamente todos os tratamentos, mas de forma igualitária. Em Leopoldina e Viçosa 1, as médias ficaram em torno de 7.700 kg ha^{-1} , e Viçosa 2 com uma média mais baixa, de 5.924 kg ha^{-1} .

5.3 Estimativas de componentes de variância e herdabilidade

Após se realizar uma análise conjunta entre os cinco ambientes, foi possível observar que houve efeito significativo ($P < 0,05$) para interação CGC com os ambientes para todos os caracteres avaliados (Tabela 3). Entretanto, houve interação CEC com os ambientes apenas para PG. Houve efeito significativo de CGC e CEC para todos os caracteres avaliados à 5% de probabilidade pelo teste de verossimilhança. A razão entre a estimativa do componente de variância do efeito de CGC sobre a estimativa do componente de variância do efeito de CEC foi acima de 0,75 para todos caracteres. A estimativa da variância aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) foi superior à estimativa da variância de dominância ($\hat{\sigma}_D^2$), para todos os caracteres avaliados. A estimativa da herdabilidade no sentido restrito ($\hat{h}^2$) variou de 0,29 (PG) a 0,57 (AP), e a estimativa da herdabilidade no sentido amplo ($\hat{H}^2$) variou de 0,50 (FF e PG) a 0,74 (AP).

Tabela 3. Estimativas dos componentes de variância genéticos relacionados à capacidade geral de combinação ($\hat{\sigma}_{CGC}^2$), capacidade específica de combinação ($\hat{\sigma}_{CEC}^2$), variância de bloco ($\hat{\sigma}_b^2$), variância da interação CGC x ambientes ($\hat{\sigma}_{CGC \times Amb}^2$), variância da interação CGC x ambientes ($\hat{\sigma}_{CEC \times Amb}^2$), variância residual ($\hat{\sigma}_e^2$), proporção relativa do efeito da capacidade geral de combinação ($\hat{\sigma}_{CGC}^2/\hat{\sigma}_{CEC}^2$), variância aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância devida aos desvios de dominância ($\hat{\sigma}_D^2$), herdabilidade no sentido restrito ($\hat{h}^2$) e amplo ($\hat{H}^2$) para os caracteres dias para o florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm) e espiga (AE, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹) avaliados em 190 combinações híbridas e seis testemunhas, com base na média dos cinco ambientes (análise conjunta)

Parâmetros	FM	FF	AP	AE	PG
$\hat{\sigma}_{CGC}^2$	0,57*	0,79*	56,08*	19,40*	223.012,70*
$\hat{\sigma}_{CEC}^2$	0,28*	0,39*	16,83*	8,31*	152.275,50*
$\hat{\sigma}_b^2$	0,11*	0,00*	0,96*	0,93*	287.773,80*
$\hat{\sigma}_{CGC \times Amb}^2$	0,14*	0,23*	8,09*	3,49*	112.651,60*
$\hat{\sigma}_{CEC \times Amb}^2$	0,25 ^{ns}	0,48 ^{ns}	56,43 ^{ns}	27,23 ^{ns}	487.064,00*
$\hat{\sigma}_e^2$	3,22	4,69	102,34	65,92	1.528.310,4
$\hat{\sigma}_{CGC}^2/\hat{\sigma}_{CEC}^2$	0,80	0,80	0,87	0,82	0,75
$\hat{\sigma}_A^2$	2,26	3,17	224,31	77,60	892.050,80
$\hat{\sigma}_D^2$	1,11	1,56	67,31	33,24	609.102,00
$\hat{h}^2$	0,34	0,34	0,57	0,44	0,29
$\hat{H}^2$	0,51	0,50	0,74	0,63	0,50

^{/ns} – não significativo; * - significativo à 5% pelo teste da razão de verossimilhança.

Devido à presença de interação genótipos x ambientes para os efeitos de CGC (todos os caracteres) e CEC (PG), foi realizado uma análise dialélica por ambiente. Assim, todos caracteres avaliados foram significativos para CGC à 5% de significância pelo teste de verossimilhança, exceto para PG em Viçosa 2 (Tabela 4 e 5). Em relação ao efeito de CEC, todos caracteres foram significativos à 5% de significância pelo teste de verossimilhança em Coimbra 1. Em contrapartida, em Viçosa 2, não houve efeito de CEC para nenhum caráter, enquanto em Leopoldina, não houve efeito de CEC apenas para FF, assim como em Coimbra 2, onde não houve efeito de CEC exclusivamente para AE. Já em Viçosa 1, houve efeito de CEC somente para produtividade de grãos.

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo ($\hat{H}^2$) variaram de 0,13 (FM em Viçosa 2) à 0,83 (AP em Leopoldina), enquanto a herdabilidade no sentido restrito ($\hat{h}^2$)

sofreu uma variação de 0,08 (FM em Viçosa 1) à 0,65 (AP em Viçosa 1). As menores estimativas de $\hat{H}^2$ e $\hat{h}^2$ para os caracteres de ciclo foram obtidas em Viçosa 1 e Viçosa 2, e as maiores estimativas foram observadas em Coimbra 1 (Tabela 4 e 5). Para os caracteres de arquitetura de planta, foi possível observar que as menores estimativas se deram em Viçosa 2, entretanto, as maiores estimativas foram obtidas em Leopoldina. De forma geral, PG, por ser um caráter quantitativo, apresentou menores estimativas de herdabilidade, podendo ressaltar que se obteve a maior estimativa em Leopoldina (0,49 e 0,79 para $\hat{H}^2$ e $\hat{h}^2$, respectivamente). As estimativas de herdabilidade em Viçosa 2 foram menores (0,16 para ambas herdabilidades), provavelmente devido à maior variância residual associada a esse ambiente.

A relação entre a estimativa do componente de variância do efeito de CGC e a estimativa do componente de variância do efeito de CEC ($\hat{\sigma}_{CGC}^2/\hat{\sigma}_{CEC}^2$) auxilia na interpretação do controle genético dos caracteres. Pode-se notar que para FM, FF, AP e AE, a $\hat{\sigma}_{CGC}^2/\hat{\sigma}_{CEC}^2$ foi próxima a um para quase todos ambientes, exceto para AE em Coimbra 2 (Tabela 4 e 5). Já para o caráter PG, a $\hat{\sigma}_{CGC}^2/\hat{\sigma}_{CEC}^2$ foi mais baixa, próxima de 0,5, em Coimbra 1, Coimbra 2 e Viçosa 1. As estimativas da variância aditiva foram maiores que as estimativas da variância de dominância para quase todos os caracteres nos cinco ambientes, exceto para FM e FF em Viçosa 1, e para PG nos ambientes de Coimbra 1, Coimbra 2 e Viçosa 1.

Tabela 4. Estimativas dos componentes de variância genéticos relacionados à capacidade geral de combinação ($\hat{\sigma}_{CGC}^2$), capacidade específica de combinação ($\hat{\sigma}_{CEC}^2$), variância de bloco ($\hat{\sigma}_b^2$), residual ($\hat{\sigma}_e^2$), proporção relativa do efeito da capacidade geral de combinação ($\hat{\sigma}_{CGC}^2/\hat{\sigma}_{CEC}^2$), variância aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância devida aos desvios de dominância ($\hat{\sigma}_D^2$), herdabilidade no sentido restrito ($\hat{h}^2$) e amplo ($\hat{H}^2$) para todos os caracteres avaliados em Leopoldina, Coimbra 1 e Coimbra 2

Leopoldina					
Parâmetros	FM	FF	AP	AE	PG
$\hat{\sigma}_{CGC}^2$	0,68*	1,01*	100,54*	32,78*	483.224,90*
$\hat{\sigma}_{CEC}^2$	0,34*	0,37 ^{ns}	35,80*	15,60*	384.877,00*
$\hat{\sigma}_b^2$	0,06 ^{ns}	0,56*	28,83*	7,16*	157.378,10*
$\hat{\sigma}_e^2$	1,51	3,64	107,80	49,24	947.609,90
$\hat{\sigma}_{CGC}^2/\hat{\sigma}_{CEC}^2$	0,80	0,85	0,85	0,81	0,72
$\hat{\sigma}_A^2$	2,74	4,05	402,18	131,12	1.932.899,60
$\hat{\sigma}_D^2$	1,34	1,46	143,22	62,39	1.539.508,00
$\hat{h}^2$	0,49	0,44	0,62	0,54	0,44
$\hat{H}^2$	0,73	0,60	0,83	0,80	0,79
Coimbra 1					
Parâmetros	FM	FF	AP	AE	PG
$\hat{\sigma}_{CGC}^2$	1,07*	1,84*	54,85*	25,10*	297.387,00*
$\hat{\sigma}_{CEC}^2$	0,40*	0,17*	15,14*	17,58*	490.255,50*
$\hat{\sigma}_b^2$	0,14*	0,45 ^{ns}	73,44 ^{ns}	46,84*	325.804,50*
$\hat{\sigma}_e^2$	1,63	7,45	93,88	46,91	2.512.344,80
$\hat{\sigma}_{CGC}^2/\hat{\sigma}_{CEC}^2$	0,84	0,96	0,88	0,74	0,55
$\hat{\sigma}_A^2$	4,29	7,34	219,38	100,38	1.189.548,00
$\hat{\sigma}_D^2$	1,60	0,69	60,55	70,33	1.961.022,00
$\hat{h}^2$	0,57	0,47	0,59	0,46	0,21
$\hat{H}^2$	0,78	0,52	0,75	0,78	0,56
Coimbra 2					
Parâmetros	FM	FF	AP	AE	PG
$\hat{\sigma}_{CGC}^2$	0,55*	0,69*	31,12*	17,47*	356.577,00*
$\hat{\sigma}_{CEC}^2$	0,27*	0,66*	21,47*	4,67 ^{ns}	600.526,20*
$\hat{\sigma}_b^2$	0,17*	0,63*	50,26*	8,57*	683.915,30*
$\hat{\sigma}_e^2$	1,32	2,77	96,13	99,58	1.227.163,70
$\hat{\sigma}_{CGC}^2/\hat{\sigma}_{CEC}^2$	0,80	0,67	0,74	0,88	0,54
$\hat{\sigma}_A^2$	2,19	2,75	124,49	69,88	1.426.308,00
$\hat{\sigma}_D^2$	1,07	2,65	85,90	18,68	2.402.104,80
$\hat{h}^2$	0,48	0,34	0,41	0,37	0,28
$\hat{H}^2$	0,71	0,66	0,69	0,47	0,76

^{/ns} – não significativo; * - significativo à 5% pelo teste da razão de verossimilhança.

Tabela 5. Estimativas dos componentes de variância genéticos relacionados à capacidade geral de combinação ($\hat{\sigma}_{CGC}^2$), capacidade específica de combinação ($\hat{\sigma}_{CEC}^2$), variância de bloco ($\hat{\sigma}_b^2$), residual ($\hat{\sigma}_e^2$), proporção relativa do efeito da capacidade geral de combinação ($\hat{\sigma}_{CGC}^2/\hat{\sigma}_{CEC}^2$), variância aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância devida aos desvios de dominância ($\hat{\sigma}_D^2$), herdabilidade no sentido restrito ($\hat{h}^2$) e amplo ($\hat{H}^2$) para todos os caracteres avaliados em Viçosa 1 e Viçosa 2

Viçosa 1					
Parâmetros	FM	FF	AP	AE	PG
$\hat{\sigma}_{CGC}^2$	0,24*	0,69*	62,81*	15,07*	300.391,50*
$\hat{\sigma}_{CEC}^2$	0,73 ^{ns}	0,72 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,00 ^{ns}	325.768,70*
$\hat{\sigma}_b^2$	0,52*	0,32*	96,11*	57,08*	1.122.646,50*
$\hat{\sigma}_e^2$	8,05	5,47	133,06	72,70	1.128.247,30
$\hat{\sigma}_{CGC}^2/\hat{\sigma}_{CEC}^2$	0,40	0,66	1,00	1,00	0,65
$\hat{\sigma}_A^2$	0,97	2,78	251,22	60,29	1.201.566,00
$\hat{\sigma}_D^2$	2,92	2,88	0,00	0,00	1.303.074,80
$\hat{h}^2$	0,08	0,25	0,65	0,45	0,33
$\hat{H}^2$	0,33	0,51	0,65	0,45	0,69
Viçosa 2					
Parâmetros	FM	FF	AP	AE	PG
$\hat{\sigma}_{CGC}^2$	0,55*	0,78*	56,14*	18,86*	230.797,70 ^{ns}
$\hat{\sigma}_{CEC}^2$	0,00 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,00 ^{ns}	1,24 ^{ns}
$\hat{\sigma}_b^2$	0,00 ^{ns}	0,00 ^{ns}	5,73 ^{ns}	0,00 ^{ns}	24.070,41 ^{ns}
$\hat{\sigma}_e^2$	14,51	16,94	501,58	481,50	4.728.193,00
$\hat{\sigma}_{CGC}^2/\hat{\sigma}_{CEC}^2$	1,00	1,00	1,00	1,00	1,00
$\hat{\sigma}_A^2$	2,20	3,12	224,57	75,45	923.190,80
$\hat{\sigma}_D^2$	0,00	0,00	0,00	0,00	4,97
$\hat{h}^2$	0,13	0,16	0,31	0,14	0,16
$\hat{H}^2$	0,13	0,16	0,31	0,14	0,16

^{/ns} – não significativo; * - significativo à 5% pelo teste da razão de verossimilhança.

Como houve efeito para interação CGC x ambientes, primeiramente, selecionou-se as linhagens com efeitos de CGC positivos para PG e, depois, empregou-se um índice de seleção para identificar as linhagens mais promissoras ao longo dos cinco ambientes. Em ambas as estratégias, o principal objetivo é selecionar linhagens de milho para formação de população base de melhoramento. Em Leopoldina, as linhagens VML084, VML124, VML165, VML083, VML090, VML022, VML144 e VML115 apresentaram estimativas de CGC positivas (Tabela 6). Em Coimbra 1, as linhagens VML024, VML124, VML090, VML022, VML016, VML165, VML083 e VML165 foram as que

se destacaram por apresentarem estimativas de CGC positivas. Para Coimbra 2, nove linhagens apresentaram as estimativas de CGC positivas, sendo elas VML090, VML124, VML083, VML016, VML022, VML144, VML165, VML084 e VML024. Ao analisar Viçosa 1, verificamos a superioridade de dez linhagens com estimativas de CGC positiva, sendo elas VML165, VML083, VML016, VML022, VML124, VML090, VML102, VML076, VML144 e VML017. Evidencia-se um comportamento constante das linhagens ao longo dos ambientes. Pode-se notar que as linhagens VML016, VML022, VML083, VML090, VML124, VML144 e VML165 obtiveram CGC positiva para maioria dos ambientes, demonstrando que a seleção de linhagens para formação de população base pode ser realizada com base na média desses locais. O índice baseado na distância genótipo – ideótipo levou em consideração as estimativas de CGC das linhagens, para os ambientes cujo efeito foi significativo. Com base no índice, selecionou-se as 10 linhagens superiores, sendo elas VML124, VML090, VML083, VML165, VML022, VML016, VML144, VML084, VML024, VML048.

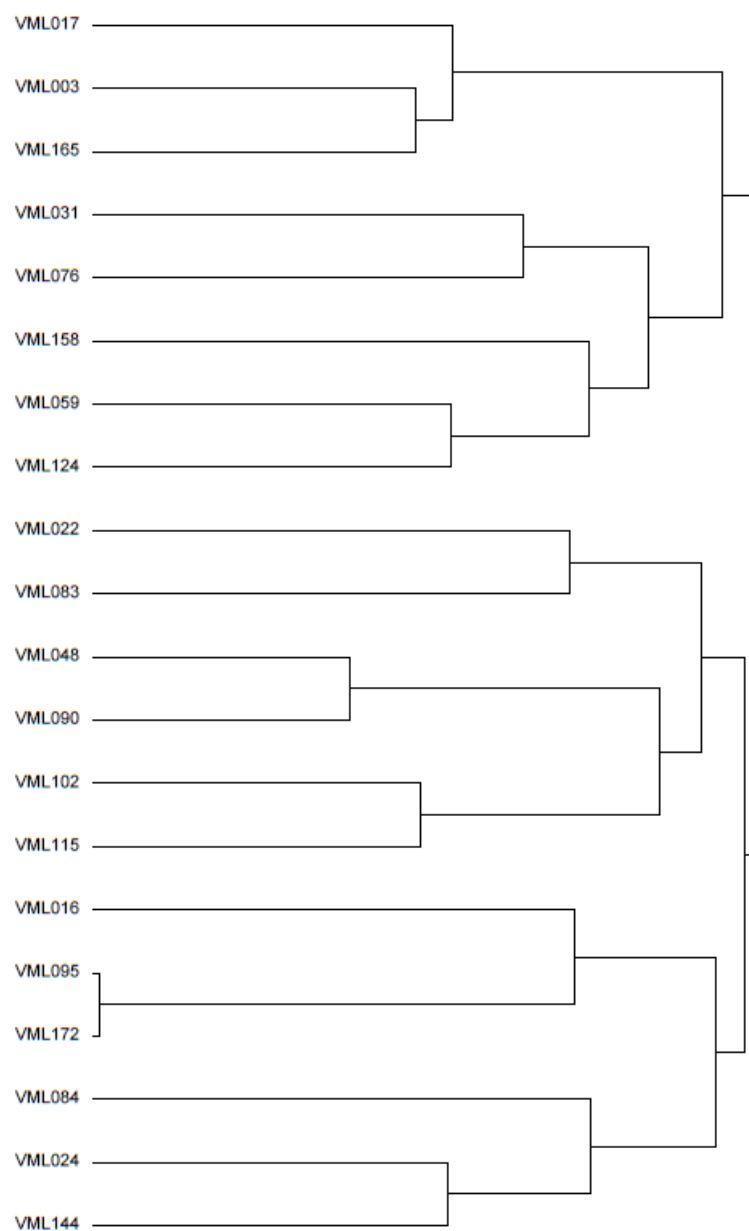
De posse das estimativas da capacidade específica de combinação (CEC), podemos verificar que os híbridos que obtiveram maiores CEC's em Leopoldina foram VML144xVML165 e VML017xVML022 (Anexo 3). Em se tratando do ambiente 2, os híbridos que apresentaram maiores estimativas de CEC foram VML022xVML115 e VML048xVML124. No ambiente 3, os híbridos que se destacaram foram VML083xVML165 e VML003xVML016. Para o ambiente 4, destacaram-se os híbridos VML003xVML016 e VML083xVML095. Com base na estimativa da CEC, via análise dialélica conjunta, foi realizado um dendrograma com o objetivo de alocar as linhagens em grupos heteróticos, e de forma subjetiva, foi adotado um ponto de corte no dendrograma (PC = 970; Figura 2). Através dessa análise, foram formados três grupos, sendo que no grupo 1 foram alocadas as linhagens VML017, VML003, VML165, VML031, VML076, VML158, VML059 e VML124. No grupo 2 as linhagens alocadas foram VML022, VML083, VML048, VML090, VML102 e VML115. E por fim, no grupo 3 foram alocadas as linhagens VML016, VML095, VML172, VML084, VML024 e VML144.

Tabela 6. Estimativas de capacidade geral de combinação (CGC) das 20 linhagens para o caráter produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹), em cada um dos quatro ambientes significativos

Linhagem	Leopoldina	Coimbra 1	Coimbra 2	Viçosa 1	Distância do ideótipo *
VML124	1.091,66	695,86	940,88	396,36	518,34
VML090	662,89	645,52	1.033,24 ⁺	301,86	832,25
VML083	746,18	140,77	780,52	744,79	850,41
VML165	920,16	312,55	244,49	875,22 ⁺	966,66
VML022	396,21	519,76	314,06	422,80	1.231,83
VML016	-14,89	514,08	597,04	725,47	1.373,40
VML144	263,42	-17,15	286,21	179,99	1.621,33
VML084	1.255,21 ⁺	-227,80	197,05	-295,01	1.744,71
VML024	-73,04	759,80 ⁺	74,83	-317,77	2.026,33
VML048	-223,72	-92,13	-125,44	-330,67	2.389,50
VML059	-445,75	-259,35	-63,92	-72,49	2.456,39
VML003	-307,03	-67,19	-360,00	-336,25	2.556,03
VML017	-646,31	-242,63	-131,39	47,41	2.581,14
VML076	-493,55	-469,96	-436,24	190,58	2.683,01
VML115	120,19	-329,32	-868,87	-315,62	2.740,54
VML172	-433,23	-210,05	-515,31	-409,23	2.799,87
VML102	-586,66	-934,56	-355,24	293,79	2.920,50
VML158	-804,72	83,94	-541,79	-297,62	2.925,13
VML031	-1.075,38	-43,23	-323,17	-908,36	3.331,30
VML095	-351,62	-778,92	-746,95	-895,25	3.354,58
Desvio	661,75	469,26	545,94	504,15	-

* quanto menor o valor, mais próximo é o genótipo do ideótipo; ⁺ genótipo considerado com ideal (ideótipo).

Figura 2. Análise de agrupamento pelo método UPGMA de 20 linhagens de milho, com base na estimativa da capacidade específica de combinação para produtividade de grãos.



6 Discussão

De acordo com os critérios de classificação de coeficiente de variação (CV%; FRITSCH NETO et al., 2012), os CV's obtidos nos experimentos conduzidos nos cinco ambientes, para a maioria dos caracteres, foram classificados como de médio a baixo, evidenciando a boa precisão experimental. Houve menor precisão experimental para o caráter PG no experimento conduzido em Coimbra 1, baixo nível de N (CV = 32,21%). No entanto, é importante ressaltar que valores elevados não são, necessariamente, considerados inadequados para ensaios em condições de estresse (BLUM, 1988).

As amplitudes das médias dos caracteres nos experimentos demonstram que existe uma grande variabilidade genotípica entre os híbridos experimentais. Pode-se notar que para PG, as médias dos ambientes caracterizados por algum estresse, como Coimbra 1 e Viçosa 2, foram menores do que as médias obtidas em Coimbra 2 e Viçosa 1, indicados como locais com condições edafoclimáticas superiores. Isso aconteceu, pois o N é o nutriente mais demandado pela planta de milho e o déficit de umidade e o excesso de temperatura afetam processos importantes para o crescimento e desenvolvimento da planta (SANTOS et al., 2013). Sunoj et al. (2016) obtiveram resultados que indicam um forte impacto negativo no acúmulo de biomassa do milho com a diminuição da amplitude da temperatura diurna, que é impulsionada principalmente pela temperatura noturna mais alta. Essa alta temperatura noturna é característica de regiões de baixa altitude, e a menor amplitude da temperatura diária aumenta a taxa de respiração noturna das folhas, o que resulta em menor conteúdo de carboidratos e no acúmulo geral de biomassa, que implicará num menor potencial produtivo. Essa redução das médias ocorre mais claramente com caracteres quantitativos, que são muito influenciados pelas mudanças no ambiente. Durães et al. (2001) relataram redução de 41% na produtividade de milho sob estresse hídrico no florescimento, corroborando nossos resultados. Luz (2019) obteve uma redução de aproximadamente 3.000 kg ha⁻¹ em avaliação com estresse de N comparado com ambiente de condições normais de adubação.

Nas estimativas de herdabilidade podemos verificar que os menores valores foram obtidos, na maioria dos ambientes, para o caráter PG. Esse caráter é muito influenciado pelo ambiente, o que indica que seu controle genético é dado por muitos genes de pequeno efeito. Vale ressaltar que nos ambientes de maior estresse, ambientes 2 e 5, observamos menores estimativas de herdabilidades para este caráter. Segundo Coque e Gallais (2006), em condições de estresse abiótico, há redução da variabilidade genética e,

consequentemente, da herdabilidade. Além disso, pode-se observar um aumento da variância residual nos ambientes com condições estressantes, o que também contribuir para a diminuição da herdabilidade.

A interação significativa entre CGC com os ambientes indica que os genitores obtiveram um comportamento relativo influenciado pelas modificações edafoclimáticas de cada ambiente. Esses resultados ressaltam a necessidade de testar as linhagens em cruzamentos, em ambientes contrastantes para identificar aquelas com desempenho estável e superior para o desenvolvimento de híbridos tolerantes às condições adversas do clima. O efeito significativo de interação de CEC com ambientes para produtividade demonstra que houve resposta diferenciada das combinações híbridas frente aos locais. Adewale et al. (2018) trabalharam com combinações híbridas provenientes de um cruzamento dialélico entre 12 linhagens, em condição de seca induzida no estágio inicial, e obtiveram interação CGC x Ambientes para PG e AE, e interação CEC x Ambientes para PG. Souza Neto (2019) e Solomon et al. (2012) obtiveram interação genótipos x ambientes significativa para alguns dos mesmos caracteres avaliados, ao trabalharem com combinações híbridas obtidas de cruzamentos dialélicos entre linhagens de milho superdoce.

Em relação às análises dialélicas individuais, a presença de efeito de CGC e CEC indica a presença tanto de efeitos aditivos como de efeitos não aditivos no controle da maior parte dos caracteres avaliados. Entretanto, em Viçosa 2, devido à variância residual elevada e variância genotípica baixa, não se verificou a presença de efeito de CGC e CEC. Esse fato deve-se ao estresse hídrico que ocorreu durante a fase inicial e no pré-pendoamento do milho, que causa efeitos prejudiciais ao milho (PENARIOL et al., 2010). As estimativas de variâncias aditivas e não aditivas mostram que, no caso das análises individuais, há uma alteração na predominância dos efeitos no controle genético dos caracteres.

As estimativas dos efeitos de CGC informam sobre a predominância dos efeitos genéticos aditivos, e a presença de alelos favoráveis que controlam o caráter (CRUZ et al., 2012). As estimativas de CEC estão relacionadas às medidas dos efeitos gênicos não aditivos e a divergência genética entre os genitores. Ela se manifesta em função dos efeitos de dominância e epistasia e das diferenças nas frequências alélicas dos genitores para os locos envolvidos no controle de determinado caráter (FALCONER et al., 1996; HALLAUER et al., 2010).

Pode-se notar, de forma geral frente aos resultados, uma predominância de efeitos aditivos no controle de caracteres de ciclo e arquitetura de planta, e de efeitos não aditivos, ou seja, devido aos desvios de dominância para o caráter PG. Embora tenha essa tendência, para alguns caracteres, houve uma alternância no controle genético, como é o caso de PG, que em Leopoldina os genes de efeito aditivo foram predominantemente responsáveis pelo controle genético, e nos demais ambientes, os genes de efeito não aditivos que foram os responsáveis. A predominância da ação gênica aditiva no controle da produtividade de grãos foi verificada por Pinto et al. (2001) e Scapim et al. (2002). Rodrigues (2019) encontrou resultados similares para o controle genético de caracteres agrônômicos avaliados em linhagens tropicais de milho, onde houve uma alternância entre os efeitos aditivos e não aditivos. Diante dos resultados, para os caracteres cujos efeitos não aditivos são mais importantes, é possível prever a possibilidade de obtenção de novas populações para melhoramento interpopulacional, a partir de cruzamentos obtidos com as linhagens utilizadas (OLIBONI et al., 2013). As estimativas de herdabilidades podem ser consideradas, em sua maioria, média a alta, o que facilita a atuação do melhorista com a seleção e melhoramento.

O milho, por ser cultivado em vários estados brasileiros e ser submetido a diversas condições edafoclimáticas de cultivo, pode-se dizer que a interação entre os genótipos e os ambientes é um fator dificultador ao melhoramento de plantas, uma vez que pode propiciar a inversão de recomendação dos híbridos entre as diferentes regiões de avaliação, o que de certa forma, dificulta realizar uma recomendação mais geral (PFANN et al., 2009; OLIBONI et al., 2013). Assim, pode-se verificar que as diferenças edafoclimáticas dos diferentes ambientes ocasionaram um efeito diferencial na CGC de todos caracteres. No entanto, essas diferenças provocaram um impacto distinto apenas na CEC de PG, o que corrobora o fato desse caráter ser muito influenciado pelas condições do meio. Desta forma, com o objetivo de amenizar os efeitos negativos da interação entre genótipos e ambientes, é recomendado que se faça a avaliação dos genótipos no maior número de ambientes possíveis, objetivando identificar e selecionar os genótipos de maior estabilidade fenotípica perante os ambientes avaliados (OLIVEIRA et al., 2004).

No atual cenário do melhoramento de milho, buscam-se genótipos de ciclo mais curto, a fim de reduzir a exposição da cultura à pressão de pragas e doenças, além de escapar de possíveis veranicos em fases de maior demanda hídrica da lavoura, e se realizar o cultivo de mais safras dentro de um mesmo ano agrícola. Além do ciclo, o porte de planta e de inserção de espigas mais baixos também são desejados, a fim de facilitar a

mecanização, aumentar a densidade populacional, aumentar a eficiência na captação de luz solar e diminuir problemas de acamamento. Deste modo, os melhores genitores são aqueles cujas estimativas de CGC são negativas, ou seja, contribuem para diminuir a média de seus descendentes. Enquanto busca-se por genitores com CGC negativa para ciclo e arquitetura de planta, para PG busca-se linhagens parentais com alta frequência de alelos favoráveis para aumentar a média do caráter, ou seja, parentais que apresentam estimativas de CGC positiva. Assim, podemos observar que alguns genitores apresentaram estimativas de CGC, para PG, de sinais opostos quando se comparam os valores nos quatro ambientes, podendo citar as linhagens VML016, VML017, VML024, VML076, VML084, VML102, VML115, VML144 e VML158. Diante disso, a interação entre as estimativas de CGC com ambientes torna-se importante ao analisar o desempenho de cada linhagem quanto aos seus efeitos em diferentes ambientes ou adaptar um índice de seleção para identificar as melhores linhagens ao longo dos ambientes.

A utilização dos índices baseados na distância genótipo-ideótipo permite capitalizar a interação $G \times A$ na escolha das linhagens de maior potencial, bem como simplificar a escolha das mesmas. Ademais, a seleção via estes índices capitaliza tanto a adaptabilidade quanto a estabilidade produtiva através dos ambientes, pois a seleção leva em consideração tanto a magnitude das estimativas de CGC quanto as suas variações ao longo dos ambientes. Rocha et al. (2018) mostraram que esta abordagem leva em consideração a estabilidade e os altos valores genotípicos. Diante disso, os ensaios multiambientes assumem importância elementar para o melhoramento de plantas, pois além de permitirem a quantificação da interação $G \times A$ também possuem papel fundamental na seleção de genótipos com boa adaptação e estabilidade (SMITH et al., 2005; ZHANG et al., 2015). Desta forma, através da distância genótipo-ideótipo, as linhagens VML090, VML124, VML083, VML016, VML022, VML144, VML165, VML084 e VML024 foram as que apresentaram as menores distâncias genótipo-ideótipo. Essas linhagens poderão ser utilizadas como constituintes de uma população sintética, para ser submetida à seleção recorrente e ser utilizada como população base para posterior extração de novas linhagens dentro do Programa Milho.

O valor estimado de CEC representa um efeito na expressão do híbrido que é adicional aos efeitos de CGC dos genitores (MIRANDA FILHO, 2018). Essa estimativa está ligada à divergência genética entre os genitores. Como há grande importância dos efeitos não aditivos dos genes que controlam principalmente o caráter PG, a discussão quanto às estimativas de CEC obtidas torna-se de extrema influência. Quando se tem por

objetivo a formação de híbridos superiores, o ideal é cruzar linhagens que acumulam alelos favoráveis para os caracteres de interesse e que sejam divergentes (HALLAUER et al., 2010). Assim, na formação de um novo híbrido seleciona-se linhagens com alta magnitude de CGC e que as combinações híbridas tenham elevada CEC. Entre as linhagens genitoras, nove linhagens apresentaram estimativa de CGC positiva para PG. As estimativas de CEC para o caráter PG é um bom parâmetro para a formação de grupos heteróticos já que houve grande contribuição dos efeitos não aditivos e uma boa correlação entre estimativas de CEC com os valores genotípicos estimados. Por meio da análise conjunta podemos observar que as linhagens que participaram de cruzamento com alta CEC são divergentes entre si, pertencendo a grupos heteróticos distintos, como o híbrido VML022xVML115 e VML003xVML016, nos quais seus parentais foram alocados em grupos distintos. O contrário também pode ser observado para as menores estimativas de CEC, onde genótipos convergentes não exibiram alta heterose e consequentemente não obtiveram alto valor de CEC. Isso pode ser visto no híbrido VML095xVML172, que apresentou a menor CEC e seus parentais foram alocados no mesmo grupo. A combinação híbrida a ser selecionada para formação de população base deve ser aquela que apresentar alta CEC e que seja resultante de um cruzamento em que pelo menos um dos genitores apresente elevada CGC (CRUZ et al., 2012).

A heterose observada em um cruzamento é função do desvio dos heterozigotos em relação à média e à divergência entre os pais (FALCONER et al., 1996). O desempenho híbrido é maior quando os pais são geneticamente divergentes (MALUF et al., 1983; OLIVEIRA, 1989; REIF et al., 2005). Entretanto, nem sempre a correlação entre divergência genética obtida por marcadores moleculares e desempenho do híbrido é consistente (MELO et al., 2001; BARBOSA et al., 2003; GUIMARÃES, 2007). Observou-se uma correlação significativa de 0,73 e 0,15 entre as estimativas de CEC e os valores genotípicos (PG) dos híbridos e distância genética entre as linhagens, respectivamente. A correlação entre os valores genotípicos (PG) dos híbridos e distância genética foi não significativa.

A alocação de linhagens em grupos heteróticos baseando-se em estimativas de CEC vem sendo amplamente utilizada no melhoramento de milho, porque a estimativa de CEC é um indicador de divergência genética entre os genitores (PINTO et al., 2001; HALLAUER et al., 2010; MIRANDA FILHO, 2018). Outra forma de estabelecer grupos heteróticos é por meio das distâncias genéticas entre as linhagens utilizando marcadores moleculares. Os marcadores moleculares podem ser utilizados como uma ferramenta útil

para agrupar linhagens, complementando os experimentos de campo na identificação de grupos geneticamente similares (REIF et al., 2003). Todavia, o uso dos dialelos aliado aos marcadores moleculares permite aumentar a eficiência na definição dos grupos heteróticos (BERNARDO, 2010). Ambos métodos de alocação das linhagens em grupos heteróticos, com base nas distâncias modificadas de Roger e nas estimativas de CEC, apesar de terem indicado a formação de três grupos, alocaram as linhagens de forma diferente. Ou seja, não foram alocadas as mesmas linhagens nos mesmos grupos em ambos métodos. Vale observar que as linhagens VML016 e VML084 permaneceram juntas no mesmo grupo por ambos métodos.

7 Conclusões

Efeitos aditivos prevalecem no controle genético para FM, FF, AP e AE. Entretanto, há alternância no controle genético para produtividade de grãos ao longo dos diferentes ambientes.

Sob condições de estresse por calor e umidade, para PG, os efeitos aditivos aparentam serem mais importante do que os efeitos não aditivos.

Houve certa concordância na alocação das linhagens ao se utilizar a distância genética com base em marcadores moleculares e as estimativas de CEC.

A seleção das linhagens VML090, VML124, VML083, VML016, VML022, VML144, VML165, VML084 e VML024 para formação de uma população sintética pode ser promissora. Estes genitores apresentaram a menor distância genótipo-ideótipo para PG.

Foram formados três grupos heteróticos distintos a partir desse conjunto de linhagens, podendo assim, direcionar de forma mais assertiva os próximos cruzamentos.

8 Referências

- ABE, A.; ADETIMIRIN, V. O.; MENKIR, A.; MOOSE, S. P.; OLANIYAN, A. B. (2013). **Performance of tropical maize hybrids under conditions of low and optimum levels of nitrogen fertilizer application - Grain yield, biomass production and nitrogen accumulation.** Maydica, [s. l.], v. 58, n. 2, p. 141–150.
- ABIMILHO – Associação Brasileira das Indústrias de Milho. **Milho - Cereal** (2019). Disponível em: www.abimilho.com.br. Acesso: 12 de novembro de 2019.
- ADEWALE, S. A., AKINWALE, R. O., FAKOREDE, M. A. B., & BADU-APRAKU, B. (2018). **Genetic analysis of drought-adaptive traits at seedling stage in early-maturing maize inbred lines and field performance under stress conditions.** Euphytica, 214(8), 145.
- ARGENTA, G.; SANGOI, L.; SILVA, P. R. F.; RAMPAZZO, C.; GRACIETTI, L. C.; STRIEDER, M. L.; SUHRE, E. (2003). **Potencial de rendimento de grãos de milho em dois ambientes e cinco sistemas de produção.** Scientia Agraria, v. 4, n. 1, p. 27-34.
- BADU-APRAKU, B., OYEKUNLE, M., FAKOREDE, M. A. B., VROH, I., AKINWALE, R. O., ADEROUNMU, M. (2013). **Combining ability, heterotic patterns and genetic diversity of extra-early yellow inbreds under contrasting environments.** Euphytica, v. 192, n. 3, p. 413-433.
- BADU-APRAKU, B.; HUNTER, R.B.; TOLLENAAR, M. (1983). **Effect of temperature during grain filling on whole plant and grain yield in maize (Zea mays L.).** Canadian Journal of Plant Science, 63(2):357-63.
- BAKER, R. J. (1978). **Issues in diallel analysis.** Crop Sci 18(4):533–536
- BALESTRE, M.; VON PINHO, R. G.; SOUZA J. C.; LIMA J. L. (2008). **Comparison of maize similarity and dissimilarity genetic coefficients based on microsatellite markers.** Genet. Mol. Res. 7: 695-705.
- BALIGAR, V. C.; N. K. FAGERIA, N. K.; HE, Z. L. (2001). **Nutrient Use Efficiency in Plants.** Communications in Soil Science and Plant Analysis, [s. l.], v. 32, n. 7–8, p. 921–950.
- BARBOSA, A. M. M.; GERALDI, I. O.; BENCHIMOL, L. L.; GARCIA, A. A. F.; SOUZA, C. L.; SOUZA, A. P. (2003). **Relationship of intra- and interpopulation tropical maize single cross hybrid performance and genetic distances computed from AFLP and SSR markers.** Euphytica, Netherlands, v.130, p.87-99, 2003.
- BARRIOS, S. C. L.; DUARTE, F. C.; SOUZA JR., C. L. (2009). **Alocação de linhagens de milho em grupos heteróticos baseando-se em marcadores moleculares e cruzamentos dialélicos.** In: 55º CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA, Águas de Lindoia. Resumos.
- BEADLE, G.W. (1978). **Teosinte and the origin of maize.** In: Walden, D.B (ed.) **Maize breeding and genetcs.** New York, Jhon Wiley and Sons, 8:113-141.

BECKETT, T. J., MORALES, A. J., KOEHLER, K. L., ROCHEFORD, T. R. (2017). **Genetic relatedness of previously plant-variety-protected commercial maize inbreds.** PloS one, 12(12).

BEN-ASHER, J.; GARCIA, Y. G. A.; HOOGENBOOM, G. (2008). **Effect of high temperature on photosynthesis and transpiration of sweet corn (*Zea mays* L. var. *rugosa*).** Photosynthetica 46, 595–603.

BERNARDO, R. (2010). **Heterosis and hybrid prediction.** In: **Breeding for quantitative traits in plants.** Minnesota: Stemma Press. p. 311-313.

BLUM, A. (1998). **Plant breeding for stress environments.** Boca Raton: CRC Press.

BRITO, M. E. B.; ARAÚJO FILHO, G. D.; WANDERLEY, J. A. C.; MELO, A. S., COSTA, F. B.; FERREIRA, M. G. P. (2013). **Crescimento, fisiologia e produção do milho doce sob estresse hídrico.** Bioscience Journal, 29(5).

BUTLER, D. G.; CULLIS, B. R.; GILMOUR, A. R.; GOGEL, B. J.; THOMPSON, R. (2018). **ASReml-R Reference Manual Version 4,** VSN International Ltd.

CONAB (2019). **Acompanhamento Da Safra Brasileira De Grãos Safra 2018/19 - Décimo Segundo Levantamento.** Disponível em: <www.conab.gov.br>. Acesso em: 24 novembro de 2019.

COQUE, M.; GALLAIS, A. (2006). **Genomic regions involved in response to grain yield selection at high and low nitrogen fertilization in maize.** Theoretical and Applied Genetics 112: 1205-1220.

CRUZ, C. D. (2006). **Programa genes: biometria.** Viçosa: UFV. v.1, 382 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. (2012). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 4ª ed., Ed UFV, Viçosa-MG, 514p.

DOVALE, J. C.; FRITSCHÉ-NETO, R.; BERMUDEZ, F.; MIRANDA, G. V. (2012). **Efeitos gênicos de caracteres associados à eficiência no uso de nitrogênio em milho.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, [s. l.], v. 47, n. 3, p. 385–392.

DUARTE, J. de O.; MATTOSO, M. J.; GARCIA, J. C. (2006). **Importância Socioeconômica.** Disponível em: <http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/milho/arvore/CONTAG01_8_168200511157.html>. Acesso em: 15 nov. 2019.

DURÃES, F. O. M. (2006). **Limitações fisiológicas do milho nas condições de plantio nas regiões tropicais baixas.** In: Embrapa Milho e Sorgo-Artigo em anais de congresso (ALICE). In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 26.; SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE A LAGARTA-DO-CARTUCHO, SPODOPTERA FRUGIPERDA, 2.; SIMPÓSIO SOBRE COLLETOTRICHUM GRAMINICOLA, 1., 2006, Belo Horizonte, Inovação para sistemas integrados de produção: trabalhos apresentados. [Sete Lagoas]: ABMS.

DURÃES, F. O. M.; OLIVEIRA, A. C.; SANTOS, M. X.; GAMA, E. E. G.; GUIMARAES, C. T. (2001). **Produtividade e capacidade de combinação de linhagens de milho sob regimes hídricos distintos**. In Embrapa Milho e Sorgo-Artigo em anais de congresso (ALICE). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, Santo Antônio de Goiás, GO. Anais... Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão.

DURÃES, F.O.M.; CORRÊA, L.A.; CRUZ, J.C.; OLIVEIRA, A.C.; MAGALHÃES, C.; SHANAHAN, J.F. (2002). **Estabilidade do rendimento e tolerância a estresses em genótipos de milho cultivados nas regiões centro e sul do Brasil**. In: XXIV Congresso Nacional de Milho e Sorgo. Florianópolis.

DUVICK, D. N. (1997). **What is yield?** In: Edmeades, G. O. et al. (Ed.), **Developing Drought and Low N-tolerant maize**. México: CIMMYT, p. 332-335.

EMBRAPA (2020). **Cultivares de Milho Disponíveis no Mercado Brasileiro na Safra 2019/2020**. Disponível em: <https://apps.agr.br/ccultivares-de-milho-disponiveis-no-mercado-brasileiro-na-safra-2019-2020/>. Acesso em: 24 de janeiro de 2020.

FALCONER, D. S., MACKAY, T. F. C. (1996). **Introduction to quantitative genetics**. Harlow, Essex, UK: Longmans Green, 3.

FAN, J. B., OLIPHANT, A., SHEN, R., KERMANI, B. G., GARCIA, F., GUNDERSON, K. L., GALVER, L. (2003). **Highly parallel SNP genotyping**. In **Cold Spring Harbor symposia on quantitative biology** (Vol. 68, pp. 69-78). Cold Spring Harbor Laboratory Press.

FAN, X. M.; ZHANG, Y.D.; YAO, W. H.; BI, Y. Q.; LIU, L.; CHEN, H. M.; KANG, M. S. (2014). **Reciprocal diallel crosses impact combining ability, variance estimation, and heterotic group classification**. *Crop Science*, Vol. 54, January – February.

FARIA, S. V.; ZUFFO, L. T.; REZENDE, W. M.; CAIXETA, D. G.; PEREIRA, H. D.; AZEVEDO, C. F.; DeLIMA, R. O. (2020). **Phenotypic and molecular characterization of a set of maize inbred lines derived from tropical hybrids**. *BMC genomis* (in press).

FERNANDES, F. C. S.; BUZETTI, S.; ARF, O.; ANDRADE, J. A. C. (2005). **Doses, eficiência e uso de nitrogênio por seis cultivares de milho**. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo, SETE LAGOAS*, v. 4, n. 2, p. 195-204.

FRITSCHÉ-NETO, R.; MIRANDA, G. V.; DELIMA, R. O.; DE SOUZA, L. V.; DA SILVA, J. (2010). **Herança de caracteres associados à Eficiência de utilização do fósforo em milho**. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, [s. l.], v. 45, n. 5, p. 465–471.

FRITSCHÉ-NETO, R.; VIEIRA, R. A.; SCAPIM, C. A.; MIRANDA, G. V.; REZENDE, L. M. (2012). **Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments**. *Acta Scientiarum Agronomy*, v. 34, p. 99-101.

GALVÃO, J. C. C.; BORÉM, A.; PIMENTEL, M. A. (2015). **Milho do plantio à colheita**. Viçosa, MG Ed. UFV, 351 p.

GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. (1966). **Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations.** Biometrics, 439-452.

GONZÁLEZ, S.; CÓRDOVA, H.; RODRÍGUEZ, S.; LEÓN, H.; SERRATO, V. M. (1997). **Determinacion de un patron heterotico a partir de la evaluacion de un dialelo de diez líneas de maiz subtropical.** Agronomia Mesoamericana, El Salvador, v. 8, p. 1-7.

GRASSI, P. G. M.; COSTA ANDRADE, J. A.; SILVA, C. L. S. P.; MORAES, M. L. T.; CERESINI, P. C. (2015). **Divergência genética entre linhagens de milho utilizando microssatélites e correlação com desempenho de híbridos simples.** Cultura Agronômica: Revista de Ciências Agrônômicas, 24(1), 1-16.

GRIFFING, B. (1956). **Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems.** Australian journal of biological sciences, v. 9, n. 4, p. 463-493.

GUIMARÃES, L. J. M.; MENDES, F. F.; GUIMARAES, P. D. O.; PARENTONI, S., PACHECO, C.; MACHADO, J. D. A.; TAVARES, R. (2011). **Definição de grupos heteróticos de populações de milho por análise gráfica.** In Embrapa Milho e Sorgo- Artigo em anais de congresso (ALICE). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 6., 2011, Búzios. Panorama atual e perspectivas do melhoramento de plantas no Brasil.[Búzios]: SBMP, 2011.

GUIMARÃES, P. S.; BERNINI, C. S.; PEDROSO, F. K. J.; PATERNIANI, M. A. G. Z. (2014). **Characterizing corn hybrids (Zea mays L.) for water shortage by principle components analysis.** Maydica, Bergamo, v. 59, n. 1, p. 72-79.

GUIMARÃES, P. S.; PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; LÜDERS, R. R.; SOUZA, A. P.; LABORDA, P. R.; OLIVEIRA, K. M. (2007). **Correlação da heterose de híbridos de milho com divergência genética entre linhagens.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.42, n.6, p.811-16.

HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. (2010). **Quantitative genetics in maize breeding** (Vol. 6). Springer Science & Business Media.

HAYMAN, B. I. (1954). **The analysis of variance of diallel tables.** Biometrics, v. 10, n. 2, p. 235-244.

JANDREY, D. B. (2016). **Manejo de nitrogênio em milho safrinha.** Disponível: <<http://www.pioneersementes.com.br/blog/84/manejo-de-nitrogenio-em-milho-safrinha>> Acesso em: 15 de novembro de 2019.

JINKS, J. L.; HAYMAN, B. L. (1953). The analysis of diallel crosses. **The Maize Genetics Cooperation Newsletter**, v. 27, p. 48-54.

JOMBART, T., KAMVAR, Z. N., COLLINS, C., LUSTRIK, R., BEUGIN, M. P., KNAUS, B. J., KAMVAR, M. Z. N. (2018). **Package ‘adeigenet’.** Github repository:< <https://github.com/thibautjombart/adeigenet>.

KIST, B. B.; SANTOS, C. E.; BELING, R. R. (2016). **Anuário Brasileiro do milho 2016**. Santa Cruz do Sul.

LUZ, L. S. (2019). **Capacidade de combinação entre híbridos comerciais de milho em ambientes contrastantes de nitrogênio**. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Viçosa.

MAKUMBI, D.; BETRÁN, J. F.; BÄNZIGER, M.; RIBAUT, J. M. (2011). **Combining ability, heterosis and genetic diversity in tropical maize (*Zea mays* L.) under stress and non-stress conditions**. *Euphytica*, 180(2), 143-162.

MALAVOLTA, E.; GITTI, G. C.; OLIVEIRA, S. A. (1997). **Avaliação do estado nutricional das plantas: princípios e aplicações**. 2 ed. Piracicaba: POTAFOS, 390p.

MALUF, W. R.; FERREIRA, P. E.; MIRANDA, J. E. C. (1983). **Genetic divergence in tomatoes and relationship with heterosis for yield in F1 hybrids**. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.6, n.3, p.453-460.

MELCHINGER, A. E.; GUMBER, R. K. (1998). **Overview of heterosis and heterotic groups in agronomic crops**. *Concepts and breeding of heterosis in crop plants*, 25, 29-44.

MELO, W. M. C.; PINHO, R. G. V.; FERREIRA, D. F. (2001). **Capacidade combinatória e divergência genética em híbridos comerciais d milho**. *Ciência Agrotécnica*, Lavras, v.25, n.4, p.821-830.

MEZA, P. A.; COLLADO, C. J. L.; MACÍAS, M. S.; ROMERO, G. L.; OVALLE, O. R. L.; MONTALVO, A.; RODRÍGUEZ; CABALLERO, P.; ANTONIO, F. (2011). **Combining ability in maize lines using a diallel cross**. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, [s. l.], v. 13, p. 525–532.

MIRANDA-FILHO, J. B. (2018). **Testadores e Dialelos**. In: DELIMA, R. O.; BORÉM, A. (Eds.). **Melhoramento de Milho**. Viçosa, MG: Editora UFV. p. 396.

MOJENA, R. (1977). **Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation**. *Computer Journal*, v.20, p.359–363.

MORALES, M.; DECKER, V.; ORNELLA, L. A. (2010). **Analysis of genetic diversity in Argentinian heterotic maize populations using molecular markers**. *Ciencia Investigación Agraria*. 37(1):151-160.

MÔRO, G.V.; FRITSCHÉ-NETO, R. (2015). **Importância e usos do milho no Brasil**. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J.C.C.; PIMENTEL, M.A. (Ed) **Milho do plantio à colheita**. Viçosa: Ed. UFV.

MUGO, S. N.; EDMEADES, G. O., KIRUBI D. T. (2003). **Genetic improvement for drought tolerance to high plant density in tropical maize under low input levels**. *International Symposium on Plant Breeding, México. Book of Abstracts, CIMMYT*. p.17-22.

MUNDIM, G. B.; RODRIGUES, M. C.; DELIMA, R. O. (2018). **Melhoramento para Estresse Abióticos**. In: DELIMA, R. O.; BORÉM, A. (Eds.). **Melhoramento de Milho**. Viçosa, MG: Editora UFV. p. 396.

OLIBONI, R.; FARIA, M. V.; NEUMANN, M.; RESENDE, J. T. V.; BATTISTELLI, G. M.; TEGONI, R. G.; OLIBONI, D. F. (2013). **Diallelic analysis in assessing the potential of maize hybrids to generate base-populations for obtaining lines**. Semina: Ciências Agrárias, 34(1), 7-18.

OLIVEIRA, E. J. (1989). **Análise multivariada no estudo da divergência genética entre cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Viçosa: UFV. 91 p. (Tese mestrado)

OLIVEIRA, J. S.; SOBRINHO, F. S.; FERNANDES, S. B. V.; WUNSCH, J. A.; LAJUS, C. A.; DUFLOTH, J. H.; ZANATTA, J. C.; MOLETTA, J. L.; PEREIRA, A. V.; LEDO, F. J. S.; BOTREL, M. A.; AUAD, M. V. (2004). **Estratificação de ambientes, adaptabilidade e estabilidade de híbridos comerciais de milho para silagem no Sul do Brasil**. Ciência Rural, v. 34, p. 997-1007.

PAES, M. C. D. (2008). **Aspectos Físicos, Químicos e Tecnológicos do Grão de Milho**. In: **A cultura do milho**, Sete Lagoas, MG. Anais... Sete Lagoas, MG: Embrapa.

PENARIOL, F. G.; FORNASIERI, F. D.; COICEV, L.; BORDIN, L.; FARINELLI, R. (2010). **Comportamento de cultivares de milho semeadas em diferentes espaçamentos entre linhas e densidades populacionais, na safrinha**. Revista Brasileira de Milho e Sorgo, 2:52-60.

PERAUDEAU, S.; LAFARGE, T.; ROQUES, S.; QUINONES, C. O.; CLEMENT-VIDAL, A.; OUWERKERK, P. B. F.; JEROEN VAN RIE, J.; FABRE, D.; JAGADISH, S. V. K.; DINGKUHN, M. (2015). **Effect of carbohydrates and night temperature on night respiration in rice**. J. Ex. Bot. 66, 3931–3944.

PFANN, A. Z.; FARIA, M. V.; ANDRADE, A. A.; NASCIMENTO, I. R.; FARIA, C. M. R. R.; BRIGHENTTI, R. M. (2009). **Capacidade combinatória entre híbridos simples de milho em dialelo circulante**. Ciência Rural, v. 39, p. 635-641.

PINTO, M. O.; TEIXEIRA, F. F.; GUIMARÃES, C. T. (2016). **Diversidade genética de milho doce utilizando marcadores microsatélites**. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 31., Bento Gonçalves. Anais [...]. Bento Gonçalves-RS.

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

PRASAD, P. V. V.; PISIPATI, S. R.; MOMCILOVIC, I.; RISTIC, Z. (2011). **Independent and combined effects of high temperature and drought stress during grain filling on plant yield and chloroplast EF-Tu expression in spring wheat**. J. Agron. Crop Sci. 197, 430–441.

REIF, J. C.; HALLAUER, A. R.; MELCHINGER, A. E. (2005). **Heterosis and heterotic patterns in maize *Zea mays* L.**; USA; Europe; Japan; China]. Maydica (Italy).

REIF, J. C.; MELCHINGER, A. E.; XIA, X. C.; WARBURTON, M. L., D. A.; HOISINGTON, S. K. VASAL; SRINIVASAN, G.; BOHN, M.; FRISCH, M. (2003). **Genetic Distance Based on Simple Sequence Repeats and Heterosis in Tropical Maize Populations.** Crop Science, 43: 1275-1282.

ROCHA, J. R. D. A. S. C.; MARÇAL, T. D. S.; SALVADOR, F. V.; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, P. C. S. (2018). **Genetic insights into elephantgrass persistence for bioenergy purpose.** PloS one, 13(9), e0203818-e0203818.

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

RODRIGUES, M. C.; REZENDE, W. M.; SILVA, M. E. J.; FARIA, S. V.; ZUFFO, L. T.; GALVÃO, J. C. C.; DELIMA, R. O. (2017). **Genotypic variation and relationships among nitrogen-use efficiency and agronomic traits in tropical maize inbred lines.** Genetics and Molecular Research, [s. l.], v. 16, n. 3.

ROGERS, J. S. (1972). **Measures of genetic similarity and genetic distance.** Austin: University of Texas Publication. (Studies in genetics, 7).

SANTOS, L. P. D.; AQUINO, L. A.; NUNES, P. H. M. P; XAVIER, P. O. (2013). **Doses de nitrogênio na cultura do milho para altas produtividades de grãos.** Revista Brasileira de Milho e Sorgo, v.12, n.3, p. 270-279.

SCAPIM, C.A.; PACHECO, C.A.P.; TONET, A.; BRACCINI, A.D.L.; PINTO, R.J.B. (2002). **Análise dialélica e heterose de populações de milho-pipoca.** Bragantia, Campinas, v.61, n.3, p.219-230.

SCHUSTER, A. (2017). **Diversidade entre linhagens de milho tropical quanto a características de raiz e parte aérea em condições contrastantes de fósforo.** Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Viçosa.

SHI, W.; MUTHURAJAN, R.; RAHMAN, H.; SELVAM; J., PENG, S.; ZOU, Y.; JAGADISH, S. V. K. (2013). **Source–sink dynamics and proteomic reprogramming under elevated night temperature and their impact on rice yield and grain quality.** New Phytol. 197, 825–837

SMITH, A. B.; CULLIS B. R.; THOMPSON, R. (2005). **The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: An overview of current mixed model approaches.** J. Agric. Sci. 143:449– 462. doi:10.1017/S0021859605005587

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. (1962). **The comparison of dendrograms by objective methods.** Taxon, 11(2), 33-40.

SOLOMON, K. F.; MARTIN, I.; ZEPPA, A. (2012). **Combining ability, genetic diversity and heterosis in relation to F1 performance of tropically adapted shrunken (sh2) sweet corn lines.** Plant Breeding, State of Queensland, v. 131, p. 430-436.

SUNOJ, V. J.; SHROYER, K. J.; JAGADISH, S. K.; PRASAD, P. V. (2016). **Diurnal temperature amplitude alters physiological and growth response of maize (Zea mays L.) during the vegetative stage.** Environmental and Experimental Botany, 130, 113-121.

SOUZA NETO, I. L. D. (2019). **Definição de grupos heteróticos em milho superdoce por meio da distância genética e da capacidade combinatória.** Tese de Doutorado – Universidade Estadual Paulista.

SOUZA, G. M.; BARBOSA, A. M. (2015). **Fatores de estresse no milho são diversos e exigem monitoramento constante.** Visão Agrícola, 13(1), 30-34.

SOUZA, V. De; MIRANDA, V.; GALVÃO, C.; CARLOS, J.; DELIMA, O. (2010). **Interrelações de nitrogênio e fósforo na capacidade de combinação e.** Revista Ceres, [s. l.], v. 57, n. 5, p. 633–641.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. (2010). **Plant Physiology.** 5. Ed. Sunderland: Sinauer Associates. 764 p.

TORRES, L. G., CAIXETA, D. G., REZENDE, W. M., SCHUSTER, A., AZEVEDO, C. F., E SILVA, F. F., DeLIMA, R. O. (2019). **Genotypic variation and relationships among traits for root morphology in a panel of tropical maize inbred lines under contrasting nitrogen levels.** Euphytica, 215(3), 51.

USDA (2019). (Departamento de Agricultura dos Estados Unidos). **Safra Mundial de Milho 2018/19** – 12º Levantamento.

VERGUTZ, L.; NOVAIS, R.F (2015). **Recomendação de corretivos e adubação.** In: **Milho “do plantio a colheita”.** Editora UFV, Viçosa, p.108-136.

WORKU, M.; BANZIGER, M.; ERLEY, G.S.; FRIESEN, D.; DIALLO, A.O.; HORST, W.J. (2007). **Maize Nitrogen Uptake and Utilization in Contrasting Nitrogen Efficient Tropical Hybrids.** Cropp Science, 47:519-528.

WRIGHT, S. (1978). **Evolution and the genetics of populations: variability within and among natural populations.** Chicago: University of Chicago Press. v. 4.

ZHANG, X.; PÉREZ-RODRÍGUEZ, P.; SEMAGN, K.; BEYENE, Y.; BABU, R.; LÓPEZ-CRUZ, M. A.; PRASANNA, B. M. (2015). **Genomic prediction in biparental tropical maize populations in water-stressed and well-watered environments using low-density and GBS SNPs.** Heredity, 114(3), 291-299.

ZUCARELI, C.; ALVES, G. B.; OLIVEIRA, M. A.; MACHADO, M. H. (2014). **Desempenho agrônômico do milho safrinha em resposta às épocas de aplicações e fontes de nitrogênio.** Científica, 42:60-67.

[illegible]

Anexo 2. Estimativas de capacidade geral de combinação (CGC) das 20 linhagens para os caracteres dias para o florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm) e espiga (AE, cm) e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹), em cada um dos cinco ambientes

Leopoldina					
Linhagem	FM	FF	AP	AE	PG
VML003	-0,093	0,773	-5,111	-8,754	-307,034
VML016	0,410	-0,165	9,676	-2,933	-14,893
VML017	0,254	1,078	-0,943	-1,451	-646,311
VML022	0,638	-1,020	4,444	4,199	396,206
VML024	-0,901	-1,507	-4,126	9,457	-73,038
VML031	-0,945	-1,419	-11,792	-4,118	-1.075,383
VML048	-0,707	0,071	-3,149	1,465	-223,718
VML059	-0,266	0,682	-11,811	-9,390	-445,748
VML076	-0,009	1,584	9,602	6,690	-493,550
VML083	1,303	-0,541	-0,259	5,593	746,178
VML084	0,505	-0,761	-2,857	2,071	1.255,210
VML090	-1,067	-1,223	-2,772	1,925	662,893
VML095	-0,428	0,625	-10,535	-5,576	-351,620
VML102	1,507	1,586	26,325	2,499	-586,663
VML115	-0,032	-0,317	4,102	2,233	120,192
VML124	1,073	0,402	9,807	7,610	1.091,656
VML144	-0,466	-0,258	-2,195	1,357	263,419
VML158	-0,854	-0,690	-9,793	-5,487	-804,724
VML165	0,861	0,945	11,737	0,583	920,155
VML172	-0,785	0,154	-10,352	-7,972	-433,226
Coimbra 1					
Linhagem	FM	FF	AP	AE	PG
VML003	-0,294	-0,078	0,012	-5,058	-67,185
VML016	0,094	-0,725	7,626	-4,525	514,079
VML017	-0,004	0,379	2,865	1,410	-242,631
VML022	0,371	-0,981	-2,058	-2,667	519,758
VML024	-0,949	-2,189	-2,384	6,969	759,799
VML031	-1,116	-1,719	1,297	2,009	-43,226
VML048	0,403	0,828	-2,382	1,384	-92,127
VML059	-0,952	0,407	-16,747	-11,746	-259,346
VML076	-0,316	1,158	3,715	3,291	-469,958
VML083	2,554	1,132	-8,689	2,081	140,765
VML084	0,608	-0,137	-0,327	-0,484	-227,803
VML090	-2,458	-2,831	0,826	3,539	645,516
VML095	-0,600	0,276	-2,833	-7,302	-778,915
VML102	0,824	1,330	20,358	5,621	-934,559
VML115	0,535	1,981	1,189	2,473	-329,321
VML124	0,608	-0,389	3,534	7,736	695,857
VML144	-0,404	-0,497	-0,399	-1,310	-17,147
VML158	0,306	-0,617	-5,981	0,147	83,944
VML165	0,823	1,314	5,162	-1,511	312,550
VML172	-0,033	1,360	-4,783	-2,059	-210,050

Coimbra 2					
Linhagem	FM	FF	AP	AE	PG
VML003	-0,277	0,661	-2,842	-7,172	-360,004
VML016	0,285	-0,358	8,347	-2,810	597,044
VML017	0,136	0,258	-3,029	-0,210	-131,393
VML022	-0,003	-0,569	1,418	0,054	314,060
VML024	-0,456	-1,147	-3,020	5,326	74,833
VML031	-0,772	-1,142	-1,634	-0,572	-323,174
VML048	0,074	-0,012	-1,185	1,583	-125,440
VML059	-0,682	-0,223	-7,243	-5,449	-63,922
VML076	-0,116	0,961	7,314	5,449	-436,238
VML083	1,671	0,650	-3,681	6,362	780,524
VML084	0,060	-0,396	-2,231	0,154	197,050
VML090	-1,613	-1,590	-1,750	-1,601	1.033,242
VML095	-0,522	-0,360	-0,158	-2,456	-746,952
VML102	0,541	0,224	12,084	-0,887	-355,240
VML115	0,890	0,459	4,451	3,511	-868,869
VML124	0,761	0,198	1,315	6,500	940,881
VML144	-0,364	0,104	-0,126	0,539	286,210
VML158	-0,233	-0,172	-8,935	-1,218	-541,788
VML165	0,705	1,304	5,243	-3,228	244,488
VML172	-0,085	1,152	-4,337	-3,875	-515,312
Viçosa 1					
Linhagem	FM	FF	AP	AE	PG
VML003	0,234	0,422	-0,583	-5,212	-336,251
VML016	0,300	-0,897	11,167	-1,755	725,472
VML017	0,340	0,393	-1,950	0,149	47,405
VML022	-0,283	-1,189	2,398	-0,949	422,797
VML024	0,114	-0,744	-10,454	0,328	-317,770
VML031	-0,435	-1,560	-6,547	0,195	-908,363
VML048	0,121	0,216	0,232	2,636	-330,674
VML059	-0,236	0,295	-13,339	-8,868	-72,485
VML076	-0,412	0,467	7,336	6,585	190,583
VML083	0,000	0,188	-5,968	-0,012	744,793
VML084	0,234	0,240	1,121	3,664	-295,007
VML090	-0,377	-0,465	-0,571	-0,029	301,863
VML095	-0,543	0,308	-3,632	-4,514	-895,252
VML102	0,616	0,258	19,866	4,113	293,786
VML115	0,431	-0,125	6,628	3,483	-315,623
VML124	0,374	0,505	1,811	2,645	396,359
VML144	-0,025	0,324	-0,090	1,711	179,990
VML158	-0,144	-0,920	-8,929	-2,917	-297,616
VML165	0,038	1,175	4,479	1,199	875,220
VML172	-0,346	1,109	-2,975	-2,453	-409,226

Anexo 3. Estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) dos 190 híbridos experimentais para o caractere produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹), para os ambientes cujo efeito foi significativo

	Leopoldina	Coimbra 1	Coimbra 2	Viçosa 1
VML003xVML016	244,718	274,088	1.340,454	905,539
VML003xVML017	-198,962	-115,089	-1.164,368	-644,533
VML003xVML022	230,097	-351,984	-707,197	0,000
VML003xVML024	-405,976	143,547	281,680	-705,491
VML003xVML031	-187,766	-16,180	111,513	-1,998
VML003xVML048	184,049	85,083	80,728	167,335
VML003xVML059	18,283	-156,823	-77,308	158,806
VML003xVML076	-621,684	-230,925	-504,317	-39,543
VML003xVML083	445,102	338,879	438,550	-270,555
VML003xVML084	226,657	-161,177	1.338,464	-212,308
VML003xVML090	695,272	-114,233	-468,958	-290,145
VML003xVML095	-6,092	204,624	-56,426	-927,014
VML003xVML102	-227,152	90,276	-943,505	457,583
VML003xVML115	32,011	-288,970	636,210	194,099
VML003xVML124	13,447	-149,020	668,635	240,889
VML003xVML144	320,685	597,079	-262,932	45,007
VML003xVML158	-449,389	29,615	-590,902	374,531
VML003xVML165	-838,528	-467,666	-848,198	-85,262
VML003xVML172	280,681	178,116	121,576	268,401
VML016xVML017	-705,473	-187,491	-440,499	-275,447
VML016xVML022	5,917	241,815	586,884	181,646
VML016xVML024	288,346	281,841	-41,686	57,298
VML016xVML031	-36,241	-57,918	-920,644	29,579
VML016xVML048	-125,128	-104,513	-381,666	122,384
VML016xVML059	-746,292	-18,382	-7,790	317,852
VML016xVML076	439,598	39,412	640,051	-539,478
VML016xVML083	101,600	-351,915	46,244	0,000
VML016xVML084	-191,384	341,773	362,639	-254,737
VML016xVML090	92,509	64,512	618,259	132,634
VML016xVML095	-196,142	-216,292	-497,587	-192,242
VML016xVML102	464,765	416,529	227,826	-164,900
VML016xVML115	63,467	-303,179	-108,061	-11,928
VML016xVML124	545,408	94,950	562,209	139,179
VML016xVML144	-169,584	-142,378	2,508	131,473
VML016xVML158	365,136	336,954	-471,468	57,203
VML016xVML165	-676,772	131,779	-72,462	162,061
VML016xVML172	223,688	5,897	-439,703	-11,358
VML017xVML022	880,128	354,743	777,407	-696,120
VML017xVML024	120,882	156,870	-165,427	110,963
VML017xVML031	53,527	-112,988	269,690	122,397
VML017xVML048	-330,903	-487,336	240,969	286,561
VML017xVML059	638,596	219,561	-275,142	66,021

VML017xVML076	380,897	-25,047	-432,594	327,400
VML017xVML083	-148,130	106,924	-135,621	-50,618
VML017xVML084	-331,604	-263,603	-524,465	198,119
VML017xVML090	639,295	-98,349	285,643	225,672
VML017xVML095	-94,456	584,064	193,865	276,067
VML017xVML102	414,832	409,612	864,075	-72,148
VML017xVML115	100,680	-732,372	-31,765	-33,237
VML017xVML124	-54,858	544,680	-81,041	255,138
VML017xVML144	-247,915	-241,880	-151,402	-206,618
VML017xVML158	-368,676	184,261	-33,624	238,004
VML017xVML165	-779,821	-512,631	-261,157	-99,137
VML017xVML172	-482,811	-183,918	844,174	22,927
VML022xVML024	77,811	-188,606	-755,828	399,174
VML022xVML031	-267,678	313,247	215,958	-13,226
VML022xVML048	-230,014	171,261	-476,612	-43,093
VML022xVML059	-272,182	6,775	338,009	-333,739
VML022xVML076	-115,533	-469,391	-240,502	300,504
VML022xVML083	358,272	-236,407	-774,517	176,864
VML022xVML084	-107,146	-331,097	93,482	56,201
VML022xVML090	-626,729	80,814	-151,038	454,296
VML022xVML095	-71,654	295,820	97,127	-31,405
VML022xVML102	569,242	-182,992	-184,867	-46,133
VML022xVML115	-258,277	2536,046	440,395	-501,486
VML022xVML124	124,916	-615,688	412,666	-261,417
VML022xVML144	87,170	-101,315	790,213	364,163
VML022xVML158	-251,071	-128,167	194,727	-182,231
VML022xVML165	-252,812	-719,145	72,545	604,901
VML022xVML172	435,111	181,114	-199,929	29,616
VML024xVML031	-506,724	234,027	165,867	217,521
VML024xVML048	279,170	-343,800	430,990	-357,130
VML024xVML059	770,317	292,870	527,786	55,295
VML024xVML076	-524,418	370,731	618,542	406,118
VML024xVML083	329,982	102,500	-394,152	269,264
VML024xVML084	-62,357	0,000	-312,960	0,000
VML024xVML090	46,463	283,657	-707,151	-190,674
VML024xVML095	-471,181	-156,406	-29,305	-107,932
VML024xVML102	361,712	-44,864	723,733	182,334
VML024xVML115	-588,554	-652,193	-246,651	-36,709
VML024xVML124	329,674	36,698	234,821	459,116
VML024xVML144	-120,861	-181,206	-397,271	-659,290
VML024xVML158	-32,850	268,283	-227,000	-200,931
VML024xVML165	195,073	311,366	-49,143	-288,604
VML024xVML172	-144,684	337,247	469,186	45,063
VML031xVML048	136,100	-290,821	-110,876	-728,493
VML031xVML059	282,920	-113,409	153,413	-142,970
VML031xVML076	-86,318	-152,120	-296,918	-352,977
VML031xVML083	244,429	75,891	439,765	165,826
VML031xVML084	-68,495	-16,915	-65,310	-275,837

VML031xVML090	-317,377	-274,500	-303,353	2,412
VML031xVML095	-255,369	-158,231	-282,258	-101,118
VML031xVML102	-151,958	443,867	489,649	54,380
VML031xVML115	-281,435	551,630	154,864	-79,704
VML031xVML124	-372,803	-247,065	-245,595	-86,179
VML031xVML144	450,172	-252,510	-201,930	63,515
VML031xVML158	-88,257	125,470	-395,443	-140,757
VML031xVML165	462,866	86,163	480,321	212,057
VML031xVML172	133,890	-208,898	-202,985	70,470
VML048xVML059	-72,671	-187,890	-177,646	-356,058
VML048xVML076	-24,605	43,062	-105,046	-301,750
VML048xVML083	-377,113	582,331	-238,284	-284,317
VML048xVML084	172,825	51,950	67,224	240,122
VML048xVML090	-440,274	-366,491	-483,691	-74,038
VML048xVML095	-241,691	-78,895	-1,428	310,362
VML048xVML102	-18,945	-244,274	887,106	-218,649
VML048xVML115	-119,394	-169,874	-527,909	-39,159
VML048xVML124	331,060	808,263	637,502	161,484
VML048xVML144	264,854	349,014	-451,653	-37,084
VML048xVML158	-223,194	-292,449	459,164	234,103
VML048xVML165	245,976	388,627	-278,365	144,685
VML048xVML172	411,714	-65,124	218,235	414,126
VML059xVML076	58,478	178,232	744,165	127,597
VML059xVML083	-321,034	113,338	-937,341	85,652
VML059xVML084	-348,006	-202,301	337,679	-172,744
VML059xVML090	28,723	121,058	271,573	258,265
VML059xVML095	53,859	-180,200	863,595	-34,354
VML059xVML102	-173,595	-72,883	57,947	431,305
VML059xVML115	538,376	310,189	517,034	225,064
VML059xVML124	-630,016	287,246	-692,710	-395,560
VML059xVML144	-177,926	-307,071	-244,583	258,365
VML059xVML158	431,219	-155,625	1,981	-451,269
VML059xVML165	109,620	-352,775	-1.724,972	-465,958
VML059xVML172	-543,697	-209,455	216,656	289,823
VML076xVML083	50,105	-253,847	162,337	8,515
VML076xVML084	619,892	-84,766	79,916	-40,173
VML076xVML090	114,843	172,611	169,127	-71,347
VML076xVML095	-254,148	-569,599	-526,562	-371,908
VML076xVML102	-173,716	71,734	-102,975	249,536
VML076xVML115	-187,805	192,277	-214,847	402,511
VML076xVML124	255,943	-295,004	114,333	113,602
VML076xVML144	137,624	343,415	224,568	186,516
VML076xVML158	-510,405	85,005	-57,862	-431,459
VML076xVML165	-37,593	-141,775	-565,193	34,406
VML076xVML172	85,743	-48,751	-440,912	198,615
VML083xVML084	186,373	-356,903	243,154	436,813
VML083xVML090	-67,896	495,956	437,507	93,815
VML083xVML095	-130,466	42,377	882,543	617,282

VML083xVML102	459,647	-372,664	-500,254	-340,926
VML083xVML115	-199,666	-147,675	-239,884	-104,184
VML083xVML124	-119,515	646,739	215,295	69,259
VML083xVML144	-729,257	-356,793	-179,188	-566,275
VML083xVML158	186,190	331,533	-76,328	290,676
VML083xVML165	814,593	-189,340	1.540,888	115,286
VML083xVML172	-488,906	-338,869	383,802	95,338
VML084xVML090	458,673	245,601	831,986	187,958
VML084xVML095	308,931	-99,694	-875,422	250,855
VML084xVML102	-111,878	-134,899	-750,708	-339,555
VML084xVML115	251,012	0,000	-531,287	0,000
VML084xVML124	502,217	48,671	65,736	131,715
VML084xVML144	-643,131	0,000	-91,804	0,000
VML084xVML158	-332,415	0,000	38,504	0,000
VML084xVML165	67,119	692,869	296,545	-185,025
VML084xVML172	402,462	-105,053	-271,515	-341,333
VML090xVML095	-43,870	-87,273	-80,804	56,451
VML090xVML102	-604,249	-439,305	722,486	-368,941
VML090xVML115	334,212	153,640	-244,872	-563,835
VML090xVML124	162,333	295,832	-615,359	-251,282
VML090xVML144	-1.189,718	-97,255	-336,519	-6,960
VML090xVML158	199,278	95,883	808,115	24,661
VML090xVML165	464,845	95,263	483,684	606,770
VML090xVML172	581,647	436,739	503,492	101,653
VML095xVML102	89,123	-199,627	-245,015	144,991
VML095xVML115	-84,748	-631,765	23,871	465,242
VML095xVML124	344,111	290,512	328,327	-24,904
VML095xVML144	568,133	-218,060	490,271	-25,985
VML095xVML158	754,111	-17,676	133,415	474,878
VML095xVML165	-2,165	338,469	-389,036	162,944
VML095xVML172	-546,343	-426,223	-1.287,148	-1.913,094
VML102xVML115	-213,014	-702,065	-1.549,924	-31,734
VML102xVML124	-776,740	-382,507	269,682	-88,620
VML102xVML144	366,495	154,616	260,993	199,947
VML102xVML158	420,801	-261,039	-381,531	-222,326
VML102xVML165	-1.024,706	98,702	-682,261	63,435
VML102xVML172	-137,926	-188,877	239,268	429,026
VML115xVML124	-189,640	-384,838	-217,759	-186,627
VML115xVML144	461,023	86,431	103,304	6,641
VML115xVML158	342,985	-170,012	86,080	73,616
VML115xVML165	159,498	48,449	626,447	-138,075
VML115xVML172	-65,000	-238,618	-138,547	17,218
VML124xVML144	166,603	250,028	-37,444	-103,924
VML124xVML158	-213,661	-465,603	-241,741	-24,601
VML124xVML165	685,616	216,337	647,535	107,229
VML124xVML172	-234,617	166,919	-440,511	175,350
VML144xVML158	-417,843	-84,158	457,762	30,840
VML144xVML165	1.238,655	19,425	190,161	190,126

VML144xVML172	-155,371	154,349	316,965	324,737
VML158xVML165	-225,425	260,058	544,041	0,000
VML158xVML172	-227,479	-3,948	-1.160,339	-467,697
VML165xVML172	126,844	211,077	400,375	-192,679