

IGOR FERREIRA COELHO

**ANÁLISE DIALÉTICA MULTI-AMBIENTE NO
MELHORAMENTO DO MILHO**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS- BRASIL
2019

**Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa**

T

C672a Coelho, Igor Ferreira, 1992-
Análise dialéctica multi-ambiente no melhoramento do milho
/ Igor Ferreira Coelho. – Viçosa, MG, 2019.
v, 49 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Leonardo Lopes Bhering.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f. 42-49.

1. Genética quantitativa. 2. Biometria. 3. Genes.

I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia
Geral. Programa de Pós-Graduação em Genética e
Melhoramento. II. Título.

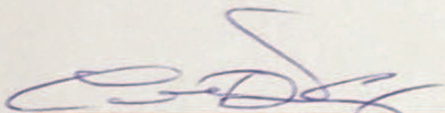
CDD 22. ed. 576.5


IGOR FERREIRA COELHO

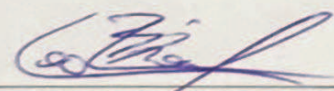
**ANÁLISE DIALÉTICA MULTI-AMBIENTE NO
MELHORAMENTO DO MILHO**

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

APROVADA: 14 de fevereiro de 2019.


Cosme Damião Cruz


Renato Domiciano Silva Rosado


Leonardo Lopes Bhering
(Orientador)

AGRADECIMENTOS

Agradeço, primeiramente, a Deus pelo dom da vida e por sempre iluminar meus passos e minhas escolhas, acredito que em todos os momentos se faz presente.

Aos meus pais, Danilo Teixeira Coelho e Maria José Ferreira Coelho, por todos os anos de luta para que eu alcançasse todos os meus objetivos. Desde os esforços para me ajudar financeiramente, até o carinho, atenção e conselho que até hoje me fortalecem e me fazem mais forte e feliz. Ao meu irmão, Marconi e meus primos, pelo companheirismo e amizade, sempre prontos a ajudar.

À toda minha família nas Figuras dos meus avós Terezinha e Ferreirinha, e Zizinha (*in memorian*) e Dadinho (*in memorian*). Sempre me cercando de carinho e alegria, acompanhando todos os meus passos nessa jornada.

À minha futura esposa Luana, que faz a trajetória ser mais leve e menos turbulenta. Como dizemos: “*Não importa o destino final, e sim toda a trajetória para chegar até lá*”. Te amo muito anjo.

Ao professor Leonardo Lopes Bhering que além de orientador é também um amigo, muitas vezes me aconselhando e acreditando em mim até quando não acredito.

Ao professor Edésio Fialho dos Reis por ser meu coorientador, um conterrâneo que conheci em Goiás e se tornou um amigo do futebol e da vida, obrigado pela recepção e disponibilidade.

Aos professores Cosme Damião Cruz e Renato Domiciniano Silva Rosado por participarem da banca examinadora e pelas sugestões ajudando na melhoria deste trabalho

Aos colegas de laboratório de biometria e da pós-graduação pelos diversos momentos de aprendizado, mesmo que em conversas informais. E pelos momentos de descontração, que fazem a rotina mais leve. Em especial aos meus amigos Alexandre Ferraz, que me ajudou muito nos estudos durante o mestrado, e Rodrigo Alves, sempre disposto a ajudar, sua dedicação e foco são uma referência para mim.

Aos amigos da UFG, nas Figuras do Cristiano, Jeferson e Sr. Gilmar, amigos que fiz e vou levar para toda a vida. Desde os finais de semana trabalhando nos experimentos até as integrações na casa do professor e no Fabinho.

À CNPq e CAPES pela concessão da bolsa de estudo e do financiamento dos projetos de pesquisa envolvidos neste trabalho.

A todos meus amigos e colegas, que de alguma forma se fizeram presente para eu poder chegar a essa conquista.

MUITO OBRIGADO!

RESUMO

COELHO, Igor Ferreira, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2019. **Análise Dialélica Multi-Ambiente no Melhoramento de Milho**. Orientador: Leonardo Lopes Bhering. Coorientador: Edésio Fialho dos Reis.

O sucesso de um cultivar se deve a fatores como elevada produtividade, características agronômicas desejáveis e alta estabilidade, ou seja, alto desempenho em ambientes com características variadas. Mesmo assim, a recomendação de cultivares baseia-se essencialmente na produtividade média (quilogramas por hectares) entre os diferentes ambientes avaliados. Visando a seleção de genótipos superiores para as características de interesse, os cruzamentos dialélicos são muito adotados, em que objetiva-se encontrar os melhores pais, ou seja, genitores com maior número de alelos favoráveis e contrastantes (complementares). A partir dessas análises é possível inferir sobre os efeitos genéticos aditivos e de dominância, possibilitando um maior êxito dos programas de melhoramento caso adotassem os genitores de acordo com a estabilidade da Capacidade Geral e Específica de Combinação. No presente estudo objetivou-se encontrar quais os efeitos genéticos (e suas interações com o ambiente) são responsáveis pela expressão de cada característica avaliada; e, utilizando como base a produtividade de grãos, buscou-se encontrar diferenças nos ranqueamentos de cada ambiente quando observados de maneira individual e conjunta. Além disso, como objetivo primordial do trabalho, almejou-se formar populações-base com alto potencial dos progenitores e que tivessem alta capacidade combinatória para obter alta heterose na formação de futuros híbridos. Portanto, foram utilizados 13 progenitores (oriundos de 12 F2 de híbridos comerciais e uma população de germoplasma da UFG), com a geração de 78 híbridos. Avaliou-se 11 características agronômicas em quatro ambientes distintos no sudoeste goiano, na segunda safra de 2018. Através do teste LRT, investigou-se quais efeitos genéticos estavam presentes em cada característica em cada ambiente, de maneira individual, e posteriormente, se desenvolveu este mesmo teste em uma análise conjunta dos quatro ambientes, com adição das interações dos efeitos genéticos com os locais. Como resultados gerais, focando na produtividade de grãos dos híbridos, encontrou-se os efeitos genético aditivo e da interação do efeito de dominância com locais como os responsáveis pela expressão da característica, justificando o estudo desta característica com a utilização de dialelos em diversos ambientes. Além disso, os progenitores 1, 10 e 12 foram selecionados como potenciais fontes de material genético para futuras linhagens, que apresentaram alta CGC, e tiveram CEC's elevadas em alguns híbridos entre eles, sendo fontes dos melhores materiais do trabalho.

ABSTRACT

COELHO, Igor Ferreira, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2019. **Multi-environment diallel analysis in maize breeding.** Advisor: Leonardo Lopes Bhering. Co-advisor: Edésio Fialho dos Reis.

The success of a cultivar is regarding to a high productivity, desirable agronomic traits and high stability, it means, high performance in different kinds of environments. Even so, the cultivars recommendation is based on average productivity (kilograms per hectares) among the environments. Aiming the superiors genotypes selection for the characteristics of interest, the diallel crosses are widely adopted, on what is chasing to find the best parents, with the highest number of favorable alleles and contrasting (complementary). From this analysis it is possible infer about the additive and dominant genetic effects, enabling better triumph on the breeding programs if they adopt the best parents according to the stability of General and Specific Combining Abilities. The current study aimed to find the genetic effects responsible for each evaluated trait; and, using as reference the grain yield, it sought to meet differences among the rankings of each environment when observed by itself and all together. Furthermore, as a primary goal of this study, it desired to develop base-populations with high potential of the parents and high combining ability to obtain elevated heterosis in the future hybrids formation. Therefore, it was utilized 13 parents (from 12 F₂ commercial hybrids and a population from the University of Jatai germoplasm), generating 78 hybrids. It was evaluated 11 agronomic characteristics in four distinct environments at the southwest of Goiás, in the winter season. Through the LRT, it was investigated which effects were responsible for each characteristic in each environment individually, and posteriorly, it was developed jointly with the effects of interaction between the genetic effects and the environments. As general results, focusing on the yield of the hybrids, was found the additive genetic effect and the effect of the interaction of dominant effect with environment responsible for the characteristic expression, justifying the study of this trait using the diallel crossing in different environments. Besides that, the parents 1, 10 and 12 were selected as potential source of genetic material to future inbred lines, which presented high GCA and had SCA considerable among some hybrids, being source of the best materials in this work.

SUMÁRIO

1	Introdução Geral.....	1
2	Referencial Teórico	3
2.1	Melhoramento de Milho e Heterose.....	3
2.2	Cruzamento Dialélicos	7
2.3	Análises de cruzamentos dialélicos via modelos mistos	10
3	Material e Métodos	10
3.1	Material Genético	11
3.2	Experimentação	12
3.3	Análises Genético-Estatísticas	15
3.4	Análises individuais	16
3.5	Análise conjunta	17
4	Resultados	18
4.1	Estande	18
4.2	Análises Individuais	19
4.3	Análise Conjunta	31
5	Conclusão.....	41
6	Bibliografia	42

1 Introdução Geral

O milho (*Zea mays L*) é uma gramínea da família das Poaceae, gênero *Zea* e espécie *Zea mays*. O Brasil é o terceiro maior produtor de milho do mundo, com produção de 80,79 milhões de toneladas (CONAB, 2019) posicionando-se atrás de EUA e China (USDA, 2018), com uma área de 16,63 milhões de hectares plantadas no total das duas safras de 2017/2018 (CONAB, 2019).

No Brasil, as épocas de semeaduras são distribuídas de setembro a dezembro (primeira safra ou safra de verão) e de janeiro a abril (segunda safra). A segunda safra, ou safrinha, é o cultivo feito no inverno, uma época mais seca com menores índices pluviométricos, e teve seu primeiro registro na década de 80. Atualmente, o cultivo no inverno, com 11,55 milhões de hectares, já ultrapassou a área cultivada no verão, que tem um total de 5,08 milhões de hectares, alcançando um total de produção superior a 53 milhões de toneladas na safra 17/18. (CONAB, 2019).

O estado de Goiás produziu, na safra 2017/18, um total de 6,4 milhões de toneladas, referente à 11,85% da produção nacional, estando na terceira posição dos estados mais produtores (CONAB, 2019). Em 2012, o sudoeste goiano foi responsável por aproximadamente 46% do total de milho produzido no estado de Goiás, de acordo com o Instituto Mauro Borges - IMB (Silva et al., 2015). Se esta proporção permanecer, a região do sudoeste goiano representa aproximadamente 6% da produção nacional de milho de segunda safra.

Figueiredo (2014) relatou que as recomendações dos cultivares para safra e safrinha não variam por duas razões. A primeira é a pouca idade dos programas de melhoramento de milho e o reduzido desenvolvimento destes que são voltados à safrinha. A segunda é devido a alguns dos cultivares recomendados para o verão terem bom desempenho na safrinha, acabando por serem recomendados para esta época também.

O sucesso de um cultivar no mercado é devido a alguns fatores como elevada produtividade, características agronômicas desejáveis, como alta produtividade e precocidade, e alta estabilidade, ou seja, alto desempenho em ambientes com características variadas. Todavia, Fritsche-Neto et al. (2010) afirmaram que, mesmo assim, a recomendação de cultivares baseia-se essencialmente na produtividade média (quilogramas por hectares) entre os diferentes ambientes avaliados.

A identificação de genótipos superiores se torna mais complexa e deve-se quantificar a interação genótipos x ambientes, presente na rede experimental (Yan et al., 2000). Um aumento na eficiência de análise na etapa de avaliação de genótipos em diversos ambientes é um investimento de alto retorno, visto que a avaliação dos diversos genótipos em múltiplos ambientes é uma das etapas mais trabalhosas e onerosas dos programas de melhoramento (Chaves, 2001).

Cruz, et al. (2004) pontuaram a estrutura genética como um dos fatores que influenciam na adaptabilidade e estabilidade de um cultivar. Neste sentido, Carvalho et al. (2000) de maneira oposta, identificaram híbridos simples tão estáveis quanto híbridos duplos para a mesma característica. Já Guillen-Portal et al. (2003) relataram uma maior estabilidade dos híbridos duplos frente aos híbridos simples para produtividade de grãos. Sabendo que no Brasil, ainda há uma alta adoção dos diversos tipos de híbridos, principalmente os simples e duplos, Machado (2007) destacou a importância da comparação entre os tipos de híbridos no cenário brasileiro, em que se observa diferenças na estrutura genética e, além disso, há uma diversidade alta entre os ambientes onde estes híbridos são recomendados.

Visando a seleção de genótipos superiores para as características de interesse, Cabral et al. (2015) citaram os cruzamentos dialélicos, que, por combinações híbridas, busca encontrar os melhores pais, ou seja, genitores com maior número de alelos favoráveis e contrastantes (complementares). Cruzamentos dialélicos são delineamentos genéticos em que um número determinado de parentais são cruzados dois a dois. A finalidade deste tipo de cruzamento, entre outras, são obtenção de estimativas de parâmetros úteis na seleção de genitores e híbridos e um conhecimento da fração dos efeitos genéticos (aditivos, dominantes e epistáticos) envolvidos na determinação das características avaliadas (Cruz et al., 2004).

Essas estimativas obtidas via análises dialélicas tem sido altamente empregadas no melhoramento de plantas (Melani e Carena, 2005; Rodrigues, Chaves e Pacheco, 2006; Welcker et al., 2005). Machado (2007) destacou, no entanto, que ainda são poucas as informações a respeito da estabilidade dos parâmetros da capacidade de combinação e que há poucos relatos sobre os estudos de estabilidade desses parâmetros envolvendo híbridos comerciais.

Atualmente, os programas de melhoramento de milho adotaram uma solução alternativa para a geração de novas linhagens promissoras. Através de um caminho

inverso: se identifica os materiais comerciais já estabelecidos na região, e busca-se, nesse pool gênico, genitores com muitos alelos favoráveis e que se complementem. Sabendo que os materiais já estabelecidos comercialmente na região em foco já foram trabalhados e se apresentaram melhor nos ambientes em questão, se visa acessar o material genético que favoreceu estes materiais especificamente, e uni-los. Oliboni (2013) reforçou a importância de genótipos com alta capacidade de combinação para que o programa obtenha alta eficiência e êxito na obtenção de híbridos. Apesar de todas as vantagens obtidas pela análise dialélica, pode-se questionar a representatividade dos resultados para determinada região, visto que o efeito ambiental pode afetar o comportamento genotípico, alterando os resultados. Sendo assim, considerar diversos ambientes e realizar uma avaliação conjunta se apresenta como uma saída para um programa de melhoramento com foco em uma determinada região.

Análises dialélicas em diferentes ambientes são um passo adiante para os programas de melhoramento que focam em geração de populações-base com intuito de desenvolvimento de materiais para determinada região. Quanto maior o número de ambientes, mais representativo os dados serão, e maior serão as chances de se encontrar capacidades combinatórias que sejam coerentes e eficientes na região em foco. A literatura ainda é limitada nesta questão, na qual, análises dialélicas em diversos ambientes ainda não tem a devida atenção e foco.

De posse das informações acima, os objetivos deste trabalho foram investigar os efeitos genéticos envolvidos na expressão de cada característica avaliada no trabalho; e, a partir da característica de produtividade de grãos, comparar a diferença de comportamento das análises e resultados por ambientes, quando observados individualmente e simultaneamente; e determinar, como estratégia inicial do programa, os materiais mais promissores para iniciar populações com alto valor aditivo e que tenham alta capacidade de combinação entre si.

2 Referencial Teórico

2.1 Melhoramento de Milho e Heterose

Patterniani e Campos (1999) afirmaram que, provavelmente, o milho é a espécie detentora de maior variabilidade genética entre todas as plantas cultivadas, sendo este fato devido às alterações nas frequências gênicas que ocorreram durante o processo evolutivo. Machado (2007) acrescentou que, entre as espécies vegetais, o

milho foi o que mais contribui para o conhecimento dos princípios básicos teóricos na área de melhoramento de plantas, além dos estudos mais aprofundados de delineamentos genéticos para variados tipos de cruzamentos.

A heterose, definida há mais de um século por Shull (1908, 1909, 1910) e aplicada à produção de híbridos, foi uma das maiores contribuições práticas da genética quantitativa à agricultura. Nestes trabalhos, o autor observou uma complexa combinação de inúmeros híbridos possíveis onde concluía que a autofecundação diminuía o vigor. E a fecundação cruzada, de pais diferentes, gerava híbridos F1 vigorosos, e estes superavam as médias de seus pais. Além disso, com as gerações de autofecundação, encontravam-se genótipos com pouca variabilidade genética. Ou seja, a seleção pela autofecundação, levava a linhagens puras, e o cruzamento dessas linhagens distintas (e complementares) gerava híbridos muito vigorosos. Shull (1908) ainda concluiu sobre a dificuldade de manter características de vigor dentro de linhagens, pois estas características estavam estritamente ligadas ao vigor fisiológico, que é reduzido quando se faz autofecundações sucessivas em busca de linhagens.

Quanto ao procedimento citado acima e o método proposto por Shull (1910), havia uma limitação do custo para a época, visto que as linhagens (pais) eram muito pouco produtivas, e isto inviabilizou a produção das sementes híbridas na época. Jones (1918) sugeriu, como alternativa, a produção de híbridos duplos, que seria uma alternativa com a utilização de pais mais produtivos, os híbridos simples. Paterniani (2001) comentou que, na época, a produção de sementes era realizada a partir de híbridos simples, tornando a produção de híbridos duplos viável comercialmente.

Sawazaki e Paterniani (2004) classificaram os principais genótipos de milhos comerciais em quatro, sendo estes: variedades; híbridos simples; híbridos duplos e híbridos triplos. Estes mesmos autores definiram híbridos simples (HS) como resultantes do cruzamento de duas linhagens endogâmicas divergentes e detentores de um alto grau de uniformidade e alto potencial produtivo; e híbridos duplos (HD) são resultados do cruzamento de dois HS, sendo o tipo de híbrido com maior variabilidade genética e, conseqüentemente, menos sujeitos aos fatores ambientais, este tipo de híbrido apresenta menor uniformidade fenotípica.

Na literatura há uma grande discussão quanto às estabilidades de HS e HD. Malhi et al. (1993) provaram em seus experimentos que o HS é tão estável quanto o HD. Autores como Guillen-Portal et al. (2003) e Oliveira et al. (2004) defenderam a

ideia de que os HD tem maior estabilidade ambiental, e o HS tem médias maiores quanto ao rendimento de grãos. Além desses autores citados acima, Carvalho et al. (2000) apresentaram uma discussão, entre diversos autores, sobre cultivares mais homogêneas estarem ligadas a menor estabilidade, ou não. Paterniani (1965) afirmou que a estabilidade é consequência do número de genótipos que formam as cultivares.

Dentre as vantagens da utilização de híbridos estão a associação de fenótipos de interesse que se encontram separados nos genitores; utilização de interações alélicas na geração híbrida e a obtenção de cultivares uniformes e superiores em um período mais curto (Machado, 2007). Paterniani (1978) citou como vantagens da heterose, a menor interação com o ambiente na geração F_1 e produção de sementes de milho híbrido comercialmente, com reflexos positivos sobre a economia. Analisando a Figura 1 (Becket et al., 2017), nota-se o desenvolvimento da produtividade das cultivares nos Estados Unidos de 1866 a 2015 de acordo com as adoções de híbridos duplos (década de 30) e híbridos simples (a partir do ano de 1955). Esta Figura comprova o potencial produtivo dos híbridos frente às variedades, e o quanto a produção norte-americana se alavancou com a utilização desta tecnologia obtida através de estudos em genética e melhoramento.

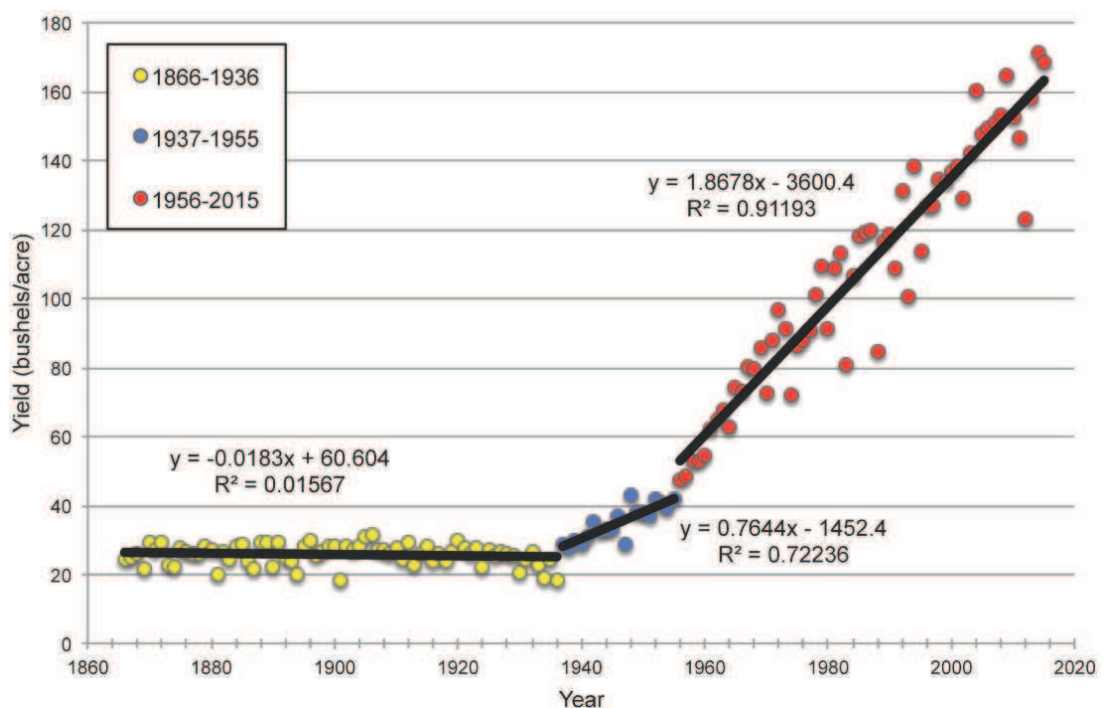


Figura 1. Histórico da produtividade de milho norte-americana, de 1866 a 2015. Os dados foram separados em três períodos de tempo de acordo com a fonte das sementes de milho plantadas na época. No primeiro período, entre 1866 e 1936, a maioria do milho plantado na época era fonte de materiais de polinização aberta. O

segundo período, de 1937 a 1955, teve a maioria do milho norte-americano plantado baseado em materiais de duplos cruzamentos (híbridos duplos). E o terceiro período, indo de 1956 a 2015, tem como a maior fonte do material de milho plantado nos Estados Unidos, o híbrido simples. Tabela ajustada de Beckett et al. (2017).

Machado (2007) quantificou que mais de 50% dos ganhos em produtividade, apresentados na Figura 1, é devido à adoção dos genótipos híbridos pelos produtores. No Brasil, este ganho também é significativo e expressivo e chegaram a 200% entre os anos de 1960 e 2000.

Bernardo (2002) citou que as teorias mais plausíveis são as da dominância parcial e dominância completa, porém, simultaneamente, concluiu que pelas causas genéticas é difícil definir heterose, visto que os genes quantitativos envolvidos no controle dos caracteres são pouco conhecidos. Ainda houve o surgimento das principais hipóteses explicativas sobre heterose, sendo elas da dominância (Bruce, 1910; Keeble e Pellew, 1910; Jones, 1917; Collins, 1921), da sobredominância (East, 1936; Hull, 1945; Crow, 1948) e da epistasia (Richey, 1942; Schnell e Cockerham, 1992).

Beckett et al. (2017) comentaram sobre a comparação da heterose em magnitude quando se cruzam duas linhagens do mesmo grupo heterótico, e quando se utiliza duas linhagens de grupos heteróticos diferentes. Essa comparação demonstrou a importância do estudo de grupos heteróticos (diversidade genética dos materiais) e da importância da heterose para se desenvolver bons híbridos.

Duvick (2001) e Troyer (2006), em um sentido complementar, citaram que os maiores ganhos em produtividade são devido ao foco dos programas de melhoramento para o desenvolvimento de linhagens endogâmicas e não pela heterose em si.

Paterniani e Campos (1999) nomearam as etapas como escolha das populações, obtenção das linhagens, avaliação das capacidades de combinação das mesmas e o teste intensivo de híbridos em diversos ambientes. Para Cruz (2005) as etapas do programa de melhoramento partem da escolha de genitores para obtenção da populações-base, manejo das populações segregantes e seleção dos melhores híbridos.

Oliboni et al. (2013) citaram a escolha das populações como um passo fundamental do processo de melhoramento de milho, sendo a base do programa. As populações (grupos heteróticos) com alto potencial serão utilizadas como fontes de linhagens elites, ou para início de programa de seleção recorrente recíproca. Neste sentido, Koutsika-Sotiriou e Karagounis (2005) justificaram a escolha de melhoristas

por populações com base genética estreita. Sendo assim, é adotada a utilização de híbridos comerciais como alternativa, sendo esses mais adaptados, produtivos e, provavelmente, com alta frequência de alelos portadores de boas informações genéticas pois já passaram por um processo de melhoramento anteriormente, seleção e avanços de gerações. Dentre as inúmeras opções de híbridos comerciais disponíveis no mercado, visa-se a obtenção dos híbridos portadores das melhores características e identificação de populações, através de combinações entre esses híbridos, com alto potencial de originar cultivares promissoras. Além disso, pode-se inserir nestes híbridos, características de cultivares exóticas, por meio de cruzamentos entre os híbridos comerciais e estas cultivares, a fim de encontrar uma combinação positiva, que acrescente, às características já desenvolvidas no híbrido comercial, uma característica favorável da espécie exótica (por exemplo: resistência a patógenos).

Sendo assim, com o intuito de se obter uma maior probabilidade e confiabilidade na escolha das populações promissoras, deve-se: i) obter o maior número possíveis de cruzamentos; e ii) desenvolver o experimento em ambientes que englobem um número significativo de ambientes para melhor representação do ambiente da região alvo do programa de melhoramento.

2.2 Cruzamentos Dialélicos

Quando se visa a escolha de genitores para formação de uma população-base de um programa de melhoramento o cruzamento dialélico é uma alternativa muito adotada, onde são testados diversos genitores e é avaliado a capacidade do genitor ser um potencial parental. Além disso, pode-se avaliar o efeito recíproco e as heranças das características desejadas. Miranda Filho e Gorgulho (2001) reforçaram, neste contexto, que os conhecimentos se consolidaram e expandiram pela utilização e adoção dos cruzamentos dialélicos em milho.

Cruzamentos dialélicos são delineamentos genéticos em que um número determinado de parentais são cruzados dois a dois, e a finalidade deste tipo de cruzamento, entre outras, são, a estimação de parâmetros úteis na seleção de genitores e híbridos e um conhecimento da fração dos efeitos genéticos envolvidos na determinação das características avaliadas (Cruz et al., 2004). Verifica-se na literatura, algumas variações dos métodos de análises dialélicas como: dialelos circulantes,

dialelos dialelos incompletos e dialelos desbalanceados. Os autores Cruz et al. (2004) e Vencovsky e Barriga (1992) fornecem mais detalhes sobre estes métodos.

Quanto às aplicações práticas, Cabral et al. (2015) citaram o aumento da frequência de alelos favoráveis para as características de interesse, onde estes cruzamentos ampliam as chances de seleção de genótipos superiores, principalmente por meio de combinações híbridas. Scapim et al. (2002) reforçaram que a seleção de populações com alta frequência dos alelos favoráveis para as características de interesse é o caminho mais indicado para aumentar as chances de se obter genótipos com boas características por meio da seleção.

Os métodos de Griffing (1956), Gardner e Eberhart (1966) e Hayman (1954) são os mais utilizados na avaliação de cruzamentos dialélicos, fornecendo os seguintes parâmetros, Capacidade Geral de Combinação (CGC) e Capacidade Específica de Combinação (CEC), o segundo método avalia os efeitos de variedades e heterose varietal; e o último método fornece informações referentes à herança das características em questão e seus mecanismos básicos, além dos valores genéticos e do limite de seleção.

Os parâmetros fornecidos pelas análises dialélicas pelo método de Griffing (1956). CGC e CEC são amplamente adotados na avaliação dos genitores quanto ao potencial deste como bom parental para futura população base.

A CGC do genitor, fornecida pelos dados das populações F_1 's derivadas deste, indica o quanto este genitor se diferencia da média geral dos demais indivíduos da população F_1 derivada dos outros pais. A interpretação deste parâmetro, por Cruz et al. (2004) é relativa a sua magnitude negativa ou positiva, significando, respectivamente, ser um genitor muito inferior ou superior aos demais genitores presentes no dialelo. Quando próximo de zero infere-se que o comportamento é próximo a média e o genitor é semelhante à maioria. Oliveira et al. (2004) adicionou que a interpretação de CGC depende do objetivo específico quanto à característica de interesse, no qual, se deseja reduzir a característica procura-se um menor CGC (mais negativo) e se o objetivo é elevar busca-se uma maior CGC. Huang et al. (2013) acrescentaram que a avaliação da CGC de linhagens de milho é um passo crucial para o desenvolvimento de híbridos superiores, sendo linhagens com CGC's elevadas essenciais na formação desses híbridos.

Já a CEC infere sobre os efeitos gênicos não aditivos. O alvo são as combinações com CEC mais elevadas, e que envolva pelo menos um genitor com alta CGC. Quando significativos, CEC pode ser manifestada em função dos efeitos de dominância e epistasia, e das diferenças nas frequências alélicas dos genitores para os locos responsáveis pela expressão de determinada característica (Hallauer et al., 2010).

Dentre as diversas opções apresentadas por Griffing (1956) tem-se os dialelos completos e parciais (Kempthorne e Curnow, 1961), de meia-Tabela e Tabela inteira (Cruz et al., 2004). Dentre os dialelos parciais, utiliza-se genitores apenas como pais, e outros apenas como mães, podendo assim obter informação genética ampla sobre maior número de genitores. Além disso, pode-se ter dialelos completos (todos os genitores são cruzados entre todos) e avaliação de diversas formas: apenas dos híbridos F₁; dos híbridos F₁ e genitores; dos híbridos F₁ e seus recíprocos (onde os pais se invertem); e dos híbridos F₁, seus recíprocos e seus genitores. Machado (2007) enfatiza que apesar dos métodos de Griffing terem sido desenvolvidos para linhagens, estes podem ser utilizados para qualquer população dotada, ou não, de algum grau de endogamia.

Hallauer et al. (2010) citaram as diversas opções quanto à aplicação dos métodos de Griffing (1956), podendo ser para um grupo de genitores fixo (as conclusões serão adotadas somente para o grupo de genitores avaliados) ou aleatórios (genitores representam a população de genitores existentes na região alvo, e as conclusões serão adotadas para o todo).

Cruz e Vencovsky (1989) citaram o método de Gardner e Eberhart (1966), que mede os efeitos de variedade e heterose, e o compararam com os métodos de Griffing (1956). Os autores demonstraram uma inter-relação entre os parâmetros e concluíram uma equivalência entre os parâmetros dos métodos e que há semelhança de informações genéticas fornecidas pelos dois métodos. Ademais, os autores elegem a CGC como a melhor estimativa para seleção de genitores. A CEC citada no trabalho foi uma indicadora da existência de dominância unidirecional e heterose varietal.

Além dos métodos discutidos e comparados acima, é válido comentar sobre o método de Hayman (1954), que exige a adoção do efeito de genitores como aleatório, ou seja, deve-se obter um número suficiente de genitores que possa ser representativo para a população que se deseja inferir sobre. Através deste método, os efeitos genéticos aditivos e de dominância são capazes de serem estimados, permitindo assim o

desenvolvimento da Análise de Variância, estimação dos componentes de variância, herdabilidade e o grau médio de dominância (Mather; Jinks, 1971). Santos (1984) acrescenta a possibilidade de classificação dos genótipos devido à proporção de alelos dominantes e recessivos e estimação dos limites seletivos das populações avaliadas.

De acordo com a literatura dois trabalhos que merecem ser destacados são Pacheco (1997) e Machado (2007) os quais fornecem informações em relação à estabilidade dos parâmetros da análise dialélica. Estes autores desdobraram os desvios de regressão de Eberhart e Russel, e inferiram sobre os efeitos genéticos aditivos e de dominância, concluindo que os programas de melhoramento poderiam ter mais êxitos se adotassem os genitores de acordo com a estabilidade da CGC e CEC.

2.3 Análises de cruzamentos dialélicos via modelos mistos

O método REML (Restricted Maximum Likelihood) foi proposto por Patterson e Thompson, em 1971, para estimação dos componentes de variância, tendo algumas propriedades positivas em relações aos métodos de estimação amplamente utilizados na época, como Métodos dos Momentos (ANOVA) e Estimação Quadrática da Norma Mínima (MINQE), por exemplo, apresentando não vício e permitindo a imposição de restrições de não negatividade (Duarte, 1996; Resende, 2007). Alguns autores provaram a superioridade de estimação de componentes de variância, através do REML, para situações de dados desbalanceados (Valério Filho, 1991; Marcelino; Iemma, 2000; Reis et al., 2005).

Neste contexto, o procedimento Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Prediction (REML/BLUP), também conhecido como metodologia de modelos mistos, permite a estimação dos componentes de variância e parâmetros genéticos e a predição dos valores genotípicos, simultaneamente. As obras de Henderson (1984, 1986) destacaram a eficácia do BLUP na predição de valores genéticos e Bernardo (1994, 1995, 1996a, 1996b) reforça a importância desse métodos para o melhoramento de plantas (Reis et al., 2005).

O BLUP (Henderson, 1975) maximiza a correlação entre o valor genotípico predito e o verdadeiro, ou seja, minimiza a variância do erro de predição (PEV), sendo não tendencioso por apresentar a esperança do valor genotípico predito igual ao valor genotípico verdadeiro (White e Hodge, 1989). Além disso, o BLUP permite o uso simultâneo de várias fontes de informação tais quais aquelas advindas de vários

experimentos instalados em um ou vários locais e avaliados em uma ou várias safras (Resende et al., 2014).

Carvalho et al. (2017) citaram a disponibilidade de informação genética consistente de milho com menor influência ambiental para o melhorista mesmo utilizando medidas fenotípicas das características. Através da utilização dos parâmetros fornecidos pelas análises dialélicas é possível de determinar o efeito genético aditivo dos progenitores além de estimar os parâmetros que quantificam a fração herdável da característica (Borges et al., 2010).

Buzinaro et al. (2018) comentaram que análise de dialelos via modelos mistos é vantajosa pelo fato da possibilidade de poder utilizar a informação dos parentais, permitindo ainda a estimação de ganhos sobre a média através da seleção dos progenitores. Resende (2016) afirmou que o método de modelos mistos para dialelos é o mais acurado em diferentes cenários. Vivas et al. (2014) acrescentou que modelos mistos é uma forma eficiente de estimar capacidades combinatórias para formação de híbridos. No entanto, ainda é escasso informações sobre análises de dialelos via análise de modelos mistos (Buzinaro et al., 2018).

A utilização do REML/BLUP em análises dialélicas multi-ambientes se torna uma alternativa atraente quando se analisa estas vantagens e o cenário atual. Desta forma, trabalhos visando encontrar CGC (expresso pelo efeito aditivo) e a CEC (expresso pelo dominância) através do REML/BLUP foram desenvolvidos (Reis et al., 2005; Möhring et al., 2011; Viana et al., 2011).

3 Material e Métodos

3.1 Material Genético

Para compor o experimento, foram utilizadas 12 populações derivadas da geração segregante (F_2) de híbridos comerciais mais plantados na região do sudoeste Goiano: P4285, 30F53, P3646 e 3K75 (Corteva); RB 9110 e RB 9210 (Riber KWS); CD 384 (CODETEC); AS 1633 e AS 1598 (Agroeste); 2B587 (Dow Agrosiences); e BM 709 e DKB 390 (Biomatrix); e uma população rústica proveniente do banco de germoplasma da Universidade Federal de Goiás, de origem de região de altas temperaturas. A partir dessas 13 populações segregantes gerou-se 78 híbridos (híbridos interpopulacionais) via cruzamentos dialélicos (Tabela 1) e multiplicação das 13 populações (equivalente a acasalamento ao acaso, com o genitor masculino e feminino sendo o mesmo – população F_2 de híbridos comerciais).

O plantio do campo para geração dos híbridos foi realizado em 8 de agosto de 2017. Para garantir o sincronismo entre todas as populações, foram plantadas duas linhas de dez metros uma semana posterior. Todos os possíveis híbridos foram produzidos e, no momento da colheita, cada híbrido, de forma individualizada, foi colhido.

O dialelo completo foi adaptado da metodologia 4 proposta por Griffing (1965) e está apresentado na Tabela 1.

Tabela 1. Dialelo completo envolvendo os 13 progenitores e suas respectivas autofecundações.

	1 ¹	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1 ¹	P1 ³	H1,2 ²	H1,3	H1,4	H1,5	H1,6	H1,7	H1,8	H1,9	H1,10	H1,11	H1,12	H1,13
2		P2	H2,3	H2,4	H2,5	H2,6	H2,7	H2,8	H2,9	H2,10	H2,11	H2,12	H2,13
3			P3	H3,4	H3,5	H3,6	H3,7	H3,8	H3,9	H3,10	H3,11	H3,12	H3,13
4				P4	H4,5	H4,6	H4,7	H4,8	H4,9	H4,10	H4,11	H4,12	H4,13
5					P5	H5,6	H5,7	H5,8	H5,9	H5,10	H5,11	H5,12	H5,13
6						P6	H6,7	H6,8	H6,9	H6,10	H6,11	H6,12	H6,13
7							P7	H7,8	H7,9	H7,10	H7,11	H7,12	H7,13
8								P8	H8,9	H8,10	H8,11	H8,12	H8,13
9									P9	H9,10	H9,11	H9,12	H9,13
10										P10	H10,11	H10,12	H10,13
11											P11	H11,12	H11,13
12												P12	H12,13
13													P13

¹Progenitores (Populações segregantes F₂ de Híbridos Comerciais), sendo 1) POP_P4285; 2) POP_30F53; 3) POP_P3646; 4) POP_30K75; 5) POP_RB9110; 6) POP_RB9210; 7) POP_CD384; 8) POP_AS1633; 9) POP_AS1598; 10) POP_2B587; 11) POP_BM709; 12) POP_DKB390; 13) Material rústico UFG; ²Cruzamentos híbridos provenientes das populações (Híbridos Interpopulacionais); ³Multiplicação dos progenitores

3.2 Experimentação

A rede experimental foi implantada em quatro ambientes (Tabela 2 e Figura 2). O delineamento experimental utilizado foi de blocos ao acaso com três repetições. Cada parcela foi constituída por quatro linhas de quatro metros e sessenta, sendo o espaçamento entre linhas de 0,45 m e entre plantas de 0,40 m, obtendo-se uma área de

7,2 m² por parcela. Aproximadamente 22 dias após o plantio, foram executados os desbastes nos experimentos, garantindo um estande de 44 plantas por parcela, o equivalente a aproximadamente 61 mil plantas por hectare.

Tabela 2: Dados de localização, altitudes e datas de plantio e colheita das quatro áreas experimentais, conduzidos no estado de Goiás, no ano de 2018.

Ambiente	Cidade	Coordenada	Altitude	Data de Plantio	Data de Colheita
1	Jataí – GO	17°55'27,63" S 51°42'45,51" O	685 m	14/02/2018	09/07/2018
2	Jataí - GO	17°50'4,70" S 51°29'53,29" O	865 m	19/02/2018	14/07/2018
3	Caiapônia - GO	17°30'25,06" S 51°54'35,68" O	818 m	24/02/2018	11/07/2018
4	Mineiros – GO	17°23'4,72" S 52°19'39,01" O	938 m	28/02/2018	13/07/2018

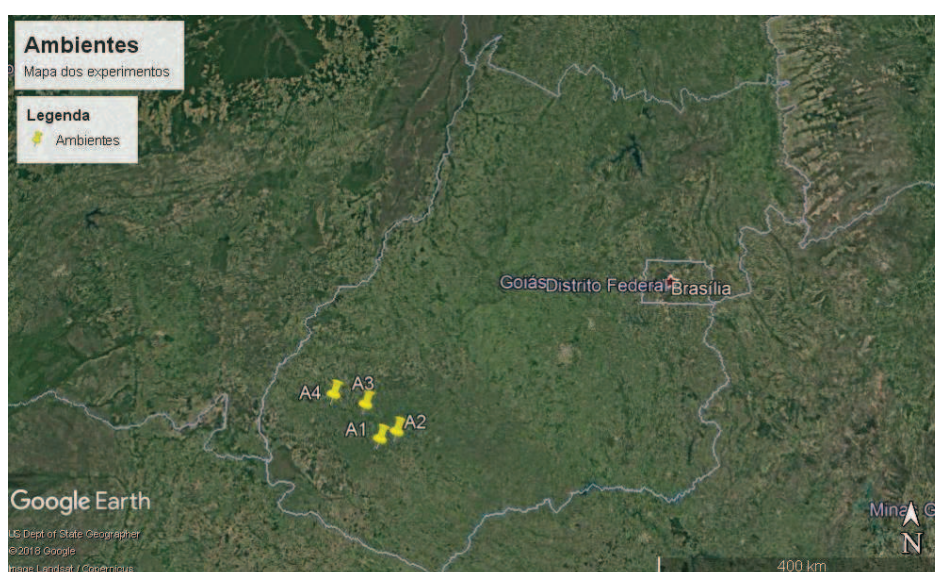


Figura 2: Mapa do estado de Goiás com a localização dos Ambientes (A) em Jataí (A1 e A3), Caiapônia (A2) e Mineiros (A4) avaliados no ano de 2018.

As áreas foram dessecadas antes do plantio e, em seguida, feito sulco para semear as parcelas. O controle de plantas daninhas foi feito com aplicação de atrazina. As adubações e os tratos culturais foram feitos conforme as recomendações para a cultura do milho (Cruz et al., 2008). O plantio foi manual, sendo aplicado após a germinação 300 kg/ha NPK 20-0-20, em duas vezes (15 e 21 dias).

A avaliação de cada parcela foi feita considerando somente as duas linhas centrais, para evitar o efeito de competição. Neste momento, reduziu-se a área da parcela para 3,6 m² e apenas 22 plantas no estande. As variáveis avaliadas foram: florescimento masculino e feminino (dias), altura da planta e da espiga (metros), estande, acamamento e quebra (número de plantas), número de espigas, espigas por planta, comprimento de cinco espigas e diâmetro de cinco espigas (centímetros) e produtividade de espiga e grãos (quilogramas por hectare) e umidade (% para correção do peso de espigas e de grãos).

A avaliação de florescimento, masculino (PN) e feminino (FL), foi realizada pela contagem de dias desde o plantio até 50% das plantas da parcela começarem a apresentar pendões emitindo pólen (florescimento masculino), e até 50% das plantas da parcela apresentar estilo-estigmas visíveis (florescimento feminino).

As alturas de planta (AP) e de espiga (AE) foram obtidas, com o auxílio de uma régua, em metros, com duas casas decimais, e foi mensurada a altura do solo à inserção da folha bandeira (altura da planta) e do solo à inserção da espiga mais alta (altura da espiga). Esta medida foi obtida em 3 plantas representativas em cada uma das duas linhas da parcela, que foram colhidas ao final do experimento, contabilizando 6 plantas por parcela.

O estande foi obtido pela contagem de plantas presentes nas duas linhas centrais da parcela, que seriam posteriormente colhidos, sendo convertido para plantas por hectare, posteriormente.

Para obtenção de acamamento (ACA) e quebra (QUE) foi realizada a contagem das plantas presentes nas duas linhas da parcela que seriam colhidas. Sendo ACA, as plantas que estivessem com o colmo inclinado, desde a raiz, a um ângulo inferior a 60° do solo, e QUE seria o número de plantas que tiveram o colmo quebrado abaixo da espiga.

Número de espigas refere-se a contagem do número total de espigas colhidas por parcela útil (apenas as duas linhas no interior da parcela). Espigas por planta (EPP)

foi obtido através da relação entre o número de espigas colhidos na parcela e o estande. A razão entre essas duas variáveis fornece o número de espigas por planta (média).

As medidas de comprimento (CES) e diâmetro (DES) de cinco espigas foram obtidas com o auxílio de uma régua, em centímetros, com uma casa decimal. Foram utilizadas cinco espigas representativas da amostra de todas as espigas colhidas na parcela. Para o comprimento foi utilizado apenas até o ponto da espiga onde havia grãos, a parte final da espiga, sem grãos, foi desconsiderada. Para o diâmetro foram empilhadas as espigas na forma horizontal sobre a régua e foi medido o diâmetro mediano das espigas.

A produção de espigas (PRE) foi feita com a pesagem de todas as espigas colhidas na parcela e grãos (PRG) foi obtida após a debulha utilizando um debulhador elétrico e mensurada com o auxílio de uma balança que considera três casas decimais, em que se observou o peso obtido em cada parcela e converteu para a produção em quilogramas por hectare. Todo o cálculo de peso de grãos foi corrigido para umidade de 13%.

A umidade foi obtida por Medidor de Umidade G650i, Gehaka, que fornece uma umidade com uma casa decimal.

3.3 Análises Genético-Estatísticas

Foi realizada uma análise de variância para característica estande. E foi utilizado o método de correção de estande proposto por Schmildt et al. (2001) através do software GENES (Cruz, 2013), sendo assim, a característica de produção de grãos foi corrigida para o estande de 22 plantas por parcela.

Para estimação dos componentes de variância e predição dos valores genéticos, foi utilizado o procedimento Máxima Verossimilhança Restrita / Melhor Predição Linear não Viesada (REML/BLUP), de acordo com Patterson e Thompson (1971) e Henderson (1975).

A execução das análises dialélicas foram feitas utilizando o software SELEGEN-REML/BLUP (Resende, 2016).

3.3.1 Análises individuais

O modelo estatístico associado à avaliação dos dialelos, em delineamento em blocos ao acaso, em apenas um ambiente, com uma observação por parcela e genitores não aparentados (modelo 36 do software SELEGEN-REML/BLUP), é dado por:

$$y = Xr + Za + Wf + e$$

em que: y é o vetor de dados fenotípicos; r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios); f é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos (aleatórios); e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A significância de cada efeito aleatório do modelo estatístico foi avaliada pelo Teste da Razão Verossimilhança (LRT) (Wilks, 1938), utilizando a estatística Qui-Quadrado, com 1 grau de liberdade e 0,05 de probabilidade.

A variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), variância genética de dominância ($\hat{\sigma}_d^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_{fen}^2$), herdabilidade no sentido restrito (h_a^2) e herdabilidade no sentido amplo (h_g^2) foram obtidas através das seguintes equações (Griffing, 1956; Pádua et al., 2016):

$$\hat{\sigma}_a^2 = 4 \hat{\sigma}_{CGC}^2 ;$$

$$\hat{\sigma}_d^2 = 4 \hat{\sigma}_{CEC}^2 ;$$

$$\hat{\sigma}_{fen}^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_e^2 ;$$

$$h_a^2 = \hat{\sigma}_a^2 / \hat{\sigma}_{fen}^2 ; e$$

$$h_g^2 = (\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_d^2) / \hat{\sigma}_{fen}^2$$

em que: $\hat{\sigma}_{CGC}^2$ é a variância da capacidade geral de combinação, $\hat{\sigma}_{CEC}^2$: é a variância da capacidade específica de combinação, e $\hat{\sigma}_e^2$ é a variância residual.

3.3.2 Análise conjunta

O modelo estatístico associado à avaliação dos dialelos, em delineamento em blocos ao acaso, em vários ambientes, com uma observação por parcela e genitores não aparentados (modelo 34 do software SELEGEN-REML/BLUP), é dado por:

$$y = Xr + Za + Wif + Tf + Sia + e$$

em que: y é o vetor dos dados fenotípicos; r é o vetor dos efeitos fixos (repetição – ambiente - testemunha) somados à média geral; a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (aleatórios); if é o vetor dos efeitos da interação dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos com locais (aleatórios); f é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos (aleatórios); ia é o vetor dos efeitos da interação dos efeitos genéticos aditivos com locais (aleatórios); e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), variância genética de dominância ($\hat{\sigma}_d^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_{fen}^2$), herdabilidade no sentido restrito (h_a^2) e herdabilidade no sentido amplo (h_g^2) foram obtidas através das seguintes equações (Griffing, 1956; Pádua et al., 2016):

$$\hat{\sigma}_a^2 = 4 \hat{\sigma}_{CGC}^2 ;$$

$$\hat{\sigma}_d^2 = 4 \hat{\sigma}_{CEC}^2 ;$$

$$\hat{\sigma}_{fen}^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_{axl}^2 + \hat{\sigma}_{daxl}^2 + \hat{\sigma}_e^2$$

$$h_a^2 = \hat{\sigma}_a^2 / \hat{\sigma}_{fen}^2 ;$$

$$h_g^2 = (\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_d^2) / \hat{\sigma}_{fen}^2$$

em que: $\hat{\sigma}_{axl}^2$ é a variância da interação do efeito aditivo com locais e $\hat{\sigma}_{daxl}^2$ é a variância do efeito de dominância com locais.

A herdabilidade individual dos efeito de dominância (c_d^2) e o valor genético de cada híbrido é dado por (Resende, 2016):

$$c_d^2 = \hat{\sigma}_d^2 / \hat{\sigma}_{fen}^2$$

$$VG_{ij} = \mu + \frac{1}{2}a_i + \frac{1}{2}a_j + CEC_{ij},$$

em que: VG_{ij} é o valor genético do genótipo ij ; μ é a média geral; a_i é o valor genético aditivo do pai i (Capacidade Geral de Combinação); a_j é o valor genético aditivo do pai j (Capacidade Geral de Combinação); CEC_{ij} é o valor da Capacidade Específica de Combinação do cruzamento ij .

4 Resultados e Discussão

4.1 Estande

A partir da análise de variância para a característica estande verificou-se que em dois ambientes o efeito de tratamento foi significativo, pelo teste F a 5% de probabilidade, pelo software GENES (Cruz, 2013) (Tabela 3). Posteriormente, realizou-se a correção de estande, conforme Schmildt et al. (2001), que recalculou os valores da produção de acordo com o estande ideal, variando apenas 2% a média geral da produtividade, e alterando muito pouco o quadrado médio do resíduo, que são os dois parâmetros utilizados para conferir qualidade da correção (Schmildt et al., 2001). Os coeficientes de variação foram todos inferiores a 10%, demonstrando boa precisão experimental, e as médias estiveram entre 21,53 e 22,41, muito próximas do estande ideal.

Tabela 3: Análise de Variância para a característica estande, nos quatro ambientes avaliados.

Fontes de Variação	G.L.	Quadrado Médio ¹			
		A ² 1	A 2	A 3	A 4
Blocos	2	3,1939	3,03401	15,7449	50,8197
Genótipos	97	2,5968*	1,868048 ^{ns}	3,3512 ^{ns}	7,7079*
Resíduo	194	1,9430	1,5048	2,8136	4,5654
Média		22,41	21,53	21,56	22,00
CV(%) ³		5,47	6,47	7,78	9,71

¹Quadrado Médio de Estande; ²Ambiente; ³Coefficiente de Variação

*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F ^a

4.2 Análises Individuais

Na Figura 3 está apresentado o Teste da Razão Verossimilhança (LRT) para os efeitos genéticos aditivos e devidos aos desvios de dominância, para cada característica, em cada ambiente.

A significância do efeito aditivo, pelo LRT, indica que a expressão fenotípica da característica se deve, em partes, à fração genética aditiva, ou seja, o valor aditivo de cada alelo tem importância na expressão da característica, sendo uma importante informação para situações que buscam encontrar genitores com alelos favoráveis pois é esperado que metade do valor genético aditivo será transmitido para o descendente. Para as características que apresentaram efeito de dominância significativa pelo LRT interpreta-se que há heterose, ou seja, a confecção de híbridos é uma estratégia potencial.

Nota-se que no ambiente 1 todas as características avaliadas, com exceção de Número de plantas quebradas (QUE) e Espigas por planta (EPP), apresentaram efeito aditivo significativo, e as características Altura de planta (AP), Altura de espiga (AE), Produtividade de espigas (PRE) e Produtividade de grãos (PRG) apresentaram efeito de dominância significativo, além do aditivo.

Para o ambiente 2 verifica-se que a única diferença em relação ao ambiente 1, em termos de significância dos efeitos aditivos, refere-se a Número de plantas acamadas (ACA) que apresentou efeito não significativo neste ambiente, para efeito de dominância, apenas as características de Florescimento masculino (PN) e AP que foram significativos.

Quanto ao ambiente 3 apenas as características PN, Florescimento feminino (FL), AP, AE, QUE e Diâmetro de 5 espigas (DES), foram significativas para efeito aditivo, já para efeito de dominância, apenas AP foi significativo.

O ambiente 4 apresentou o efeito aditivo significativo para FL, AP, AE, Comprimento de 5 espigas (CES), DES e PRE, e apenas a característica FL foi significativa para o efeito de dominância.

Hassan et al. (2016), avaliando dialelos de milho, verificaram efeitos aditivo e não aditivos (de dominância) significativos para a característica AE, concluindo que os cruzamentos entre os genitores utilizados no seu trabalho forneceram híbridos superiores para esta característica. Além disso, a EPP apresentou alto efeito de

dominância, sendo apropriado a hibridação para capitalizar a heterose. Já para PRG, o efeito não aditivo (de dominância) foi predominante.

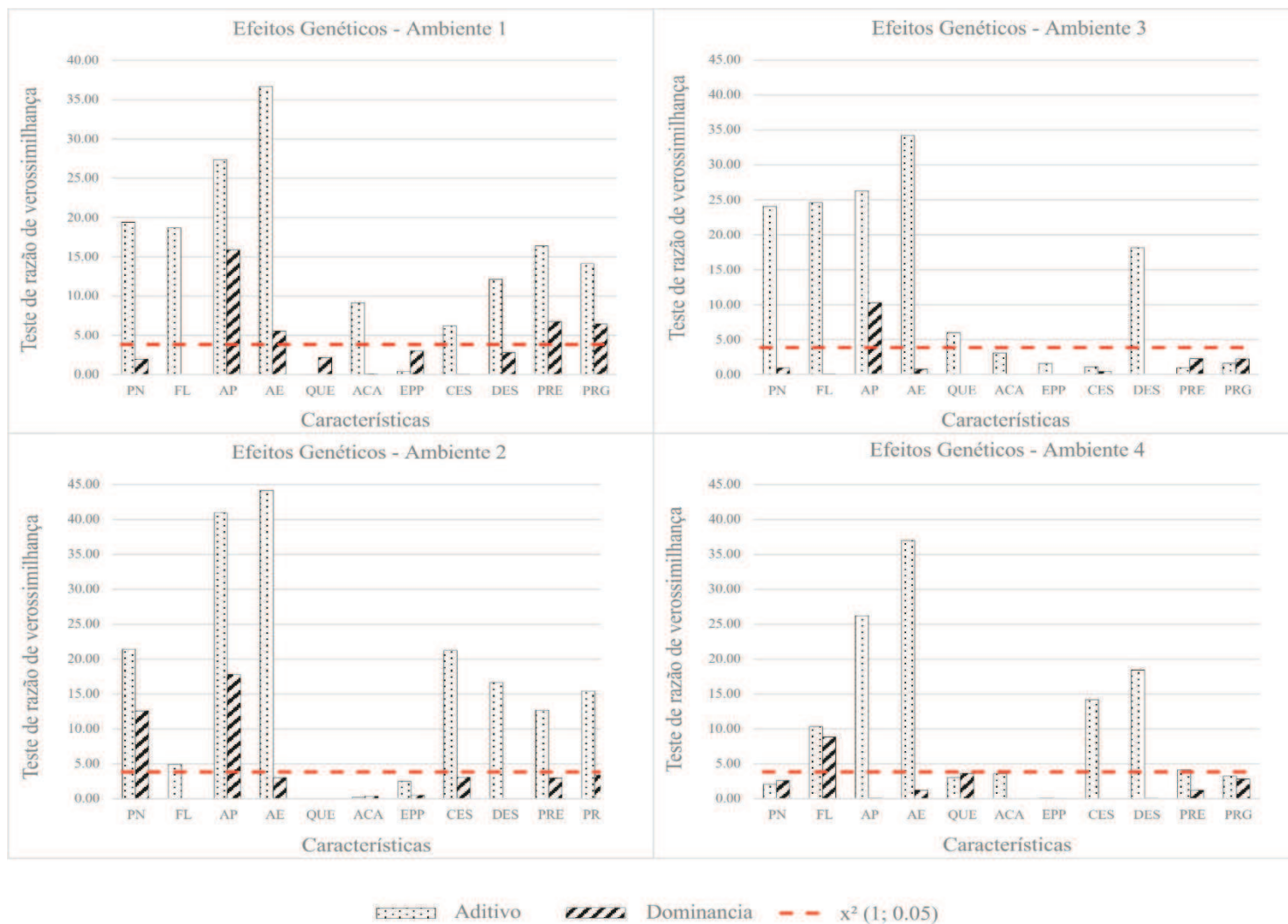


Figura 3: Efeitos Genéticos nos ambientes 1, 2, 3 e 4, através do Teste de Razão de Verossimilhança, para experimento conduzido em Jataí (1 e 2), Caiapônia (3) e Mineiros (4), no estado de Goiás, no ano de 2018, para 11 características avaliadas (PN – florescimento masculino, em dias; FL – florescimento feminino, em dias; AP – Altura de planta, em metros; AE- Altura de Espiga, em metros; QUE – número de plantas quebradas; ACA – número de plantas acamadas; EPP – Espigas por planta; CES – Comprimento de 5 espigas, em cm; DES – Diâmetro de 5 espigas, em cm; PRE – Produtividade de espigas, kg/ha; PRG – Produtividade de grãos, kg/ha).

Na Tabela 4, são apresentadas as estimativas dos componentes de variância, parâmetros genéticos e experimentais para cada característica em cada ambiente. Observa-se que o Coeficiente de Variação (CV) se manteve entre 2 até 21% para todas as características avaliadas, exceto para QUE, com valores de CV entre 27 e 85% e ACA, variando de 56 a 99%, valores similares foram reportados por Ferreira et al. (2009), Marchão et al. (2005) e Martín et al. (2005). Em alguns trabalhos, como o de Marchão et al. (2005) são encontrados CV's de até 176% para ACA e 191% para QUE. Estes valores elevados podem ser devido ao tipo de dados, proveniente de contagem, em que o efeito do ambiente afeta em altas proporções, e os ambientes avaliados não apresentaram problemas como incidência de ventos ou fortes chuvas, por exemplo, sendo uma observação pouco conclusiva sobre as características. Martín et al. (2005) ainda complementam que a precisão experimental para essas características é influenciada pela heterogeneidade do solo e material experimental.

Tabela 4: Componentes de variância, parâmetros genéticos e experimentais das onze características avaliadas no ano de 2018, nos quatro ambientes, individualmente.

AMBIENTE 1											
Parâmetro	PN	FL	AP	AE	QUE	ACA	EPP	CES	DES	PRE	PRG
σ_a^2	1,0880	0,5757	0,0120	0,0091	0,0012	0,2067	0,0004	5,6239	0,4287	920598,4211	592224,6700
σ_d^2	0,7049	0,0456	0,0122	0,0047	0,0462	0,0740	0,0044	2,1544	0,4765	1126290,5297	812271,1438
σ_e^2	1,5689	1,2134	0,0075	0,0057	0,0995	0,7058	0,0078	26,3147	0,8720	1217750,4026	893977,3904
σ_f^2	3,3618	1,8347	0,0317	0,0195	0,1469	0,9865	0,0127	34,0930	1,7772	3264639,3534	2298473,2042
h_r^2	0,3236	0,3138	0,3798	0,4682	0,0078	0,2095	0,0350	0,1650	0,2412	0,2820	0,2577
h_a^2	0,5333	0,3386	0,7642	0,7075	0,3225	0,2845	0,3843	0,2281	0,5093	0,6270	0,6111
c_d^2	0,2097	0,0249	0,3844	0,2394	0,3147	0,0750	0,3493	0,0632	0,2681	0,3450	0,3534
Média	61,8859	62,2893	2,0188	1,0535	0,2079	0,5589	0,9400	74,2334	22,4574	6649,2975	5452,4928
CV(%)	2,6065	2,3273	7,6545	10,9834	32,4899	56,9969	10,5241	7,4667	5,4745	19,2717	19,7684

AMBIENTE 2											
Parâmetro	PN	FL	AP	AE	QUE	ACA	EPP	CES	DES	PRE	PRG
σ_a^2	1,5486	0,5688	0,0125	0,0079	0,0000	0,0375	0,0007	13,8796	0,3924	562607,7976	468270,9082
σ_d^2	1,8471	0,2026	0,0084	0,0025	0,0010	0,2272	0,0012	9,8911	0,0560	611046,5633	462263,8779
σ_e^2	1,3309	3,2226	0,0048	0,0045	0,0368	1,3146	0,0058	17,1327	0,8540	1083367,3674	758426,7123
σ_f^2	4,7266	3,9940	0,0257	0,0149	0,0378	1,5793	0,0077	40,9035	1,3025	2257021,7283	1688961,4984
h_r^2	0,3276	0,1424	0,4863	0,5286	0,0004	0,0237	0,0956	0,3393	0,3013	0,2493	0,2773
h_a^2	0,7184	0,1931	0,8144	0,6995	0,0277	0,1676	0,2528	0,5811	0,3443	0,5200	0,5510
c_d^2	0,3908	0,0507	0,3281	0,1709	0,0273	0,1439	0,1572	0,2418	0,0430	0,2707	0,2737
Média	63,2610	63,5563	2,1717	1,1762	0,0692	0,1768	0,9397	74,0455	23,1443	7316,4543	5871,8500
CV(%)	2,8221	3,1853	6,5747	8,6579	27,6385	99,7607	8,6915	7,0364	4,6762	16,5394	17,3036

Tabela 4 (continuação)

AMBIENTE 3											
Parâmetro	PN	FL	AP	AE	QUE	ACA	EPP	CES	DES	PRE	PRG
σ_a^2	1,4404	1,5287	0,0117	0,0079	0,0716	0,0160	0,0006	4,4761	0,4403	165185,0334	138430,7643
σ_d^2	0,5489	0,2024	0,0106	0,0019	0,0099	0,0030	0,0001	11,5142	0,0292	922928,0981	567994,2658
σ_e^2	1,8586	2,2419	0,0088	0,0072	0,4053	0,1407	0,0076	58,5449	0,9998	1923145,5898	1188730,3052
σ_f^2	3,8479	3,9731	0,0311	0,0170	0,4867	0,1597	0,0083	74,5352	1,4693	3011258,7212	1895155,3353
h_r^2	0,3743	0,3848	0,3752	0,4646	0,1470	0,1003	0,0692	0,0601	0,2996	0,0549	0,0730
h_a^2	0,5170	0,4357	0,7173	0,5748	0,1674	0,1191	0,0832	0,2145	0,3195	0,3613	0,3728
c_d^2	0,1426	0,0510	0,3421	0,1102	0,0204	0,0188	0,0140	0,1545	0,0199	0,3065	0,2997
Média	62,6919	63,1476	1,9981	0,9813	0,1123	0,0117	0,9646	74,9113	23,6351	7602,9745	5697,9108
CV(%)	2,9078	3,0785	7,2575	10,8092	85,3169	61,2372	10,0858	9,9453	4,9587	17,7871	18,6724

AMBIENTE 4											
Parâmetro	PN	FL	AP	AE	QUE	ACA	EPP	CES	DES	PRE	PRG
σ_a^2	0,2016	0,2106	0,0073	0,0075	0,1224	0,2299	0,0002	8,1303	0,4659	263505,7408	133120,7884
σ_d^2	0,7638	0,4647	0,0008	0,0020	0,4172	0,0499	0,0009	0,7543	0,0647	465553,5266	393397,6821
σ_e^2	1,4585	1,5729	0,0101	0,0059	0,6579	1,8243	0,0125	22,0173	0,9148	1317866,5580	692834,2217
σ_f^2	2,4239	2,2483	0,0182	0,0155	1,1975	2,1040	0,0135	30,9019	1,4455	2046925,8254	1219352,6923
h_r^2	0,0832	0,0937	0,3996	0,4834	0,1022	0,1093	0,0139	0,2631	0,3223	0,1287	0,1092
h_a^2	0,3983	0,3004	0,4452	0,6157	0,4506	0,1330	0,0778	0,2875	0,3671	0,3562	0,4318
c_d^2	0,3151	0,2067	0,0456	0,1323	0,3484	0,0237	0,0640	0,0244	0,0448	0,2274	0,3226
Média	67,1496	67,3937	1,9182	0,9358	0,3489	1,0424	0,9049	68,4133	22,7262	5356,3632	3849,4627
CV(%)	2,2899	2,3188	7,1752	10,9233	68,8053	69,7483	12,9815	7,5315	4,8007	20,7386	21,3057

σ_a^2 : Variância aditiva; σ_d^2 : variância de dominância; σ_e^2 : variância residual; σ_f^2 : variância fenotípica; h_r^2 : herdabilidade no sentido restrito; h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo; c_d^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de dominância; Média: Média Genotípica e CV(%): Coeficiente de Variação, de cada característica, em porcentagem, (PN: florescimento masculino, em dias; FL: florescimento feminino, em dias; AP: Altura de planta, em metros; AE: Altura de Espiga, em metros; QUE: número de plantas quebradas; ACA: número de plantas acamadas; EPP: Espigas por planta; CES: Comprimento de 5 espigas, em cm; DES: Diâmetro de 5 espigas, em cm; PRE: Produtividade de espigas, kg/ha; PRG: Produtividade de grãos, kg/ha).

Observa-se ainda na Tabela 4 que a média genotípica (Média) de cada característica em cada ambiente, sendo possível observar qual ambiente apresentou melhores condições para as características avaliadas. Destacando-se o ambiente 1 com as médias mais baixas para PN e FL, ou seja, ciclo mais precoce devido às características do ambiente. O ambiente 2 se destacou na maior média de PRG.

Ao analisar os parâmetros genéticos, pode-se notar, através das herdabilidades, grande diferença entre os ambientes para as diversas características. Hallauer e Miranda Filho (1995) classificaram as herdabilidades em milho como: baixa ($\hat{h}^2 < 0,30$); média ou intermediária ($0,30 < \hat{h}^2 < 0,70$), e alta ($\hat{h}^2 > 0,70$). De acordo com os resultados, para PN, FL, AP e AE, a herdabilidade no sentido restrito (h^2_r) mais altas foram obtidas nos ambientes 2 e 3, já para as características QUE e ACA há alta variação entre os ambientes, no caso de QUE varia de 0,0004 (ambiente 2) a 0,1470 (ambiente 3). Pode-se notar que EPP varia de 0,0139 (ambiente 4) a 0,0956 (ambiente 2), para CES vale destacar a herdabilidade muito baixa do ambiente 2 (0,0601), enquanto os outros ambientes apresentaram herdabilidades baixa a média, entre 0,1650 e 0,3393; quanto a DES, o ambiente 2 e 4 apresentaram herdabilidades intermediárias de 0,3013 e 0,3223, respectivamente, enquanto os outros ambientes tiveram em torno de 0,26, herdabilidades classificadas como baixas; PRE e PRG apresentaram os ambientes 3 e 4 com herdabilidades muito inferiores aos outros dois, de 0,0549 e 0,1287 para PRE, e 0,0730 e 0,1092 para PRG, os outros dois ambientes (1 e 2) apresentaram valores superiores a 0,24 para ambas as características.

O coeficiente de determinação dos efeitos de dominância (c_d^2) foram discutidos somente para as características que tiveram o efeito de dominância significativa em cada ambiente. Este efeito indica quais estratégias podem ser preconizadas para melhoria das características em questão. Em que altos coeficientes significam possibilidade de geração de melhores genótipos devido à efeitos de heterose, dominância, sobredominância e epistasia (Carvalho et al., 2017). Nota-se que, no ambiente 1, AP, PRE e PRG estiveram entre 0,34 e 0,38 (coeficiente intermediário), e AE apresentou baixo coeficiente de determinação (0,23). No ambiente 2, por sua vez, PN e AP apresentaram c_d^2 médios. O ambiente 3, onde somente AP apresentou efeito de dominância significativo, apresentou um coeficiente de determinação para este efeito de 0,34, E o ambiente 4, em que FL foi a única característica com efeito de dominância significativo, pelo teste qui-quadrado, a c_d^2 foi de 0,21, portanto, baixo.

O estudo da herdabilidade e coeficiente de determinação dos efeitos de dominância inferem quanto da variação total é devido às frações genéticas aditivas e de dominância, respectivamente (efeitos genotípicos). Ou seja, através destes parâmetros é possível averiguar as proporções dos efeitos genéticos aditivo e de dominância (caso ambos tenham sido significativos pelo teste LRT) (Pádua et al., 2016; Wuhiab; Hadi; Hassan, 2016) e quanto da variância ambiental influencia em cada característica. Sendo possível assim traçar estratégias para o programa de melhoramento de acordo com o ideótipo pré-estabelecido.

A desuniformidade observada entre os ambientes pode ser devido a diversos fatores, tais como: estresses bióticos (Massola Júnior, 2001), estresses abióticos (Al-Naggar et al., 2015; Dias et al., 2018), altitude do local (DeLima; Borém, 2018), dentre outros. Assim, o comportamento dos genótipos em diversos ambientes deve ser avaliado visando contornar os efeitos adversos da interação genótipo x ambiente.

Uma maneira de se obter medidas mais confiáveis e precisas dos componentes de variância e parâmetros genéticos, é a implementação da análise conjunta. Como observado, nos quatro ambientes nota-se um comportamento distinto entre as características. A análise conjunta, em que os vários ambientes são considerados simultaneamente, e considera os efeitos da interação do efeito aditivo com os locais e do efeito de dominância com os locais, é a melhor estratégia para fins de seleção e recomendação de genótipos superiores, que serão recomendados para vários ambientes, seja uma micro ou macro região.

Sobre a análise dialélica, e os ranqueamentos dos progenitores (Tabela 5) e dos híbridos (Tabela 6) será adotado, neste estudo, a PRG, como a característica primordial para formação das populações-base do programa de melhoramento genético em questão. Do mesmo modo, Oliboni et al. (2013) avaliaram doze híbridos comerciais, em três ambientes diferentes, e utilizaram essa mesma característica para fins de formação de populações-base. Wuhiab, Hadi e Hassan (2016) também seguiram esta característica como um dos focos de seus estudos. Desta forma, a PRG é a principal característica utilizada visando encontrar os melhores progenitores para geração de futuras populações endogâmicas (Pfann et al., 2009), e posteriormente, se trabalhar as características secundárias.

Na Tabela 5, verifica-se que os melhores progenitores em cada ambiente se diferem, como é o caso dos progenitores 7 e 11, que estão entre os cinco melhores

progenitores do ambiente 1, e já no ambiente 2 estão entre os progenitores medianos. Já no ambiente 3, encontra-se um caso mais extremo, os segundo e terceiro melhores progenitores (6 e 3) são os dois piores progenitores do ambiente 1, comprovando que a avaliação dos melhores progenitores, através da CGC, ou seja, pelo valor aditivo, está sendo altamente influenciada pelo ambiente em que se avalia.

Tabela 5: Ranqueamento dos progenitores de acordo com o valor genético aditivo para a variável de produtividade de grãos (em kg/ha) – PRG, em experimento conduzido em 4 ambientes (A1, A2, A3 e A4), no ano de 2018.

Ordem	A 1		A 2		A 3		A 4	
	Prog ^a	CGC ^b	Prog ^a	CGC ^b	Prog ^a	CGC ^b	Prog ^a	CGC ^b
1	10	1155,90	1	1254,98	10	291,03	12	377,45
2	1	1081,49	10	490,33	6	290,17	6	198,79
3	12	562,48	12	455,18	3	229,66	4	197,55
4	7	233,99	8	439,48	1	140,51	2	165,00
5	11	227,29	2	404,48	12	137,40	3	94,62
6	2	204,92	6	265,35	7	54,21	11	85,25
7	8	74,82	7	-219,59	2	48,78	10	42,19
8	4	-250,33	11	-247,74	8	-6,44	5	38,12
9	9	-377,11	3	-328,20	4	-13,50	9	18,33
10	13	-464,06	9	-454,46	5	-109,61	1	-5,34
11	5	-733,61	5	-565,18	9	-214,39	8	-201,49
12	3	-778,75	4	-574,87	11	-405,55	7	-414,89
13	6	-937,02	13	-919,73	13	-442,28	13	-595,57

^aProgenitores; ^bValor genético aditivo (CGC); A1= Ambiente 1; A2 = Ambiente 2; A3 = Ambiente 3 e A4 = Ambiente 4

Já na Tabela 6 estão apresentados os híbridos ranqueados em cada ambiente de acordo com os valores genotípicos. Nota-se que quando avaliados os melhores cruzamentos em cada ambiente são poucos os materiais que se repetem em todos. Em alguns casos o genótipo é ranqueado entre os dez melhores uma única vez. Demonstrando que o valor genotípico do material altera muito ao longo dos ambientes.

Essa alteração de valores de CGC e CEC pode ser explicado pela herdabilidade (h^2_a) e coeficiente de determinação (c^2_d), em que, como observado na Tabela 4, a variância ambiental explica de 0,39 a 0,63, para CGC, e de 0,68 a 0,73, para CEC, na variação total da característica, entre os quatro ambientes.

Tabela 6: Ranqueamento dos híbridos em cada ambiente (A), de acordo com a o valor genotípico predito.

Ordem	A ¹	A2	A 3	A 4	Ordem	A ¹	A2	A 3	A 4
1	H10,12	H1,8	H3,6	H3,6	40	H1,6	H1,13	H3,8	H2,10
2	H2,10	H1,12	H3,12	H9,11	41	H1,13	H7,8	H8,12	H3,9
3	H1,12	H1,2	H4,6	H2,4	42	H6,10	H5,6	H2,4	H5,11
4	H1,10	H2,10	H7,12	H3,12	43	H3,8	H9,10	H6,13	H1,6
5	H1,8	H1,10	H8,10	H2,6	44	H8,13	H4,8	H5,12	H4,11
6	H1,7	H8,10	H4,10	H4,9	45	H7,9	H2,9	H1,8	H2,7
7	H1,11	H1,11	H6,12	H8,12	46	H3,7	H2,4	H3,11	H1,11
8	H7,10	H1,7	H3,10	H1,12	47	H5,7	H8,9	H1,5	H3,8
9	H10,11	H1,9	H7,10	H2,12	48	H11,13	H4,6	H5,9	H10,13
10	H1,2	H1,6	H10,12	H5,12	49	H5,12	H10,13	H4,12	H3,7
11	H1,4	H6,10	H1,12	H10,11	50	H2,4	H5,10	H2,5	H1,2
12	H8,10	H6,12	H1,2	H11,12	51	H7,13	H8,13	H9,12	H4,8
13	H2,12	H1,3	H7,8	H3,4	52	H4,9	H3,11	H4,9	H3,10
14	H7,11	H8,12	H1,3	H6,7	53	H4,8	H4,5	H2,9	H6,9
15	H4,10	H1,4	H1,10	H2,3	54	H4,12	H7,9	H3,13	H12,13
16	H7,12	H2,12	H6,10	H6,12	55	H2,3	H4,12	H6,11	H4,13
17	H9,10	H3,8	H1,6	H4,5	56	H12,13	H6,13	H9,11	H8,11
18	H2,11	H9,12	H2,3	H2,9	57	H2,7	H3,4	H4,5	H1,10
19	H1,3	H2,6	H5,6	H9,12	58	H4,5	H6,9	H8,9	H2,13
20	H11,12	H10,12	H2,6	H4,6	59	H5,11	H3,7	H1,11	H3,5
21	H10,13	H7,12	H2,7	H5,8	60	H9,13	H7,11	H5,11	H5,9
22	H5,8	H1,5	H2,12	H1,3	61	H6,11	H4,7	H8,11	H8,9
23	H7,8	H7,10	H5,10	H6,10	62	H8,9	H9,11	H8,13	H6,8
24	H1,5	H6,11	H1,9	H1,4	63	H2,5	H2,13	H12,13	H7,11
25	H9,12	H3,10	H6,7	H5,6	64	H5,9	H12,13	H2,13	H4,7
26	H4,13	H2,11	H1,7	H6,11	65	H4,11	H4,10	H1,13	H5,7
27	H6,12	H3,12	H6,8	H7,12	66	H3,4	H5,11	H7,9	H1,7
28	H8,12	H8,11	H10,13	H2,5	67	H6,8	H5,13	H10,11	H11,13
29	H4,7	H10,11	H2,10	H1,9	68	H6,13	H3,9	H6,9	H2,8
30	H2,13	H6,7	H3,9	H4,10	69	H3,9	H7,13	H11,13	H7,10
31	H3,10	H2,5	H3,4	H1,5	70	H2,8	H9,13	H4,13	H6,13
32	H9,11	H6,8	H5,7	H3,11	71	H6,7	H4,11	H5,13	H9,13
33	H2,9	H3,6	H5,8	H8,10	72	H5,13	H4,9	H2,8	H5,13
34	H5,10	H5,8	H1,4	H4,12	73	H4,6	H5,9	H3,5	H8,13
35	H8,11	H2,7	H2,11	H9,10	74	H6,9	H4,13	H7,13	H7,9
36	H3,12	H11,12	H3,7	H1,8	75	H5,6	H5,7	H7,11	H1,13
37	H3,11	H2,8	H4,8	H10,12	76	H3,13	H11,13	H4,11	H3,13
38	H2,6	H5,12	H9,10	H5,10	77	H3,5	H3,13	H11,12	H7,8
39	H1,9	H2,3	H4,7	H2,11	78	H3,6	H3,5	H9,13	H7,13

¹Ambiente

Na Tabela 7 está apresentada a Capacidade Específica de Combinação (CEC) presente em cada ambiente, como complemento da Tabela 6, e é demonstrado que mesmo que alguns materiais tenham bons pais, a CEC, ou seja, o desvio devido aos efeitos de dominância, altera significativamente o valor genético dos híbridos. Modificando, conseqüentemente o ranqueamento dos híbridos em cada ambiente (observado na Tabela 6). Nota-se que em alguns materiais, como no caso do H1,5, H1,7, H1,8, H1,9 e H 1,11, por exemplo, há alteração do sentido da CEC, que é um desvio de dominância positivo para uns ambientes, e em outros ambientes, se torna negativo. Como apresentado também por Buzinaro et al. (2018) em um estudo com *Azospirillum brasilense* e eficiência quanto ao uso de nitrogênio em milho, os autores destacaram os híbridos que se mantiveram com CEC's positivas e confirmaram o alto efeito de dominância quando cruzados, independente do ambiente.

Tabela 7: Valores de CEC, de acordo com a característica produtividade de grãos (em kg/ha) – PRG, para os dialelos, em cada um dos quatro ambientes, no ano de 2018.

Código	A ¹ 1	A 2	A 3	A 4	Código	A ¹ 1	A 2	A 3	A 4
H1,2	103.14	194.06	178.50	-178.01	H4,11	-529.95	-227.12	-328.31	-191.89
H1,3	196.43	0.46	53.29	164.44	H4,12	-417.55	-212.23	-121.28	-214.44
H1,4	321.19	52.68	17.10	99.84	H4,13	531.44	11.21	-151.58	76.29
H1,5	9.89	-131.20	-62.74	97.13	H5,6	-131.10	164.65	97.84	61.26
H1,6	-70.14	-195.97	-13.91	-96.37	H5,7	93.79	-355.96	131.44	-51.98
H1,7	174.03	96.09	55.15	-54.22	H5,8	640.05	140.64	157.62	303.28
H1,8	410.89	325.20	-92.84	154.21	H5,9	31.74	-195.11	103.36	-205.06
H1,9	-337.16	166.95	198.53	137.11	H5,10	-138.16	-136.33	72.98	6.88
H1,10	-84.50	-65.57	4.01	-155.22	H5,11	-153.88	-21.59	83.47	-59.85
H1,11	114.25	136.79	-39.88	-117.65	H5,12	-77.53	104.14	-39.20	118.18
H1,12	226.17	169.67	141.26	148.53	H5,13	-89.31	223.36	-134.51	-129.26
H1,13	-322.57	-129.81	-150.23	-207.69	H6,7	-320.14	77.78	-11.55	363.35
H2,3	9.93	10.86	59.16	111.20	H6,8	-124.45	-269.32	6.18	-214.61
H2,4	-155.94	-48.58	-15.11	194.64	H6,9	-61.67	-208.94	-384.96	-223.72
H2,5	-251.98	171.86	-35.24	42.22	H6,10	-136.55	138.46	-77.78	77.46
H2,6	397.74	-74.14	15.75	186.88	H6,11	-92.23	198.92	-47.43	34.87
H2,7	-534.70	-30.74	130.75	71.70	H6,12	336.34	133.45	88.15	-51.01
H2,8	-745.94	-370.32	-457.18	-249.99	H6,13	135.42	43.96	67.27	-136.38
H2,9	168.54	-48.97	-0.85	141.19	H7,8	142.00	-81.63	226.93	-341.40
H2,10	571.29	440.30	-38.33	-91.54	H7,9	9.29	79.43	-223.09	-263.93
H2,11	140.17	101.06	242.33	-92.09	H7,10	67.09	72.44	122.49	-90.79
H2,12	202.66	-46.31	83.67	56.73	H7,11	334.67	-88.32	-325.56	-54.77
H2,13	235.61	-99.45	-63.39	50.85	H7,12	-5.63	115.57	345.27	162.88
H3,4	-39.43	161.69	10.70	153.70	H7,13	-73.40	-8.34	-273.14	-309.30
H3,5	-572.04	-568.42	-516.21	-241.62	H8,9	-318.87	-128.24	-43.86	-123.26
H3,6	-478.82	111.43	498.57	267.06	H8,10	44.10	189.14	264.39	177.18
H3,7	148.43	-37.38	-90.15	68.87	H8,11	-100.82	48.89	2.20	-75.30
H3,8	307.18	286.00	-94.52	-29.47	H8,12	-182.84	-31.18	-53.22	263.53
H3,9	-10.39	-133.34	123.40	-53.03	H8,13	149.16	52.75	9.79	-63.23
H3,10	-94.47	126.32	40.01	-175.17	H9,10	-26.77	-7.51	9.24	34.04
H3,11	312.33	53.81	47.86	8.54	H9,11	160.81	-1.63	173.33	359.02
H3,12	153.78	103.72	327.05	138.84	H9,12	88.01	309.19	-37.29	32.43
H3,13	-466.94	-277.12	11.93	-273.56	H9,13	-20.48	69.01	-393.76	-54.75
H4,5	135.48	325.01	-83.64	115.16	H10,11	62.25	-1.75	-263.46	256.08
H4,6	-96.94	10.67	357.09	24.90	H10,12	467.39	-237.47	80.06	-162.63
H4,7	125.03	52.69	22.66	-113.38	H10,13	-4.86	63.51	216.17	187.44
H4,8	-169.16	54.96	61.29	-98.62	H11,12	-52.26	-51.13	-431.63	71.96
H4,9	58.36	-125.14	36.19	247.05	H11,13	-39.47	-270.21	55.21	-12.97
H4,10	65.82	-339.54	167.21	-1.38	H12,13	-352.82	-132.78	-100.99	-7.32

¹Ambiente

4.3 Análise Conjunta

Na Figura 4 está apresentado o Teste da Razão de Verossimilhança (LRT) para os efeitos aleatórios do modelo estatístico. É possível observar a significância de cada efeito para cada característica. O modelo usado nesta análise envolve os efeitos genéticos aditivos e de dominância, e os efeitos da interação do efeito aditivo com o ambiente e da interação do efeito de dominância com o ambiente.

Para as características PN e FL os efeitos aditivo, de dominância e da interação do efeito de dominância por locais, foram significativos. Hefny (2010) em um estudo de capacidade de combinação entre 15 genótipos de milho (13 linhagens e 2 testadores) avaliou as características de PN e FL e notou a alta influência dos efeitos de dominância (representado pelo CEC) e da interação CEC x locais, para ambas as características. Ao analisar o coeficiente de determinação do efeito da interação CEC x locais, é observado que mais de 50 % das expressões das características PN e FL se devem a esse efeito. Wegary et al. (2014) encontraram em dois estudos com cruzamentos dialélicos entre 15 linhagens de milho, em 10 ambientes, em condições sem nenhum estresse, por 3 anos, e outro, com 17 ambientes diferentes, por 3 anos também, que as características PN e FL foram afetadas por todos os efeitos significativos: CGC (ou aditivo), CEC (ou dominância), CGC x locais e CEC x locais. No mesmo trabalho, porém, os autores trabalharam, por 2 anos, com ambientes sob estresse, sendo o primeiro estudo com 3 ambientes com estresse de nitrogênio, e outro estudo com 4 ambientes com estresse hídrico. Foram encontrados para o primeiro estudo sob estresse que apenas o efeito de CGC foi significativo para PN, já para FL, além do efeito de CGC, o efeito de CEC também foi significativo. No estudo com ambientes sob estresse hídrico, PN apresentou os quatro efeitos significativos, e FL apresentou apenas CGC, CEC e CGC x locais. Este estudo demonstrou que em ambientes contrastantes, ou sob efeitos de estresse há um diferente comportamento dos efeitos para as características PN e FL.

Para as características AP, AE, CES e DES apenas os efeitos aditivo e de dominância foram significativos, demonstrando que essas características não foram afetadas pelo ambiente. Wegary et al. (2014) avaliando ambientes sob estresses hídrico e de nitrogênio, em 4 e 3 ambientes, respectivamente, apresentou o mesmo comportamento para AP. Pfann et al. (2009) avaliando o cruzamento dialélico de 11 híbridos simples de milho em dois locais, verificaram, para as características AP e AE, o efeito significativo apenas de CGC. Já Oliveira et al. (2016) em um estudo de

cruzamentos dialélicos, com 158 linhagens de milho separadas em oito grupos heteróticos, e avaliadas em 3 ambientes distintos, encontraram efeitos de CGC, CEC e CEC x locais significativos, para AP e AE. Para Hefny (2010) os efeitos de CGC, CEC e CEC x locais foram significativos, para CES e DES. Sendo que CEC x locais, sempre apresentou maiores magnitudes.

A característica EPP apresentou apenas o efeito de CGC significativo. Al-Naggar et al. (2017) desenvolveu um estudo com 23 linhagens de milho em cruzamentos dialélicos, e avaliou sob 3 densidades populacionais diferentes. Os autores encontrou para cada densidade um comportamento diferente dos efeitos de EPP. Para a menor densidade ele encontrou apenas o efeito de CGC significativo, para a densidade média, apenas o efeito de CEC significativo, e para a maior densidade, o efeito de CGC e CEC significativos, demonstrando que o estudo dessa característica é muito complexo. Neste mesmo sentido, Al-Naggar et al., 2015, verificaram comportamentos distintos em diferentes ambientes sob estresse de nitrogênio. Já Wegary et al. (2014) avaliando ambientes sob estresse encontraram, além de CGC, o efeito de CEC também significativo para esta característica. Estes mesmos resultados foram encontrados por Beyene et al. (2017), em um trabalho com 28 linhagens de milho em cruzamentos dialélicos, por 2 anos, em que EPP também apresentou CGC e CEC significativos.

A característica ACA, apresentou efeito da interação do efeito aditivo x locais significativo, e QUE, ainda apresentou o efeito de dominância significativos. Há poucas referências na literatura com análise dos efeitos genéticos e suas interações com o ambiente para essas características. Mas os trabalhos de Oliveira et al. (2016) e Silva (2014) relatam, em estudos de híbridos comerciais sob diferentes ambientes, que os efeitos genéticos são significativos, e a interação de tratamentos x locais também são. Vale ressaltar que estes trabalhos avaliam ACA e QUE como uma só característica (CRUZ et al., 2004), apresentando, portanto, resultados similares aos presentes nesse estudo.

Para as características PRE e PRG houve significância dos efeitos de dominância e da interação dos efeitos aditivos x locais, sendo que PRE ainda apresentou efeito aditivo significativo. Diversos autores encontraram para a característica PRG, em trabalhos com dialelos em diversos ambientes, os efeitos CGC, CEC e CGC x locais significativos (Faria et al., 2015; Nardino et al., 2016; Pfann et

al., 2009; Wegary et al., 2014). Meirelles et al. (2016) avaliando diferentes ambientes com aplicação de fósforo na semeadura observaram, para os ambientes onde houve aplicação, o mesmo comportamento que os autores acima citados, com CGC, CEC e CGC x locais significativos. Porém, para os ambientes onde não houve a aplicação de fósforo na semeadura, que a CEC, CGC x locais e CEC x locais foram significativos, demonstrando que sob algum estresse os efeitos se diferenciam. Neste sentido, Oliveira et al.(2016) avaliando 28 híbridos provenientes de cruzamentos dialélicos em três ambientes diferentes, observaram o mesmo comportamento que Meirelles et al. (2016), nos ambientes sem aplicação de fósforo, com CEC, CGC x locais e CEC x locais significativos.

O conhecimento da expressão fenotípica de cada característica em diversos ambientes possibilita contornar os efeitos adversos das interações genótipos x locais. As características que apresentam apenas os efeitos aditivos e de dominância, onde as interações dos efeitos genéticos com locais foram não significativas pelo LRT, não são necessários os seus estudos em diversos ambientes. Já as características que apresentam efeito aditivo ou de dominância significativos justificam o estudo em diversos ambientes. Em que a interação do efeito aditivo x locais, justifica o teste de diversas linhagens em diversos locais, de acordo com o foco do programa; e a interação do efeito de dominância x locais justifica o estudo dos cruzamentos dialélicos (híbridos) em diversos locais, para maximizar a eficiência do programa de melhoramento.

Percebe-se pelo LRT, para cada característica, na análise conjunta, que a dinâmica de expressão de cada característica varia ao longo dos ambientes, e o conhecimento do objetivo do programa de melhoramento influencia nas estratégias a serem adotadas. A justificativa para se trabalhar em diversos ambientes é uma questão frequente. No caso deste trabalho, visa-se encontrar os genótipos mais produtivos. O objetivo é encontrar as melhores combinações híbridas (híbridos interpopulacionais) para obter futuras linhagens com alta capacidade de combinação, que tenham potencial de fornecerem híbridos com alta heterose, ou seja, com altos desvios de dominância, mas que sejam provenientes de parentais com altos valores genéticos aditivos (média alta).

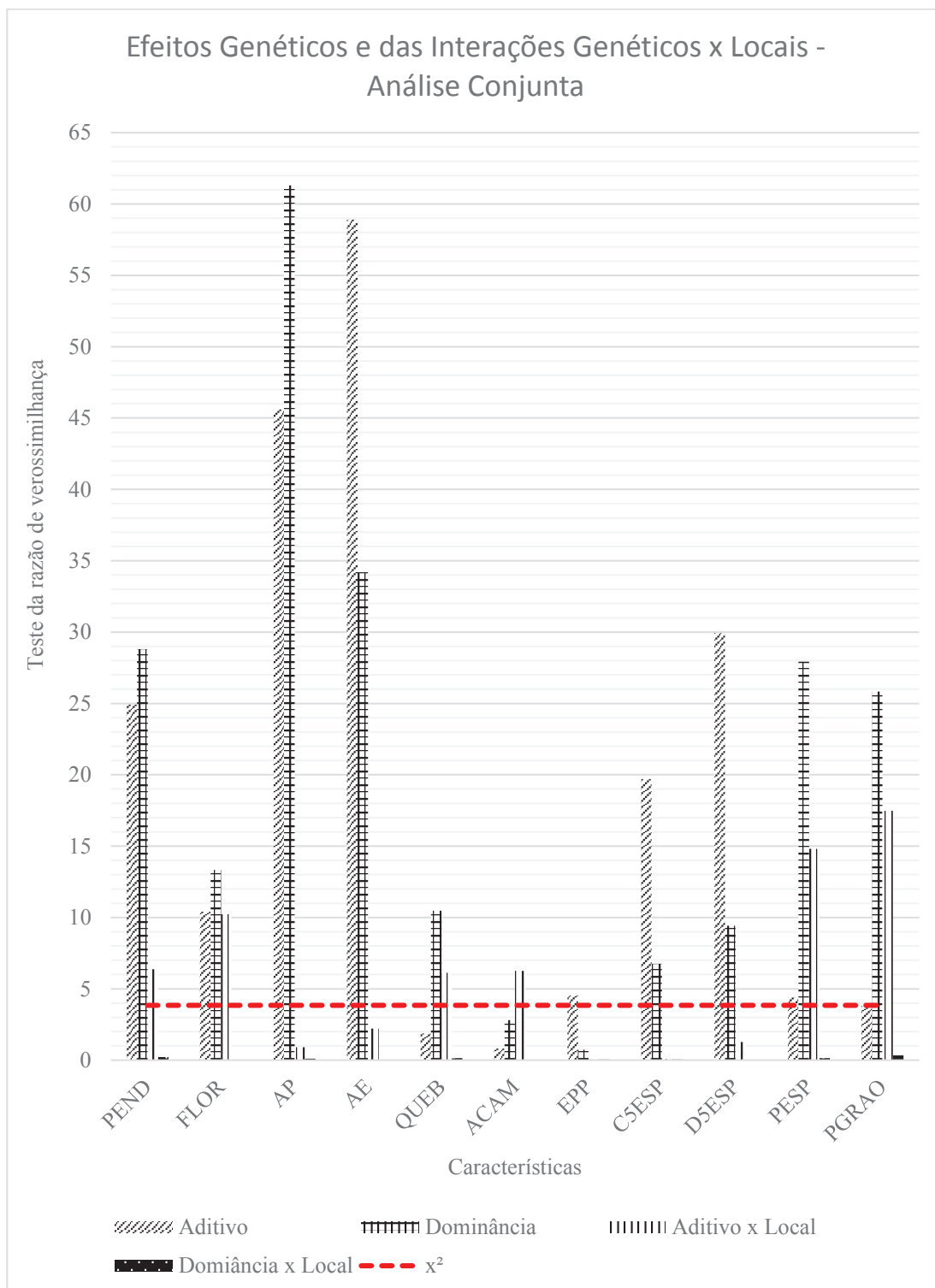


Figura 4: Efeitos Genéticos e das interações com os locais para cada característica, pela análise conjunta, para 4 experimentos conduzidos em Jataí, Caiapônia e Mineiros, no estado de Goiás, no ano de 2018, para 11 características avaliadas (PN: Florescimento masculino, em dias; FL: Florescimento feminino, em dias; AP: Altura de planta, em metros; AE: Altura de espiga, em metros; QUE: Número de plantas quebradas; ACA: Número de plantas acamadas; EPP: Espigas por planta; CES: Comprimento de 5 espigas, em cm; DES: Diâmetro de 5 espigas, em cm; PRE: Produtividade de espigas, kg/ha; PRG: Produtividade de grãos, kg/ha).

Na Tabela 8 estão apresentados os componentes de variância, parâmetros genéticos e experimentais das características avaliadas considerando, simultaneamente, os quatro ambientes. Nota-se que os valores dos coeficientes de variação permaneceram entre 4 e 22%, apenas as características QUE e ACA apresentaram valores superiores, 76 e 75% respectivamente. Ao analisar a herdabilidade no sentido restrito, nota-se que as características que apresentaram efeitos aditivos significativos (Figura 4) como PN, AP, AE, CES e DES apresentaram valores superiores a 0,14, PRE apresentou h_r^2 de 0,09. As características que apresentaram efeitos de dominância significativos, apresentaram coeficiente de determinação do efeito de dominância superiores a 0,13. Já PN, FL, QUE, ACA, PRE e PRG, que apresentaram efeitos da interação do efeito aditivo por locais significativos, apresentaram o coeficiente de determinação deste efeito entre 0,04 e 0,11. Conforme esperado, ao analisar a Tabela 9, de ranqueamento dos progenitores, pela CGC, Tabela 10, dos ranqueamento dos híbridos, e Tabela 11, dos valores de CEC dos híbridos, nota-se diversas dissimilaridades quando comparados com as Tabelas dos ambientes individualmente (Tabelas 5, 6 e 7).

Tabela 8: Componentes de variância, parâmetros genéticos e experimentais das onze características avaliadas pela análise conjunta.

Parâmetros	PN	FL	AP	AE	QUE	ACA	EPP	CES	DES	PRE	PRG
σ_a^2	0,9127	0,4594	0,0106	0,0078	0,0200	0,0320	0,0005	7,7108	0,3965	236492,7739	147963,8640
σ_{axl}^2	0,1530	0,2371	0,0002	0,0003	0,0289	0,0873	0,0000	0,2247	0,0307	237141,0183	181632,6273
σ_d^2	0,9094	0,5550	0,0080	0,0034	0,0855	0,1079	0,0004	6,1614	0,2092	783361,5724	502065,2457
σ_{dxl}^2	0,0294	0,0137	0,0001	0,0001	0,0048	0,0077	0,0001	0,3653	0,0077	21372,7497	20927,7216
σ_e^2	1,4646	1,8602	0,0076	0,0055	0,2888	0,9417	0,0085	30,5921	0,8770	1250512,2732	787530,8954
σ_{fen}^2	3,4691	3,1255	0,0265	0,0170	0,4281	1,1766	0,0096	45,0543	1,5211	2528880,3875	1640120,3540
h_r^2	0,2631	0,1470	0,4000	0,4573	0,0467	0,0272	0,0530	0,1711	0,2607	0,0935	0,0902
h_a^2	0,5252	0,3246	0,7021	0,6558	0,2465	0,1189	0,0987	0,3079	0,3982	0,4033	0,3963
c_{axl}^2	0,0441	0,0759	0,0082	0,0157	0,0676	0,0742	0,0045	0,0050	0,0202	0,0938	0,1107
c_d^2	0,2621	0,1776	0,3020	0,1985	0,1998	0,0917	0,0457	0,1368	0,1375	0,3098	0,3061
c_{dxl}^2	0,0085	0,0044	0,0047	0,0036	0,0113	0,0065	0,0108	0,0081	0,0050	0,0085	0,0128
$rgloc$	0,8658	0,7358	0,9693	0,9605	0,6193	0,4557	0,7451	0,9187	0,9159	0,6918	0,6410
Média	63,7494	64,1010	2,0265	1,0365	0,1863	0,4445	0,9368	72,9226	22,9982	6736,1988	5221,5784
CV(%)	4,2266	4,2090	8,5593	12,9853	76,3154	75,0441	10,7567	8,7360	5,3687	20,7497	22,9485

σ_a^2 : variância aditiva; σ_{axl}^2 : variância da interação do efeito aditivo por locais; σ_d^2 : variância de dominância; σ_{dxl}^2 : variância da interação do efeito de dominância por locais; σ_e^2 : variância residual; σ_{fen}^2 : variância fenotípica; h_r^2 : herdabilidade no sentido restrito; h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo; c_{axl}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos da interação do efeito aditivo por locais; c_d^2 : coeficiente de determinação dos efeitos de dominância; c_{dxl}^2 : coeficiente de determinação dos efeitos da interação do efeito de dominância por locais; $rgloc$: correlação genotípica entre os desempenhos nos vários ambientes; Média: Média Genotípica e C.V(%): Coeficiente de Variação, em porcentagem. (PN: florescimento masculino, em dias; FL: florescimento feminino, em dias; AP: Altura de planta, em metros; AE: Altura de Espiga, em metros; QUE: número de plantas quebradas; ACA: número de plantas acamadas; EPP: Espigas por planta; CES: Comprimento de 5 espigas, em cm; DES: Diâmetro de 5 espigas, em cm; PRE: Produtividade de espigas, kg/ha; PRG: Produtividade de grãos, kg/ha).

Analisando-se a Tabela 9, utilizando como exemplo os quatro melhores progenitores, nota-se que os dois melhores progenitores (1 e 10), estiveram entre os quatro melhores nos ambientes 1, 2 e 3, e foram medianos no ambiente 4, Já o progenitor 12, esteve entre os quatro melhores nos ambientes 1, 2 e 4, e foi mediano no ambiente 3, Já o progenitor 2, esteve entre os progenitores medianos nos ambientes 1, 2 e 3, mas esteve ranqueado entre os quatro melhores no ambiente 4.

Tabela 9: Ranqueamento dos progenitores, de acordo com Capacidade Geral de Combinação (CGC) da característica Produtividade de grãos, kg/ha – PRG, pela análise conjunta dos quatro ambientes analisados, no ano de 2018.

Ordem	Progenitor	CGC
1	1	464,4313
2	10	404,9957
3	12	328,2754
4	2	169,5252
5	8	34,4785
6	6	31,2134
7	7	-87,7692
8	4	-96,8142
9	3	-103,057
10	11	-114,577
11	9	-212,691
12	5	-264,621
13	13	-553,389

Quando observada a Tabela 10, há uma diferença de ranqueamento da análise conjunta com os ambientes individualmente. Entre os ambientes (Tabela 6) se observou uma diferença entre os ranqueamentos, quando analisados de maneira conjunta, o ranqueamento se altera ainda mais. Nota-se entre os 10% melhores, que no ambiente 1, apenas 3 se repetem, no ambiente 2, são 5 coincidentes, já no ambiente 3, 3 híbridos são os mesmos entre os melhores, e no ambiente 4, apenas 1 híbrido presente entre os 10% melhores é o mesmo dos melhores da análise conjunta. Um exemplo é o caso do híbrido 1, é o quinto melhor da análise conjunta, no ambiente 1, ele é o décimo, no ambiente 2, ele é o terceiro, no ambiente 3 ele é o décimo segundo melhor no ambiente 4 ele se situa apenas na quinquagésima posição entre os melhores híbridos, de acordo com o valor genotípico.

Tabela 10: Ranqueamento dos híbridos e valor da Capacidade Específica de Combinação (CEC), de acordo com a característica Produtividade de grãos, kg/ha – PRG, pela análise conjunta dos quatro ambientes analisados, no ano de 2018.

Ordem	Código	CEC	Ordem	Código	CEC
1	H1,12	317,932	40	H4,5	212,684
2	H2,10	348,577	41	H2,4	-6,1219
3	H1,8	354,561	42	H3,4	121,288
4	H8,10	354,794	43	H6,11	46,7914
5	H1,2	145,949	44	H5,10	-86,678
6	H5,8	571,542	45	H5,6	94,6911
7	H7,12	335,06	46	H7,8	-19,806
8	H3,12	339,326	47	H4,9	105,937
9	H1,4	196,091	48	H2,7	-100,39
10	H10,12	-0,1404	49	H2,5	-13,34
11	H2,12	113,971	50	H8,11	-21,557
12	H6,12	178,238	51	H4,7	27,0687
13	H1,3	175,89	52	H4,8	-52,324
14	H1,7	130,145	53	H3,7	11,4977
15	H2,6	189,34	54	H2,13	59,474
16	H1,10	-148,4	55	H4,13	184,7
17	H1,9	150,843	56	H11,12	-253,17
18	H7,10	84,4228	57	H8,13	98,6298
19	H9,12	183,455	58	H3,9	-36,297
20	H2,11	212,375	59	H7,11	-105,15
21	H1,11	50,5166	60	H6,13	52,2707
22	H3,6	256,547	61	H5,11	-29,614
23	H9,11	373,335	62	H5,7	-78,749
24	H10,13	278,294	63	H6,8	-302,52
25	H6,10	-25,908	64	H8,9	-256,18
26	H8,12	7,8661	65	H4,12	-467,66
27	H10,11	10,9977	66	H7,9	-207,78
28	H3,8	178,209	67	H5,9	-120,84
29	H4,6	171,89	68	H12,13	-252,7
30	H2,3	77,9637	69	H1,13	-340,45
31	H9,10	5,6566	70	H11,13	-65,2
32	H2,9	114,53	71	H5,13	-31,462
33	H4,10	-65,026	72	H9,13	-188,38
34	H5,12	54,7453	73	H6,9	-485,12
35	H3,10	-69,495	74	H7,13	-305,02
36	H3,11	179,066	75	H4,11	-592,78
37	H1,5	-42,09	76	H2,8	-854,73
38	H6,7	79,7906	77	H3,13	-429,01
39	H1,6	-203,06	78	H3,5	-979,83

Sobre os valores de CEC na Tabela 10, nota-se que os valores de cada híbrido já variaram bastante nas análises individuais (Tabela 7) como discutido anteriormente, alterando até o sentido do efeito (positivo ou negativo). Vale lembrar que o valor da CEC, juntamente com o valor da CGC de cada progenitor, fornece o valor genotípico de cada material, onde é possível gerar o ranqueamento dos híbridos.

Além disso, ao observar o híbrido H10,12, nota-se que o CEC é negativo, mas o fato dos progenitores (10 e 12) terem um alto valor genético aditivo (CGC), 404,996 e 328,2754 (Tabela 9), respectivamente, já é o suficiente para que este híbrido (H10,12) seja o décimo melhor ranqueado neste estudo, para a característica PRG.

Na Tabela 11 estão apresentados os valores de CEC dos híbridos, os valores de CGC dos progenitores, e o valor genotípico dos híbridos. Analisando-se os valores e utilizando as Tabelas 9 e 10 como base para discussão, nota-se que os melhores progenitores (1, 10 e 12) foram a base de 11 dos 12 melhores cruzamentos, apenas o híbrido H5,8, que apresentou CEC de 571,54, a mais alta, que foi o sexto maior valor genético entre os cruzamentos, pois os progenitores 5 e 8, apresentaram CGC de -264,62 e 31,48, respectivamente, sendo compensados pelo alto valor da CEC entre eles.

No sentido de condução de populações segregantes, deve-se utilizar os genitores mais apropriados em cada ambiente e iniciar populações segregantes em cada um, e após algumas gerações, fazer o cruzamento de materiais adaptados para cada ambiente e buscar um material mais adaptado a todos os ambientes simultaneamente, testando os futuros híbridos em diversos ambientes.

Tabela 11: Estimativas da Capacidade Específica de Combinação (CEC) (acima da diagonal), valores da capacidade geral de combinação (CGC) dos 13 genitores (diagonal) e valores genotípicos dos híbridos (abaixo da diagonal).

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1	464,431	145,949	175,89	196,091	-42,09	-203,06	130,145	354,561	150,843	-148,4	50,5166	317,932	-340,45
2	5684,51	169,525	77,9637	-6,1219	-13,34	189,34	-100,39	-854,73	114,53	348,577	212,375	113,971	59,474
3	5578,15	5332,78	-103,06	121,288	-979,83	256,547	11,4977	178,209	-36,297	-69,495	179,066	339,326	-429,01
4	5601,48	5251,81	5242,93	-96,814	212,684	171,89	27,0687	-52,324	105,937	-65,026	-592,78	-467,66	184,7
5	5279,39	5160,69	4057,91	5253,54	-264,62	94,6911	-78,749	571,542	-120,84	-86,678	-29,614	54,7453	-31,462
6	5266,34	5511,29	5442,2	5360,67	5199,57	31,2134	79,7906	-302,52	-485,12	-25,908	46,7914	178,238	52,2707
7	5540,05	5162,07	5137,66	5156,36	4966,63	5273,09	-87,769	-19,806	-207,78	84,4228	-105,15	335,06	-305,02
8	5825,59	4468,85	5365,5	5138,09	5678,05	4951,91	5175,13	34,4785	-256,18	354,794	-21,557	7,8661	98,6298
9	5498,29	5314,53	5027,41	5172,76	4862,08	4645,72	4863,57	4876,3	-212,69	5,6566	373,335	183,455	-188,38
10	5507,89	5857,42	5303,05	5310,64	5205,09	5413,78	5464,61	5796,11	5323,39	404,996	10,9977	-0,1404	278,294
11	5447,02	5461,43	5291,83	4523,1	5002,37	5226,69	5015,26	5159,97	5431,28	5377,79	-114,58	-253,17	-65,2
12	5935,86	5584,45	5673,51	4869,65	5308,15	5579,56	5676,89	5410,82	5462,83	5588,07	5075,26	328,275	-252,7
13	4836,65	5089,12	4464,35	5081,18	4781,11	5012,76	4595,98	5060,75	4650,16	5425,68	4822,4	4856,32	-553,39

5 Conclusão

Quanto ao estudo da herdabilidade, nota-se o diferente comportamento das características quanto ao ambiente avaliado e na avaliação conjunta. Reforçando a importância da avaliação em vários ambientes. No caso da característica de produção de grãos (PRG) no ambiente 1, os efeitos aditivos e de dominância foram significativos, no ambiente 2, apenas o efeito aditivo, no ambiente 3 e 4 nenhum dos efeitos significativos.

No contexto de identificação dos melhores genitores, conclui-se que a recomendação de maneira conjunta não é aconselhada devido aos diferentes comportamentos das características em cada ambiente. Sendo assim, para o ambiente 1 e 2 recomenda-se os genitores 1, 10 e 12, que foram os melhores genitores no caso da avaliação do valor genético aditivo, e além disso, formaram os melhores híbridos em ambos ambientes, já para o ambiente 3, os genitores 10, 6 e 3, apresentaram valores genéticos aditivos superiores aos demais, e os melhores híbridos deste ambiente foram provenientes destes genitores, por fim, para o ambiente 4, os genitores 12, 6 e 4 foram os melhores nas avaliações dos valores genéticos aditivos e foram genitores presentes na formação dos melhores híbridos.

Quanto à avaliação de cada ambiente, nota-se que o efeito genético do desvio de dominância e sua interação com o ambiente é um fator perturbador das análises. Na análise conjunta foi observado a significância do efeito de dominância por local e ao analisar a herdabilidade no sentido restrito da característica PRG, observa-se que apenas 0.09 da variância fenotípica é herdável, e ao avaliar no sentido amplo tem-se que 0.39 é devido aos efeitos aditivos e desvios de dominância. Dessa maneira, a seleção genérica, de todos os ambientes de forma conjunta, não é aconselhável devido à existência do fator ambiental perturbador.

Conclui-se que o ambiente 1, 2 e 3 podem ser estudados de maneira conjunta pois apresentaram comportamento dos efeitos genéticos similares e parâmetros genéticos mais condizentes entre si. O ambiente 4 deveria ser analisado de forma isolada dos demais. Porém, caso o objetivo fosse avaliar um ambiente para a microrregião, uma alternativa seria aumentar o número de genitores e utilizar o ambiente 1, que se apresentou mais condizente com a literatura quanto aos parâmetros genéticos estudados.

6 Bibliografia

AL-NAGGAR, A. M. M.; SHABANA, R.; ATTA, M. M. M.; AL-KHALIL, T. H. Response of genetic parameters of low-N tolerance adaptive traits to decreasing soil-N rate in maize (*Zea mays* L.). **Applied Science Reports**, v. 9, n. 2, p. 110–122, 2015.

AL-NAGGAR, A. M. M.; SHABANA, R.; HASSANEIN, M. S.; ELEWA, T. A.; YOUNIS, A. S. M.; METWALLY, A. M. A. Type of gene action and heritability controlling inheritance of maize traits related to plant density tolerance. **Scientia Agriculturae**, v. 19, n. 3, p. 76–84, 2017.

BECKETT, T. J.; MORALES, A. J.; KOEHLER, K. L.; ROCHEFORD, T. R. Genetic relatedness of previously Plant-Variety-Protected commercial maize inbreds. **PLoS ONE**, v. 12, n. 12, p. 1–23, 2017.

BERNARDO, R. Prediction of maize single-cross performance using RLFPs and information from related hybrids. **Crop Science, Madison**, v. 1, p. 20–25, 1994.

BERNARDO, R. Genetic model for predicting maize performance in unbalanced yield trial data. **Crop Science, Madison**, v. 1, p. 141–147, 1995.

BERNARDO, R. Best linear unbiased prediction of maize single- cross performance. **Crop Science, Madison**, v. 1, p. 50–56, 1996a.

BERNARDO, R. Best linear unbiased prediction of the performance of crosses between untested maize inbreds. **Crop Science, Madison**, v. 4, p. 872–876, 1996b.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury, Minnesota: Stemma Press, 2002.

BEYENE, Y.; GOWDA, M.; SURESH, L. M.; MUGO, S.; OLSEN, M.; OIKEH, S. O.; JUMA, C.; TAREKEGNE, A.; PRASANNA, B. M. Genetic analysis of tropical maize inbred lines for resistance to maize lethal necrosis disease. **Euphytica**, v. 213, n. 9, p. 224, 2017.

BORGES, V.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; SANTOS, G. M.; SANTOS, A. M. M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 32, n. 4, p. 643–649, 2010.

BRUCE, A. B. The Mendelian theory of heredity and the augmentation of vigor. **Science**, v. 32, n. 827, p. 627–628, 1910.

BUZINARO, R.; HUGO, G.; OLIVEIRA, F. DE. Diallel mixed-model analyses to select superior maize parental lines for *Azospirillum brasilense* and nitrogen-use efficiency. p. 382–389, 2018a.

BUZINARO, R.; OLIVEIRA, G. H. F. DE; AMARAL, C. B. DO; SOUZA JUNIOR, C. L.; VITTI MORO, G. Diallel mixed-model analyses to select superior maize parental lines for *Azospirillum brasilense* and nitrogen-use efficiency. p. 382–389, 2018b.

- CABRAL, P. D. S.; AMARAL JÚNIOR, A. T. DO; VIANA, A. P.; VIEIRA, H. D.; FREITAS, I. L. DE J.; VITTORAZZI, C.; VIVAS, M. Combining ability between tropical and temperate popcorn lines for seed quality and agronomic traits. **Australian Journal of Crop Science**, v. 9, n. 4, p. 256–263, 2015.
- CARVALHO, I. R.; DE PELEGRIN, A. J.; SZARESKI, V. J.; FERRARI, M.; DA ROSA, T. C.; MARTINS, T. S.; DOS SANTOS, N. L.; NARDINO, M.; DE SOUZA, V. Q.; DE OLIVEIRA, A. C.; DA MAIA, L. C. Diallel and prediction (REML/BLUP) for yield components in intervarietal maize hybrids. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, p. 1–12, 2017.
- CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis.: Fundação MT, 2001. p. 675–712.
- COLLINS, G. N. Dominance and vigor of first generation hybrids. **The American Naturalist**, v. 55, n. 637, p. 116–133, 1921.
- CONAB (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO). Acompanhamento da safra brasileira - Grãos. v. 6, n. 4, p. 76, 2019.
- CROW, J. F. Alternative hypotheses of hybrid vigor. **Genetics**, v. 33, n. 5, p. 477, 1948.
- CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa - MG: Editora UFV, 2005.
- CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271–276, 2013.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa - MG: Editora UFV, 2004.
- CRUZ, C. D.; VENCOSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética**, v. 12, n. 2, p. 425–438, 1989.
- CRUZ, J. C.; KARAM, D.; MONTEIRO, M. A. R.; MAGALHÃES, P. C. **A cultura do milho**. Sete Lagoas, MG: Embrapa Milho e Sorgo, 2008.
- DE CARVALHO, H. W. L.; LEAL, M. DE L. DA S.; DOS SANTOS, M. X.; MONTEIRO, A. A. T.; CARDOSO, M. J.; DE CARVALHO, B. C. L. Estabilidade de cultivares de milho em três ecossistemas do Nordeste brasileiro. **Pesq. agropec. bras**, n. 9, p. 1773–1781, 2000.
- DELIMA, R. O.; BORÉM, A. **Melhoramento de Milho**. Viçosa - MG: Ed. UFV, 2018.
- DIAS, K. O. D. G.; GEZAN, S. A.; GUIMARÃES, C. T.; NAZARIAN, A.; DA COSTA E SILVA, L.; PARENTONI, S. N.; DE OLIVEIRA GUIMARÃES, P. E.; DE OLIVEIRA ANONI, C.; PÁDUA, J. M. V.; DE OLIVEIRA PINTO, M.; NODA, R. W.; RIBEIRO, C. A. G.; DE MAGALHÃES, J. V.; GARCIA, A. A. F.; DE SOUZA, J. C.; GUIMARÃES, L. J. M.; PASTINA, M. M. Improving accuracies of genomic predictions for drought tolerance in maize by joint modeling of additive and

- dominance effects in multi-environment trials. **Heredity**, v. 121, n. 1, p. 24–37, 2018.
- DUARTE, J. B. Princípios Sobre Delineamentos Em Experimentação Agrícola. p. 66, 1996.
- DUVICK, D. N. Biotechnology in the 1930s: the development of hybrid maize. **Nature Reviews Genetics**, v. 2, n. 1, p. 69, 2001.
- EAST, E. M. Heterosis. **Genetics**, v. 21, n. 4, p. 375, 1936.
- FARIA, M. V.; MENDES, M. C.; ROSSI, E. S.; JUNIOR, O. P.; RIZZARDI, D. A.; GRALAK, E.; SILVA, C. A.; FARIA, C. M. D. R. Análise dialéctica da produtividade e do progresso da severidade de doenças foliares em híbridos de milho em duas densidades populacionais. **Semina: Ciência Agrárias**, v. 36, n. 1, p. 123–134, 2015.
- FERREIRA, J. M.; MOREIRA, R. M. P.; HIDALGO, J. A. F. Capacidade combinatória e heterose em populações de milho crioulo. **Ciência Rural**, v. 39, n. 2, p. 332–339, 2009.
- FIGUEIREDO, A. G. DE. **Aplicação De Modelos Mistos Na Avaliação De Estabilidade E Adaptabilidade Em Milho Utilizando Dados Desbalanceados**. [s.l.] Universidade Federal de Lavras, 2014.
- FRITSCHÉ-NETO, R.; MIRANDA, G. V.; DELIMA, R. O.; SOUZA, H. N. DE. Factor analysis and SREG GGE biplot for the genotype \times environment interaction stratification in maize. **Ciência Rural**, v. 40, n. 5, p. 1043–1048, 2010.
- GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and Interpretation of the Variety Cross Diallel and Related Populations. **International Biometric Society**, v. 22, n. 3, p. 439–452, 1966.
- GRIFFING, B. 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, 1956.
- GUILLEN-PORTAL, F. R.; RUSSEL, W. K.; BALTENSPERGER, D. D.; ESKRIDGE, K. M.; D’CROZ-MASON, N. E.; NELSON, L. A. Maize hybrid adaptability to drought stress assessed with combining ability and genotype-by-environment effects. **Crop Science, Madison**, v. 43, p. 2065–2070, 2003.
- HALLAUER, A. R.; CARENA, J. M.; MIRANDA FILHO, J. B. DE. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 500 p. New York: Springer, 2010.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2nd. ed. Ames, Iowa.: Iowa State University Press., 1995.
- HAYMAN, B. I. The Theory and Analysis of Diallel Crosses. **Genetics**, v. 39, n. 6, p. 789–809, 1954.

HEFNY, M. Genetic Control of Flowering Traits, Yield and its Components in Maize (*Zea mays* L.) at Different Sowing Dates. **Asian Journal of Crop Science**, v. 2, n. 4, p. 236–249, 2010.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v. 31, p. 423–447, 1975.

HENDERSON, C. R. **Applications of Linear Models in Animal**. Ontario: University of Guelph, 1984.

HENDERSON, C. R. Recent developments in variance and covariance estimation. **Journal of Animal Science**, v. 63, p. 208–216, 1986.

HUANG, J.; QI, H.; FENG, X.; HUANG, Y.; ZHU, L.; YUE, B. General combining ability of most yield-related traits had a genetic basis different from their corresponding traits per se in a set of maize introgression lines. **Genetica**, v. 141, p. 453–461, 2013.

HULL, F. H. Recurrent selection for specific combining ability in corn. **Agronomy Journal**, v. 37, n. 2, p. 134–145, 1945.

JONES, D. F. Dominance of linked factors as a means of accounting for heterosis. **Genetics**, v. 2, n. 5, p. 466, 1917.

JONES, D. F. The effect of inbreeding and crossbreeding upon development. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 4, n. 8, p. 246–250, 1918.

KEEBLE, F.; PELLEW, C. The mode of inheritance of stature and of time of flowering in peas (*Pisum sativum*). **Genetics**, v. 1, n. 1, p. 47–56, 1910.

KEMPTHORNE, O.; CURNOW, R. N. The partial diallel cross. **Biometrics**, v. 17, n. 2, p. 229–250, 1961.

KOUTSIKA-SOTIRIOU, M. S.; KARAGOUNIS, C. A. Assessment of maize hybrids. **Maydica**, v. 50, n. 1, p. 63–70, 2005.

MACHADO, J. C. **Estabilidade de produção e da capacidade de combinação em híbridos de milho**. [s.l.] Universidade Federal de Lavras, 2007.

MALHI, N. S.; DHILLON, B. S.; SAXENA, V. K.; SHARMA, S. R. **Relative performance of single and double cross hybrids in maize**. In: , 1993, Ludhiana. **Short communication**. , 1993, p. 36-37. Symposium on heterosis breeding in crop plants: theory and application. **Anais...**Ludhiana: Crop Improvement Society of India, 1993

MARCELINO, S. D. DO R.; IEMMA, A. F. Métodos de estimação de componentes de variância em modelos mistos desbalanceados. **Scientia Agricola**, v. 57, n. 4, p. 643–652, 2000.

MARCHÃO, R. L.; BRASIL, E. M.; DUARTE, J. B.; GUIMARÃES, C. M.; GOMES, J. A. Densidade de plantas e características agrônômicas de híbridos de milho sob espaçamento reduzido entre linhas. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.

35, n. 2, p. 93–101, 2005.

MARTIN, T. N.; STORCK, L.; LÚCIO, A. D. C.; DE CARVALHO, M. P.; DOS SANTOS, P. M. Bases genéticas de milho e alterações no plano experimental. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 40, n. 1, p. 35–40, 2005.

MASSOLA JÚNIOR, S. N. Enfezamentos vermelho e pálido : Doenças em milho causadas por mollicutes Maize bush stunt and corn stunt : Diseases of corn caused by mollicutes. **Semina: Ciência Agrárias**, v. 22, n. 2, p. 237–243, 2001.

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Biometrical genetics**. Ithaca: Cornell University Press, 1971.

MEIRELLES, W. F.; PARENTONI, S. N.; GUIMARÃES, L. J. M.; DE OLIVEIRA GUIMARÃES, P. E.; PACHECO, C. A. P.; DE OLIVEIRA, A. C.; MENDES, F. F.; SCAPIM, E. C. A. Análise dialélica de linhagens de milho quanto à responsividade ao fósforo e à sua eficiência de uso. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 51, n. 3, p. 224–232, 2016.

MELANI, M. D.; CARENA, M. J. Alternative maize heterotic patterns for the northern Corn Belt. **Crop Science, Madison**, v. 45, n. 6, p. 2186–2194, 2005.

MIRANDA FILHO, J. B. DE; GORGULHO, E. P. Cruzamentos com testadores e dialelos. In: **Recursos Genéticos e Melhoramento: Plantas**. [s.l: s.n.]. p. 649–671.

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

NARDINO, M.; SOUZA, V. Q. DE; BARETTA, D.; KONFLANZ, V. A.; FOLLMANN, D. N.; CARVALHO, I. R.; FERRARI, M.; CARON, B. O.; SCHMIDT, D. Partial diallel analysis among maize lines for characteristics related to the tassel and the productivity. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, n. 11, p. 15–20, 2016.

OLIBONI, R.; FARIA, M. V.; NEUMANN, M.; RESENDE, J. T. V.; BATTISTELLI, G. M.; TEGONI, R. G.; OLIBONI, D. F. Análise dialélica na avaliação do potencial de híbridos de milho para a geração de populações- base para obtenção de linhagens. **Semina: Ciência Agrárias**, v. 34, n. 1, p. 7–18, 2013.

OLIVEIRA, G. H. .; AMARAL, C. B.; SILVA, F. A. .; DUTRA, S. M. .; MARCONATO, M. B.; MÔRO, G. V. Mixed models and multivariate analysis for selection of superior maize genotypes. **Chilean journal of agricultural research**, v. 76, n. 4, p. 427–431, 2016a.

OLIVEIRA, G. H. .; BUZINARO, R.; REVOLTI, L. T. .; GIORGENON, C. H. .; CHARNAI, K.; RESENDE, D.; MORO, G. V. An accurate prediction of maize crosses using diallel analysis and best linear unbiased predictor (BLUP). **Chilean journal of agricultural research**, v. 76, n. 3, p. 294–299, 2016b.

OLIVEIRA, J. P.; CHAVES, L. C.; DUARTE, J. B.; BRASIL, E. M.; FERREIRA JÚNIOR, L. T.; RIBEIRO, K. O. Teor de proteína no grão em população de milho de

alta qualidade protéica e seus cruzamentos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 34, n. 1, n. 1, p. 45–51, 2004.

PACHECO, C. A. P. **Associação das metodologias de análise dialélica de Griffing e de análise de adaptabilidade e de estabilidade de Eberhart e Russell**. [s.l.] UFV, 1997.

PÁDUA, J. M. V.; DAS GRAÇAS DIAS, K. O.; PASTINA, M. M.; DE SOUZA, J. C.; QUEIROZ, V. A. V.; DA COSTA, R. V.; DA SILVA, M. B. P.; RIBEIRO, C. A. G.; GUIMARÃES, C. T.; GEZAN, S. A.; GUIMARÃES, L. J. M. A multi-environment trials diallel analysis provides insights on the inheritance of fumonisin contamination resistance in tropical maize. **Euphytica**, v. 211, n. 3, p. 277–285, 2016.

PATERNIANI, E. **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978.

PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In: **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. [s.l.: s.n.]. p. 429–485.

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

PATERNIANI, R. Seleção recorrente para capacidade geral de combinação em milhos da América Central. **Ciência e Cultura, São Paulo**, v. 17, p. 555–559, 1965.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, v. 58, n. 3, p. 545–554, 1971.

PFANN, A. Z.; FARIA, M. V.; ANDRADE, A. A. DE; NASCIMENTO, I. R. DO; FARIA, C. M. D. R.; BRINGHENTTI, R. M. Capacidade combinatória entre híbridos simples de milho em dialelo circulante. **Ciência Rural**, v. 39, n. 3, p. 635–641, 2009.

REIS, A. J. DOS S.; CHAVES, L. J.; DUARTE, J. B.; BRASIL, E. M. Prediction of hybrid means from a partial circulant diallel table using the ordinary least square and the mixed model methods. **Genetics and Molecular Biology**, v. 28, n. 2, p. 314–320, 2005.

RESENDE, M. D. V. DE. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. [s.l.] Embrapa Florestas, Colombo, 2007.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330–339, 2016.

RICHEY, F. D. Mock-dominance and hybrid vigor. **Science**, v. 96, n. 2490, p. 280–281, 1942.

RODRIGUES, M. C.; CHAVES, L. J.; PACHECO, C. A. P. Heterosis in crosses among white grain maize populations with high quality protein. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 1, p. 59–66, 2006.

- SANTOS, J. B. DOS. **Controle genético de caracteres agrônômicos e potencialidades de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) para o melhoramento genético.** [s.l.] ESALQ, Piracicaba, 1984.
- SAWAZAKI, E.; PATERNIANI, M. E. A. Z. Evolução dos cultivares de milho no Brasil. In: **Tecnologia de produção do milho.** Viçosa - MG: Editora UFV, 2004. p. 55–84.
- SCAPIM, C. A.; PATTO, C. A.; PACHECO, A. T.; BRACCINI, R. J. B. Análise dialélica e heterose de populações de milho-pipoca. *Bragantia*, Campinas, v. 61, n. 3, p. 219-230, 2002. **Bragantia**, v. 61, n. 3, p. 219–230, 2002.
- SCHMILDT, E. R.; CRUZ, C. D.; ZANUNCIO, J. C.; PEREIRA, P. R. G.; FERRÃO, R. G. Avaliação de métodos de correção do estande. **Pesq. agropec. bras.**, v. 36, n. 8, p. 1011–1018, 2001.
- SCHNELL, F. W.; COCKERHAM, C. C. Multiplicative vs. arbitrary gene action in heterosis. **Genetics**, v. 131, n. 2, p. 461–469, 1992.
- SHULL, G. H. The composition of a field of maize. **Journal of Heredity**, v. 4, p. 296–301, 1908.
- SHULL, G. H. A pure-line method in corn breeding. **Journal of Heredity**, v. 1, p. 51–58, 1909.
- SHULL, G. H. Hybridization methods in corn breeding. **Journal of Heredity**, v. 1, n. 2, p. 98–107, 1910.
- SILVA, F. C. A. DA; MENDONÇA, G. H.; LUNAS, D. A. L. Territorialização do Agronegócio e as Novas Dinâmicas no Sudoeste e Norte de Goiás. **Revista ESPACIOS**, v. 36, n. 13, p. 1–18, 2015.
- SILVA, T. N. **Caracterização agrônômica e morfológica de populações de milho.** [s.l.] UNESP, 2014.
- TROYER, A. F. Adaptedness and Heterosis in Corn and Mule Hybrids. **Crop Science, Madison**, v. 46, n. 2, p. 528–543, 2006.
- USDA, F. G. **World Markets and Trade.** [s.l.: s.n.].
- VALÉRIO FILHO, W. V. **Comparação de métodos para estimação de componentes da variância de dados através de simulação de dados.** [s.l.] Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (ESALQ), 1991.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento.** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.
- VIANA, J. M. S.; VINCIUS DE ALMEIDA, R.; FARIA, V. R.; VILELA DE RESENDE, M. D.; FONSECA E SILVA, F. Genetic evaluation of inbred plants based on BLUP of breeding value and general combining ability. **Crop and Pasture Science**, v. 62, n. 6, p. 515–522, 2011.

VIVAS, M.; SILVEIRA, S. F.; VIANA, A. P.; AMARAL JR., A. T.; CARDOSO, D. L.; PEREIRA, M. G. Efficiency of circulant diallels via mixed models in the selection of papaya genotypes resistant to foliar fungal diseases. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 3, p. 4797–4804, 2014.

WEGARY, D.; VIVEK, B. S.; LABUSCHAGNE, M. T. Combining ability of certain agronomic traits in quality protein maize under stress and nonstress environments in Eastern and Southern Africa. **Crop Science**, v. 54, n. 3, p. 1004–1014, 2014.

WELCKER, C.; THÉ, C.; ANDRÉAU, B.; DE LEON, C.; PARENTONI, S. N.; BERNAL, J.; FÉLICITÉ, J.; ZONKENG, C.; SALAZAR, F.; NARRO, L.; CHARCOSSET, A.; HORST, W. J. Heterosis and Combining Ability for Maize Adaptation to Tropical Acid Soils - Implications for Future Breeding Strategies. **Crop Science, Madison**, v. 45, p. 2405–2413, 2005.

WILKS, S. S. The Large-Sample Distribution of the Likelihood Ratio for Testing Composite Hypotheses. **The Annals of Mathematical Statistics**, v. 9, n. 1, p. 60–62, 1938.

WUHIAB, K. M.; HADI, B. H.; HASSAN, W. A. Hybrid Vigor, Heterosis, and Genetic Parameters in Maize by Diallel Cross Analysis. **International Journal of Applied Agricultural Sciences**, v. 2, n. 1, p. 1–11, 2016.

YAN, W.; HUNT, L. A.; SHENG, Q.; SZKAVNICS, Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the CGE biplot. **Crop Science, Madison**, v. 40, n. 3, p. 597–605, 2000.