

DIEGO GONÇALVES CAIXETA

**POTENCIAL GENÉTICO DE POPULAÇÕES DE BASE GENÉTICA AMPLA DE
MILHO TROPICAL VISANDO SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA**

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

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2021**

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

T

C138p
2021

Caixeta, Diego Gonçalves, 1996-

Potencial genético de populações de base genética ampla de milho tropical visando seleção recorrente recíproca / Diego Gonçalves Caixeta. – Viçosa, MG, 2021.

63 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f. 56- 63.

1. *Zea mays* . 2. Milho - Genética. 3. Genética de populações. 4. Heterose. 5. Stress (Fisiologia). 6. Milho - Seleção. I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Agronomia. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed. 633.152

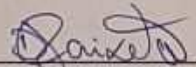
DIEGO GONÇALVES CAIXETA

**POTENCIAL GENÉTICO DE POPULAÇÕES DE BASE GENÉTICA AMPLA DE
MILHO TROPICAL VISANDO SELEÇÃO RECORRENTE RECÍPROCA**

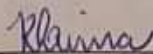
Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título *Magister Scientiae*.

APROVADA: 17 de fevereiro de 2021

Assentimento:



Diego Gonçalves Caixeta
Autor



Rodrigo Oliveira de Lima
Orientador

AGRADECIMENTOS

A Deus, por sempre guiar os meus passos.

Aos meus pais, José Balbino e Maria Marta pelos incentivos, o amor e os exemplos de como ser uma pessoa melhor. Aos meus irmãos, Franciele e Bruno e ao cunhado Hugo pela inspiração, conselhos e amizade. Ao pequeno Daniel por alegrar os meus dias. A todos os demais familiares pelas orações e torcida.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pela oportunidade da realização do curso e enorme contribuição em minha formação profissional e pessoal.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

Ao orientador, Prof. Rodrigo Oliveira de Lima, por todos os ensinamentos, paciência, amizade e instruções na execução do trabalho.

Aos professores, José Eustáquio de Souza Carneiro, Pedro Crescêncio Souza Carneiro e Tiago de Souza Marçal, pela participação na banca e pelas sugestões para o trabalho.

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

Aos funcionários do Campo Experimental de Coimbra e da Horta Nova, por toda dedicação e suporte na condução dos experimentos.

À família Mendonça Rezende por abrir as porteiras do Sítio do Tanque, o que permitiu a avaliação dos experimentos em Leopoldina-MG.

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

Muito obrigado!

BIOGRAFIA

Diego Gonçalves Caixeta, filho de José Balbino Caixeta e Maria Marta Silva Caixeta, nasceu em Patos de Minas – MG, em 18 de junho de 1996.

Em março de 2014 ingressou na Universidade Federal de Viçosa onde se graduou em Agronomia, obtendo o título em janeiro de 2019.

Em março de 2019 iniciou o curso de Mestrado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa em fevereiro de 2021.

RESUMO

CAIXETA, Diego Gonçalves, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2021. **Potencial genético de populações de base genética ampla de milho tropical visando seleção recorrente recíproca.** Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.

A seleção recorrente recíproca (SRR) favorece o desenvolvimento de linhagens endogâmicas com alto padrão heterótico. De certo que a SRR melhora a capacidade de combinação entre duas populações de melhoramento. Assim, o uso de populações mais divergentes geneticamente na SRR possibilita maiores ganhos por ciclo de seleção. Dessa forma, o objetivo com esse trabalho foi avaliar a heterose entre dez populações de base genética ampla de milho em diversas condições ambientais. Para isso, 45 populações bi-parentais (PBP's) e as dez populações parentais foram avaliadas, nas safras 2018/19 e 2019/20, em quatro ambientes: i) ambiente tropical de terras baixas; ii) um com baixa disponibilidade de nitrogênio (N) e; iii) dois em condições normais de cultivo. O delineamento experimental utilizado foi o alfa látice 11 x 5, com três repetições. Cada parcela foi constituída por duas linhas de cinco metros, espaçadas em 0,80 m. Os caracteres avaliados foram: dias até florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias); altura de planta (AP, cm) e de espiga (AE, cm) e; produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹). Foi realizada a análise dialélica conjunta das safras de cada ambiente e outra envolvendo safras e ambientes. As análises dialélicas seguiram os modelos da *Analysis II* de Gardner e Eberhart. Os efeitos de variedade (v_i) e heterose (h_{ij}) foram significativos ($P < 0,05$), para quase todos os caracteres, exceto AP e AE em alguns ambientes. Os componentes da h_{ij} foram quase todos significativos ($P < 0,05$) para PG nos ambientes avaliados. A h_{ij} explicou majoritariamente a variação encontrada entre os genótipos avaliados para PG. Ao longo dos ambientes, as populações IPR164, UFVM100(HS)C1 e UFVM200(HS)C1 obtiveram as melhores estimativas de v_i para PG. A progenitora AL Avaré se demonstrou como a mais divergente geneticamente, pois apresentou altas estimativas de heterose varietal em todos os ambientes. Conseqüentemente, a AL Avaré obteve as estimativas mais favoráveis da capacidade geral de combinação (g_i) para PG. A população IPR164, devido ao alto v_i , também apresentou estimativas favoráveis de g_i para PG. As PBP's UFVM100(HS)C1/IPR164, UFVM100(HS)C1/UFVM200(HS)C1 e UFVM200/AL Avaré apresentaram heteroses específicas favoráveis para PG. Conclui-se que as populações avaliadas apresentaram divergência genéticas e podem ser usadas em programas de SRR para o desenvolvimento de linhagens com alto padrão heterótico.

Palavras-chave: *Zea mays* L. dialelo. Gardner e Eberhart. Pré-melhoramento. Terras baixas.

Baixo N.

ABSTRACT

CAIXETA, Diego Gonçalves, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2021. **Genetic potential of broad-base populations of tropical maize targeting reciprocal recurrent selection.** Advisor: Rodrigo Oliveira de Lima.

The reciprocal recurrent selection (RRS) allows the development of inbred lines with a high heterotic pattern. Since, RRS aims to improve the combining ability between two populations. For this reason, use of more genetically divergent populations in SRR allows greater gains per cycle of selection. However, it is extremely important to know the heterosis (h_{ij}) among the populations before starting the RRS program. Thus, the objective of this study was to evaluate the heterosis among ten tropical broad-base populations of maize under multiple environments. For this, 45 populations crosses and ten parental populations were evaluated, in 2018/19 and 2019/20 summer seasons, under lowland, low nitrogen (low N) and optimum conditions. The experimental design used was the 11 x 4 alpha lattice design with three replications. Each experimental unit consisted of two row of five-meter plot spaced 0.80 m. We evaluated the traits: days to pollen shedding (DTP, days), days to silking (DTS, days), plant height (PH, cm), ears height (EH, cm) and grain yield (GY, kg ha⁻¹). The joint diallel analysis was carried out between the season of each environment and with all environments. The genetics and environmental effects were partitioned following the models of Gardner Eberhart Analysis II. The variety effect (v_i) and heterosis (h_{ij}) were significant ($P < 0,05$) for all traits, except for PH and EH in some environments. The components of h_{ij} were almost all significant ($P < 0,05$) for GY. The h_{ij} effects explained most of the differences among diallel entries for GY. Throughout the environments, the v_i effects for GY was highest for IPR164, UFVM100(HS)C1 e UFVM200(HS)C1. The parental population AL Avaré is the most genetically divergent, because this populations showed the highest varietal heterosis effects in all environments for GY. Consequently, this population showed the most favorable estimates of general combining ability (GCA). The parental population IPR164, due the high v_i , also presented favorable estimates of GCA for GY. The populations crosses UFVM100(HS)C1/IPR164, UFVM100(HS)C1/UFVM200(HS)C1 e UFVM200/AL Avaré showed the best estimates for specific heterosis effects for GY. We concluded that, the evaluated populations showed genetics divergence, which indicate they can be used in RRS programs for the development of lines with high heterotic pattern.

Keywords. *Zea mays* L. Diallel. Gardner and Eberhart. Pre-breeding. Lowland. Low N.

SUMÁRIO

1. Introdução.....	10
2. Revisão de literatura	13
2.1. Importância do milho.....	13
2.2. Melhoramento para estresse abiótico.....	14
2.2.1. Melhoramento para tolerância a baixo nitrogênio	14
2.2.2. Melhoramento para calor e seca.....	16
2.3. Seleção Recorrente Recíproca	18
2.4. Dialelos	21
3. Objetivos.....	26
3.1. Objetivo geral	26
3.2. Objetivos específicos	26
4. Material e Métodos.....	27
4.1. Material Genético	27
4.2. Execução experimental.....	28
4.3. Caracteres Avaliados	29
4.4. Análises Genético-Estatísticas.....	29
5. Resultados.....	32
5.1. Variação entre os genótipos ao longo dos ambientes	32
5.2 Contribuição relativa dos efeitos de variedade e heterose.....	36
5.3 Estimativas de efeitos genéticos	38
5.3.1 Efeito de variedade.....	38
5.3.2 Heterose varietal	39
5.3.3 Capacidade geral de combinação	40
5.3.4 Heterose específica	44
5.4 Diversidade Genética.....	46
6. Discussão.....	48
7. Conclusão	55
8. Referências	56

1. Introdução

O milho (*Zea mays*. L) sempre se destacou, na história da agricultura mundial, como uma das principais culturas cultivadas. A cultura foi responsável pela caracterização socioeconômica de diversos países. Na safra 2019/2020, o Brasil é um dos maiores produtores mundiais (102 milhões de t), juntamente com os Estados Unidos da América (369 milhões de t) e a China (260 milhões de t) (USDA, 2020). Estima-se que, na safra 2020/2021, a produção de milho brasileira irá crescer aproximadamente 8% em relação à safra anterior (USDA, 2020). A enorme importância socioeconômica da cultura do milho pode ser explicada pelas multifuncionalidades de usos do grão. Devido a isso, a cultura se tornou um dos pilares da economia agrícola mundial. O milho é amplamente utilizado tanto na alimentação humana, quanto animal. Além disso, o grão é matéria prima nas indústrias de etanol, bebidas, farmacêuticas e entre outras (PAES, 2008).

O crescimento acelerado da população mundial obriga o agronegócio a aumentar a produção de alimentos, a cada ano, para suprir a demanda. No Brasil, o milho é cultivado em todos os estados da federação e em três épocas distintas (CARVALHO et al., 2020). Além disso, houve um expressivo aumento na produção de brasileira milho, cerca de 377%, entre as safras 1999/2000 e 2019/2020. Esse aumento, em grande parte, é explicado pelo melhoramento genético do milho (UATE et al., 2018). No entanto, a produtividade brasileira ainda é inferior (5.719 kg ha^{-1} ; CARVALHO et al., 2020), quando comparada com aquelas obtidas por EUA e China. Indubitavelmente, que isso se deve, em grande parte, à hegemonia de solos de baixa fertilidade, principalmente em nitrogênio (N) e fósforo, no território brasileiro (VERGUTZ e NOVAIS, 2015). Entretanto, Carvalho et al. (2020) estimam que, para suprir a demanda, a produção brasileira de milho deve crescer 10% ao ano. Nesse contexto, o desenvolvimento de cultivares de milho eficientes no uso de recursos, será fundamental para manter e/ou aumentar as médias de produtividade nos próximos anos.

Entre os nutrientes considerados como essenciais, o N é o mais requerido pela cultura do milho. O N é constituinte de diversos compostos na planta, como: aminoácidos, clorofila e etc. Além disso, o N está envolvido em diversas rotas metabólicas importantes para o desenvolvimento da planta (TAIZ e ZEIGER, 2015). Entretanto, estima-se que grande parte do custo de produção é referente aos fertilizantes nitrogenados (KIST et al., 2016). O alto custo desse tipo de fertilizante é explicado pela alta quantidade de energia gasta pela indústria para fixar o N atmosférico. Além disso, o uso indiscriminado dos fertilizantes nitrogenados pode gerar sérios problemas ambientais (DE JONG et al., 2007). Entretanto, o melhoramento de

milho não deve focar apenas na eficiência do uso de N, mas também, em consequência da ampla dispersão geográfica do milho, no melhoramento para tolerância ao calor e seca.

As consequências das mudanças climáticas, estão sendo observadas cada vez mais no mundo. Em algumas regiões, altos índices pluviométricos estão concentrados em um curto período de tempo seguidos por longos períodos de estiagem. As consequências do déficit hídrico no milho são diversas. Em suma, a ocorrência de veranicos durante estádios críticos da cultura, reduz significativamente a produtividade de grãos de milho (GE et al., 2012). Uma das estratégias utilizadas no melhoramento para seca é a seleção de genótipos eficientes no uso da água. Esse caráter apresenta forte correlação com a produtividade de grãos (MUNDIM et al., 2018). Entretanto, em algumas regiões produtoras do Brasil os períodos de seca estão associados com eventos de altas temperaturas. No milho, as altas temperaturas influenciam negativamente tanto a viabilidade da inflorescência masculina (pendão) quanto da inflorescência feminina (espiga), o que por sua vez reduz a produtividade de grãos (ALAM et al., 2017). Nesse contexto, os programas de melhoramento de milho, principalmente os da iniciativa pública, aplicam estratégias de melhoramento que visam a seleção de genótipos tolerantes a baixa disponibilidade de N, a seca e ao calor.

Os programas de melhoramento, geralmente, principalmente a iniciativa privada, selecionam os genótipos apenas em condições ótimas de cultivo. Em consequência, os cultivares modernos possuem baixa tolerância a condições de estresse. No entanto, diversas estratégias de melhoramento foram adequadas para as condições de estresse abióticos. Em geral, o melhoramento para os estresses abióticos se baseia: i) na busca de fontes de alelos favoráveis; ii) estudos voltados para o entendimento de quais os genes são responsáveis pela tolerância ou eficiência no uso; iii) desenvolvimento de genótipos adaptados ao estresse e; iv) avaliação desses em ambientes contrastantes.

Um dos germoplasmas utilizado na busca de alelos favoráveis são os híbridos interpopulacionais ou populações bi-parentais. Essas são oriundas do cruzamento entre duas populações de base genética ampla de milho. As melhores populações bi-parentais podem ser utilizadas na formação de cultivares compostos, desenvolvimento de linhagens endogâmicas e na seleção recorrente recíproca de Comstock et al. (1949). A seleção recorrente recíproca visa o melhoramento do cruzamento, ou da heterose, entre duas populações (SOUZA JR., 2018). Entretanto, a correta escolha da população bi-parental para compor a população base da seleção recorrente recíproca irá garantir o sucesso do método. A análise dialélica proposta por Gardner e Eberhart (1966), permite avaliar o cruzamento entre um conjunto de populações de base

genética ampla de milho. Portanto, a análise dialélica pode auxiliar na escolha dos progenitores de um programa de melhoramento de milho.

Diante do exposto, é notável que o milho enfrenta diversos estresses abióticos durante o seu cultivo. Portanto, é de suma importância o uso de estratégias de melhoramento para o desenvolvimento de híbridos adaptados e estáveis a diversas condições ambientais. De certo que, o correto *screening* do germoplasma de milho, em diversas condições ambientais, permite maximizar os ganhos anuais. Assim, estudos visando estudar a heterose e o comportamento *per se* de populações de base genética ampla, em condições de estresse, são de suma importância. O Programa Milho®, programa de melhoramento de milho da Universidade Federal de Viçosa, tem desenvolvido diversos trabalhos com o foco na avaliação em condições de estresse e não estresse. Com isso, o objetivo com este trabalho foi avaliar a heterose entre dez populações de base genética ampla de milho tropical em diversas condições ambientais.

2. Revisão de literatura

2.1. Importância do milho

O milho (*Zea mays* L.) é um cereal pertencente à família Poaceae. Ele foi domesticado a partir do teosinto (*Zea mays ssp*) há mais de 8 mil anos (BEADLE, 1978). Após séculos de seleção e domesticação, o milho hoje é cultivado entre as latitudes 58° Norte até 40° Sul, do nível do mar até 3.800 m de altitude e em diferentes climas (FANCELLI, 2015). A sua ampla dispersão, é devido, principalmente, pelas elevadas qualidades nutricionais do grão e da planta, os quais são usados como base da alimentação humana e animal (MÔRO e FRISTCHE-NETO, 2015). Além disso, os componentes do grão de milho também são utilizados na fabricação de diversos produtos, como: adesivos; antibióticos; peças automotivas, bebidas, etanol e etc (PAES, 2008). Portanto, o milho possui uma vasta importância na economia, nas relações sociais e culturais de vários países do mundo.

Na safra 2019/2020, a produção mundial de milho atingiu 1,1 bilhão de t, redução de 1% em relação à safra anterior (USDA, 2020). Entre os países produtores de milho, o Brasil se destaca como o terceiro maior, atrás apenas dos Estados Unidos da América e China. Esses três países são responsáveis por 64% da produção mundial de milho (USDA, 2020). Em relação a produção brasileira, estima-se que o país produziu aproximadamente 102,5 milhões de t, em uma área plantada de aproximadamente 18,5 milhões de ha, com uma produtividade média de 5.500 kg ha⁻¹, na safra 2019/2020 (CONAB, 2020). Diferentemente dos outros grandes produtores, a produção brasileira é realizada em três épocas distintas de plantio, sendo elas: primeira safra ou safra verão (23% da área plantada), segunda safra ou safrinha (74% da área plantada) e terceira safra (3% da área plantada; CONAB, 2020). Portanto, no Brasil, o milho é produzido em praticamente todo o território nacional e durante todo o ano. Assim, a cultura pode encontrar diferentes tipos de estresses abióticos, como: de nutrientes, solos com altas concentrações de metais pesados, estresse hídrico, limitações de radiação solar e temperatura.

Além disso, diferentes técnicas de manejo utilizadas nas lavouras, podem ser encontradas nas regiões produtoras de milho do país (MUNDIM et al., 2018). Entretanto, apesar disso tudo, estima-se que a produção brasileira na safra 2019/2020 foi 1% maior do que a safra anterior (CONAB, 2020). De certo que, o desenvolvimento de cultivares mais eficientes no uso de nutrientes, tolerantes a seca e ao calor, o uso da biotecnologia para resistência a pragas e a doenças, foram de suma importância para aumento da produção brasileira de milho (UATE et

al., 2018). Por fim, o uso cômico das novas técnicas de manejo também contribuiu para esse aumento (GALVÃO et al., 2014).

De acordo com a Embrapa (2020), na safra 2019/2020, foram disponibilizadas 196 cultivares de milho no mercado brasileiro e, desses, 131 são cultivares transgênicos (63%). Em relação ao tipo de cultivar, 170 são híbridos simples (86,4%), 12 são híbridos triplos (5,8%), 9 duplos (3,9%), 5 são híbridos interpopulacionais (2,6%). Além desses, também foram listadas 11 variedades de polinização aberta, dois *top cross* e 28 cultivares não tiveram informações declaradas.

2.2. Melhoramento para estresse abiótico

2.2.1. Melhoramento para tolerância a baixo nitrogênio

Devido ao seu alto potencial produtivo, o milho é muito responsivo à adubação mineral, principalmente aos fertilizantes nitrogenados (BENDER et al., 2013). Dentre os 17 nutrientes classificados como essenciais, o N é o mais requerido e absorvido pela cultura, seguido pelo fósforo (P) e potássio (K; VERGUTZ e NOVAIS, 2015). Isso é devido ao N ser o componente de diversos compostos orgânicos essenciais para a planta. Esses estão associadas principalmente aos processos fisiológicos da fotossíntese, respiração, absorção iônica e etc (TAIZ e ZEIGER, 2015; WASAYA et al., 2017). Além disso, as plantas do tipo C4, como o milho, são mais eficientes no uso do N quando comparada as plantas do metabolismo C3. O N é um dos componentes da Ribulose 1,5 bisfosfato ou RuBisCo. Essa enzima é considerada a mais importante e abundante do planeta Terra. A RuBisCo é a responsável pela carboxilação do gás carbônico atmosférico (CO₂) no ciclo de Calvin-Benson, o qual é importantíssimo para a produção de carboidratos na planta. Devido ao sistema concentrador de CO₂ nas células do mesófilo, as plantas C4 necessitam de uma concentração de RuBisCo, ou seja, o N absorvido pode ser utilizado em outras rotas metabólicas (TAIZ e ZEIGER, 2015).

Nesse contexto, o déficit de N no solo limita a produtividade de grãos no milho. A sua deficiência é observada primeiramente, por ser um nutriente móvel na planta, nas folhas mais velhas através de um amarelecimento em forma de “V” invertido ao longo da nervura principal. Em casos mais graves, toda a planta apresenta amarelecimento generalizado, colmos mais finos, senescência das folhas baixas, espigas com as pontas deformadas e baixo crescimento (MALAVOLTA et al., 1997).

Existem diferentes metodologias para a recomendação de N na cultura milho. Entretanto, elas divergem quanto a taxa ideal de N para se atingir altas produtividades de grãos (DHITAL e RAUN, 2016). No Brasil, a dose de N a ser aplicada é estipulada através da produtividade esperada, uma vez que a mesma está correlacionada com a quantidade de N absorvido pela planta (ALVES et al., 1999). Como exemplo, para se atingir uma produção de 12.000 kg ha⁻¹, em um solo franco argiloso, é necessário a aplicação de 290 kg ha⁻¹ de N (BENDER et al., 2013). Entretanto, os produtores brasileiros utilizam em média 60 a 100 kg ha⁻¹ de N em suas lavouras (PAVINATO et al., 2008). Por outro lado, ao se extrapolar a dose de N aplicada no milho, a taxa de aproveitamento da cultura decresce. Assim há um aumento da probabilidade de perdas de amônia por lixiviação. Essa pode acarretar em sérios problemas ambientais, como a contaminação de cursos d'água (DE JONG et al., 2007). Vale ressaltar também, que a resposta do milho ao N depende de vários fatores, como: condições edafoclimáticas; fonte de N aplicada, manejo empregado na fazenda, tipo de solo e do material genético utilizado (FERNANDES et al., 2005).

Após a Revolução Verde, a maioria dos programas de melhoramento focaram no desenvolvimento de cultivares de milho em condições ótimas de N (DUVICK, 2005). Como consequência, nos dias atuais, estima-se que 25% do custo total da produção de milho é devido aos fertilizantes nitrogenados (KIST et al., 2016). Além disso, segundo Ordóñez et al. (2015) as áreas com um nível adequado de N maximizam os efeitos negativos do estresse de calor na produtividade de grãos em milho. Dessa forma, o desenvolvimento de cultivares eficientes no uso do N pode auxiliar na redução do custo de produção. Além disso, também irá auxiliar na redução dos impactos ambientais provocados pela lixiviação e melhorar a produtividade de grãos.

Segundo Worku et al. (2007), existe uma grande variabilidade no uso e eficiência de N no germoplasma de milho do mundo. Makumbi et al. (2018) avaliaram a diversidade genética entre populações bi-parentais oriundas de um dialelo entre populações de base genética ampla de milho, e concluíram que algumas populações bi-parentais podem ser utilizadas como fonte de alelos favoráveis para condições de déficit de N e água. Rodrigues et al. (2017), por sua vez, constataram a existência da variabilidade genética para eficiência no uso de N, em um estudo com 64 linhagens de milho tropical em condições contrastantes de N. Os autores observaram uma redução de aproximadamente 25% na produtividade de grãos no baixo N em relação ao alto N. Além disso, segundo os autores, os caracteres dias até o florescimento e número de grãos da espiga podem ser utilizados para a seleção indireta de eficiência no uso de N. Haegele et al. (2013) avaliaram 21 híbridos de milho, desenvolvidos em diferentes décadas, em condições

contrastantes de N. Os autores concluíram que a eficiência na absorção, independente da disponibilidade de N, é o componente mais importante na eficiência do uso de N. Além disso, dois terços do ganho genético de produtividade de grãos em alto N é explicado pelo melhoramento realizado em condições de baixo N.

2.2.2. Melhoramento para calor e seca

A via de fixação do carbono do tipo C₄, permite a planta de milho ser uma das mais eficientes na produção e armazenamento de fotoassimilados. Dessa forma, é de extrema importância o entendimento das exigências edafoclimáticas do milho, em cada estágio fenológico, para se alcançar elevadas produtividades de grãos (FANCELLI, 2015). Em síntese, para completar o ciclo, o milho necessita de temperaturas entre 10 a 35 °C e uma precipitação média de 500 mm (FANCELLI, 2015). Entretanto, no Brasil o cultivo do milho é realizado em diferentes épocas, em diversas regiões produtoras, o que favorece a ocorrência de algum estresse abiótico. Como exemplo, a segunda safra é responsável por 76% da produção brasileira de milho (CONAB, 2020). Essa época de semeadura tem como característica principal o baixo volume de precipitação. O déficit hídrico é um dos fatores mais limitantes no desenvolvimento das lavouras de milho. Estudos demonstram que longos períodos de estiagem, em um certo estágio fenológico, causam perdas de até 76% no rendimento de grãos (BOLAÑOS et al., 1993).

Indubitavelmente que condições de altas temperaturas também influenciam negativamente na produtividade de grãos na cultura do milho. Segundo Lobell et al. (2011), a cada dia com temperaturas superiores a 35 °C a produtividade de milho é reduzida em 1% em condições normais e 1,7% em condições de seca. No Brasil, regiões tropicais baixas abrangem vastas áreas do território brasileiro, elas são caracterizadas pelas altitudes de 0 até 700 m acima do nível do mar. Nessas regiões, há uma tendência de ocorrer temperaturas mais elevadas associadas a baixos índices pluviométricos. Portanto, os programas de melhoramento são fundamentais para desenvolver genótipos adaptados a regiões e épocas cujas condições edafoclimáticas são desfavoráveis para o cultivo do milho.

A água é a substância primordial para a existência e manutenção da vida na terra. A disponibilidade de água direciona a distribuição das espécies, tanto de vegetais, quanto de animais, nos ecossistemas terrestres. Nas plantas, a água é fundamental, direta ou indiretamente, em diversos processos fisiológicos (TAIZ e ZEIGER, 2015). Por exemplo, ela é substrato de uma das reações iniciais da fotossíntese, conhecida como fotólise da água. Essa reação libera o

poder redutor necessário para a fixação do gás carbônico em algum carboidrato. Todavia, como substrato a água não é um fator limitante da fotossíntese (TAIZ e ZEIGER, 2015).

O déficit hídrico afeta indiretamente a fotossíntese, através do impedimento da difusão do gás carbônico para o interior da folha. Eventualmente, em condições de estresse, para evitar a perda excessiva de vapor de água através da transpiração, ocorre o fechamento estomático. Conseqüentemente, a difusão de gás carbônico para o interior das folhas também é interrompida. Assim, há uma redução significativa da eficiência em converter a energia luminosa em biomassa (TAIZ e ZEIGER, 2015). No milho, nota-se uma significativa redução da condutância estomática em condições de seca. Devido a isso, ocorre uma inibição das reações fotossintéticas, o que acarreta, conseqüentemente, a redução da produtividade de grãos (BENESOVÁ et al., 2012).

Ge et al. (2012) concluíram que a produtividade de grãos pode ser prejudicada se o déficit hídrico coincidir com os estádios fenológicos iniciais da fase reprodutiva, fase essa que determina a quantidade de óvulos a serem fecundados. Portanto, o déficit hídrico é um dos fatores mais limitantes na produção de milho. Os genótipos tolerantes à seca possuem diversas modificações fisiológicas, morfológicas e/ou bioquímicas, o que dificulta a seleção. Em virtude disso, os pesquisadores estão interessados na seleção de genótipos mais eficientes no uso da água (EUA), a qual é altamente correlacionada com a produtividade de grãos (MUNDIM et al., 2018).

Nagore et al. (2017) mostraram que os híbridos modernos possuem uma melhor EUA, comparados com híbridos antigos, devido ao maior número de grãos por planta. Visto que, cultivares com melhores EUA privilegiam o enchimento de grãos em condições de seca (ZHAO et al., 2018). Adebayo et al. (2017) avaliaram 24 linhagens de milho tolerantes a seca, em esquema de dialelo, e concluíram que sete delas possuem fontes de alelos favoráveis para EUA. Logo, elas podem ser recombinadas afim de se obter uma população base de melhoramento para tolerância a seca. Além disso, eventualmente, em regiões de terras baixas, o déficit hídrico coincide com períodos de altas temperaturas, o que acarreta em maiores perdas de produtividade de grãos.

As regiões de baixas altitudes ou terras baixas abrangem 85% do território brasileiro. Essas regiões são reconhecidas pelas altitudes de 0 a 700 m acima do nível do mar. Segundo Durães (2006), a altitude possui interferência indireta no rendimento de grãos, uma vez que ela intervém diretamente na fotossíntese, respiração, absorção de água e nutrientes. Por exemplo, a produtividade de milho nas condições de terras altas pode alcançar níveis elevados, 15 a 18 t ha⁻¹. Entretanto, em condições de terras baixas, as produtividades ficam em torno de 5 a 8 t ha⁻¹.

¹. Isso se deve ao fato que as regiões de terras baixas apresentam uma maior pressão atmosférica e maior densidade do ar do que as regiões de terras altas. Conseqüentemente, nessas regiões há uma tendência de ocorrer maiores médias diárias de temperatura, ou seja, menor amplitude entre as temperaturas diurnas e noturnas.

No milho, altas temperaturas diurnas e noturnas reduzem o crescimento vegetativo, dias até o florescimento, viabilidade do pólen, taxa fotossintética, acumulação de biomassa e EUA (BEN-ASHER et al., 2008; SUNOJ et al., 2016; LIZASO et al., 2018). Além disso, a elevada temperatura noturna é o principal fator responsável pela redução da produtividade de grãos no milho (SUNOJ et al., 2016) e em outras culturas como a soja (*Glycine max* L.; DJANAGUIRAMAN et al., 2013) e o sorgo (*Sorghum bicolor* L.; DJANAGUIRAMAN et al., 2014).

Em condições normais de temperatura, a planta fixa o carbono, através da fotossíntese, em carboidratos durante o dia, os quais são usados pela respiração de manutenção ou crescimento. Esses processos geram o balanço do carbono, fator importante para o desenvolvimento da planta (TAIZ e ZEIGER, 2015). Em noites com temperaturas elevadas, nota-se um aumento das taxas respiratórias de manutenção, conseqüentemente causa um desbalanço do uso do carbono. Assim, há uma redução do armazenamento de biomassa, a qual seria utilizada no enchimento de grãos (SUNOJ et al., 2016). A baixa amplitude térmica, quando ocorre no florescimento, causa a precocidade da maturidade fisiológica dos grãos, ou seja, o período da formação dos grãos é reduzido (WANG et al., 2020). Cairns et al. (2013) avaliaram o desempenho 300 linhagens de milho cruzadas como uma linhagem tropical em condições de calor e seca. Os autores encontraram diversas linhagens fontes de alelos favoráveis para o estresse combinado de calor e seca, as quais podem ser inseridas em programas de melhoramento. Alam et al. (2017) estudaram quais caracteres estão associados a tolerância ao calor em 75 linhagens tropicais de milho e concluíram que a macho esterilidade, o conteúdo de clorofila e o intervalo entre os florescimentos masculino e feminino podem ser utilizados na seleção indireta para tolerância ao calor em milho.

2.3. Seleção Recorrente Recíproca

No preâmbulo da agricultura, o homem executava, inconscientemente, a seleção recorrente através da utilização das melhores plantas como as matrizes do cultivo subsequente. Nos dias atuais, essa técnica é conhecida como seleção massal ou fenotípica. Todavia, apenas milênios mais tarde, Jenkis (1940) descreve o primeiro esquema do método e, posteriormente,

Hull (1945) introduz o termo “seleção recorrente”. Essa expressão, refere-se a qualquer método cíclico de seleção que visa aumentar a frequência dos alelos favoráveis das características de interesse e, concomitantemente, manter a variabilidade genética da população em níveis adequados para permitir a seleção nos ciclos porvindouros (HALLAUER et al., 2010; SOUZA JR., 2018). Esse método de seleção é segmentado em duas categorias: seleção recorrente intrapopulacional (SR) e seleção recorrente interpopulacional ou recíproca (SRR). Em ambas, cada ciclo de seleção apresenta as seguintes etapas: i) obtenção das progênies; ii) avaliação das progênies; iii) seleção das melhores progênies e; iv) recombinação das progênies selecionadas. Entretanto, as categorias se diferenciam na quantidade de populações envolvidas, tamanho efetivo da população, o tipo de progênie utilizada na avaliação e na recombinação (RODRIGUEZ e HALLAUER, 1988).

Na metade do século XIX, diversos esquemas da SR foram descritos. De certo que, os métodos da SR são caracterizados, essencialmente, pela seleção baseada no comportamento *per se* das progênies/indivíduos de uma única população. Entretanto, se diferenciam, principalmente, nas singelas alterações na metodologia que visam maximizar o ganho. No milho, a SR é amplamente utilizada na adaptação e/ou melhoramento do germoplasma fonte de linhagens endogâmicas (HALLAUER et al., 2010). Como exemplo, a B73, principal linhagem de clima temperado, foi obtida a partir do quinto ciclo de seleção da população *Iowa Stiff Stalk Synthetic* ou BSSS (RUSSELL, 1972).

Ganhos expressivos para produtividade de grãos de milho já foram observados com a SR. Weyhrich et al. (1998) compararam sete métodos da SR na população de milho BS11 e encontraram ganhos de 29 a 172 kg ha⁻¹ ciclo⁻¹ com a seleção massal e progênies de meios irmãos por fileira modificado, respectivamente. No entanto, a produtividade de grãos de milho apresenta elevada heterose em cruzamentos entre grupos heteróticos diferentes. Dessa forma, para a produtividade de grãos, a SRR é o método mais recomendado, uma vez que, esse método melhora o híbrido de duas populações, ou seja, melhora a amplitude da heterose entre elas (SOUZA JR., 1999).

A seleção recorrente interpopulacional ou recíproca (SRR), idealizada por Comstock et al. (1949), tem como propósito principal melhorar o germoplasma fonte de linhagens endogâmicas em milho (HALLAUER e CARENA, 2012). Usualmente, populações de base genética ampla ou de base genética estreita, essas originadas da reciclagem de linhagens elites, são as utilizadas nos programas de SRR (SOUZA JR., 2018). A SRR consiste em avaliar duas populações em cruzamentos recíprocos, onde cada população é a testadora da outra. Após a avaliação, as populações melhoradas são obtidas a partir da recombinação, isolada para cada

população parental, das progênies selecionadas. Essas, são selecionadas com base nas melhores capacidades gerais e específicas de combinação das progênies interpopulacionais (HALLAUER et al., 2010).

Dessa forma, na SRR, são necessários dois tipos de progênies: i) a unidade de avaliação ou progênie interpopulacional, a qual podem ser progênies de irmãos completos ou meios irmãos e; ii) a unidade de recombinação ou progênie intrapopulacional, onde as progênies endogâmicas são as mais utilizadas (SOUZA JR., 2018). Portanto, a heterose do híbrido interpopulacional é melhorada diretamente pela seleção. Enquanto que, o comportamento *per se* das populações sofre os efeitos indiretos da seleção (SOUZA JR., 2001).

Da mesma forma que ocorreu com a SR, diversos trabalhos foram realizados para aprimorar a metodologia da SRR de Comstock et al. (1949). Segundo Paterniani e Vencovsky (1977), o método original da SRR possui algumas desvantagens: i) oneroso, por realizar o cruzamento e a autofecundação numa mesma planta, conseqüentemente, pode acarretar na redução da quantidade de progênies avaliadas; ii) problemas de amostragem da relação planta de fêmeas/macho, o que reduz a acurácia; iii) devido à complexidade do método, o ciclo se estende por mais de um ano, o que reduz o ganho anual e; iv) a recombinação das progênies endogâmicas é pouco efetiva. Na literatura, diversas modificações são encontradas, as mais relevantes são: recíproca com irmãos completos (HALLAUER e EBERHART, 1970), recíproca com linhagem testadora (RUSSEL e EBERHART, 1975), recíproca com meios-irmãos modificada I (PATERNIANI e VENCOVSKY, 1977), recíproca com meios-irmãos modificada II (PATERNIANI e VENCOVSKY, 1977) e etc.

Segundo Souza Jr. (1999), os métodos da SRR são eficientes para melhorar o híbrido interpopulacional, a heterose e apenas uma das populações parentais. Em virtude do aumento do nível de heterose, as populações se tornam mais divergentes geneticamente a cada ciclo. Dessa forma, espera-se que a resposta a seleção seja próxima a zero ou negativa em uma das populações parentais (SOUZA JR., 1999). Reis et al. (2012) ao avaliarem o progresso genético de duas populações, após três ciclos de seleção, em SRR, observaram que para produtividade de grãos houve ganhos de -4 e +8% na população 1 e 2, respectivamente. Em relação ao híbrido interpopulacional, houve um aumento de 12% na produtividade de grãos e a heterose passou de 12,6 para 24,9%.

Apesar disso, Kolawole et al. (2017), ao estudarem a estrutura de duas populações, do quarto ciclo de SRR, via marcadores moleculares, observaram que a cada ciclo as populações se tornavam mais complementares e com uma variabilidade genética que permitia continuar a seleção. Em outro trabalho, Kolawole et al. (2018) estudaram o progresso genético de quatro

ciclos da SRR e encontram um ganho de 3,6% ciclo⁻¹ para produtividade de grãos. Além disso, 29% dos híbridos interpopulacionais do quarto ciclo, foram superiores a melhor testemunha comercial.

Isso demonstra o potencial da SRR em melhorar o germoplasma fonte de linhagens elite. De acordo com Souza Jr. (2018) a probabilidade de se obter novos híbridos superiores, em relação aos comerciais, aumenta com a utilização da SRR. Como ilustração, Souza Jr (2010) avaliaram 48 híbridos experimentais, em seis ambientes, desenvolvidos a partir do primeiro ciclo de SRR, conjuntamente com quatro híbridos comerciais. Os autores concluíram que 98% dos híbridos experimentais possuíam produtividade de grãos semelhante ou superior as testemunhas e que a realização de novos ciclos poderia favorecer novos ganhos.

O sucesso de um programa de melhoramento de milho é definido na escolha correta das populações de melhoramento. Isso evitará esforços, tanto humano como financeiro, em genótipos/populações pouco promissores. Assim, as populações a serem trabalhadas na SRR, devem ser fontes de alelos favoráveis e apresentar um elevado nível de heterose quando cruzadas. Portanto, a escolha das melhores populações para um programa de SRR deve ser baseado em um pré-trabalho. Esse pode ser realizado através do esquema proposto por Gardner e Eberhart (1966).

2.4. Dialelos

No melhoramento de plantas, alguns parâmetros genéticos são bastante efetivos na seleção dos melhores genótipos. Esses parâmetros podem ser estimados, principalmente, pelos delineamentos genéticos, sendo os dialelos os mais usados (HALLAUER et al., 2010). Os dialelos se caracterizam na avaliação de p genitores em cruzamentos, através das $p(p-1)/2$ combinações híbridas. Além desses, durante a avaliação e a análise dialélica, é possível inserir os pais, os recíprocos e/ou outras gerações relacionadas (GRIFFING, 1956). A partir disso, é possível estudar diversos fatores como: os efeitos genéticos envolvidos no controle dos caracteres, a herança envolvida em determinado caractere, estimar as capacidades de combinação entre os genitores, alocar os genitores em grupos heteróticos, verificar a influência do efeito recíproco no caractere e estimar a heterose (CRUZ et al., 2012).

Diversos esquemas de dialelos foram desenvolvidos, sendo os mais utilizados no melhoramento de plantas: o esquema de Griffing (1956), que decompõe a soma de quadrados total em efeitos de capacidade geral e específica de combinação; a metodologia de Hayman (1954), infere sobre o potencial genético de linhagens endogâmicas, estima parâmetros

genéticos que auxiliam no entendimento do controle genético do caractere e avalia a eficácia das estratégias de melhoramento empregadas no programa e; a proposta por Gardner e Eberhart (1966), a qual visa avaliar o potencial *per se* e em cruzamentos, através das estimativas de efeitos varietal e da heterose, de populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg.

Entretanto, segundo Hallauer et al. (2010), à medida que se aumenta o número de genitores envolvidos, as metodologias dos dialelos balanceados se tornam inviáveis. Visto que, o número de combinações híbridas a serem obtidas, e avaliadas, também irá aumentar consideravelmente. Na tentativa de se contornar esse problema foram desenvolvidos os dialelos parciais. Esse, a partir das adaptações dos dialelos de Griffing (1956) e Gardner e Eberhart (1966), infere sobre dois grupos distintos de parentais através de um número menor de cruzamentos. Além desse, pode-se citar os dialelos circulantes (KEMPTHORNE e CURNOW, 1961), os dialelos incompletos e os desbalanceados.

Após a descoberta da heterose e da endogamia (SHULL, 1908) e com o sucesso dos híbridos, os cruzamentos interpopulacionais foram negligenciados. Porém, as primeiras linhagens endogâmicas desenvolvidas apresentaram forte endogamia (CARENA e BARI, 2018). Assim, o melhoramento do germoplasma fonte, com intuito de reduzir a frequência de alelos deletérios, tornou-se indispensável. Dessa forma, as populações bi-parentais voltaram a ter relevância nos programas de melhoramento. Uma vez que, através deles é possível investigar a heterose e o comportamento *per se* das populações de milho. Esses parâmetros auxiliam na seleção dos melhores genótipos a serem utilizados no desenvolvimento de novos materiais.

Diante disso, Gardner e Eberhart (1966) propuseram três metodologias de análise dialélica para p populações, em equilíbrio de Hardy-Weinberg, e no mínimo os $p(p-1)/2$ híbridos interpopulacionais. A *Analysis I*, a qual é o modelo completo, consiste na avaliação dos parentais, progênies S1 dos parentais, híbridos F1's, progênies S1 dos híbridos F1's e de cruzamento aleatórios entre os parentais. Essa análise viabiliza o estudo detalhado dos efeitos genéticos existentes, pois são testados os efeitos aditivos, de dominância, da depressão por endogamia e da heterose. Entretanto, devido à grande complexidade de se obter o material genético utilizado na avaliação, não existem trabalhos na literatura com a *Analysis I*. A *Analysis II* consiste na inclusão de apenas os parentais e os híbridos F1's na avaliação. Essa particiona a variação existente entre todas as populações, apenas nos efeitos varietal (pais) e heterose. Segundo os autores, os efeitos aditivos e de dominância não podem ser estimados separadamente através da *Analysis II*. Isso se deve fato de que esses efeitos estão confundidos no efeito de variedade. Além disso, as *Analysis I* e *II* permitem a decomposição da heterose em: heterose média, que é a diferença entre a performance de todos os progenitores e os

cruzamentos; heterose varietal, que é a medida do desvio da heterose média, ou seja, o quanto uma determinada população contribui para heterose em seus filhos e; heterose específica que é a heterose observada em um determinado cruzamento.

Em relação a *Analysis III*, são utilizados apenas os híbridos F1's na avaliação. Nessa análise o modelo é decomposto nos efeitos das capacidades geral (g_i) e específica de combinação. Segundo os autores, os efeitos estimados pela *Analysis III* são semelhantes aos efeitos obtidos pelo método 4, modelo 1 de Griffing (1956). Entretanto, a *Analysis III* não é possível se estimar a h_{ij} presente nos cruzamentos. Além disso, a g_i da *Analysis III* pode ser derivada a partir da *Analysis II*, onde g_i é igual a metade da v_i mais o efeito h_i . Devido a isso, a *Analysis II* é a mais utilizada em trabalhos com a cultura do milho (SANTOS et al., 1994; SALAZAR et al., 1997; SOENGAS et al., 2006; LAUDE e CARENA, 2014; MAKUMBI et al., 2018).

Santos et al. (1994) avaliaram o potencial *per se* e em cruzamentos de 28 populações de milho para o uso no melhoramento. Para isso, foi realizado um dialelo completo entre as populações, o qual gerou 378 populações bi-parentais. As populações bi-parentais e as populações parentais foram avaliadas em três locais, em condições normais de cultivo. Devido à distância geográfica, os ambientes influenciaram no comportamento diferencial dos genótipos avaliados. A soma de quadrados, do peso de espigas, foi explicado, majoritariamente, pela heterose. Entretanto, não foi observado correlação entre o tipo do endosperma do grão com a heterose. Os autores concluíram que as populações avaliadas são promissoras para programas de melhoramento de milho.

Salazar et al. (1997) investigaram a influência do efeito recíproco para tolerância de alumínio em populações de milho tropical. Para isso, realizaram um dialelo completo entre 8 populações, sendo: seis populações tolerantes e duas populações susceptíveis a acidez do solo. Nesse trabalho, os autores consideraram o efeito recíproco. Assim, os tratamentos avaliados foram: as oito populações parentais, 28 populações bi-parentais e as 28 populações bi-parentais recíprocas. Os experimentos foram realizados em cinco locais. Esses apresentavam diferenças, principalmente, na concentração de alumínio, fósforo e acidez no solo. Os resultados mostraram que a heterose explicou 40% da variação para a produtividade de grãos. Entretanto, não encontraram influência do efeito recíproco para nenhum dos caracteres avaliados. Segundo os autores, esses resultados mostraram a importância dos efeitos aditivos e não aditivos no controle da produtividade de grãos em condições de alta acidez no solo. Além disso, apenas uma heterose específica significativa foi observada entre as populações bi-parentais. Dessa forma, os autores concluíram que as populações a serem inseridas em um programa de melhoramento,

visando tolerância a acidez, devem ser selecionadas com base nas médias e no efeito de variedade.

Soengas et al. (2006) estudaram o potencial de dez populações de milho do grupo *Flint* (ou duro) para serem utilizadas como fonte de linhagens de milho adaptadas as regiões com a denominada safra “curta” do oeste Europeu. Essas regiões se caracterizam, principalmente, pela baixa disponibilidade hídrica e as baixas temperaturas no final do estágio reprodutivo. Portanto, as características avaliadas nas 45 populações bi parentais e as 10 parentais foram apenas dias até o florescimento e umidade do grão na colheita. O efeito de variedade explicou a maior proporção da soma de quadrados dos caracteres avaliados. Isso, mostra a grande relevância dos efeitos aditivos no controle desses caracteres. Os autores observaram que, as populações que não eram adaptadas a região de avaliação, obtiveram os piores valores de efeito de variedade para dias até o florescimento. Além disso, não encontraram diferença significativa na heterose específica dos cruzamentos, devido à proximidade geográfica da origem da maioria das populações utilizadas no estudo.

Laude e Carena (2014) utilizaram o dialelo para estudar os componentes genéticos da produtividade de grãos e nos caracteres relacionados a qualidade nutricional dos grãos. Para isso, os autores avaliaram 16 populações, em cruzamento, adaptadas ao *Corn Belt*, em 12 locais diferentes. Para produtividade de grãos, a heterose explicou a maioria das diferenças, enquanto que para a qualidade de grãos o efeito de variedade teve maior importância. Alguns caracteres de qualidade apresentaram heterose média negativa. Isso indica que, quando em dominância, a média da característica irá ser reduzida. As populações NDSS, NDBS22(R-T1)C9, NDBS1011, EARLYGEM21c apresentaram as melhores estimativas de efeito de variedade para os caracteres de qualidade de grão. Além disso, alguns cruzamentos específicos, entre essas variedades, apresentaram alta heterose específica para a produtividade de grãos. Dessa forma, por reunirem boa performance em relação a maioria dos caracteres, divergência genética e alta média, essas populações podem ser utilizadas em trabalhos de pré-melhoramento.

Makumbi et al. (2018) avaliaram a capacidade de combinação, heterose e a correlação entre diversidade genética e a heterose em diversas condições de estresse. Os genótipos avaliados foram obtidos a partir de um dialelo entre sete populações de base genética ampla de milho. Esses, foram avaliados em dez ambientes de condições normais e em 11 ambientes com estresse abiótico (seca, baixo nitrogênio e aleatórios). Nas condições normais de cultivo e os ambientes de seca os efeitos não aditivos explicaram a diferença entre os F1's. No entanto, nos ambientes de baixo nitrogênio o efeito de variedade foi o que mais contribuiu para a soma de quadrados. Segundo os autores, isso pode ser atribuído os diferentes mecanismos genéticos que

podem operar sob condições de estresse. As populações ECAVL2 e ECAVL18 são as melhores escolhas para a SSR. Elas apresentaram boa capacidade geral de combinação, efeito de variedade favorável e boa performance *per se* em todos os ambientes avaliados. Em relação a análise de diversidade genética, três populações avaliadas foram consideradas distintas das demais, tanto através de dados fenotípicos quanto através de marcadores moleculares. No entanto, não foi encontrada correlação entre a diversidade genética e a heterose ao longo dos ambientes.

3. Objetivos

3.1. Objetivo geral

Avaliar a heterose entre dez populações de base genética ampla de milho tropical em diversas condições ambientais.

3.2. Objetivos específicos

Avaliar o comportamento *per se* e em cruzamentos de dez populações de base genética ampla de milho tropical em diversas condições ambientais.

Estimar a heterose média, heterose varietal, a capacidade de combinação e a heterose específica entre dez populações de milho tropical, em diversas condições ambientais.

Estudar a influência das diferentes condições ambientais nas estimativas do efeito de variedade, da heterose média, da heterose varietal, da capacidade de combinação e da heterose específica obtidas em dez populações de milho tropical.

Identificar populações de milho tropical mais divergentes para serem utilizadas em um programa de seleção recorrente recíproca.

4. Material e Métodos

4.1. Material Genético

Para a realização desse trabalho, foram utilizadas dez populações de base genética ampla de milho tropical (Tabela 1). Essas foram desenvolvidas por diferentes instituições públicas.

Tabela 1. Características das dez populações de base genética ampla de milho tropical utilizadas como progenitores

Populações	Código	Textura do Grão	Ciclo	Instituição
AL Avaré	AL	Semiduro	N	CATI
BR106	BR106	Semidentado	SMP	Embrapa Milho e Sorgo
BR105	BR105	Semiduro	SMP	Embrapa Milho e Sorgo
BRS Sol da Manhã	BRSM	Duro	P	Embrapa Milho e Sorgo
UFVM100	M100	Semiduro	SMP	Programa Milho® UFV
UFVM100(HS)C1	M100C1	Semidentado	SMP	Programa Milho® UFV
UFVM200	M200	Semiduro	SMP	Programa Milho® UFV
UFVM200(HS)C1	M200C1	Semidentado	SMP	Programa Milho® UFV
IPR164	IPR164	Semiduro	P	IAPAR
Incaper 203	IN203	Semiduro	P	Incaper

N, P e SMP ciclo normal, precoce e semiprecoce respectivamente.

As populações de base genética ampla foram utilizadas como progenitoras em um esquema de dialelo completo, o que resultou em um conjunto de $\frac{p(p-1)}{2} = 45$ populações biparentais (PBP's). Os cruzamentos foram realizados, na safra de 2017/2018, no Campo Experimental Diogo Alves de Mello, localizado na Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Agronomia. As sementes de cada uma das dez populações progenitoras foram semeadas em linhas de 50 metros de comprimento, montado de forma a ser ter um esquema de linhas paralelas, onde as progenitoras a serem cruzadas ficaram lado a lado. Dentro de cada linha, as plantas denominadas como machos não foram usadas como fêmeas e vice-versa. Em outras palavras, as plantas “macho” foram despendoadas após a coleta de pólen e sua espiga foi descartada. Da mesma forma, as plantas usadas como receptoras de pólen, após terem a espiga polinizada, também foram despendoadas. Em cada linha, foram utilizadas 40 plantas como doadores de pólen e 40 plantas como receptoras. Isso foi realizado para garantir uma melhor amostragem dos alelos existentes em cada população progenitora. Após a maturidade fisiológica dos grãos, as linhas de cada par de cruzamento foram colhidas separadamente. Posteriormente, foi realizado um bulk balanceado, ou seja, cada linha do par contribuiu em igual quantidade de sementes na PBP's. Assim, os cruzamentos recíprocos foram desprezados.

As sementes de cada cruzamento, foram colocadas em sacos de papel e armazenadas em câmara fria e seca para posterior avaliação nos experimentos.

4.2. Execução experimental

As 45 PBP's, juntamente com as dez populações progenitoras, foram avaliadas em quatro ambientes diferentes da Zona da Mata de Minas Gerais. As avaliações foram realizadas durante dois anos consecutivos, o que compreende as safras 2018/2019 e 2019/2020. Os experimentos foram conduzidos nos locais: a) Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão (UEPE) de Coimbra (20°50'30"S, 42°48'30"W, altitude de 713 m), pertencente ao Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa, situada em Coimbra, MG; em cada safra foram realizados dois experimentos nesta localidade, um em condição de baixo N e outro em condições normais de N; b) UEPE Horta Nova (20°45'40"S, 42°49'26,7"W, altitude de 661 m), pertencente ao Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa, situada em Viçosa – MG, com adubação normal de N; e c) Sítio do Tanque (21°31'37,5"S, 42°47'47,8"W, altitude de 224 m), pertencente à um produtor rural, situado no distrito de Piacatuba, Leopoldina – MG, ambiente caracterizado pelo estresse de calor e em com adubação de N. A combinação de cada local/safra foi considerada como um ambiente diferente. Dessa forma, os experimentos foram avaliados em oito ambientes.

O delineamento utilizado foi o alfa látice 11 x 5 com três repetições. Cada parcela foi constituída de duas linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas em 0,80 m, com área útil de 8 m². A semeadura foi realizada na primeira quinzena de novembro dos anos de 2018 e 2019. Aproximadamente 25 dias após a semeadura, foi realizado um desbaste nas parcelas, com a finalidade de padronizar o estande de plantas nos experimentos com uma população de plantas aproximada de 55 mil plantas ha⁻¹.

A adubação de plantio aplicada no ambiente de baixo N foi de 196 kg ha⁻¹ de MAP (mono-amônio-fosfato, que contém 50% de P₂O₅ e 10% de N). A adubação de cobertura foi realizada com 100 kg ha⁻¹ de KCl (cloreto de potássio, que contém 60% de K₂O), ao lado do sulco de plantio, 25 dias após o plantio. Nesse ambiente, não foi realizada a complementação de adubação nitrogenada em cobertura. Nos demais ambientes foi feita uma aplicação de 400 kg ha⁻¹ de formulado N-P-K, 8-28-16 no plantio, e uma adubação nitrogenada de cobertura de 550 kg ha⁻¹ de sulfato de amônio, em estágio V6, aproximadamente 25 dias após plantio. Os demais tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do milho em cada região de avaliação (ALVES et al., 1999; GALVÃO et al., 2015).

4.3. Caracteres Avaliados

Os caracteres avaliados foram: altura de planta (AP, cm), distância do nível do solo até a lígula da folha bandeira; altura de espiga (AE, cm), distância do nível do solo até o nó de inserção da espiga superior; dias até o florescimento masculino (FM, dias), quantidade de dias obtida entre a diferença do intervalo da data de plantio e a data em que 50% das plantas da parcela apresentaram emissão de pólen; dias até florescimento feminino (FF, dias), quantidade de dias obtida entre a diferença do intervalo da data de plantio e a data em que 50% das plantas da parcela tinham ≥ 1 cm de estilo-estigma visível; e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹), obtida pela colheita manual de todas as espigas da parcela separadamente, debulhadas em debulhador elétrico e os grãos pesados e mensurado umidade. Os dados de produtividade foram corrigidos para umidade de 14,5%.

4.4. Análises Genético-Estatísticas

Foram realizadas análises variâncias individuais para cada ambiente, conforme o modelo estatístico: $Y_{ijk} = \mu + g_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ijk}$, em que: Y_{ijk} é o valor observado obtido do i -ésimo genótipo avaliado no k -ésimo bloco, dentro da j -ésima repetição; μ é uma constante inerente a todas as observações, sendo a média geral ajustada para dado local; g_i é o efeito do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, 55$); r_j é o efeito da j -ésima repetição ($j = 1, 2, 3$); $b_{k(j)}$ é o efeito do k -ésimo bloco dentro da j -ésima repetição ($k = 1, 2, \dots, 11$; $j = 1, 2, 3$); e e_{ijk} é o erro aleatório associado à observação Y_{ijk} . Todos os efeitos foram considerados como fixo. As análises individuais foram realizadas no software R através do pacote “agricolae” (MENDIBURU, 2020). Antes de realizar a análise dialélica conjunta, foi feito o teste de homogeneidade das variâncias residuais. As variâncias foram consideradas homogêneas quando a razão entre o maior e o menor quadrado médio do resíduo das análises individuais forem menor que 7,0 (PIMENTEL-GOMES, 2000).

As médias ajustadas dos ambientes foram usadas para a realização da análise dialélica conjunta conforme a metodologia *Analysis II* (GEII) proposta por Gardner e Eberhart (1966), da seguinte forma: conjunta entre as duas safras de um mesmo ambiente; e a conjunta entre todos os oito ambientes avaliados. Com o intuito de facilitar a apresentação e discussão dos dados, foi adotada a seguinte denominação para as análises: i) BN: análise conjunta entre as

safras do ambiente da UEPE de Coimbra caracterizado pelo baixo nível de N ii) AN: análise conjunta entre as safras do ambiente na UEPE de Coimbra caracterizado pelo nível adequado de N; iii) HN: análise conjunta entre safras do ambiente da UEPE Horta Nova caracterizado por um nível adequado de N. iv) LEO: análise conjunta entre as safras do ambiente do Sítio do Tanque – Piacatuba caracterizado pelo nível adequado de N, baixa altitude (terras baixas), elevadas temperaturas e baixa disponibilidade hídrica. v) CONJ: análise conjunta envolvendo todos os oito ambientes.

Em relação aos efeitos do modelo, todos foram considerados como fixo. A análise dialéctica foi realizada com o auxílio do software GENES (CRUZ, 2013), através dos seguintes modelos genético-estatísticos (GARDNER e EBERHART, 1966):

$$Y_{ijk} = m + e_k + \frac{1}{2}(v_i + v_j) + \frac{1}{2}(ev_{ik} + ev_{jk}) + \bar{\varepsilon}_{ijk} \quad (1)$$

$$Y_{ijk} = m_v + e_k + \frac{1}{2}(v_i + v_j) + \frac{1}{2}(ev_{ik} + ev_{jk}) + \theta\bar{h} + \theta e\bar{h}_k + \bar{\varepsilon}_{ijk} \quad (2)$$

$$Y_{ijk} = m_v + e_k + \frac{1}{2}(v_i + v_j) + \frac{1}{2}(ev_{ik} + ev_{jk}) + \theta(\bar{h} + e\bar{h}_k + h_i + h_j + eh_{ik} + eh_{jk}) + \bar{\varepsilon}_{ijk} \quad (3)$$

$$Y_{ijk} = m_v + e_k + \frac{1}{2}(v_i + v_j) + \frac{1}{2}(ev_{ik} + ev_{jk}) + \theta(\bar{h} + e\bar{h}_k + h_i + h_j + eh_{ik} + eh_{jk} + s_{ij} + es_{ijk}) + \bar{\varepsilon}_{ijk} \quad (4)$$

em que: Y_{ijk} é o valor médio observado em um progenitor ($i=j$) ou em uma PBP's ($i \neq j$) no k -ésimo ambiente; m é a média geral inerente a todas as observações; m_v é a média de todos os progenitores; e_k é o efeito do k -ésimo ambiente; v_i e v_j são os efeitos de variedade do i -ésimo ou j -ésimo progenitor, respectivamente; $\theta = 0$ quando $i = j$ ou $\theta \neq 0$ quando $i \neq j$; \bar{h} é a heterose média; h_i e h_j são os efeitos de heterose varietal do i -ésimo ou j -ésimo progenitor, respectivamente; e s_{ij} é a heterose específica para os cruzamentos entre os progenitores de ordem i e j ; ev_{ik} , ev_{jk} , $e\bar{h}_k$, eh_{ik} , eh_{jk} e es_{ijk} são os efeitos da interação entre v_i , v_j , \bar{h} , h_i , h_j e s_{ij} dos progenitores i e j com os k ambientes; e $\bar{\varepsilon}_{ijk}$ é o erro experimental médio.

Os parâmetros do modelo foram estimados para cada k ambiente. Posteriormente, foi calculada a média entre os parâmetros para cada grupo de análise conjunta. O efeito de v_i para cada progenitor foi estimado de acordo com o seguinte estimador nos modelos 1 e 2: $\hat{v}_i = [Y_{ii} + Y_i - \frac{2}{p}Y_{..}] \frac{2}{p+2}$, em que: \hat{v}_i é a estimativa do efeito de variedade do genitor i ($i=1, 2, \dots, 10$); Y_{ii} é o valor observado no progenitor de ordem i ; Y_i é o total das observações do progenitor de ordem i ; $Y_{..}$ é o total de todas as observações; e p é o número de progenitores do conjunto. Nos modelos 3 e 4, v_i foi estimado por: $\hat{v}_i = Y_{ii} - \frac{1}{p}Y_v$, em que: \hat{v}_i é a estimativa do efeito de

variedade do genitor i ($i=1, 2, \dots, 10$); Y_{ii} é o valor observado no progenitor de ordem i ; p é o número de genitores do conjunto; e Y_v é o somatório das observações dos progenitores.

A \bar{h} foi estimada através da equação: $\bar{h} = \frac{1}{p(p-1)} [Y_{..} + Y_H + pY_v]$, em que: \bar{h} é a estimativa da heterose média; p é o número de genitores do conjunto; $Y_{..}$ é o somatório de todas as observações; Y_H é o somatório dos valores médios observados em todas as PBP's ij ; e Y_v é o somatório das observações dos progenitores.

O efeito h_i para cada progenitor será estimado de acordo com o seguinte estimador: $\hat{h}_i = \frac{1}{p-2} \left[Y_{hi.} - \frac{2}{p} Y_H \right] - \frac{1}{2} \left[Y_{ii} - \frac{Y_v}{p} \right]$, em que: \hat{h}_i é a estimativa da heterose varietal do genitor de ordem i ; $Y_{hi.}$ é o total das PBP's do i -ésimo e do j -ésimo genitores, respectivamente; p é o número de genitores do conjunto; Y_v é o somatório das observações dos progenitores; e Y_H é o somatório das observações de todas as PBP's ij .

A s_{ij} foi estimada com base no estimador: $\hat{s}_{ij} = Y_{ij} - \frac{1}{p-2} \left[Y_{hi.} + Y_{hj.} - \frac{2}{p-1} Y_H \right]$, em que: \hat{s}_{ij} é a estimativa da heterose específica do cruzamento entre os progenitores de ordem i e j ; Y_{ij} é o valor médio observado em uma PBP's ij ($i, j = 1, 2, \dots, p, i < j$); $Y_{hi.}$ e $Y_{hj.}$ é o total das PBP's do i -ésimo e j -ésimo genitores, respectivamente; p é o número de genitores do conjunto; e Y_H é o somatório das observações de todas as PBP's ij .

Além disso, também foi estimado a capacidade geral de combinação (gi), da *Analysis III* de Gardner e Eberhart (1966), através do estimador: $\hat{g}_i = \frac{1}{2} v_i + h_i$, em que: \hat{g}_i é a estimativa da capacidade geral de combinação do genitor de ordem i ; v_i é estimativa de efeito de variedade de ordem i ; e h_i é a estimativa do efeito de heterose varietal do genitor de ordem i .

As estimativas de s_{ij} de PG, para aquelas análises que tiverem o efeito significativo, foram utilizadas como medida de dissimilaridade entre os progenitores para a construção de um dendrograma pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Average*). O dendrograma foi construído através do software R com o auxílio do pacote 'ape' (PARADIS et al, 2018). Como existe a possibilidade da ocorrência de valores negativos na s_{ij} , foi necessário somar uma constante a elas. Essa constante apenas irá padronizar os valores em números positivos, sem alterar a posição destas estimativas.

5. Resultados

5.1. Variação entre os genótipos ao longo dos ambientes

Na HN e LEO, houve uma considerável amplitude das médias para todos os caracteres avaliados (Tabela 2). Entre esses ambientes, os genótipos avaliados apresentaram menores médias de FM e FF em LEO. No entanto, em ambos os locais, as PBP's e os pais, obtiveram valores semelhantes de FM e FF. Em relação a AE, as médias foram de 136,48 e 141,48 cm em LEO e HN, respectivamente. Apenas na HN, em valores absolutos, que as PBP's tiveram uma maior AE em relação aos pais. Além disso, ao comparar os dois ambientes, AP e AE obtiveram valores semelhantes. A PG foi de 5.934 a 6.603 kg ha⁻¹ em LEO e HN, respectivamente. Em ambos os ambientes a média de PG das PBP's foram superiores a médias dos pais. Em LEO, aproximadamente metade das PBP's foram mais produtivas do que o melhor parental (M200C1). Com relação a HN, as PBP's produziram cerca de 7% a mais que os pais. Entretanto, apenas 13% das PBP's superaram o melhor parental (M100C1). Em relação ao coeficiente de variação (CV%), medida de qualidade experimental, variou de 1,87 (FM) a 13,49 % (PG), e de 2,58 (FM) a 14,87% (PG), em LEO e HN.

Nos ambientes AN e BN, observou-se uma grande amplitude entre as médias ajustadas (Tabela 3). Nesses ambientes, os genótipos avaliados apresentaram um aumento de aproximadamente 5% e 8% nas médias de FM e FF, respectivamente, do BN em relação ao AN. Além disso, no BN, observou-se um maior intervalo entre os FM e FF. Entretanto, em ambos os ambientes, tanto os pais quanto as PBP's obtiveram valores similares de FF e FM. Houve uma redução de 8%, na AP, do AN em relação ao BN. Para AE, houve uma redução de 15% do BN para o AN. Nos dois ambientes, não observou grandes diferenças entre as médias dos pais e das PBP's para AP e AE. A PG foi de 5.196 e 7.536 kg ha⁻¹ no BN e AN, respectivamente. Observa-se uma redução de 31% na média da PG do AN para o BN. As PBP's foram mais produtivas em relação aos pais em ambos os ambientes. No BN, 45% das PBP's foram superiores em comparação com ao melhor parental (IPR164). Enquanto que, no AN, 26% das PBP's foram superiores ao melhor pai (IPR164). O CV% variou de 1,65 (FM) a 14,64 % (PG), e de 1,90 (FM) a 13,12% (PG), em alto e baixo N, respectivamente.

Para os efeitos de genótipos (G), variedade (v_i) e heterose (h_{ij}), houve diferença significativa ($P < 0,05$), para os caracteres FM, FF e PG em todos os ambientes (Tabelas 3 e 4). O caractere AP apresentou diferença significativa ($P < 0,05$), para as três fontes de variação, na

HN e BN. Entretanto, no AN, houve diferença ($P < 0,05$) para AP, apenas para o efeito h_{ij} . Em LEO, para AP, não foi constatada diferença significativa ($P > 0,05$) para os efeitos G, v_i e h_{ij} . Em relação a AE, foi constatada significância ($P < 0,01$) para as três fontes de variação, G, v_i , e h_{ij} , apenas na HN. Nos demais ambientes, não houve diferença significativa ($P > 0,05$) para v_i , em LEO, h_{ij} , no BN e G, v_i , h_{ij} no AN.

Em relação a decomposição da heterose, \bar{h} e h_i apresentaram diferença significativa ($P < 0,05$) para os caracteres FM e FF em todos as análises, com exceção de \bar{h} no AN (Tabelas 3 e 4). Em relação a s_{ij} , FM apresentou diferença significativa ($P < 0,01$) apenas nos ambientes da HN e BN. Enquanto FF apresentou efeito de s_{ij} ($P < 0,05$) apenas no AN. Houve efeito de h_i e s_{ij} ($P < 0,05$) para AP nos ambientes da HN e BN. Entretanto, detectou-se a presença de \bar{h} ($P < 0,05$) para AP apenas no AN. Para AE, houve diferença significativa ($P < 0,05$) para \bar{h} , h_i e s_{ij} nos ambientes da HN e LEO, com exceção apenas para \bar{h} ($P > 0,05$) em LEO. Para PG, houve manifestação das \bar{h} , h_i e s_{ij} ($P < 0,01$) em quase todos os ambientes, com exceção dos efeitos h_i e s_{ij} na HN e BN.

Foi constatada a presença da interação $G \times \text{Ano}$ (yr ; $P < 0,01$) para a maioria dos caracteres avaliados na HN, AN e BN (Tabelas 3 e 4). Nesses ambientes, também foi observada as interações $v_i \times yr$ e $h_{ij} \times yr$ ($P < 0,01$) na maior parte dos caracteres avaliados. Entretanto, no AN não foi constatada nenhuma interação para PG ($P > 0,05$). Além disso, no BN constatou-se a existência da interação $h_{ij} \times yr$ apenas para os caracteres AP e AE. Da mesma forma que a h_{ij} é decomposta em \bar{h} , h_i e s_{ij} a sua interação também é particionada em $\bar{h} \times yr$, $h_i \times yr$ e $s_{ij} \times yr$. Na HN as interações yr com \bar{h} , h_i e s_{ij} foram significativas ($P < 0,05$) para quase todos os caracteres, exceto $h_i \times yr$ para PG e AE. No AN e BN foi observado significância ($P < 0,05$) para as interações $\bar{h} \times yr$, $h_i \times yr$ e $s_{ij} \times yr$ para os caracteres AP e AE. Em relação a LEO, as interações de $G \times yr$, $v_i \times yr$ e $h_{ij} \times yr$ foram observadas apenas para PG. Na decomposição da $h_{ij} \times yr$, apenas a interação $s_{ij} \times yr$ foi significativa ($P < 0,05$). Como não houve a mudança no ordenamento dos genótipos em relação aos ambientes, os dados foram analisados com base na média de anos.

Tabela 2. Estimativas dos quadrados médios obtidos na *Analysis II* de Gardner & Eberhart (1966), média geral (\bar{x}), média das populações parentais (\bar{x}_{PPi}) e média das populações bi parentais (\bar{x}_{BBPIS}) para os caracteres dias até florescimento masculino (FM) e feminino (FF), altura de planta (AP) e espiga (AE) e produtividade de grãos (PG) nos ambientes da Horta Nova e Leopoldina, nas safras 2018/2019 e 2019/2020

FV	GL	FM	FF	AP	AE	PG
Horta Nova						
Genótipos (G)	54	5,73**	6,66**	442,14**	352,23**	1.397.803**
Variedade (v_i)	9	21,99**	19,92**	572,82**	402,84**	2.117.264**
Heterose (h_{ij})	45	2,48**	4,01*	416,00**	342,10**	1.253.911*
\bar{h}	1	6,56*	17,93*	414,02 ^{ns}	922,83*	8.527.859**
h_i	9	2,02 ^{ns}	5,02 ^{ns}	665,16**	610,01**	1.210.540 ^{ns}
s_{ij}	35	2,48**	3,35 ^{ns}	351,99**	256,62**	1.057.237 ^{ns}
Ano (yr)	1	3.966,23**	2.520,27**	7.4679,52**	2.559,32**	64.880.611**
$G \times yr$	54	4,99**	5,60**	321,23**	275,44**	1.295.294*
$v_i \times yr$	9	19,74**	13,78**	137,16 ^{ns}	77,66 ^{ns}	1.602.635*
$h_{ij} \times yr$	45	2,04*	3,96*	358,05**	314,99**	1.233.826*
$\bar{h} \times yr$	1	2,40 ^{ns}	1,56 ^{ns}	2.010,97**	2.101,73**	4.870.162*
$h_i \times yr$	9	4,31**	10,51**	202,42 ^{ns}	369,91**	937.952 ^{ns}
$s_{ij} \times yr$	35	1,44 ^{ns}	2,34 ^{ns}	350,84**	249,82**	1.206.013*
Resíduo	156	1,39	2,71	161,19	140,25	7.934.941
\bar{x}		63,02	63,22	242,22	141,48	6.603,15(-12%) [§]
\bar{x}_{BBPIS}		62,95	63,11	242,75	142,27	6.678,93
\bar{x}_{PPIS}		63,32	63,72	239,85	137,93	6.262,14
CV%		1,87	2,60	5,24	8,37	13,49
Leopoldina						
Genótipos (G)	54	10,18**	9,34**	154,27 ^{ns}	225,87*	4.436.232**
Variedade (v_i)	9	37,46**	29,12**	39,38 ^{ns}	36,64 ^{ns}	7.931.416**
Heterose (h_{ij})	45	4,72**	5,38**	177,25 ^{ns}	263,72**	3.737.195**
\bar{h}	1	22,07**	15,27*	1,68 ^{ns}	48,90 ^{ns}	69.853.120**
h_i	9	11,13*	9,37**	268,43 ^{ns}	293,89*	4.377.220**
s_{ij}	35	2,57 ^{ns}	4,08 ^{ns}	158,82 ^{ns}	262,10*	1.683.591**
Ano (yr)	1	72,81**	160,31 ^{ns}	14.349,00**	3.693,38**	6.750.049**
$G \times yr$	54	2,18 ^{ns}	3,4 ^{ns}	127,08 ^{ns}	176,05 ^{ns}	1.400.644**
$v_i \times yr$	9	2,69 ^{ns}	3,08 ^{ns}	131,70 ^{ns}	98,37 ^{ns}	1.753.011*
$h_{ij} \times yr$	45	2,08 ^{ns}	3,47 ^{ns}	126,16 ^{ns}	191,58 ^{ns}	1.330.171**
$\bar{h} \times yr$	1	2,50 ^{ns}	2,38 ^{ns}	1,69 ^{ns}	2,14 ^{ns}	111.669 ^{ns}
$h_i \times yr$	9	1,91 ^{ns}	2,89 ^{ns}	262,57 ^{ns}	288,45 ^{ns}	722.687 ^{ns}
$s_{ij} \times yr$	35	2,11 ^{ns}	3,64 ^{ns}	94,63 ^{ns}	172,09 ^{ns}	1.521.196*
Resíduo	156	2,29	2,83	211,64	150,31	702.998
\bar{x}		58,62	59,97	240,73	136,48	5.934,48(-21%) [§]
\bar{x}_{BBPIS}		58,50	59,87	247,29	136,30	6.151,37
\bar{x}_{PPIS}		59,17	60,43	247,48	137,30	4.958,51
CV%		2,58	2,80	6,37	8,98	14,12

**,*e ^{ns} significativo a 1 e a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F. § porcentagem em relação ao melhor ambiente (AN; Tabela 3).

Tabela 3. Estimativas dos quadrados médios obtidos na *Analysis II* de Gardner & Eberhart (1966), média geral (\bar{x}), média das populações parentais (\bar{x}_{PPIS}) e média das populações bi parentais (\bar{x}_{PBPIS}) para os caracteres dias até o florescimento masculino (FM) e feminino (FF), altura de planta (AP) e espiga (AE) e produtividade de grãos (PG) nos ambientes da Coimbra-AN e Coimbra-BN, nas safras 2018/2019 e 2019/2020

FV	GL	FM	FF	AP	AE	PG
Coimbra-AN						
Genótipos (G)	54	4,65**	5,51**	156,14 ^{ns}	124,98 ^{ns}	3.747.218**
Variedade (v_i)	9	14,12**	15,78**	84,12 ^{ns}	142,09 ^{ns}	6.326.243**
Heterose (h_{ij})	45	2,76**	3,45**	170,54*	121,58 ^{ns}	3.231.413**
\bar{h}	1	1,41 ^{ns}	1,47 ^{ns}	455,83*	14,77 ^{ns}	46.436.564**
h_i	9	5,60**	5,94**	258,33 ^{ns}	125,81 ^{ns}	4.897.088**
s_{ij}	35	2,07 ^{ns}	2,87*	139,81 ^{ns}	123,51 ^{ns}	1.568.664**
Ano (yr)	1	1.554,98**	3.626,33**	28.138,51**	6.748,81**	251.394.312**
$G \times yr$	54	3,99**	4,68**	305,28**	203,92**	1.162.631 ^{ns}
$v_i \times yr$	9	14,34**	14,61**	343,80**	141,72 ^{ns}	1.167.705 ^{ns}
$h_{ij} \times yr$	45	1,92 ^{ns}	2,69**	297,58**	216,36**	1.161.617 ^{ns}
$\bar{h} \times yr$	1	0,28 ^{ns}	3,04 ^{ns}	561,86**	1137,68**	401.572 ^{ns}
$h_i \times yr$	9	2,81 ^{ns}	4,61**	334,27**	169,54 ^{ns}	1.770.470 ^{ns}
$s_{ij} \times yr$	35	1,74 ^{ns}	2,19 ^{ns}	280,59**	202,08**	1.026.770 ^{ns}
Resíduo	156	1,46	1,68	113,36	105,11	977.927
\bar{x}		63,52	64,38	253,47	145,78	7.535,70(100%)§
\bar{x}_{PBPIS}		63,50	64,35	254,03	145,88	7.712,54
\bar{x}_{PPIS}		63,67	64,53	251,00	145,33	6.740,00
CV%		1,90	2,01	4,20	7,03	13,12
Coimbra-BN						
Genótipos (G)	54	11,28**	9,45**	268,74**	163,48**	2.113.960**
Variedade (v_i)	9	48,06**	31,08**	628,88**	403,41**	3.950.354**
Heterose (h_{ij})	45	3,92**	5,12**	196,71**	115,5 ^{ns}	1.746.681**
\bar{h}	1	8,80*	30,02**	110,07 ^{ns}	95,58 ^{ns}	28.500.368**
h_i	9	10,19**	11,96**	277,06*	155,17 ^{ns}	2.462.762**
s_{ij}	35	2,17**	2,65 ^{ns}	178,52*	105,87 ^{ns}	798.155 ^{ns}
Ano (yr)	1	28,29**	482,20**	14.702,12**	1.457,23**	469.681 ^{ns}
$G \times yr$	54	2,42**	3,87*	418,04**	260,17**	954.714,41**
$v_i \times yr$	9	6,78**	6,40**	231,77*	127,09 ^{ns}	1.674.352**
$h_{ij} \times yr$	45	1,54 ^{ns}	3,36 ^{ns}	455,30*	286,79**	810.786 ^{ns}
$\bar{h} \times yr$	1	6,46 ^{ns}	6,34 ^{ns}	471,74*	167,27 ^{ns}	474.349 ^{ns}
$h_i \times yr$	9	1,04 ^{ns}	2,51 ^{ns}	406,53*	201,16*	1.543.318 ^{ns}
$s_{ij} \times yr$	35	1,53 ^{ns}	3,49 ^{ns}	467,36*	312,22*	632.034 ^{ns}
Resíduo	156	1,21	2,46	112,54	99,43	578.790
\bar{x}		66,58	68,66	231,29	123,77	5.196,41(-31%)§
\bar{x}_{PBPIS}		66,51	68,52	231,02	123,52	5.334,95
\bar{x}_{PPIS}		66,94	69,30	232,52	124,92	4.573,00
CV%		1,65	2,28	4,58	8,05	14,64

**,* e ^{ns} significativo a 1 e a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F. § porcentagem em relação ao melhor ambiente (AN).

Constatou-se que a razão entre o maior e o menor quadrado médio dos resíduos foram inferiores a sete, o que demonstra a homogeneidade das variâncias residuais. Dessa maneira, foi possível realizar a CONJ de todos os oito ambientes avaliados (Tabela 4). Em valores absolutos, as PBP's e os pais obtiveram valores similares de FM, FF, AP e AE. A média geral de PG nos oito ambientes foi de 6.317 kg ha⁻¹. As PBP's produziram 6.469 kg ha⁻¹ enquanto os pais

produziram 13% menos. Além disso, 25% das PBP's foram superiores na PG em relação ao melhor pai (M200C1). Em relação a qualidade experimental, o CV% variou de 2,16 (FM) a 13,83% (PG) na CONJ. Verificou-se significância ($P<0,01$) para todos os caracteres avaliados nas fontes de variação G, v_i , e h_{ij} , exceto efeito de v_i para AE. Houve manifestação ($P<0,05$) das heteroses \bar{h} , h_i e s_{ij} para todos os caracteres avaliados, com exceção de \bar{h} e s_{ij} para AP e \bar{h} para AE ($P>0,05$). Observou-se a presença das interações G x Ambiente (A), $v_i \times A$ e $h_{ij} \times A$ para todos os caracteres avaliados. No desdobramento da interação $h_{ij} \times A$, observou-se apenas significância para interação $h_i \times A$ para FM ($P<0,01$). Para FF, apenas não foi observada a interação $\bar{h} \times A$ ($P>0,05$). Para os demais caracteres avaliados, foi verificada a existência de todas as interações ($P<0,01$) do desdobramento.

Tabela 4. Estimativas dos quadrados médios obtidos na *Analysis II* de Gardner & Eberhart (1966), média geral (\bar{x}), média das populações parentais (\bar{x}_{PPIS}) e média das populações bi parentais (\bar{x}_{BPPIS}) para os caracteres dias até o florescimento masculino (FM) e feminino (FF), altura de planta (AP) e espiga (AE) e produtividade de grãos (PG) com base na média de oito ambientes

FV	GL	FM	FF	AP	AE	PG
Genótipos (G)	54	24,36**	21,74**	247,06**	234,39**	8.056.279**
Variedade (v_i)	9	110,10**	89,69**	404,09**	214,55 ^{ns}	15.559.960**
Heterose (h_{ij})	45	7,21**	8,15**	215,65**	238,35**	6.555.543**
\bar{h}	1	32,54**	55,04**	223,60 ^{ns}	76,14 ^{ns}	137.253.870**
h_i	9	20,28**	20,38**	354,98*	254,53*	9.413.858**
s_{ij}	35	3,13**	3,66*	179,60 ^{ns}	238,83**	2.086.309**
Ambiente (A)	7	2.326,83**	2.795,26**	31.320,64**	14.902,13**	186.188.429**
G x A	378	3,01**	3,82**	277,98**	221,11**	1.207.460**
$v_i \times A$	63	7,87**	6,30**	252,22**	173,61**	1.566.146**
$h_{ij} \times A$	315	2,04**	3,33**	283,13**	230,61**	1.135.723**
$\bar{h} \times A$	7	2,55 ^{ns}	3,28 ^{ns}	543,47**	630,68**	3.131.685**
$h_i \times A$	63	2,68**	4,63**	331,40**	279,91**	1.215.454**
$s_{ij} \times A$	245	1,86 ^{ns}	2,99*	263,28**	206,50**	1.058.193**
Resíduo	624	1,86	2,42	149,68	123,77	763.414
\bar{x}		62,93	64,05	243,57	136,88	6.317,44
\bar{x}_{BPPIS}		62,86	63,96	243,77	137,00	6.469,45
\bar{x}_{PPIS}		63,27	64,49	242,71	136,71	5.633,40
CV%		2,16	2,43	5,02	8,12	13,83

**,* e ^{ns} significativo a 1 e a 5% e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

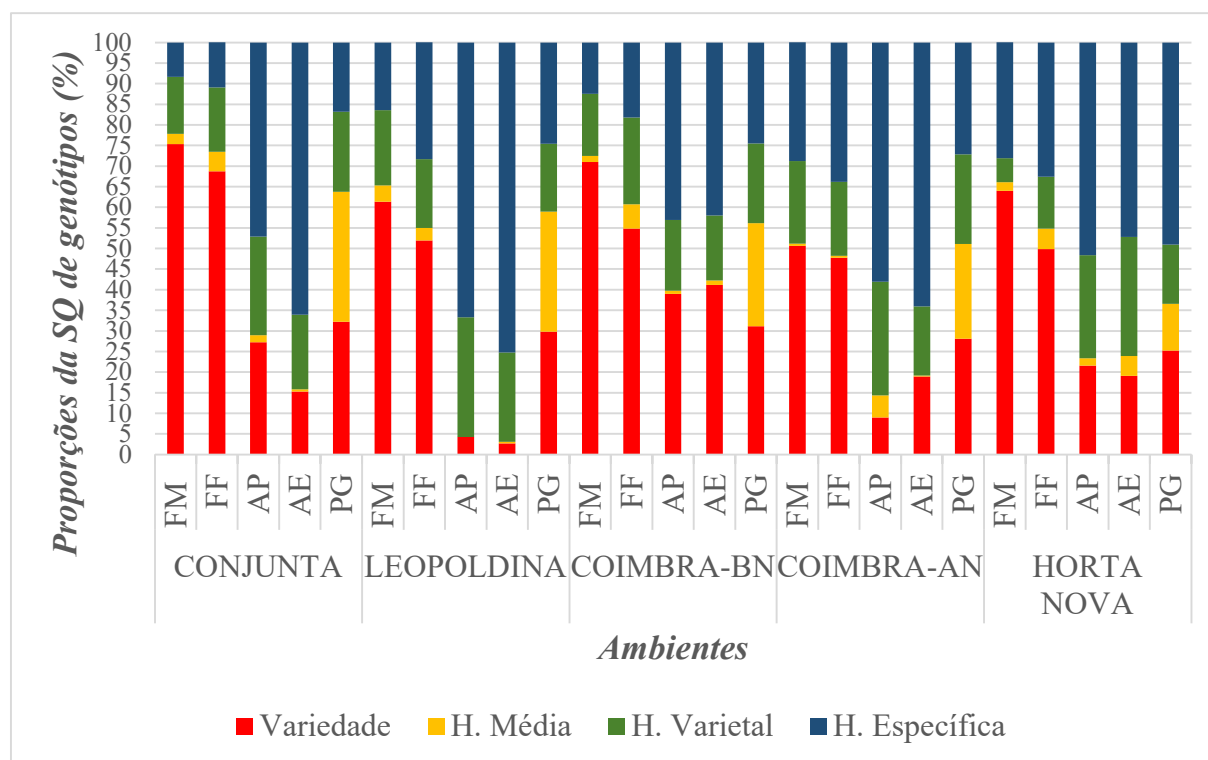
5.2 Contribuição relativa dos efeitos de variedade e heterose

Segundo Gardner e Eberhart (1966), a soma de quadrados de genótipos (SQ_G) é calculada através do somatório entre as SQ_{v_i} e $SQ_{h_{ij}}$. Dessa forma, é possível descobrir a importância, em porcentagem, de cada efeito na SQ_G . Além disso, a $SQ_{h_{ij}}$ pode ser desdobrada

em $SQ_{\bar{h}}$, SQ_{h_i} e $SQ_{s_{ij}}$. Isso possibilita observar a importância de cada heterose na $SQ_{h_{ij}}$. Em nenhuma das análises, houve a reversão da importância entre v_i e h_{ij} na SQ_G dos caracteres avaliados (Figura 1). Para FM e FF, v_i teve maior contribuição na SQ_G nos ambientes avaliados. O efeito de v_i para FM, teve amplitude de 50,6 a 71,0 % no BN e AN, respectivamente. Na CONJ, 75,3 e 24,7% da SQ_G do FM foi explicada por v_i e h_{ij} , respectivamente. Em relação ao FF, v_i contribuiu, em média, 51,1% da SQ_G entre os ambientes avaliados. Na CONJ, v_i explicou 68,7% da SQ_G e h_{ij} apenas 31,3%.

Paralelamente, a h_{ij} teve maior relevância na SQ_G dos caracteres AP e AE. Para ambos os caracteres, a s_{ij} é o efeito de maior contribuição na h_{ij} ao longo dos ambientes (Figura 1). Na CONJ, 66,0% da SQ_G para AE é devido a s_{ij} . Vale ressaltar que no ambiente de LEO, onde não foi observado significância de v_i , a h_{ij} explicou 95,7 e 97,3% da SQ_G de AP e AE, respectivamente. Já se sabe que a heterose é muito importante para PG. Assim, em todas as análises realizadas, foi observado uma maior importância da h_{ij} em relação a v_i na SQ_G da PG. Em LEO, a h_{ij} explica 70,2% da SQ_G e v_i apenas 29,8%. Nesse ambiente, a h_{ij} é composta principalmente pela \bar{h} (29,2%), seguida pela s_{ij} (24,6%) e h_i (16,4%). No AN, a h_{ij} explica 71,8% da SQ_G de PG contra 28,2% de v_i . No entanto, ao contrário de LEO, a h_{ij} é explicada principalmente pela s_{ij} (27,2%), seguida pela \bar{h} (22,9%) e h_i (21,7%). Na CONJ de PG, a h_{ij} explica 67,8% da SQ_G , onde 31,5% é devido a \bar{h} , 19,5% a h_i e 16,7% a s_{ij} .

Figura 1. Proporções da soma de quadrados devido aos efeitos de variedade (v_i) e heterose (h_{ij}) (particionada em heterose média (\bar{h}), heterose varietal (h_i) e heterose específica (s_{ij})), sobre a soma de quadrados de genótipos para os caracteres florescimento masculino (FM) e feminino (FF), altura de planta (AP) e espiga (AE) e produtividade de grãos (PG), nas safras 2018/2019 e 2019/2020



5.3 Estimativas de efeitos genéticos

5.3.1 Efeito de variedade

Devido à alta correlação positiva entre FM e FF e a predominância da protandria na cultura do milho, os parâmetros genéticos de Gardner e Eberhart (1966) foram estimados apenas para FF (Tabela 5). Para esse caractere, os pais BR106 e BRSM obtiveram as estimativas negativas de v_i , ou comportamento *per se*, ao longo de todos os ambientes e na CONJ. Além desses, os parentais IPR164 e IN203 se destacaram com v_i negativo no BN e nos ambientes sem estresse (AN e HN), respectivamente. Em contraste, os parentais AL e M100C1 obtiveram estimativas desfavoráveis de v_i nos ambientes e na CONJ. Para AP, no BN se destacaram os pais M200C1, IPR164 e M100C1 com estimativas favoráveis de v_i . Enquanto que, na HN, os pais M200, M100C1 e M200C1 obtiveram as melhores estimativas de v_i . Essas, também foram superiores para estimativas de v_i de AP na CONJ. Além disso, alguns dos parentais, como

IPR164, M100, BR105 e AL tiveram estimativas de v_i com sinais contrários entre os ambientes. Em relação à AE, no BN, os pais AL, BRSM e M200 se destacaram com as estimativas de v_i mais promissoras. Na HN, os pais M100C1, M200 e M200C1 chamam a atenção pelas boas estimativas de v_i . Além disso, os parentais IPR164, M100, BR105 e AL também apresentaram para AE a inversão dos sinais das estimativas de v_i entre os ambientes.

As melhores estimativas de v_i para PG foi revezada entre os pais M200C1, IPR164 e M100C1 nos ambientes avaliados (Tabela 5). Em LEO e HN, as duas melhores estimativas de v_i foram dos pais M200C1 e M100C1. Já no BN, as estimativas de v_i mais propícias foram observadas nos pais IPR164 e M100C1. Em relação ao AN, os parentais IPR164 e M200C1 obtiveram os valores de v_i mais promissores. Os parentais M200 e BR106 apresentaram alteração dos sinais das estimativas de v_i . A M200 apresentou valores de v_i positivos em LEO e AN e negativos no BN e HN. Enquanto que a BR106 apresentou valores de v_i favoráveis em LEO e HN e desfavoráveis no AN e BN. As populações BRSM, BR105 e AL se destacaram com as piores estimativas de v_i para PG na maioria dos ambientes e na CONJ. A \bar{h} para FF, foi negativa em todos os ambientes avaliados, sendo maior no BN (Tabela 5). As estimativas de \bar{h} para AE, tiveram alternância no sinal entre os ambientes significativos. Para esse caractere, a \bar{h} foi positiva na HN e negativa no AN. A \bar{h} de PG variou de 416,79 a 1.92,86 em HN e LEO, respectivamente. Na CONJ, a estimativa de \bar{h} na PG foi de 836,00.

5.3.2 Heterose varietal

O efeito h_i é o quanto de heterose que cada genitor imprime em seus híbridos (Tabela 6). Para os caracteres FF, AP e AE, o parental AL se destaca com as estimativas de h_i negativas no AN, BN, HN, LEO e na CONJ, exceto a estimativa de AE em LEO. Além disso, para esses três caracteres, também se destaca o pai IN203 em todas as análises, com exceção da estimativa de AE em LEO. O parental IPR164 teve estimativas de h_i negativas para os caracteres AP e AE, exceto a estimativa de AP no BN. Em contraste, o pai BR106 obteve a maioria das estimativas de h_i desfavoráveis, ou positivas, para FF, AP e AE. Em LEO, foi observado h_i positiva, para FF, no parental BRSM. Os pais M100C1 e M200C1, tiveram estimativas de h_i positivas para AP e AE em todos os ambientes e na CONJ. Além disso, o parental M200 chama a atenção nas estimativas de h_i de AP e AE. Nos ambientes caracterizados pelo estresse, BN e LEO, esse pai se destaca positivamente por apresentar a estimativa de h_i negativa. Todavia, em condições normais, HN, a M200 apresenta estimativas de h_i inadequadas.

A AL também se destaca com as melhores estimativas de h_i em todos os ambientes e na CONJ para PG (Tabela 6). Esse parental, obteve estimativas de 889,02 e 1.147,28 kg ha⁻¹ para PG no BN e LEO, respectivamente. Na CONJ a estimativa de h_i foi de 899,67. A BR105 foi o melhor pai após a AL, nos ambientes de LEO, AN e na CONJ. Contudo, a BR105 obteve a terceira pior estimativa de h_i no BN. No BN, a segunda melhor estimativa de h_i é do parental M200. Entretanto, em LEO ela obteve valor negativo, ou desfavorável, da estimativa da h_i . Com a pai IPR164 ocorreu o contrário, em LEO a estimativa de h_i dessa população foi favorável. Entretanto, no BN a estimativa h_i desse pai foi negativa. As piores estimativas de h_i para PG, foram observadas nos pais M100C1, M100 e M200C1 na CONJ. As estimativas de h_i dessas três populações foram negativas em todos os ambientes e na CONJ. Entre essas, os parentais M100C1 e M200C1 obtiveram as piores estimativas de h_i em LEO e no BN. No AN, as estimativas menos favoráveis de h_i foram dos parentais M100 e IPR164.

5.3.3 Capacidade geral de combinação

As estimativas da capacidade geral de combinação (g_i) foram calculadas através dos parâmetros v_i e h_i (Tabela 5). Para FF, o objetivo principal dos programas de melhoramento é reduzir a sua média. Dessa forma devem ser selecionadas estimativas negativas de g_i . Nesse critério, se destacam os parentais IN203, BRSM e IPR164 com estimativas negativas em todos os ambientes e na CONJ. Entre essas três, a IN203 possui as melhores estimativas de g_i para FF. Essa se sobressaiu principalmente em LEO, BN e na CONJ. No geral, os parentais AL, M100C1 e M100 tiveram estimativas positivas de g_i para FF. Em relação a AP e AE, também é desejável a redução das médias dos dois caracteres. Dessa forma, percebe-se a distinção de quatro parentais com as estimativas de g_i favoráveis, são elas: AL, IPR164, M200 e EN203. Entre essas quatro, a AL possui estimativas de g_i promissoras para AP. Enquanto que, para AE, a AL e IN203 se destacam no BN e na HN, respectivamente. As estimativas de g_i , de AP e AE, para os pais BRSM, M200C1 e BR105 tiveram sinais invertidos entre o BN e a HN. Além disso, os pais BR106, M100C1 e M100 demonstraram estimativas de g_i desfavoráveis para esses caracteres.

As estimativas de g_i mais altas e positivas são mais interessantes para a PG. O parental IPR164 teve todas estimativas positivas ao longo dos ambientes e na CONJ (Tabela 5). Para esse parental, o efeito g_i foi de 188,72 e 656,64 no BN e LEO, respectivamente, enquanto que na CONJ foi de 301,85. A AL, melhor estimativa de g_i na CONJ, teve estimativas negativas na

HN. Entretanto, para esse parental, foi observado estimativas positivas nos demais ambientes. A M200C1, teve estimativas de g_i favoráveis ambientes da AN e HN. Entretanto em LEO e BN, ambientes caracterizados pelo de estresse, esse parental obteve uma estimativa de g_i desfavorável. Outra parental que teve boas estimativas de g_i na HN, foi a M100C1. Entretanto, da mesma forma que a M200C1, a M100C1 também teve estimativa de g_i desfavorável em LEO e BN. Os parentais M100, EN203, BRSM e BR105 tiveram estimativas de g_i negativas em todos os ambientes e CONJ. Entre as quatro progenitoras, a BR105 se destaca com as piores estimativas de g_i para PG. Suas estimativas foram de -182,70 a -663,01 na HN e LEO, respectivamente, e -311,32 na CONJ.

Tabela 5. Estimativas dos parâmetros genéticos de efeito de variedade (v_i), capacidade geral de combinação (g_i) e heterose média (\bar{h}) obtidos da *Analysis II* de Gardner & Eberhart (1966) para os caracteres florescimento feminino (FF), altura de planta (AP) e espiga (AE) e produtividade de grãos (PG) avaliados em dez populações de base genética ampla e seus cruzamentos dialélicos, em diferentes condições ambientais, nas safras 2018/2019 e 2019/2020

Populações	FF					AP			AE		PG				
	LEO	BN	AN	HN ⁺	CONJ.	BN	HN	CONJ.	BN	HN	LEO	BN	AN	HN ⁺	CONJ.
<i>Estimativa de v_i</i>															
M200C1	-0,11	0,51	0,34	0,09	0,16	-6,84	-5,60	-2,90	-2,57	-5,96	1.343,68	680,67	1.221,63	665,40	1.049,41
IPR164	-0,40	-1,30	-0,57	-0,36	-0,43	-5,27	6,40	1,89	-2,67	9,58	789,31	767,21	1.440,23	327,04	831,12
M100C1	1,30	1,82	2,15	1,28	1,62	-3,57	-13,22	-3,95	7,91	-10,93	1.072,86	698,98	131,87	375,98	717,56
M100	0,78	-0,24	0,06	0,41	0,40	8,53	-5,60	1,93	9,43	-7,92	634,62	396,82	1.040,31	-69,33	551,53
M200	-0,01	0,59	-0,29	-0,28	-0,06	0,82	-18,89	-5,40	-3,83	-12,21	593,33	-244,57	300,53	-185,39	93,06
BR106	-2,46	-4,31	-3,18	-0,68	-2,96	5,56	3,70	0,30	7,35	1,52	-614,51	106,94	411,86	-390,53	-142,59
IN203	-0,33	-0,31	-1,11	-1,09	-0,62	0,91	12,11	5,09	-2,48	8,05	-527,80	49,85	-565,93	-330,79	-466,02
BRSM	-3,54	-1,29	-0,43	-1,71	-2,00	2,54	5,86	1,49	-4,65	1,30	-739,81	-796,17	-1.286,76	-30,39	-640,42
BR105	1,50	0,72	1,00	0,60	1,21	-1,15	6,99	2,38	-1,35	5,43	-1.351,44	-663,01	-1.586,51	-182,70	-966,33
AL	3,26	3,82	2,04	1,74	2,68	-1,52	8,24	-0,82	-7,14	11,17	-1.200,25	-996,73	-1.107,24	-179,30	-1.027,33
<i>Estimativa de g_i</i>															
AL	0,58	0,71	0,55	1,74	0,68	-4,98	-5,08	-2,93	-7,14	-3,71	547,16	390,65	539,40	-179,30	386,01
IPR164	-0,74	-0,29	-0,35	-0,36	-0,44	-0,69	-4,18	-1,55	-2,67	-3,17	656,64	188,72	198,71	327,04	301,85
M200	-0,08	0,05	-0,18	-0,28	-0,07	-3,08	-3,38	-1,10	-3,83	-2,68	55,44	292,09	170,22	-185,39	111,99
M200C1	8,7x10 ⁻⁴	0,28	-0,24	0,09	0,03	-0,22	1,78	0,45	-2,57	1,29	60,91	46,28	121,76	665,40	122,52
BR106	-0,26	-0,28	-0,09	-0,68	-0,16	4,12	0,63	1,54	7,35	2,18	-49,21	133,44	177,64	-390,53	21,91
M100C1	0,71	0,43	0,48	1,28	0,56	6,82	2,21	2,02	7,91	-0,17	27,37	-42,45	-16,26	375,98	2,25
M100	0,49	0,39	0,41	0,41	0,33	4,94	1,86	1,15	9,43	2,63	-151,97	-10,70	-291,15	-69,33	-134,85
IN203	-0,96	-1,19	-0,33	-1,09	-0,77	-2,09	-2,33	-0,93	-2,48	-4,76	-332,93	-139,09	-283,13	-330,79	-199,54
BRSM	-0,27	-0,52	-0,51	-1,71	-0,47	-4,12	2,57	-0,24	-4,65	3,09	-438,42	-289,85	-386,90	-30,39	-300,81
BR105	0,54	0,42	0,26	0,60	0,31	-0,72	5,93	1,60	-1,35	5,30	-374,98	-569,10	-230,29	-182,70	-311,32
\bar{h}	-0,55	-0,78	ns	-0,60	-0,53		-0,33 ²		-0,18 ³	4,33	1.192,86	761,94	972,58	416,79	836,00
r^1	0,77 ^{**}	0,77 ^{**}	0,88 ^{**}	0,78 ^{**}	0,86 ^{**}	0,78 ^{**}	0,63 [*]	0,42 ^{ns}	0,55 ^{ns}	0,61 ^{ns}	0,42 ^{ns}	0,68 [*]	0,65 [*]	0,18 ^{ns}	0,50 ^{ns}

⁺ Valores de g_i obtidos no modelo 2, onde $v_i = g_i$; ¹ Estimativa dos coeficientes da correlação de Spearman entre v_i e g_i ; ² e ³ valores referentes aos ambientes AN e LEO, respectivamente; ^{**} e ^{ns} significativo a 1% e não significativo, respectivamente.

Tabela 6. Estimativas do parâmetro genético heterose varietal (h_i) obtidos na *Analysis II* de Gardner & Eberhart (1966), para os caracteres florescimento feminino (FF), altura de planta (AP) e espiga (AE) e produtividade de grãos (PG) avaliados em dez populações de base genética ampla e seus cruzamentos dialélicos, em diferentes condições ambientais, nas safras 2018/2019 e 2019/2020

Populações	FF				AP			AE			PG			
	LEO	BN	AN	CONJ.	BN	HN	CONJ.	LEO	HN	CONJ.	LEO	BN	AN	CONJ.
AL	-1,05	-1,20	-0,47	-0,65	-4,22	-9,20	-2,52	4,89	-9,29	-1,24	1.147,28	889,02	1.093,02	899,67
BR105	-0,21	0,06	-0,24	-0,30	-0,15	2,43	0,41	-5,61	2,58	-0,36	300,74	-237,59	562,97	171,85
BR106	0,97	1,87	1,50	1,31	1,34	-1,22	1,39	5,72	1,42	1,54	258,04	79,96	-28,29	93,20
M200	-0,08	-0,24	-0,04	-0,04	-3,48	6,06	1,60	-6,12	3,42	0,43	-241,23	414,38	19,96	65,45
IN203	-0,79	-1,03	0,22	-0,46	-2,54	-8,39	-3,47	2,80	-8,78	-2,71	-69,03	-164,01	-0,17	33,46
BRSM	1,50	0,13	-0,29	0,52	-5,39	-0,36	-0,98	1,37	2,44	-0,59	-68,52	108,24	256,48	19,40
IPR164	-0,53	0,36	-0,06	-0,22	1,95	-7,38	-2,49	-5,30	-7,96	-2,92	261,98	-194,89	-521,40	-113,71
M100C1	0,05	-0,48	-0,60	-0,24	8,61	8,82	3,99	0,59	5,30	2,94	-509,06	-391,94	-82,20	-356,53
M200C1	0,06	0,02	-0,41	-0,05	3,20	4,57	1,90	0,97	4,28	2,53	-610,93	-294,05	-489,05	-402,19
M100	0,10	0,51	0,38	0,13	0,68	4,66	0,18	0,66	6,60	0,39	-469,28	-209,11	-811,30	-410,62

5.3.4 Heterose específica

Foram encontradas moderadas estimativas da correlação de Sperman entre as médias de PG e a s_{ij} em LEO (0,65), AN (0,75) e na CONJ (0,60). Em LEO, as PBP's M100C1/IPR164 e M200/IN203 apresentaram estimativas de s_{ij} favoráveis para PG (Tabela 7). Em contraste, as estimativas desfavoráveis de s_{ij} foram observadas nas PBP's M200/M200C1 e BR105/IN203. Em relação ao AN, as PBP's que apresentaram as maiores estimativas de s_{ij} foram M100C1/BRSM e M100C1/M200C1. Enquanto que as PBP's M200C1/BRSM e M100C1/AL obtiveram as menores estimativas de s_{ij} . Na CONJ, as PBP's M200/AL e BR105/M100 se destacaram com as estimativas mais promissoras de s_{ij} . Paralelamente, as estimativas menos atraentes foram obtidas nas PBP's BR105/BRSM e M100C1/AL. Além disso, em LEO, AN e na CONJ, observou-se que as maiores estimativas de s_{ij} foram obtidas naquelas PBP's de maior média de PG. Igualmente, as menores estimativas de s_{ij} foram observadas nas PBP's menos produtivas.

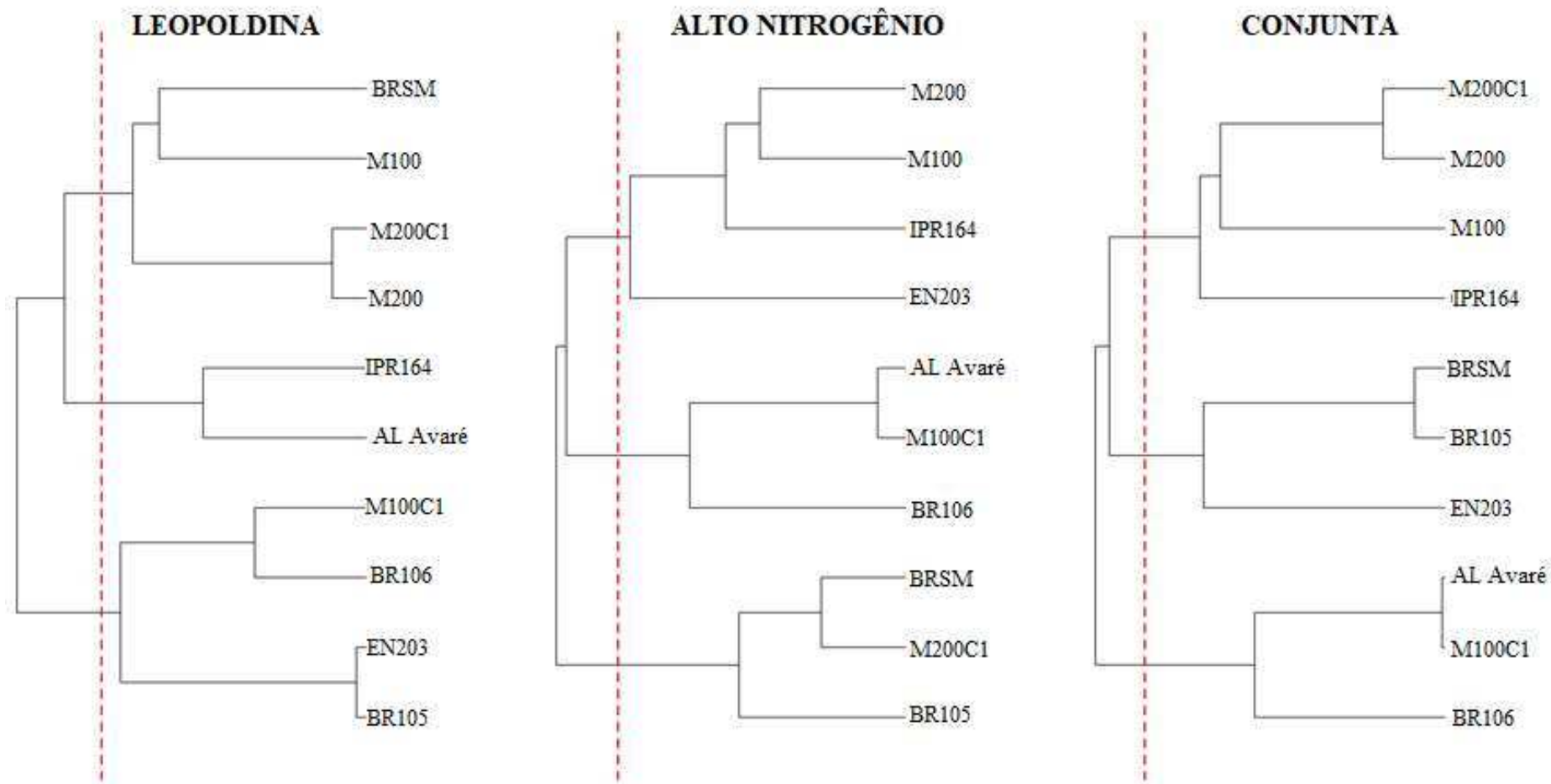
Tabela 7. Estimavas do parâmetro genético heterose específica (s_{ij}) (abaixo da diagonal), para as análises significativas, e médias (acima da diagonal), para o caractere produtividade de grãos (PG) avaliado em 45 populações bi parentais de milho obtidas do cruzamento dialélico de dez populações de base genética ampla de milho, em diferentes condições ambientais, nas safras 2018/2019 e 2019/2020

Populações	BR105	BR106	M100	M100C1	M200	M200C1	BRSM	AL	IPR164	IN203
<i>Leopoldina</i>										
BR105		5.505	6.163	5.314	6.684	6.227	5.328	6.287	6.376	4.477
BR106	-222,52		5.819	5.508	6.458	6.350	6.312	6.370	7.030	5.616
M100	538,10	-131,27		6.529	5.434	6.368	5.265	6.989	6.312	5.268
M100C1	-489,48	-621,05	502,66		5.930	6.545	5.477	6.221	8.005	6.053
M200	852,28	300,19	-620,81	-305,21		5.383	5.211	7.028	6.749	6.930
M200C1	390,21	187,01	307,50	305,11	-884,65		5.819	6.959	6.248	5.950
BRSM	-10,42	648,50	-296,15	-263,53	-557,67	45,21		6.630	6.368	5.446
AL	-36,32	-278,95	442,38	-504,88	274,12	199,86	369,42		6.910	6.345
IPR164	-55,53	271,69	-343,54	1169,23	-113,96	-620,81	-1,19	-445,53		6.615
IN203	-966,31	-153,60	-398,86	207,15	1055,71	70,55	65,82	-20,10	139,63	
<i>Coimbra-AN</i>										
BR105		7.506	7.906	7.230	8.350	7.411	6.389	7.727	8.042	7.011
BR106	-154,34		7.914	7.301	8.657	7.639	7.788	8.428	7.874	7.727
M100	714,95	314,75		6.754	7.073	7.696	7.009	8.391	7.262	7.079
M100C1	-235,84	-572,46	-650,89		7.707	8.678	8.473	7.328	8.502	7.309
M200	697,66	596,51	-518,20	-159,73		7.619	7.261	9.022	7.629	7.456
M200C1	-193,32	-372,74	152,63	859,53	-385,09		6.726	8.224	8.377	8.017
BRSM	-706,76	284,58	-25,60	1163,66	-235,27	-721,34		8.270	7.430	6.973
AL	-294,64	-1,13	429,76	-907,67	599,73	-149,37	404,97		8.325	8.013
IPR164	360,61	-215,36	-358,31	607,28	-451,99	343,59	-94,65	-125,51		7.562
IN203	-188,32	120,18	-59,08	-103,88	-143,61	466,10	-69,59	43,86	-65,65	
<i>Conjunta</i>										
BR105		6.088	6.488	6.039	6.679	6.586	5.317	6.326	6.501	5.710
BR106	-91,94		6.430	6.276	6.751	6.603	6.467	6.655	6.768	6.362
M100	464,70	73,76		6.044	6.072	6.529	5.926	7.031	6.534	6.092
M100C1	-121,21	-217,85	-292,69		6.599	6.887	6.568	6.263	7.185	6.382
M200	409,11	147,59	-374,53	15,05		6.227	6.086	7.468	6.755	6.485
M200C1	305,04	-10,78	71,65	292,50	-476,83		6.093	6.965	6.794	6.522
BRSM	-539,94	276,05	-108,21	397,31	-195,09	-198,52		6.969	6.412	5.982
AL	-218,54	-222,02	310,13	-594,67	500,30	-12,64	414,14		7.117	6.519
IPR164	41,19	-24,98	-101,96	411,30	-128,77	-99,84	-58,89	-39,93		6.574
IN203	-248,40	70,16	-42,85	110,25	103,17	129,42	13,15	-136,77	1,87	

5.4 Diversidade Genética

As estimativas de s_{ij} , das análises LEO, AN e da CONJ, foram utilizadas na construção de um dendrograma para cada ambiente (Figura 2). O ponto de corte nos dendrogramas foi realizado de forma subjetiva. Em todos os dendrogramas, foram formados três grupos com os parentais. Em LEO, o grupo 1 foi formado pelas pais BRSM, M100, M200C1 e M200. No grupo 2, foram alocados os pais IPR164 e AL. No grupo 3, ficaram os pais M100C1, BR106, IN203 e BR105. No AN, o grupo 1 foi formado pelas pais M200, M100, IPR164 e IN203. Enquanto que, no grupo 2 foram alocadas os parentais BR106, M100C1 e AL. No grupo 3, ficaram os progenitores BRSM, M200C1 e BR105. Na CONJ, o grupo 1 foi formado pelos pais IPR164, M100, M200C1 e M200. No grupo 2 foram alocadas os parentais BRSM, BR105 e IN203. No grupo 3, ficaram os pais M100C1, BR106 e AL.

Figura 2. Dendrogramas gerados pelo método UPGMA de dez populações de base genética ampla de milho, com base na estimativa da heterose específica (s_{ij}), para produtividade de grãos (PG)



6. Discussão

No Brasil, as cultivares do tipo híbrido, devido a superioridade produtiva, dominam as áreas cultivadas com milho (SOUZA, 2018). Em suma, essa superioridade é explicada, em grande parte, pela exploração da heterose existente nos híbridos (SOUZA JR, 2018). Além disso, o cruzamento entre genitores divergentes geneticamente e complementares pode maximizar a expressão da heterose (FALCONER e MACKAY, 1996). Dessa forma, os programas de melhoramento voltados para o desenvolvimento de híbridos necessitam extrair inúmeras linhagens de germoplasmas fonte. Esses ao serem melhorados, através de algum método de seleção, viabiliza a obtenção de híbridos superiores mais rapidamente (SOUZA JR et al., 2010; SOUZA JR., 2018). Um dos métodos utilizado é a seleção recorrente recíproca (SRR; COMSTOCK et al., 1949). Esse método é amplamente utilizado no milho, pois aumenta a diferença das frequências alélicas entre duas populações e, conseqüentemente, a heterose entre elas (SOUZA JR., 2018). Segundo Hallauer et al. (2010) a escolha adequada dos progenitores para a formação das populações de melhoramento é o elemento primordial de um programa. Assim, os trabalhos de pré melhoramento são de extrema importância para avaliar o potencial e auxiliar na seleção do germoplasma a ser utilizado (HALLAUER e CARENA, 2009). Segundo Miranda Filho (2018) o dialelo proposto por Gardner e Eberhart (1966) é aplicado para o *screening per se* e do potencial heterótico entre o cruzamento de um conjunto de populações de base genética ampla de milho. Desse modo, para a obtenção de híbridos responsivos a diversas condições ambientais faz-se necessário estimar os parâmetros de Gardner e Eberhart (1966) em populações de base genética ampla de milho. A partir desses parâmetros é possível identificar as melhores populações para entrar em um programa de SRR. Assim, a proposta do presente trabalho é identificar populações de base genética ampla de milho para serem utilizadas em programa de SRR.

O desenvolvimento de genótipos adaptados a diversas condições edafoclimáticas é o propósito principal dos melhoristas de milho. Ao longo dos ambientes, os genótipos apresentaram diferentes potenciais produtivos. Em outras palavras, houve diferença significativa para os efeitos G , v_i e h_{ij} para a PG. Logo, a GEII foi eficiente em discriminar o potencial heterótico e *per se* das populações em condições normais de cultivo, ambientes de terras baixas e baixa disponibilidade de N. Makumbi et al. (2018) ao empregarem um dialelo para avaliar sete populações de base genética ampla de milho, observaram a diferença para v_i e h_{ij} em condições normais, baixo N e seca. Em ambientes normais de cultivo, outros atores

também relataram o desempenho distinto entre as populações progenitoras (SANTOS et al., 1994; LAUDE e CARENA, 2014; NOLDIN et al., 2017). Soengas et al. (2003) não encontraram diferença significativa para o efeito de v_i para PG entre dez populações de milho do germoplasma europeu. Segundo Viana (2000), v_i significativo indica que pelo menos uma população progenitora é superior em relação as demais. Enquanto que a significância de h_{ij} mostra que existe diferença nas frequências alélicas entre conjunto de populações avaliadas. Além disso, a manifestação da h_{ij} sugere a existência da dominância no controle do caráter (VENCOVSKY, 1970). Dessa forma, tal parâmetro é importantíssimo para a escolha do germoplasma a ser utilizado na SRR. Uma vez que fornece informações sobre a variabilidade genética existente entre as populações utilizadas (CROSSA et al., 1987).

Em relação a decomposição da h_{ij} , de acordo com a GEII, houve diferenças nas significâncias ao longo dos ambientes avaliados. Em todos os ambientes houve diferença significativa para a \bar{h} para a PG. Portanto, as PBP's foram superiores, em média, em relação aos pais em todos os ambientes. Makumbi et al. (2018) observaram a \bar{h} para PG nas diversas condições avaliadas, exceto em condições de seca. Entretanto, Vancetovic et al. (2015) ao avaliarem PBP's, oriundas de um dialeto entre seis populações, em condições de seca observaram a presença da \bar{h} para a PG. Além disso, a \bar{h} também pode ser utilizada para avaliar o sentido predominante dos desvios devido à dominância (VIANA, 2000). Em outras palavras, \bar{h} positiva significa que os efeitos de dominância aumentam a expressão do caractere. Nesse caso, os alelos recessivos reduzem a expressão do caractere. Em contraste, valores negativos de \bar{h} é interpretada como dominância de sentido unidirecional para reduzir a expressão do caractere. Em virtude de que os alelos dominantes reduzem a expressão do caractere. Caso a \bar{h} for não significativa, diz respeito a ausência de dominância ou dominância bidirecional (VIANA, 2000). Para a PG, a \bar{h} foi positiva e de alta magnitude em todos os ambientes, o que indica dominância unidirecional positiva.

A h_{ij} é diretamente proporcional a diferença das frequências alélicas entre os genitores (FALCONER e MACKAY, 1996). Segundo Gardner e Eberhart (1966) a h_i é a heterose contribuída por um determinado parental em seus cruzamentos, mensurada como um desvio da \bar{h} . Em outras palavras, a h_i explica a divergência genética de uma população em relação as demais progenitoras utilizadas no dialeto (VIANA, 2000). No presente estudo, a h_i afetou significativamente a PG em condições normais de cultivo (AN) e estresse (LEO e BN). Dessa forma, nesses ambientes, pelo menos uma população possui divergência em relação as demais. Entretanto, na HN, ambiente caracterizado por condições normais de cultivo, não foi observado

a presença da h_i . Isso pode ser explicado pela diferença não significativa de PG na análise individual da safra 2018/2019 desse ambiente. Os resultados para h_i são contraditórios na literatura. Alguns autores relatam a presença da h_i em condições normais e estresse hídrico (SILVA e MIRANDA FILHO, 2003; LAUDE e CARENA, 2014; VANCETOVIC et al., 2015; NOLDIN et al., 2017; MAKUMBI et al., 2018). Enquanto que, a nulidade h_i foi observada em condições normais de cultivo e em solos ácidos (ORDÁS, 1991; SALAZAR et al., 1997; SOENGAS et al., 2003; CHERCHALI et al., 2018).

A s_{ij} é o desvio entre o desempenho observado em cruzamento específico e o desempenho esperado com base nos parâmetros de v_i , \bar{h} e h_i (GARDNER, 1967). Segundo Vencovsky (1970), a manifestação da s_{ij} é consequência das enormes diferenças entre as frequências alélicas médias em pelos menos algumas populações ou das diferenças entre o grau de complementariedade dessas frequências. Assim, a s_{ij} possui a mesma interpretação da capacidade específica de combinação (CEC) (GARDNER e EBERHART, 1966; YAO et al., 2013). De acordo com Santos et al. (2019) a s_{ij} está relacionada aos efeitos de genes não aditivos ou efeitos de complementação intragênico e intergênico. Nesse estudo, a s_{ij} foi observada, para PG, apenas nos ambientes de LEO (terras baixas) e AN (condições favoráveis de cultivo). Zhang et al. (2017) estudaram o potencial de sete populações de milho, via *Analysis III*, em condições normais de cultivo e encontraram significância para a CEC. Vancetovic et al. (2015) avaliaram um dialelo entre seis populações de milho tolerantes a seca, em condições de estresse hídrico, observaram a presença da s_{ij} . Makumbi et al. (2018) ao estudarem a heterose em condições normais de cultivo e de estresse (seca, baixo N e ambientes com produtividade $<3,3 \text{ t ha}^{-1}$), encontraram a s_{ij} apenas no ambiente de seca. Entretanto, em condições de baixo N, Badu-Apraku et al. (2015) relataram efeitos significativos de CEC nos híbridos avaliados. Além disso, alguns autores relatam a não significância da s_{ij} em condições normais de cultivo (SOENGAS et al., 2003; NOLDIN et al., 2017).

O correto entendimento genético sobre a heterose ainda é desconhecido (WANG et al., 2015). Porém, o uso da heterose comercialmente é de suma importância para altas PG (HALLAUER et al., 2010). No presente estudo, o efeito de h_{ij} explicou a maior parte da variação total de PG em todos os ambientes avaliados. A predominância da h_{ij} sobre o efeito de v_i sugere que a variação observada, em maior parte, é devido aos efeitos não-aditivos. Esse resultado corrobora os outros trabalhos com dialelo de Gardner e Eberhart (1966) entre populações de base genética ampla de milho (SANTOS et al., 1994; MICKELSON et al., 2001; SOENGAS et al., 2003; LAUDE e CARENA, 2014; NOLDIN et al., 2017; CHERCHALI et

al., 2018). Makumbi et al. (2018) encontraram maior relevância dos efeitos aditivos para a PG em condições de baixa disponibilidade de N e nos ambientes de estresse aleatório (PG <3,3 kg ha⁻¹). Porém, no mesmo trabalho os autores observaram a maior importância dos efeitos não aditivos na herança de PG em condições normais de cultivo e seca. A maior relevância de v_i sobre h_{ij} também foi relatada em outros trabalhos com milho em condições normais de cultivo (MIRANDA FILHO e VENCOVSKY, 1984; CROSSA et al., 1987; PÉREZ-VELÁSQUEZ et al., 1995; SOLALINDE et al., 2014). Os resultados contrastantes encontrados, em relação a predominância de v_i ou h_{ij} , podem ser atribuídos ao uso, em maior proporção, de populações não melhoradas nos dialelos (MAKUMBI et al., 2018). Doerksen et al. (2003) estudaram a mudança na estrutura genética, via GEII, da produtividade de grãos em um dialelo entre as populações melhoradas, via SRR, e as respectivas populações originais. Os autores observaram que a importância relativa de v_i e h_{ij} para a produtividade de grãos sofreu mudanças significativas. Nas PBP's obtidas entre populações originais, a variação existente na produtividade de grãos foi explicada pelos efeitos aditivos ou v_i . Enquanto que, as PBP's oriundas dos cruzamentos entre populações melhoradas, via SRR, a variação na produtividade de grãos foi explicada majoritariamente pela h_{ij} .

Nos dias atuais, os programas de melhoramento de milho buscam cultivares mais tolerantes aos estresses, tanto abióticos como bióticos, ciclo curto, porte baixo e mais responsivos aos tratamentos culturais. Além disso, essas cultivares devem ser mais produtivas comparadas com as anteriores. Dessa forma, é de extrema importância identificar o germoplasma mais promissor, para as características desejadas, antes do início do processo de melhoramento (HALLAUER et al., 2010). O presente estudo teve como objetivo avaliar o potencial uso de populações como fonte de alelos favoráveis para diversas condições ambientais. Nesse trabalho, os resultados encontrados indicam o potencial do uso das populações em algum método de seleção, como a SRR. Visto que, as populações progenitoras demonstraram favoráveis estimativas de v_i , h_i , da capacidade geral de combinação (g_i) e boas PBP's (alta média associada a s_{ij}). Segundo Gardner e Eberhart (1966), as populações a serem selecionadas, para a seleção recorrente ou formação de compostos, devem possuir parâmetros favoráveis para os caracteres de interesse.

A estimativa de v_i pode ser interpretada como a o comportamento *per se* das populações avaliadas. Assim, a partir de v_i é possível selecionar populações para serem utilizadas em programas de seleção recorrente intrapopulacional (SR). Uma vez que, a SR tem como objetivo principal melhorar o desempenho *per se* da característica de interesse (SOUZA JR, 2018). O

Programa Milho-UFV possui trabalhos com a SR com as progenitoras M100 e M200, o que resultou na obtenção das populações melhoradas M100C1 e M200C1, respectivamente. Entre essas populações, as maiores estimativas de v_i foram observadas nas populações melhoradas. Como exemplo, a população M200C1 apresentou uma estimativa de v_i 91% maior do que a população original (M200) para a PG. Portanto, a SR possui eficiência para aumentar o desempenho *per se* de uma determinada população. Dessa forma, aquelas populações com altas estimativas de v_i podem ter ganhos favoráveis na SR. Ao longo dos ambientes, de estresse e não estresse, as progenitoras IPR164, M100C1 e M200C1 mostraram os melhores efeitos de v_i para PG. A superioridade do desempenho *per se* dessas populações pode ser explicada pela a origem das mesmas. Uma vez que, essas populações foram desenvolvidas a partir do intercruzamento de híbridos comerciais. Além dessas progenitoras citadas, a progenitora M100 pode ser utilizada na SR nos ambientes LEO e AN. Assim, essas populações citadas podem ser utilizadas no desenvolvimento de linhagens e híbridos para esses ambientes em específico. Entretanto, a seleção em apenas um caractere alvo pode influenciar negativamente os outros caracteres (HALLAUER E MALITHANO, 1976). A SR com a população M100C1 pode aumentar o ciclo da população devido as altas estimativas de v_i para FF, em todos ambientes avaliados. Similarmente, programas de SR com a progenitora IPR164, no ambiente da HN, pode levar a um acréscimo da AP e AE. A alternativa para isso seria o uso de seleção multi-caracteres via índice de seleção (HALLAUER et al., 2010; VANCETOVIC et al., 2015).

A h_{ij} foi significativa em todos os ambientes. Dessa forma, a SRR irá proporcionar maiores ganhos por seleção. A população AL obteve as maiores estimativas de h_i em todos os ambientes. Uma vez que a AL obteve as piores estimativas de v_i em todos os ambientes. Isso pode estar associado a ocorrência de depressão por endogamia na população devido a erros de amostragem (ORDÁS, 1991; NOLDIN et al, 2017). Ademais, segundo Vencovsky (1970) existem outras três possibilidades para altas estimativas de h_i , são elas: i) populações que possuem muitos *locus* com alelos dominantes; ii) populações que possuem uma maior dispersão na frequência do alélicas em comparação com as frequências alélica médias do conjunto de populações utilizado; e iii) populações que possuem muitos *locus* com baixa frequência de alelos dominantes. A última hipótese explica melhor os resultados encontrados nesse trabalho. Uma vez que, a AL apresentou baixas estimativas de v_i , o que demonstra a baixa frequência de alelos em dominância para PG. Entretanto, esses *locus* foram complementares com as demais populações. Dessa forma, resultou em altos valores de h_i para PG. Em outras palavras, a AL obteve as melhores estimativas de g_i em LEO, AN e BN. Já que sua estimativa irá concordar

com o efeito que teve maior influência na soma de quadrados (LAUDE e CARENA, 2015). No caso desse trabalho, para PG, as estimativas de g_i concordam com a h_i . Entretanto, na HN a estimativa de g_i para AL foi negativa, pois nos modelos 1 e 2 as estimativas de v_i tem sentido de g_i (CRUZ et al., 2012). Paralelamente, foi observado que as populações com a maiores estimativas de v_i obtiveram as piores estimativas de h_i . Dessa forma, as estimativas de g_i não foram tão elevadas. Porém, as PBP's oriundas do cruzamento entre populações com alta v_i possuíram alta a s_{ij} , a qual possui alta correlação com a distância genética (LAUDE e CARENA, 2015). Nesse trabalho, as populações com maiores efeitos de v_i foram agrupadas em grupos distintos na análise de diversidade. Além disso, as menores s_{ij} foram observadas nas PBP's obtidas do cruzamento de populações semelhantes geneticamente, como M100/M100C1 e M200/M200C1.

A escolha dos melhores progenitores a serem usados na SRR deve-se considerar, principalmente, a média conjuntamente com todos os parâmetros da GEII. Dessa forma, garante-se maiores ganhos por seleção. Na HN, houve apenas efeito significativo para \bar{h} . Assim, a escolha da melhor PBP's para esse ambiente deve ser com base apenas na média e o efeito v_i . Para esse ambiente a escolha mais favorável seria as progenitoras M100C1 e M200C1. Além de possuírem ótimas estimativas de v_i , a PBP's obtida entre essas duas possui altas médias de PG. Além disso, as duas populações possuem estimativas favoráveis de v_i para AP e AE. Em relação ao BN, a escolha deve ser realizada com base na média, v_i , h_i e g_i . A escolha baseada apenas no efeito de v_i estaria viesada, pois levaria a escolha de populações que quando cruzadas obteriam PBP's com médias inferiores. Para esse ambiente a escolha principal seria os progenitores AL e M200. Essas progenitoras possuem as maiores h_i nesse ambiente e, conseqüentemente, as melhores g_i . Além disso, elas apresentam estimativas favoráveis de g_i para AP e AE. Entretanto, nesse ambiente a AL e M200 não obtiveram boas estimativas de v_i . Dessa forma, uma PBP's oriunda do cruzamento de uma população com alto v_i e outra com alta h_i também seria promissora para a SRR. Assim, para o BN outra escolha seria as progenitoras M100C1 e M200. Por outro lado, para esses dois ambientes não houve significância para a s_{ij} . Dessa forma, a SR seria mais adequada, pois não se consegue selecionar acuradamente a PBP's com a melhor s_{ij} . As populações M200C1 e M100C1 e, as populações IPR164 e M100C1 são as mais indicadas para a SR na HN e BN, respectivamente. Além disso, o desenvolvimento de cultivares a partir da SR pode refletir em ganhos de h_{ij} entre o cruzamento das populações selecionadas (VANCETOVIC et al., 2015).

Em relação aos ambientes de LEO e AN, houve a presença da s_{ij} e em LEO, a PBP's M100C1/IPR164 foi a mais produtiva e a que apresentou a maior estimativa de s_{ij} . Além disso, essa PBP's reúne os pais com as melhores estimativas de v_i e pelo menos um pai com estimativas favoráveis, para PG, de h_i e g_i . Ao avaliar a segunda escolha para esse ambiente, poderia ser a PBP's M200/IN203 pois obteve médias intermediárias PG associadas a boa estimativa de s_{ij} . Além disso, essa PBP's reúne pelo menos um pai com boas estimativas de v_i e g_i , e o parental IN203 apresentou estimativas favoráveis de g_i para FF (-0,96). Algumas outras PBP's também poderiam ser selecionadas devido as boas médias apresentadas e pelo menos um pai com estimativas favoráveis dos parâmetros da GEII. Entretanto, essas obtiveram valores intermediários de s_{ij} . No AN, a maior s_{ij} foi observada na PBP's M100C1/BRSM. No entanto, essa PBP's possui um dos pais, a BRSM, com estimativas desfavoráveis dos parâmetros para a PG. Além disso, a M100C1/BRSM teve média de PG intermediária. Dessa forma, para o AN a melhor escolha seria a PBP's M100C1/M200C1 ou M100C1/IPR164. Uma vez que, como já apresentado, esses parentais possuem boas estimativas dos parâmetros da GEII para os caracteres avaliados. Além dessas duas, também pode selecionar as PBP's M200/AL, M100/AL e BR106/M200, pois obtiveram altas médias associadas com boas estimativas de s_{ij} . Além disso, essas PBP's possuem pelo menos um parental com estimativas de v_i , h_i e g_i favoráveis para PG.

A presença da interação G x A, assim como a interação h_{ij} x A, na CONJ indica que a seleção deve ser realizada especificamente para cada ambiente. Entretanto, o desenvolvimento de genótipos adaptados a diversas condições ambientais pode poupar recursos, tanto humano como financeiro, dos programas de melhoramento de milho. No presente estudo, foi observado que 80% das PBP's com as maiores s_{ij} em LEO e AN, estavam entre as maiores s_{ij} da CONJ. Isso justifica a seleção de progenitores para o desenvolvimento de cultivares com base na média dos ambientes estudados. Dessa forma, as PBP's M100C1/IPR164, M100C1/M200C1 e M200/AL são as melhores escolhas para a SRR. Além dessas, as PBP's BR105/M200 e BRSM/AL também seriam boas escolhas. Essas duas PBP's possuem s_{ij} favorável, pelo menos um parental com estimativas favoráveis para PG e a BRSM possui ótima g_i para FF e AE. Porém, como já dito, a seleção em apenas um caractere pode influenciar negativamente o outro. Segundo Vancetovic et al. (2015), antes do início da SRR, deve-se fazer alguns ciclos de SR com o uso índices, com o intuito de mitigar os efeitos indesejáveis nos outros caracteres.

7. Conclusões

Há diferença entre as populações de base genética ampla de milho tropical nas diferentes condições ambientais avaliadas e algumas dessas populações possuem potencial genético para serem inseridas em um programa de melhoramento de milho.

A heterose foi responsável pela maior parte da variação encontrada na PG ao longo dos ambientes. Na decomposição da heterose, a heterose média e específica foram responsáveis pela maior parte dessa variação da PG.

As diferentes condições ambientais influenciaram as estimativas da heterose média, heterose varietal, capacidade de combinação e a heterose específica apenas em magnitude.

As populações IPR164, UFVM100(HS)C1 e UFVM200(HS)C1 podem ser utilizadas em programas de seleção recorrente intrapopulacional ou no desenvolvimento de linhagens adaptadas a condições normais de cultivo, calor e baixa disponibilidade de nitrogênio.

As populações bi-parentais UFVM100(HS)C1/IPR164, UFVM100(HS)C1/UFVM200(HS)C1 e UFVM200/AL Avaré podem ser utilizadas em programas de seleção recorrente recíproca para o desenvolvimento de híbridos adaptados a diversas condições ambientais.

8. Referências

- ADEBAYO, M. A.; MENKIR, A.; BLAY, E.; GRACEN, V.; DANQUAH, E. Combining ability and heterosis of elite drought-tolerant maize inbred lines evaluated in diverse environments of lowland tropics. **Euphytica**, v. 213, 2017.
- ALAM, M. A.; SEETHARAM, K.; ZAIDI, P.; DINESH, A.; VINAYAN, M. T.; NATH, U. K. Dissecting heat stress tolerance in tropical maize (*Zea mays* L.). **Field Crop Research**, v. 204, p. 110-119, 2017.
- ALVES, V. M. C.; VASCONCELLOS, C. A.; FREIRE, F. M.; PITTA, G. V. E.; FRANÇA, G. E. de.; RODRIGUES FILHO, A.; ARAÚJO, J. M. de.; VIEIRA, J. R.; LOUREIRO, J. E.; Sugestões de Adubação para Grandes Culturas Anuais ou Perenes: Milho. In: RIBEIRO, A. C.; GUIMARÃES, P. T. G.; ALVAREZ, V. V. H. **Recomendação para uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais: 5º aproximação**. Viçosa, MG. Comissão de Fertilidade do Solo do Estado de Minas Gerais, 1999, p.314-316.
- BADU-APRAKU, B.; OYEKUNLE, M.; FAKOREDE, M. A. B.; VROH, I.; AKINWALE, R. O.; ADEROUNMU, M. Combining ability, heterotic patterns and genetic diversity of extra-early yellow inbreds under contrasting environments. **Euphytica**, v.192, p.413-433, 2013.
- BEADLE, G.W. Teosinte and the origin of maize. In: WALDEN, D.B (ed.) **Maize breeding and genetics**. New York, Jhon Wiley and Sons, 1978, p.113-141.
- BEM-ASHER, J.; GARCIA Y GARCIA, A.; HOOGENBOOM, G. Effect of high temperature on photosynthesis and transpiration of sweet corn (*Zea mays* L. var. rugosa). **Photosynthetica**, v. 46, p. 595-603, 2008.
- BENDER, R. R.; HAEGELE, J. W.; RUFFO, M. L.; BELOW, F. E. Nutrient uptake, partitioning, and remobilization in modern, transgenic insect-protected maize hybrids. **Agronomy Journal**, Madison, v. 105, p. 161-170, 2013.
- BENESOVÁ, M.; HOLÁ, D.; FISCHER, L.; JEDELSKY, P. L.; HNILICKA, F.; WILHELMOVÁ, N.; ROTHOVÁ, O.; KOCOVÁ, M.; PROCHÁZKOVA, D.; HONNEROVÁ, J.; FRIDRICHOVÁ, L.; HNILICKOVA, H. The physiology and proteomics of drought tolerance in maize: early stomatal closure as a cause of lower tolerance to short-term dehydration? **Plos One**, v. 7, 2012.
- BOLAÑOS, J.; EDMEADES, G. O.; MARTINEZ, L. Eight cycles of selection for drought tolerance in lowland tropical maize. III. Response in drought adaptive physiological and morphological traits. **Field Crops Research**. Amsterdã, v.31, p. 269-286, 1993.
- CAIRNS, J. E.; CROSSA, J.; ZAIDI, P. H.; GRUDLOYMA, P.; SANCHEZ, C.; ARAUS, J. L.; THAITAD, S.; MAKUMBI, D.; MAGOROKOSHO, C.; BANZIGER, M.; MENKIR, A.; HEARNE, S.; ATLIN, G. N. Identification of drought, heat, and combined drought and heat tolerant donors in maize. **Crop Science**, v. 53, p.1335-1346, 2013.

CARENA, M. J.; BARI, M. A. A. **Germoplasma e Grupos Heteróticos**. In: DELIMA, R. O.; BORÉM, A. (Eds.). *Melhoramento de Milho*. Viçosa, MG: Editora UFV, 2018, 1 ed, capítulo 3, p. 45-72.

CARVALHO, C.; KIST, B. B.; BELING, R. R. **Anuário Brasileiro do milho 2020**. Santa Cruz do Sul, 2020.

CHERCHALI, F. Z.; ORDÁS, B.; REVILLA, P.; PEDROL, N.; DJEMEL, A. Heterotic patterns among Agerian, US Corn Belt, European flint maize populations under the mediterranean conditions of north Africa. **Crop Science**, v. 58, p. 2422-2432, 2018.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos Safra 2019/2020**: Nono levantamento. Brasília: CONAB. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safra/safra/gaos>. Acessado em: 25 mai 2020.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F.; HARVEY, P. H. A breeding procedure designed to make maximum use of both general and specific combining ability. **Agronomy Journal**, Madison, v. 41, p. 360-367, 1949.

CROSSA, J.; GARDNER, C. O.; MUMM, R. F. Heterosis among populations of maize (*Zea mays* L.) with different levels of exotic germplasm. **Theoretical Applied Genetics**, v. 73, p. 445-450, 1987.

CRUZ, C. D. GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, p.271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 4. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2012.

DE JONG, R. YANG, J. Y.; DRURY, C.F; HUFFMAN, E. C.; KIRKWOOD, V.; YANG, X. M. The indicator of risk of water contamination by nitrate-nitrogen. **Canadian Journal of Soil Science**, v. 87, p. 179–188, 2007.

DHITAL, S.; RAUN, W. R.; Variability in optimum nitrogen rates for maize. **Agronomy Journal**, Madison, v. 108, p- 2165-2173, 2016.

DJANAGUIRAMAN, M.; PRASAD, P. V. V.; SCHAPAUGH, W. T. High day- or nighttime temperature alters leaf assimilation, reproductive success, and phosphatidic acid of pollen grain in soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. **Crop Science**, v. 53, p.1594-1604, 2013.

DJANAGUIRAMAN, M.; PRASAD, P. V. V.; MURUGAN, M.; PERUMAL, R.; REDDY, U. K. Physiological differences among sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench) genotypes under high temperature stress. **Environmental and Experimental Botany**, v. 100, p.43-54, 2014.

DOERKSEN, T. K. Effect of recurrent selection on combining ability in maize breeding populations. **Crop Science**, v. 43, p. 1652-1658, 2003.

DURÃES, F. O. M. Limitações fisiológicas do milho nas condições de plantio nas regiões tropicais baixas. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, 26, 2006, Belo Horizonte. **Anais**, Sete Lagoas: ABMS: Embrapa Milho e Sorgo, 2006.

DUVICK, D. N. The Contribution of Breeding to Yield Advances in Maize (*Zea mays* L.). **Advances in Agronomy**, v.86, p.83-145, 2005.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Sementes de Milho: nova safra, novas cultivares e contínua a dominância dos transgênicos**. Sete Lagoas, MG: Embrapa Milho e Sorgo, 2020. E-book (60p.). Disponível em: <https://www.embrapa.br/milho-e-sorgo/publicacoes>. Acesso em: 7 jul de 2020.

FALCONER, D. S., MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed., Essex, UK: Longmans Green, 1996, 448p.

FANCELLI, A. L.; Ecofisiologia, Fenologia e Implicações básicas de Manejo. In: GALVÃO, J. C. C.; BORÉM, A.; PIMENTEL, M. A. **Milho do plantio à colheita**. 1 ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015, p. 50-76

FERNANDES, F. C. S.; BUZETTI, S.; ARF, O.; ANDRADE, J. A. C. Doses, eficiência e uso do nitrogênio por seis cultivares de milho. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**. Sete Lagoas, MG, v.4, p.195-204, 2005.

GALVÃO, J. C. C.; BORÉM, A.; PIMENTEL, M. A. **Milho do Plantio à Colheita**. 1 ed, Viçosa, MG: Editora UFV, 2015, 351p.

GALVÃO, J. C. C.; MIRANDA, G. V.; TROGELLO, E.; FRITSCHÉ-NETO, R. Sete décadas de evolução do sistema produtivo da cultura do milho. **Revista Ceres**, v. 61, p. 819-828, 2014.

GARDENER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, v. 22, p.439-452, 1966.

GARDENER, C. O. Simplified methods for estimating constants and computing sum of squares for diallel cross analysis. **Fitotec Latinoam** v. 4, p. 1- 12, 1967.

GE, T.; SUI, F.; BAI, L.; TONG, C.; SUN, N. Effects of water stress on growth, biomass partitioning, and water-use efficiency in summer maize (*Zea mays* L.) throughout the growth cycle. **Acta Physiologiae Plantarum**, v.34, p. 1043-1053, 2012.

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

GUIMARÃES, L. J. M.; TRINDADE, R. S.; PARENTONI, S. N.; GUIMARÃES, P. E. O. **Desenvolvimento de Linhagens**. In: DELIMA, R. O. BORÉM, A. **Melhoramento de Milho**. Viçosa, MG. Editora UFV, 2018, v. 1, cap. 5, p. 102-129.

HAEGELE, J. W.; COOK, K. A.; NICHOLS, D. M.; BELOW, F. E. Changes in N use traits associated with genetic improvement for grain yield of maize hybrids released in different decades. **Crop Science**, Madison, v. 53, p. 1256-1268, 2013.

- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J. Recurrent selection methods to improve germplasm in maize. **Maydica**, v. 57, p.266-283, 2012.
- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J. Maize breeding. In: CARENA, M. J. **Handbook of plant breeding: cereals**. New York, Springer, 2009, p. 3-98.
- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 3. ed. New York: Springer, 2010. 663 p.
- HALLAUER, A. R.; EBERHART, S. A. Reciprocal full-sib selection. **Crop Science**, v. 10, p.315-316, 1970.
- HALLAUER, A. R.; MALITHANO, D. Evaluation of maize varieties for their potential as breeding populations. **Euphytica**, v. 25, p.117-127, 1975.
- HAYMAN, B. I. The analysis of variance of diallel tables. **Biometrics**, v.10, n.2, p. 235-244, 1954.
- HULL, F. H. Recurrent selection for specific combining ability in corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, v. 37, p. 134-145, 1945.
- JENKIS, M. T. The segregation of genes affecting yield of grain in maize. **Journal of the American Society of Agronomy**, v.32, p. 55-63, 1940.
- KEMPTHORNE, O.; CURNOW, R. N. The partial diallel cross. **Biometrics**, v. 17, p. 229-250, 1961.
- KIST, B. B.; SANTOS, C. E. Dos; BELING, R. R. **Anuário Brasileiro do milho 2016**. Santa Cruz do Sul. 2016.
- KOLAWOLE, A. O.; MENKIR, A.; BLAY, E.; OFORI, K.; KLING, J. G. Genetic advance in grain yield and other traits in two tropical maize composites developed via reciprocal recurrent selection. **Crop Science**, v. 58, p. 2360-2369, 2018.
- KOLAWOLE, A. O.; MENKIR, A.; GENDIL, M.; BLAY, E.; OFORI, K.; KLING, J. G. Genetic divergence in two tropical maize composites after four cycles of reciprocal recurrent selection. **Plant Breeding**, v. 136, p 41-49, 2017.
- LAUDE, T. P.; CARENA, M. J. Diallel analysis among 16 maize populations adapted to the northern U. S. Corn Belt for grain yield and grain quality traits. **Euphytica**, v. 200, p. 29-44, 2014.
- LAUDE, T. P.; CARENA, M. J. Genetic diversity and heterotic grouping of tropical and temperate maize populations adapted to the northern U.S. Corn Belt. **Euphytica**, v. 204, p. 661-677, 2015.
- LIZASO, J. I.; RUIZ-RAMOS, M.; RODRÍGUEZ, L.; GABALDON-LEAL, C.; OLIVEIRA, J. A.; LORITE, I. J.; SÁNCHEZ, D.; GARCÍA, E.; RODRÍGUEZ, A. impact of high

temperatures in maize: phenology and yield components. **Field Crop Research**, v. 216, p.129-140, 2018.

LOBEL, D. B., BANZIGER, M., MAGOROKOSHO, C. VIVEK, B. Nonlinear heat effects on African maize as evidenced by historical yield traits. **Nature Climate Changes**, v. 1, p.42-45, 2011.

MAKUMBI, D.; ASSANGA, S.; DIALLO, A.; MAGOROKOSHO, C.; ASEA, G.; WORKU, M.; BANZINGER, M. Genetic analysis of tropical mid altitude adapted maize populations under stress. **Crop Science**, Madison, v. 58, p. 1492-1507, 2018.

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

MENDIBURU, F. agricolae: Statistical Procedures for Agricultural Research. **R Package**. 2020.

MICKELSON, H. R.; CORODOVA, H. C.; PIXLEY, K. V.; BJARNASON, M. S. Heterotic relationships among nine temperate and subtropical maize populations. **Crop Science**, v. 41, p. 1012-1020, 2001.

MIRANDA FILHO, J. B. Testadores e dialelos. In: DELIMA, R. O.; BORÉM, A. **Melhoramento de Milho**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2018, 1 ed, capítulo 6, p. 130-158.

MIRANDA FILHO, J. B.; VENCOVSKY, R. Analysis of diallel crosses among open pollinated varieties of maize. **Maydica**, v.29, p.217-234, 1984.

MÔRO, V. G.; FRITSCHÉ-NETO, R. Importância e usos do milho no Brasil. In: GALVÃO, J. C. C.; BORÉM, A.; PIMENTEL, M. A. **Milho do plantio à colheita**. 1 ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015, p. 9-25.

MUNDIM, G. B.; RODRIGUES, C. M.; DELIMA, R. O. Melhoramento para estresses abióticos. In: DELIMA, R. O. BORÉM, A. **Melhoramento de Milho**. Viçosa, MG. Editora UFV, 2018, v. 1, cap. 9, p. 220-256.

NAGORE, M. L.; MAGGIORA, A. D.; ANDRANDE, F. H.; ECHARTE, L. Water use efficiency for grain yield in an old and two more recent maize hybrids. **Field Crops Research**, v. 214, p.185-193, 2017.

ORDÁS, A. Heterosis in crosses between american and spanish populations of maize. **Crop Science**, v. 31, p. 931-935, 1991.

NOLDIN, O.; REVILLA, P.; ORDÁS, B. Genetic analysis of the floury race of maize Avati Morotí. **Crop Science**, v. 57, p. 660-670, 2017.

ORDÓÑES, R. A.; SAVIN, R.; COSSANI, C. M.; SLAFER, G. A. Yield response to heat stress as affected by nitrogen availability in maize. **Field Crops Research**, v. 183, p. 184-203, 2015.

PAES, M. C. D. Aspectos Físicos, Químicos e Tecnológicos do Grão de Milho. In: **A Cultura do Milho**. Sete Lagoas, MG: Embrapa Milho e Sorgo, 2008, p.47-60.

PARADIS, E.; CLAUDE, J.; STRIMMER, K. ape: analyses of phylogenetics and evolution in R language. **Bioinformatics**, v. 20, n. 2, p. 289-290, 2018.

PATERNIANI, E.; VENCOVSKY, R. Reciprocal recurrent selection in maize (*Zea mays* L.) based on testcross of half-sib families. **Maydica**, Bergamo, v. 22, n. 2, p. 141-152, 1977.

PAVINATO, P. S.; CERETTA, C. A.; GIROTTO, E.; MOREIRA, I. C. L. Nitrogênio e potássio em milho irrigado: análise técnica e econômica da fertilização. **Ciência Rural**, v. 38, p. 358-364, 2008.

PÉREZ-VELÁSQUEZ, J. C.; CEBALLOS, H.; PANDEY, S.; DÍAZ-AMARIS, C. Analysis of diallel crosses among Colombian landraces and improved populations of maize. **Crop Science**, v. 35, p.572-578, 1995.

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. Ed. Nobel, São Paulo: Livraria Nobel, 2000. 468p.

REIS, M. C. D.; GUEDES, F. L.; ABREU, G. B.; SOUZA, J. C. Reciprocal recurrent selection in maize enhances heterosis and ears yield. **Euphytica**, Wageningen, v. 187, p. 955-965, 2012.

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

RODRIGUEZ, O. A.; HALLUER, A. R. Effects of recurrent selection in corn populations. **Crop Science**, v. 28, p. 796-800, 1988.

RUSSEL, W. A.; EBERHART, S. A. Hybrid performance of selected maize lines from reciprocal recurrent and test cross selection programs. **Crop Science**, v. 15, p. 1-4, 1975.

RUSSELL, W. A. Registration of B70 and B73 parental lines of maize. **Crop Science**, v. 12, n. 5, p. 721, 1972.

SALAZAR, F. S.; PANDEY, S.; NARRO, L.; PEREZ, J. C.; CEBALLOS, H.; PARENTONI, S. N.; BAHIA FILHO, A. F. C. Diallel analysis of acid-soil tolerant and intolerant tropical maize population. **Crop Science**, v.37, p.1457-1462, 1997.

SANTOS, A. D.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; FRITSCHÉ-NETO, R.; KAMPHORST, S.H.; FERREIRA, F.R.A.; AMARAL, J.F.T.; VIVAS, J. M. S.; SANTOS, P. H. A. D.; LIMA, V. J.; KHAN, S.; SCHMITT, K. F. M.; LEITE, J. T.; SANTOS JUNIOR, D. R.; BISPO, R. B.; SANTOS, T. O.; OLIVEIRA, U. A.; GUIMARÃES, L. J. M.; RODRIGUEZ, O. Relative importance of gene effects for nitrogen-use efficiency in popcorn. **PLoS ONE**, v.14, n.9, p. e0222726, 2019.

SANTOS, M. X.; PACHECO, C. A. P.; GUIMARÃES, P. E. O.; GAMA, E. E. G.; SILVA, A. E.; OLIVEIRA, A. C. Diallel among twenty-eight varieties of maize. **Brazilian Journal of Genetics**, v. 17, p.277-282, 1994.

SILVA, R. M.; MIRANDA FILHO, J. B. Heterosis expression in crosses between maize populations: ear yield. **Scientia Agricola**, v.60, p.519-524, 2003

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

SOENGAS, P.; ORDÁS, B.; MALVAR, R. A.; REVILLA, P.; ORDÁS, A. Heterotic patterns among flint maize populations. **Crop Science**, v. 43, p.844-849, 2003.

SOENGAS, P.; ORDÁS, B.; MALVAR, R. A.; REVILLA, P.; ORDÁS, A. Combining abilities and heterosis for adaptation in flint maize populations. **Crop Science**, v. 46, p.2666-2669, 2006.

SOLALINDE, J. M. Q.; SCAPIM, C. A.; VIEIRA, R. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; VIVAS, M.; PINTO, R. J. B.; MORA, F.; VIANA, A. P. Performance of popcorn maize populations in South American Avatî Pichingá using diallel analysis. **Australian Journal of Crop Science**, v. 8, p. 1632-1638, 2014.

SOUZA, J.C. Cultivares. In: DELIMA, R. O.; BORÉM, A. (Eds.). **Melhoramento de Milho**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2018, 1 ed, capítulo 12, p. 295-306.

SOUZA JR, C. L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L. L. et al. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, p. 159-199.

SOUZA JR, C. L. Recurrent selection and heterosis. In: COORS, J. G. **The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops**, Madison, ASA-CSSA-SSSA, 1999, p 247-255.

SOUZA JR., C. L. Seleção Recorrente. In: DELIMA, R. O.; BORÉM, A. **Melhoramento de Milho**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2018, 1 ed, capítulo 4, p. 73-101.

SOUZA JR., C. L.; BARRIOS, S. C. L.; MORO, G. V. Performance of maize single-crosses developed from populations improved by a modified reciprocal recurrent selection. **Science Agricola**, Piracicaba, v. 67, n. 2, p. 198-205, 2010.

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

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Plant physiology and development**. 6. Ed. Sunderland: Sinauer Associates, 2015. 888 p

UATE, J. V.; NUVUNGA, J. J.; SILVA, C. P.; GUIMARÃES, L. J. M.; PINHO, R. G. V.; BALESTRE, M. Genetic progress, adaptability and stability of maize cultivars for value of cultivation and use trials. **Acta Scientiarum**, v. 41, e42624, 2019.

USDA - Departamento de Agricultura dos Estados Unidos. **World Agricultural Production, global market analysis, 2020**. Disponível: <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>. Acesso em: 24 de junho 2020.

VANCETOVIC, J.; BOZINOVIC, S.; IGNJATOVIC-MICIC, D.; DELIC, N.; KRAVIC, N.; NIKOLIC, A. A diallel cross among drought tolerant maize populations. **Euphytica**, v. 205, p.1-16, 2015.

VENCOVSKY, R. **Alguns aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos de variedades**. ESALQ/USP, 1970. 59 f. Tese (Livre-Docência em Genética e Melhoramento de Plantas).

VERGUTZ, L.; NOVAIS, R. F. Recomendação de Corretivos e Adubação. In: GALVÃO, J. C.C. BOREM, B. PIMENTEL, M. A. **Milho do Plantio à Colheita**. 1 ed., Viçosa, MG. Editora UFV, 2015, cap. 5, p. 108-136

VIANA, J. M. S. The parametric restrictions of the Gardner and Eberhart diallel analysis model: heterosis analysis. **Genetics and Molecular Biology**, v. 23, n. 4, p. 869-875, 2000.

WANG, H.; FANG, Y.; WANG, L.; ZHU, W.; JI, H.; WANG, H.; XU, S.; SIMA, Y. Heterosis and differential gene expression in hybrids and parents in *Bombyx mori* by digital gene expression profiling. **Scientific Reports**, v. 5, e08750, 2015.

WANG, Y.; TAO, H.; ZHANG, P.; HOU, X.; SHENG, D.; TIAN, B.; WANG, P.; HUANG, S. Reduction in seed set upon exposure to high night temperature during flowering in maize. **Physiologia Plantarum**, v. 169, p.73-82, 2020.

WASAYA, A.; TAHIR, M.; ALI, H.; HUSSAIN, M.; YASIR, T. A.; SHER, A.; IJAZ, M.; SATTAR, A. Influence of varying tillage systems and nitrogen application on crop allometry, chlorophyll contents, biomass production and net returns of maize (*Zea mays* L.). **Soil and Tillage Research**, v. 170, p. 18–26, 2017.

WEYHRICH, R. A.; LAMKEY, K. R.; HALLAUER, A. R. Responses to seven methods of recurrent selection in the BS11 maize population. **Crop Science**, v. 38, p 308-321, 1998.01

WORKU, M.; BANZIGER, M.; ERLEY, G. S.; FRIESEN, D.; DIALLO, A. O.; HPRST, W. J. Nitrogen uptake and utilization in contrasting nitrogen eficiente tropical maize hybrids. **Crop Science**, v. 47, p. 519-528, 2007.

YAO, W. H.; ZHANG, Y. D.; KANG, M. S.; CHEN, H. M.; LIU, L.; YU, L. J.; FAN, X. M. Diallel analysis models: a comparison of certain genetic statistics. **Crop Science**, v.53, p.1481–1490, 2013.

ZHANG, X.; YONG, H.; ZHOU, Z.; ZHANG, C.; LU, M.; SUN, Q.; ZHANG, L.; LI, M.; ZHANG, D.; WENG, J.; HAO, Z.; ZHANG, S.; WANG, Z.; LI, X. Heterosis and combining ability of seven maize germplasm populations. **Euphytica**, v. 213, p. 1-11, 2017.

ZHAO, J.; XUE, Q.; JESSUP, K. E.; HAO, B.; HOU, X. MAREK, T. H.; XU, W.; EVETT, S. R.; O'SHAUGHNESSY, S. A.; BRAUNER, D. K. Yield and water use of drought-tolerant maize hybrids in a semiarid environment. **Field Crops Research**, v. 216, p.1-9, 2018.