

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

WEMERSON MENDONÇA REZENDE

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES ENDOGÂMICAS DE MILHO TROPICAL COM BASE
EM CRUZAMENTO COM TESTADORES DE BASE GENÉTICA ESTREITA**

VIÇOSA - MINAS GERAIS

2024

WEMERSON MENDONÇA REZENDE

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES ENDOGÂMICAS DE MILHO TROPICAL COM BASE
EM CRUZAMENTO COM TESTADORES DE BASE GENÉTICA ESTREITA**

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

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima

VIÇOSA - MINAS GERAIS

2024

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

T

R467s
2024
Rezende, Wemerson Mendonça, 1995-
Seleção de progênies endogâmicas de milho tropical com
base em cruzamento com testadores de base genética estreita /
Wemerson Mendonça Rezende. – Viçosa, MG, 2024.
1 tese eletrônica (50 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Agronomia, 2024.
Referências bibliográficas: f. 43-50.
DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2024.387>
Modo de acesso: World Wide Web.

1. Milho - Melhoramento genético. 2. Recombinação
(Genética). I. Lima, Rodrigo Oliveira de, 1982-. II. Universidade
Federal de Viçosa. Departamento de Agronomia. Programa de
Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. III. Título.

CDD 22. ed. 631.52


WEMERSON MENDONÇA REZENDE

**SELEÇÃO DE PROGÊNIES ENDOGÂMICAS DE MILHO TROPICAL COM BASE
EM CRUZAMENTO COM TESTADORES DE BASE GENÉTICA ESTREITA**

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


APROVADA: 29 de janeiro de 2024.

Assentimento:

Documento assinado digitalmente
 **WEMERSON MENDONÇA REZENDE**
Data: 30/07/2024 09:55:48-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Wemerson Mendonça Rezende

Autor

Documento assinado digitalmente
 **RODRIGO OLIVEIRA DE LIMA**
Data: 30/07/2024 13:29:05-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Rodrigo Oliveira de Lima

Orientador

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

OFEREÇO

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

DEDICO

AGRADECIMENTOS

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

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

Ao meu parceiro de vida, Rodrigo, que pacientemente decifrou cada lágrima e celebrou cada sorriso, seu apoio e companheirismo foi essencial nessa trajetória.

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

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

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

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (Fapemig) e à Fundação Arthur Bernardes (Funarbe), pelo financiamento dos projetos.

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

À professora, Dra. Flaviane de Oliveira Ribeiro, e aos doutores Antônio Carlos da Silva Júnior, Hélcio Duarte Pereira e Lisandra Magna Moura pela participação na banca de defesa de dissertação e às contribuições para este trabalho.

Ao Ms. Pedro Henrique Sousa Almeida pelo auxílio nas análises genético-estatísticas ao decorrer do trabalho.

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

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

A todos vocês, meu muito obrigado.

BIOGRAFIA

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

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

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

Em março de 2018, iniciou o curso de Mestrado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, obtendo título em fevereiro de 2020.

Em março de 2020, iniciou o curso de Doutorado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, submetendo a aprovação em janeiro de 2024.

“Por vezes sentimos que aquilo que fazemos não é senão uma gota de água no mar. Mas o mar seria menor se lhe faltasse uma gota”.

Madre Teresa de Calcuta

RESUMO

REZENDE, Wemerson Mendonça, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, janeiro de 2024. **Seleção de progênies endogâmicas de milho tropical com base em cruzamento com testadores de base genética estreita.** Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.

A substituição dos híbridos atuais com superioridade é um grande desafio aos melhoristas. Nos programas de melhoramento, uma das principais etapas é a obtenção de linhagens, em que a seleção de progênies nas primeiras gerações de endogamia é uma etapa essencial. A avaliação precoce da capacidade de combinação pode eliminar progênies inferiores e permitir que as etapas seguintes do programa sejam mais bem sucedidas. Já que o uso de testcrosses auxilia o melhorista na seleção, este estudo teve como objetivo avaliar o potencial das progênies parcialmente endogâmicas (S3) de milho tropical e identificar as melhores progênies a serem seguidas no programa. Para isso, na safra 2022/23, foram avaliados 318 híbridos testcross (TC) oriundos do cruzamento com o testador VML083, e 514 híbridos TC provenientes do cruzamento com o testador VML165. Os híbridos TC, e seis testemunhas foram avaliados nas Unidades de Ensino, Pesquisa e Extensão, da Universidade Federal de Viçosa (UFV), situadas em Coimbra/MG e Viçosa/MG. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos aumentados, e os caracteres avaliados foram: dias até o florescimento masculino (FM, dias), e feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm) e espiga (AE, cm), e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹). As estimativas dos componentes de variância e valores genotípicos dos híbridos TC foram realizadas com a metodologia de modelos mistos via REML/BLUP. Uma análise linha x testador foi realizada usando GGE biplot para identificar as melhores combinações para PG. As estimativas do coeficiente de variação experimental variaram de 1,99% a 13,24% para FM e PG, respectivamente. Houve efeito ($P < 0,05$) de progênies para todos os caracteres avaliados, o que aponta a existência de variabilidade genética entre as progênies. Houve efeito ($P < 0,05$) para testadores e para a interação progênies x testadores, mostrando que as progênies se comportam de forma distinta frente os diferentes testadores. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,38 (PG) a 0,68 (FM), consideradas de média magnitude. Com base na análise GGE biplot, observamos que as progênies P71, P86, P178 e P245 foram as que melhor combinaram com o testador VML083, e que a progênie P245 foi a que melhor combinou com o testador VML165. De acordo com a análise gráfica, as cinco progênies que apresentaram maior capacidade geral de combinação foram: P71, P86, P273, P67, P79. Conclui-se que há variabilidade genética dentre as progênies avaliadas e com potencial para se desenvolver novas linhagens elite a partir dessas progênies.

Palavras-chave: *Zea mays* L. Testcross. Capacidade de combinação. Linhagens. GGE biplot.

ABSTRACT

REZENDE, Wemerson Mendonça, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, January, 2024. **Selection of partially inbred progenies of tropical maize based on crosses with narrow genetic-based testers.** Adviser: Rodrigo Oliveira de Lima.

Replacing current superior hybrids is a great challenge for breeders. In breeding programs, one of the main steps is the obtaining of lines, where the selection of progenies in the first generations of inbreeding is an essential step. Early assessment of combining ability can eliminate inferior progeny and allow subsequent program stages to be more successful. Since the use of testcrosses helps breeders in selection, this study aimed to evaluate the potential of partially inbred progenies (S3) of tropical maize and identify the best progenies to be followed in the program. For this, in the 2022/23 harvest, 318 testcross (TC) hybrids were evaluated from the cross with the tester VML083, and 514 TC hybrids from the field crossing with the tester VML165. The TC hybrids, along with six checks, were evaluated at the Teaching, Research and Extension Units, belonging to UFV, located in Coimbra/MG and Viçosa/MG. The experimental design used was that of augmented blocks, and the characters evaluated were: days to pollen shedding (DTP, days), days to silking (DTS, days), plant height (PH, cm), ear height (EH, cm), and grain yield (GY, kg ha⁻¹). Estimates of variance components and genotypic values of TC hybrids were carried out using the mixed model methodology via REML/BLUP. A line x tester analysis was performed using GGE biplot to identify the best matches for GY. Experimental coefficient of variation estimates ranged from 1.99% to 13.24% for DTP and GY, respectively. There was an effect ($P < 0.05$) of progenies for all characters evaluated, which indicates the existence of genetic variability among the progenies. There was an effect ($P < 0.05$) for testers and for the progeny x testers interaction, showing that the progenies behave differently towards different testers. Heritability estimates ranged from 0.38 (GY) to 0.68 (DTP), considered of medium magnitude. Based on the GGE biplot analysis, we observed that the P71, P86, P178 and P245 progenies were the ones that best matched the VML083 tester, and that the P245 progeny was the best matched with the VML165 tester. According to the graphic analysis, the five progenies that showed the highest general combining capacity were: P71, P86, P273, P67, P79. It is concluded that there is genetic variability among the progenies evaluated and with the potential to develop new elite lines from these progenies.

Keywords: *Zea mays* L. Testcross. Combination ability. Lines. GGE biplot

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	10
2	REFERENCIAL TEÓRICO.....	13
2.1	Importância do milho	13
2.2	Etapas de programa de melhoramento.....	14
2.3	Testcrosses.....	18
2.4	GGE biplot para capacidade de combinação.....	19
3	OBJETIVOS.....	22
4	MATERIAL E MÉTODOS.....	23
4.1	Material genético	23
4.2	Execução experimental.....	24
4.3	Caracteres avaliados	24
4.4	Análises genético-estatísticas	25
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO	27
5.1	Amplitude, média e coeficiente de variação.....	27
5.2	Estimativas de componentes de variâncias e quadráticos, e de herdabilidades.....	29
5.3	Correlações genotípicas	31
5.4	GGE biplot.....	34
5.5	Seleção de progênies	38
6	CONCLUSÕES.....	42
7	Referências	43

1 INTRODUÇÃO

O milho (*Zea mays* L.) está entre os cereais mais importantes e cultivados mundialmente. Esse fato deve-se a vários fatores, como a grande variedade de usos que o grão apresenta, ampla adaptação a diversas condições edafoclimáticas e à grande importância econômica da cultura. Ele é utilizado na alimentação humana e animal, e, nos últimos anos, vem sendo muito utilizado na produção de biocombustíveis (MÔRO; FRITSCHÉ-NETO, 2015). De acordo com o décimo segundo levantamento realizado pela CONAB (2023), na safra 2022/2023, foram produzidos aproximadamente 131,9 milhões de toneladas de grãos de milho no Brasil. Isso representa um aumento de 16,6% em relação à safra anterior, na qual foram colhidos aproximadamente 113 milhões de toneladas de milho.

O aumento da população mundial obriga cada vez mais o aumento contínuo da produção de grãos, principalmente de milho, por ser uma fonte de alimento rica em energia. Devido a essa necessidade de aumento de fornecimento de alimentos, os programas de melhoramento apresentam grande papel nessa trajetória, uma vez que o aumento de produtividade está associado fortemente aos ganhos genéticos obtidos pelos programas de melhoramento. De acordo com Ceccarelli (2015) e Borém et al. (2017), os ganhos genéticos obtidos pelos programas de melhoramento representam metade dos ganhos em produtividade obtidos nas últimas cinco décadas, os quais desenvolvem cultivares cada vez mais adaptados às condições de plantio, e conseqüentemente, mais produtivos. A evolução das técnicas de manejo, qualidade de insumos e uso eficiente desses, contribuem com metade dos ganhos em produtividade nas culturas.

Um dos fatores chave no sucesso de uma lavoura é a escolha correta do cultivar a ser utilizado. Os cultivares podem ser variedades de polinização aberta, que são cultivados em condições de baixo investimento, em pequenas propriedades, ou seja, em locais cujo uso de cultivares híbridos não se justificam por algum motivo técnico, social ou econômico (BORÉM et al., 2017). E por outro lado, temos os cultivares híbridos, que de acordo com a constituição genética, podem ser classificados nos principais tipos: híbridos simples, duplo e triplo. Os híbridos simples são resultantes do cruzamento entre duas linhagens, sendo indicado para sistemas de produção que utilizem alta tecnologia, pois possui alto potencial produtivo, ultrapassando, em muitas regiões, a marca de 15.000 kg ha⁻¹. Por sua vez, o híbrido duplo é originado do cruzamento entre dois híbridos simples, sendo indicado para produtores com média tecnologia. Por fim, o híbrido triplo é obtido a partir do cruzamento entre um híbrido simples e uma linhagem, sendo indicado para produtores com média a alta tecnologia. Os

híbridos simples são potencialmente mais produtivos que os demais, apresentando maior uniformidade de plantas e espigas, porém são também os mais onerosos. Os híbridos triplo são uniformes e seu potencial produtivo é intermediário entre os híbridos simples e duplos. O mesmo ocorre com o preço de suas sementes. Os híbridos duplo são mais heterogêneos fenotipicamente que os simples e triplos. O custo da semente dos duplos é mais baixo que o preço da semente dos simples e triplos (SILVA et al., 2014).

Os cultivares híbridos ocupam cerca de 80% da área mundial plantada com milho, principalmente os híbridos simples e triplos. Para se desenvolver tais cultivares, é necessário o desenvolvimento inicial de linhagens endogâmicas, e a identificação de cruzamentos híbridos que expressem a máxima heterose (DELIMA et al., 2018). As linhagens endogâmicas podem ser obtidas por dois métodos conhecidos, via duplo haplóides (DH) e via método convencional. De acordo com Vanous et al. (2017) o primeiro método consiste na obtenção de indivíduos haplóides e posterior duplicação do DNA, obtendo-se um indivíduo DH, completamente homocigoto. Este método tem sido amplamente empregado nos programas de melhoramento modernos, por se conseguir encurtar drasticamente o tempo necessário para o desenvolvimento de uma linhagem, e conseqüentemente, do híbrido (PRIGGE; MELCHINGER, 2011). Já o segundo método, consiste na realização de sucessivos ciclos de autofecundação. Este último método, denominado tradicional, normalmente requer de 6 a 10 gerações de autopolinização para obter homocigose suficiente, o qual se obtém uma planta com aproximadamente 100% de homocigose. Com o intuito de se contornar o tempo e os custos associados ao desenvolvimento de linhagens endogâmicas, os sistemas DH têm sido amplamente adotados na produção comercial de milho. Isto porque em apenas duas gerações, os sistemas DH podem criar linhagens completamente homocigotas e homogêneas (VANOUS et al., 2017).

Durante o processo de obtenção das linhagens, é de grande importância a avaliação e seleção visual do melhorista, porém, apenas essa seleção visual não se torna suficiente para se identificar as progênies superiores quando se trata de caracteres de baixa herdabilidade, como é o caso da produtividade de grãos. Para isso, é necessário a realização de ensaios a campo com os híbridos dessas progênies (DELIMA et al., 2018). Para caracteres de baixa herdabilidade, como produtividade de grãos, uma estratégia que tem sido adotada como padrão dentro dos programas de melhoramento é o chamado testcross, o qual consiste na avaliação de um conjunto representativo de linhagens com uma linhagem denominada testador. Esse testador é representativo do grupo heterótico que se deseja trabalhar, com o intuito de se alocar as linhagens a serem testadas em grupos distintos. Dessa forma, dentro de um programa de melhoramento, existem mais de um testador, sendo que cada grupo heterótico terá seu testador.

Ao se avaliar os híbridos testcrosses, é possível eliminar as linhagens inferiores, e direcionar as demais para cruzamentos com outras linhagens elite dentro de um programa de melhoramento.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância do milho

O milho (*Zea mays* L.), pertence à família Poaceae, é uma espécie originária da América Central, mais especificamente no México e na Guatemala (BEADLE, 1978). Possivelmente, o milho é originário de uma evolução a partir do teosinto que se deu há cerca de 8.700 anos nas atualmente denominadas Terras Baixas do México (PIPERNO et al., 2009). O México preserva até os dias atuais grande diversidade genética do milho (OROZCO-RAMÍREZ et al., 2017).

Atualmente, o milho é a espécie cultivada que atingiu o mais elevado nível de domesticação, o que faz com que seja uma espécie de grande importância econômica e alimentar. É um dos cereais mais cultivados e produzidos no mundo devido à grande capacidade de adaptação às diferentes condições ambientais e ao valor nutricional, sendo destinado tanto para a alimentação humana quanto animal (CONTINI et al., 2019). De acordo com as diversas aplicabilidades e importâncias dadas a essa cultura, o milho apresenta-se como uma potência econômica no mundo e no que se diz respeito a produção e tecnologias.

A produção mundial de milho em 2022/2023 superou 1,15 bilhão de toneladas de grão, onde os maiores produtores mundiais são os Estados Unidos da América, a China e o Brasil. De acordo com CONAB (2023), o milho ocupou uma área de 22,3 milhões de hectares no Brasil, com uma produção crescente e superando 131,9 milhões de toneladas no Brasil em 2022/23, e uma produtividade média de 5.922 kg ha⁻¹. Apesar do Brasil ser o terceiro maior produtor, a produtividade média é baixa. Esses resultados são resposta da escolha/posicionamento inadequado de cultivares pelos técnicos e produtores, emprego inapropriado de tecnologias de cultivo e manejos, uso escasso de fertilizantes, uso de sementes não certificadas ou de má qualidade. Ademais, toda cultura está sujeita a ocorrência de estresses abióticos, como temperaturas extremas, toxidez por alumínio, deficiência de nutrientes, salinidade e estresse hídrico que podem afetar drasticamente o desempenho da lavoura (MUNDIM et al., 2018).

Contudo, com uso correto de novas técnicas de condução das culturas, juntamente com os ganhos genéticos com o melhoramento, essa média de produtividade vem aumentando nas últimas décadas. Dentre os principais fatores responsáveis por esse avanço da produtividade, estão híbridos mais responsivos ao uso de tecnologias e mais tolerantes ao aumento de população de plantas, adoção de cultivares transgênicas e aumento na dose de nitrogênio (N) aliada a níveis mais equilibrados de outros nutrientes (DELIMA et al., 2018).

Esta importante cultura é essencial para o avanço quantitativo e qualitativo do consumo de alimentos no Brasil e no mundo, que ocorre através da interação entre os diversos elos da cadeia produtiva. Nestes elos, encontram-se os produtores rurais, empreendedores e uma competitiva e moderna agroindústria. Desta forma, cabe ressaltar que a cultura do milho é de fundamental importância para o setor agropecuário, sendo um dos principais insumos do complexo agroindustrial devido às suas diferentes aplicações, assumindo importante papel socioeconômico e cultural (BARROS et al., 2015).

2.2 Etapas de programa de melhoramento

O processo de busca do aumento de produtividade de grãos na cultura do milho está diretamente relacionada ao desenvolvimento e utilização de híbridos superiores, não distantes ao uso de eventos biotecnológicos que contribuem para melhor exploração do potencial genético produtivo desses híbridos. Existem no mercado, um número representativo de híbridos disponíveis aos produtores, com características diversas que se adequam as diversas condições edafoclimáticas, e estes apresentam altas produtividades. Substituir com vantagens os híbridos atuais é um dos grandes desafios dos melhoristas.

As atividades do programa de melhoramento de milho têm como objetivo principal o desenvolvimento de cultivares com alto potencial produtivo, ciclo que melhor se adapte à época de plantio, tolerantes a estresses bióticos e abióticos, com enfoque regional, e para as diversas condições edafoclimáticas. Historicamente, o desenvolvimento de novos cultivares com características desejáveis, baseou-se principalmente em métodos de seleção de alelos favoráveis de ocorrência natural ou induzidos por mutagenese não específica. Apesar de sua enorme contribuição, esses métodos apresentam limitações, tais como a seleção fenotípica sem conhecimento das bases moleculares e fisiológicas envolvidas (PURUGGANAN; FULLER, 2009).

Atualmente, cerca de 80% dos cultivares desenvolvidos e utilizados no mundo são cultivares híbridos, sejam eles com uma base genética mais ampla, como os híbridos intervarietais por exemplo, ou com uma base genética mais estreita, como é o caso da maioria dos híbridos, híbrido simples, triplo, duplo e suas variações. Dentro do programa de melhoramento, para a obtenção desses híbridos, tem-se em geral quatro etapas: a seleção das populações base, a obtenção de linhagens, a avaliação de linhagens e testes extensivos das combinações híbridas obtidas entre as linhagens (MARCONDES et al., 2015). A escolha da população base da qual se iniciará a obtenção das novas linhagens é de extrema importância

para se ter sucesso em um programa de melhoramento. Esse ponto de partida na escolha das fontes de variabilidade para a extração de novas linhagens determina o potencial máximo de melhoramento que se pode alcançar no programa, aliado ao método de melhoramento, que determinará o quão veloz, e quanto pode ser alcançado em relação ao potencial máximo do germoplasma (HALLAUER et al., 2010).

Visto a importância da escolha da população base, os programas de melhoramento têm utilizado autofecundação de híbridos elite, reciclagem de linhagens elite dentro do próprio programa, entre outras estratégias. É possível de se utilizar acessos de bancos de germoplasma, cultivares crioulos e compostos, entretanto, apesar de esses serem uma fonte vasta de variabilidade genética, eles apresentam uma série de genes deletérios, que poderão refletir em características indesejáveis nas linhagens originadas e conseqüentemente, nos híbridos que serão desenvolvidos dessas linhagens. Atualmente, as fontes preferenciais para extração de novas linhagens são formadas a partir de genótipos elite, dentro de cada grupo heterótico (DELIMA et al., 2018).

Para se obter as novas linhagens, pode-se utilizar populações bi-parentais, onde as linhagens são obtidas de um cruzamento de linhagens que pertencem ao mesmo grupo heterótico, minimizando a exploração da heterose nesse híbrido, mas preservando a distância genética entre outros grupos heteróticos, que resultará numa maximização da heterose. Populações bi-parentais têm sido formadas a partir de “reciclagem de linhagens”, onde as linhagens elite do programa de melhoramento são cruzadas entre si, em ciclos subsequentes, respeitando os grupos heteróticos. Outra forma de se formar as populações bi-parentais é o cruzamento de linhagens elite com híbridos superiores, ou mesmo, entre híbridos superiores do programa. Com esse processo são obtidas novas linhagens com caracteres superiores aos seus parentais em decorrência do aumento da frequência de alelos favoráveis, à correção de defeitos em linhagens elite e maior nível de heterose quando realizado o cruzamento entre linhagens de grupos heteróticos distintos e complementares (SINGH et al., 2021).

Outra fase importante dentro do programa de melhoramento é a obtenção de linhagens, que pode ser realizada de duas formas: método tradicional e o método DH. No método de DH, o genótipo originado, na ausência de contaminações, apresenta 100% de homozigose. Nesse processo inicialmente busca-se a obtenção de indivíduos haplóides e posterior duplicação de seu genoma, de forma natural ou artificial (PRIGGE; MELCHINGER, 2011). Existem diversas metodologias para a geração de haplóides em milho, como ocorrência espontânea, hibridação interespecífica, polinização tardia, uso do calor, indução por tratamentos químicos, cultura de anteras e, ou, pólen (indução *in vitro*) e indução *in vivo* (WEBER, 2014). A metodologia mais

utilizada tem sido a indução *in vivo*, devido à maior facilidade de implementação nos programas de melhoramento.

Para se conduzir o método de DH via indução *in vivo*, são necessários o uso de genótipos indutores de haploidia, um sistema para identificação de haplóides, aplicação de protocolos para duplicação cromossômica, aclimação para mudas em estufa ou em campo protegido do calor e luz direta, transplante de plantas sobreviventes para o campo, minimização de estresse na condução da primeira geração (D₀) em campo (cobertura com tela de sombreamento) e autofecundação de plantas D₀ adultas (VANOUS et al., 2017). Dessa forma, faz-se o cruzamento da população base, fornecedora de genes, com o genótipo indutor de haploidia. Posteriormente, faz-se a seleção dos indivíduos haplóides, identificando as sementes que apresentam endosperma marcado com antocianina e embrião sem marcação. Feito essa seleção, procede-se com germinação das sementes e a duplicação cromossômica com agente químico. Após duplicação, faz-se a plantio, aclimação e transplante, sequencialmente.

Inúmeros fatores influenciam a eficiência do processo de produção de linhagens DH, entre eles: a taxa média de indução observada para os indutores de haploidia, quando cruzados com uma série de genótipos fonte; da quantidade de pólen produzidas pelos indutores; do número total de cruzamentos efetuados entre indutor e população-fonte, da eficácia do processo de duplicação cromossômica e de cuidados no manejo e na autofecundação da população D₀ (LIU et al., 2016). Este método apresenta vários desafios para que seja utilizado comercialmente em um programa de sucesso, como a taxa de indução de haploidia deve ser de no mínimo de 6%, e o processo de duplicação cromossômica deve apresentar mínimo de 5% (PRASANNA et al., 2012).

Em um programa bem estruturado, com produtos competitivos no mercado, ao final do processo, são obtidas cerca de cinco linhagens DH's de cada população base inicialmente selecionada (LIU et al., 2016). Para acelerar e garantir o sucesso na produção de DH's, o ideal é elevar a eficiência do processo para valores de 12 a 30% para taxa de indução e duplicação, respectivamente (CHAIKAM et al., 2019; MAQBOOL et al., 2020). Uma característica inerente do processo de obtenção de linhagens via DH's é que impede o melhorista de realizar a seleção para eliminar caracteres indesejáveis em fases iniciais e intermediárias, como ocorre no método tradicional/pedigree (VANOUS et al., 2017; MOLENAAR et al., 2019).

Outra metodologia para obtenção de linhagens é o método tradicional, onde o genótipo originado apresenta aproximadamente 100% de homozigose. Esse método é constituído de sucessivos ciclos de cruzamentos aparentados, onde diversos tipos de cruzamentos podem ser utilizados para produção de linhagens endogâmicas como autofecundações, cruzamentos entre

progênies de meios-irmãos ou de irmãos completos, e retrocruzamentos. No entanto as taxas de aumento da homozigose nas sucessivas gerações se alteram nos diferentes tipos de cruzamentos, sendo a autofecundação a que promove a mais rápida fixação de alelos (HALLAUER, 2010), sendo assim a forma de cruzamento mais utilizada.

Com o avanço das gerações de autofecundação, ocorre o avanço da endogamia, e isso ocasiona o aumento da variabilidade entre os indivíduos da população, permitindo assim uma maior eficiência no processo de seleção de plantas superiores, pois as plantas portadoras de alelos recessivos desfavoráveis podem ser eliminadas no decorrer do processo (HALLAUER, 2010). O avanço de gerações associado ao método do pedigree permite a seleção de linhagens superiores, o descarte de plantas com características indesejáveis e a fixação de alelos desejáveis em plantas superiores, o que reduz o efeito de depressão por endogamia (DELIMA et al., 2018). Dentro de um programa de melhoramento, o desenvolvimento de linhagens demanda grande esforço para que a cada ano sejam desenvolvidas novas linhagens, superiores às suas genitoras, além da alocação em grupos heteróticos definidos e complementares para o desenvolvimento de híbridos de alto desempenho agrônômico.

A obtenção de linhagens isoladamente não garante o sucesso no desenvolvimento de híbridos superiores. Com isso, torna-se necessário um processo de avaliação das capacidades combinatórias, geral e específica, para diversos caracteres (BOREM et al., 2017; SINGH et al., 2021). A etapa de avaliação de linhagens é a mais onerosa e demorada, além de demandar muitos investimentos de recursos humanos e financeiros. Ao longo do processo de desenvolvimento de linhagens, é feita a seleção visual de plantas superiores no decorrer do avanço de gerações. Contudo, essa seleção só é eficiente para caracteres qualitativos, de alta herdabilidade. Logo, a seleção de progênies superiores para caracteres de herança mais complexa, como produtividade de grãos e tolerância a certas doenças, deve ser realizada com base em cruzamentos (DELIMA et al., 2018).

Algumas metodologias foram desenvolvidas para avaliação de desempenho e seleção de linhagens em combinações híbridas. Desde os primeiros avanços no desenvolvimento de híbridos de milho, já era conceituado o termo capacidade de combinação. Quando em um programa se deseja avaliar um conjunto pequeno de linhagens endogâmicas, faz-se o uso do esquema que ficou conhecido como dialelo, onde se avalia todas as combinações possíveis (JENKINS, 1978). Por outro lado, quando se tem um número muito grande de linhagens, um outro tipo de cruzamento é utilizado, o esquema testcross proposto por Davis (1927) onde se visa avaliar a capacidade de combinação de linhagens em cruzamentos com testador comum. Nesse método, progênies endogâmicas de milho são cruzadas com testadores para produção de

híbridos testcrosses (TC) que serão avaliados em experimentos de campo. Informações sobre o desempenho e a capacidade de combinação de linhagens podem ser úteis para seleção prévia nas primeiras gerações, com uma boa previsão do desempenho em gerações avançadas (HOSANA et al., 2015; DELIMA et al., 2018).

A avaliação dos híbridos desenvolvidos compreende a última etapa dentro do programa de melhoramento, e que por sua vez é extremamente oneroso, uma vez que demanda a realização de ensaios em vários locais, em várias condições edafoclimáticas, em várias anos e safras.

2.3 Testcrosses

Segundo Hallauer et al. (2010) e Delima et al. (2018), o desempenho *per se* de uma linhagem apresenta baixa correlação com o desempenho do híbrido, fazendo-se assim necessário a avaliação da combinação híbrida nas condições de campo para onde este novo cultivar está sendo desenvolvido. Contudo, em um programa de melhoramento, há o desenvolvimento de um número significativo de novas linhagens a cada ciclo, e a avaliação de todas as combinações possíveis se torna impraticável (PATERNIANI et al., 2010).

Com o intuito de contornar esse desafio, Davis (1927) propôs o teste de desempenho de linhagens, ou testcross, que consiste na avaliação de muitas progênies parcialmente endogâmicas, a partir de seus cruzamentos com um testador comum. A obtenção dos híbridos TC é realizado em campo isolado, no qual apenas o genitor masculino, denominado testador, sendo a fonte de pólen, as demais linhagens, ou mesmo progênies parcialmente endogâmicas, são despendoadas e os híbridos originados são avaliadas no ano seguinte em condições de campo (BORÉM et al., 2017). Esta técnica foi amplamente difundida entre os programas de melhoramento que atualmente a avaliação de híbridos TC é um processo padrão para avaliação do desempenho do híbrido e orientação das linhagens em desenvolvimento em grupos heteróticos (DELIMA et al., 2018).

Os testadores devem ser aqueles que combinam simplicidade de uso com o máximo de informações sobre as linhagens, quando elas são testadas em outras combinações (MATZINGER, 1953). Além disso, um bom testador deve classificar corretamente o mérito relativo das linhagens, permitindo a maximização dos ganhos genéticos (HALLAUER, 1975). Os testadores utilizados nos testcrosses devem ser representativos dos grupos heteróticos já existentes, devem possuir elevada Capacidade de Combinação (CGC) e serem bons produtores de pólen. No entanto, isso só é possível quando o programa já possui testadores representativos

de cada um dos grupos heteróticos de interesse. Para programas nos quais o germoplasma ainda não está agrupado, uma alternativa é utilizar como testadores, testadores de base genética ampla que já são sabidamente discriminadores eficientes para cada grupo heterótico, ou mesmo genótipos que apresentem alta capacidade específica de combinação (PINTO et al., 2001).

O método testcross proposto inicialmente necessitava que as linhagens a serem testadas fossem endogâmicas. Logo, Davis (1927) propôs a utilização de linhagens parcialmente endogâmicas (S_1 , S_2 , S_3), o chamado testcross precoce. Essas linhagens, provenientes do método tradicional de obtenção de linhagens, pertencentes a um grupo heterótico, são cruzadas com um testador de um grupo heterótico distinto e complementar.

A realização do testcross precoce, ainda em progênies parcialmente endogâmicas, permite a identificação precoce de linhagens com provável desempenho superior quando suas linhagens forem completamente endogâmicas. Dessa forma, com base no desempenho, serão selecionadas as que continuarão no processo de autofecundação. Uma estratégia que vem sendo bastante utilizada é o uso do testcross para se eliminar linhagens muito ruins, e deixando recursos para aquelas linhagens mais promissoras. Bernardo (1991) estudando a correlação do desempenho de um testcross de progênies parcialmente endogâmicas, obteve que a correlação média do desempenho de linhagens S_1 , S_2 e S_3 , em relação à geração S_∞ , seria 0,71, 0,87 e 0,94, respectivamente. Isso demonstra a economia de recursos que pode ser feita com o uso desse método de avaliação/seleção.

2.4 GGE biplot para capacidade de combinação

Cruzamentos biparentais, cruzamentos múltiplos, cruzamentos de teste, testcrosses e dialelo podem ser listados como os delineamentos de melhoramento mais comumente usados para determinar a capacidade de combinação (NDUWUMUREMYI et al. 2013). Apesar dos diferentes métodos de melhoramento, um problema comum era a visualização dos resultados. A análise convencional linha x testador é limitada para obter a capacidade geral de combinação (CGC) para cada genótipo e a capacidade específica de combinação (CEC) para cada cruzamento, enquanto um biplot exhibe a entrada mais importante por padrões de testador dos dados e permite a visualização da CGC de cada genótipo, CEC de cada genótipo, grupos de pais com genética semelhante e híbridos superiores (YAN e HUNT, 2002). Assim, a representação biplot de quaisquer dados bidirecionais auxilia na visualização da complexidade da interação nos dados de uma forma conveniente (YAN et al., 2001).

Yan e Hunt (2002) demonstraram a aplicabilidade do GGE biplot, que foi originalmente desenvolvido para analisar e visualizar dados bidirecionais genótipo x ambiente, na visualização das capacidades de combinação de linhagens. Yan e Hunt (2002) sugeriram uma nova abordagem da técnica biplot de componentes principais para análise dialélica. Esta técnica aumenta a capacidade de interpretar a variação fenotípica para obter a capacidade de combinação e inter-relacionamento dos pais com base na apresentação gráfica usando o primeiro e segundo componente principal (CP1 e CP2, respectivamente), que são derivados através da análise de componentes principais de dados de rendimento centrados no ambiente. Assim, a análise da capacidade de combinação usando GGE biplot é necessária para visualizar a capacidade geral de combinação (CGC) de cada genótipo, a capacidade específica de combinação (CEC) de cada genótipo, grupos de pais com características genética semelhante e híbridos superiores. Semelhante aos ensaios multilocais, os dois primeiros componentes podem ser usados para visualizar os efeitos da CGC e CEC (BERTOIA et al., 2006).

Um dos principais métodos para exibir as capacidades de combinação de pais e cruzamentos entre os vários métodos gráficos, é a análise GGE biplot (genótipo + genótipo × ambiente), que tem sido amplamente utilizada para estudar CGC e CEC em cruzamentos e na identificação de melhores combinações híbridas a partir de dados dialélicos em diversas plantas cultivadas (ANIDO et al., 2004; BERTOIA et al., 2006; YI et al., 2006; DARVISHZADEH et al., 2009; MALLA et al., 2009; VIVEK et al., 2010). Akinwale et al. (2014) demonstraram ainda o uso da análise biplot GGE na análise de dados de linha × testador. Fotokian e Agahi (2014) relataram a identificação de pais superiores, cruzamentos heteróticos e os melhores híbridos na cultura do arroz, de linhagem × testador usando GGE biplot. Ruswandi et al. (2015) empregaram com sucesso o GGE biplot no agrupamento heterótico e na análise da capacidade de combinação de 46 linhagens mutantes de milho cruzadas com três testadores. Fotokian e Agahi (2014) relataram que a identificação de genitores adequados, cruzamentos heteróticos e os melhores híbridos em dados de linha x testador podem ser analisados usando GGE biplot.

No entanto, o conceito GGE é originado para análise de ensaios multi-ambientais de variedades de culturas. A abordagem biplot de interação genótipo por ambiente (GGE Biplot) comumente tem sido usada para investigar a capacidade de combinação e o potencial de linhagem de uma planta (KANNABABU et al. , 2017; KHALIL e RAZIUDDIN, 2017; AHMED et al., 2019). Esta técnica é adequada para dados originados de cruzamentos de linha x testadores com base na estrutura de dados (RUSWANDI et al., 2015; KAHRIMAN et al., 2016). O biplot GGE fornecerá explicações claras da fonte de variação, tornando mais fácil para os melhoristas, a escolha do genótipo desejado ou mais próximo do ideal possível (YAN, 2001).

A análise GGE biplot para linhagem \times testador também foi aplicada a outras culturas, como sorgo (KANNABABU et al., 2017), girassol (AHMED et al., 2019), trigo (MALLA et al., 2010; DEHGHANI et al., 2013), melão (DEHGHANI et al., 2012), flor de linho (RASTOGI et al., 2011), papoula (RASTOGI et al., 2013), algodão (HAMOUD, 2014), e milho (DUARTE e PINTO, 2002; BADU-APRAKU et al., 2010; MOSTAFAVI et al., 2012; BADU-APRAKU et al., 2013; NJOROGÉ e GICHURU, 2013; SIBIYA et al., 2013; RUSWANDI et al., 2015; BADU-APRAKU et al., 2020; MOMENI et al., 2020; OSUMAN et al., 2022; KARJAGI et al., 2023).

3 OBJETIVOS

Avaliar e selecionar progênies parcialmente endogâmicas de milho tropical com base no desempenho em cruzamentos com dois testadores de base genética estreita.

Estudar a correlação entre caracteres agronômicos avaliados em híbridos testcrosses de milho tropical.

Estimar a capacidade de combinação das progênies parcialmente endogâmicas de milho tropical.

Selecionar progênies endogâmicas com cada testador e direcionar cruzamentos para obtenção de híbridos simples.

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Material genético

Para a realização desse trabalho, foram utilizadas aproximadamente 500 progênies endogâmicas (S3) de milho do banco de germoplasma do Programa Milho da Universidade Federal de Viçosa, que foram obtidas através de três ciclos de autofecundação de seis híbridos comerciais de milho (AG1051, BAL188, BM709, DKB370, NS70 e P3898) de ampla adaptação e diferentes ciclos (Tabela 1). As progênies foram usadas como progenitoras e cruzadas com duas linhagens testadores do Programa Milho: as linhagens VML083 e VML165. Essas linhagens representam dois grupos heteróticos distintos, identificadas com base em análise de diversidade genética e análise de estrutura de populações (FARIA et al., 2022).

Na safra de inverno de 2022, foram realizados os cruzamentos para obtenção dos híbridos TC, em dois campos isolados, sendo cada campo destinado a um testador, e que foram avaliados na safra posterior. Estes cruzamentos foram realizados no Campo Experimental Diogo Alves de Mello, localizado na Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Agronomia.

Cada campo recebeu as progênies (fêmeas) e o testador, numa proporção de duas linhas do testador, para cada quatro linhas de fêmea, sendo que cada uma das progênies foi plantada em parcelas de dois metros de comprimento. Quando as progênies estavam próximo de VT (pendoamento), foi realizado o despendoamento de todas as plantas, com o intuito de se ter apenas pólen da linhagem testadora (macho).

Tabela 1. Descrição da quantidade de progênies usadas para cruzamentos com os testadores VML083 e VML165

População de Origem	VML083	VML165
AG1051	19	26
BAL188	42	66
BM709	37	103
DKB370	94	118
NS70	61	97
P3898	65	104
Total	318	514

O manejo e os tratos culturais foram realizados de acordo com o recomendado para a cultura do milho (GALVÃO et al., 2015). Imediatamente após a colheita, foi feito um bulk das

plantas cruzadas, sendo colhidas todas as plantas da linha. Essas sementes foram colocadas em sacos de papel e armazenadas em câmara fria e seca para posterior utilização no experimento.

4.2 Execução experimental

Na safra 2022/2023, foram avaliados 832 híbridos, dos quais 318 híbridos TC oriundos do cruzamento com o testador VML083, e 514 híbridos TC provenientes do campo de cruzamento com o testador VML165. O número menor de híbridos TC com o testador VML083 se deu por problemas de climáticos que afetaram a germinação e conseqüentemente a produção final de sementes. Os híbridos TC e seis híbridos comerciais (20A38VIP3, B2800VYHR, BM990VIP3, DKB230PRO4, DKB390PRO2 e K9960VIP3), usadas como testemunhas, foram avaliados na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão (UEPE) de Coimbra (20°50'30"S, 42°48'30"W, altitude de 713 m) e UEPE Horta Nova (20°45'40"S, 42°49'26,7"W, altitude de 661 m) pertencentes ao Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), situadas em Coimbra – MG e Viçosa – MG, respectivamente.

Cada experimento foi realizado em delineamento de blocos aumentados de Federer (1956), sem repetição nos híbridos TC dentro do mesmo local. Cada parcela foi constituída de uma linha de quatro metros de comprimento, espaçadas entre elas em 0,80 m, com área útil de 3,2 m². A instalação dos ensaios ocorreu na primeira quinzena de outubro de 2022. Aproximadamente 25 dias após o plantio, foi realizado um desbaste a fim de obter 20 plantas por linha, para obter uma população de plantas aproximada de 62,5 mil plantas ha⁻¹.

A adubação utilizada foi uma aplicação de 400 kg ha⁻¹ de formulado N-P-K, 8-28-16 no plantio, e uma adubação nitrogenada de cobertura de 550 kg ha⁻¹ de sulfato de amônio, em estágio V6, aproximadamente 30 dias após plantio. Os demais tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas para a cultura do milho na região (GALVÃO et al., 2015).

4.3 Caracteres avaliados

Os caracteres agrônômicos e de arquitetura de planta que foram avaliados nos experimentos são: altura de planta (AP, cm) e altura de espiga (AE, cm), que é a distância do nível do solo até a inserção da folha bandeira e do nível do solo até a inserção da espiga superior, respectivamente; dias até o florescimento masculino (FM, dias) e dias até o florescimento feminino (FF, dias), mensurado quando 50% das plantas da parcela apresentarem pelo menos

2/3 do pendão com as anteras liberando pólen e apresentarem estilo-estigma visíveis, respectivamente; e produtividade de grãos (PG, kg ha⁻¹), mensurada através da colheita manual de todas as espigas da parcela separadamente, debulhadas em debulhador elétrico e os grãos pesados e mensurado a umidade. Os dados de produtividade foram expressos em quilograma por hectare e a umidade corrigida para 14,5%.

4.4 Análises genético-estatísticas

Após a obtenção, tabulação e conferência dos dados fenotípicos, foi realizada as análises estatísticas. Inicialmente, as análises foram efetuadas com o uso da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) para estimação dos parâmetros e efeitos do modelo linear (RESENDE et al., 2014). Nesse sentido, foi utilizado o pacote ASREML no software R. (BUTLER et al., 2023). Assim, considere o seguinte modelo linear misto (1):

$$y = X_{\tau} + Z_p u_p + Z_{pt} u_{pt} + Z_{pa} u_{pa} + Z_{apt} u_{apt} + Z_{b(a)} u_{b(a)} + \varepsilon \quad [1]$$

em que, \mathbf{y} é o vetor de observações fenotípicas, $\boldsymbol{\tau}$ é o vetor de efeitos fixos ambiente, testador, testemunhas e a interação testemunhas por ambientes, \mathbf{u}_p é vetor de efeito aleatório progênes, \mathbf{u}_{pt} é o vetor de efeitos aleatórios da interação genótipos por testadores, \mathbf{u}_{pa} é o vetor de efeitos aleatórios da interação progênes por ambientes, \mathbf{u}_{apt} vetor de efeitos aleatórios da interação tripla entre testemunhas, progênes e ambientes, $\mathbf{u}_{b(a)}$ é o vetor de efeitos aleatórios de blocos dentro de ambientes e, $\boldsymbol{\varepsilon}$ é o vetor de erros aleatórios. \mathbf{X} , \mathbf{Z}_p , \mathbf{Z}_{pt} , \mathbf{Z}_{pa} , \mathbf{Z}_{apt} e $\mathbf{Z}_{b(a)}$ são as matrizes de incidências dos efeitos $\boldsymbol{\tau}$, \mathbf{u}_p , \mathbf{u}_{pt} , \mathbf{u}_{pa} , \mathbf{u}_{apt} e $\mathbf{u}_{b(a)}$ respectivamente.

A seguinte distribuição é assumida para $\varepsilon \sim N(0, R)$, onde $R = \sigma_e^2 [I_m \otimes (I_c \otimes I_r)]$, em que σ_e^2 é a variância do erro, \otimes é o produto de matrizes de Kronecker, I_m , I_r , I_c são as matrizes identidade de ordem do número de ambientes, linhas e colunas. Posteriormente, foi assumido que os erros são correlacionados em (1) ($\varepsilon = \xi$) para acomodar tendência local (GILMOUR et al., 1997). Neste caso, os resíduos são correlacionados por matrizes de covariância autorregressiva de primeira ordem (AR1xAR1) pertencentes a linhas (Σ_r) e colunas (Σ_c), assim $R = \bigoplus_{j=1}^m \sigma_{\xi_j}^2 [\Sigma_r(\rho_r) \otimes \Sigma_c(\rho_c)]$.

O critério de informação de Akaike (AIC; AKAIKE, 1974) é uma métrica que mensura a qualidade de um modelo estatístico visando também a sua simplicidade. Portanto, ele fornece, uma métrica para comparação e seleção de modelos, em que menores valores de AIC

representam uma maior qualidade e simplicidade, segundo este critério. O AIC foi utilizado para verificar o modelo com melhor ajuste para uso nas análises posteriores.

O coeficiente de variação ($CV_{\%}$) foi estimado segundo proposto por Pimentel-Gomes (1985), pelo estimador a seguir (Eq. [2]):

$$CV_{\%} = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\mu} * 100 \quad [2]$$

onde $\hat{\sigma}_e^2$ é a estimativa da variância residual e μ é média geral do caractere no ensaio.

A herdabilidade (\hat{h}_x^2) obtida foi no sentido amplo, através do estimador proposto por Hallauer et al. (2010) (Eq. [3]):

$$\hat{h}_x^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_{ga}^2}{n} + \frac{\hat{\sigma}^2}{n}} \quad [3]$$

em que $\hat{\sigma}_g^2$ é estimativa da variância genotípica de progênies, $\hat{\sigma}_{ga}^2$ é a estimativa de variância devido à interação genótipos x ambientes, $\hat{\sigma}^2$ é estimativa da variância residual, e n é o número de ambientes avaliados.

Foi estimada uma matriz de coeficientes de correlação de Pearson entre os caracteres para cada testador, entre testadores; foi estimada as correlações entre os efeitos da capacidade de combinação geral das progênies, assim como entre estes efeitos, os efeitos da capacidade específica de combinação das progênies e os valores genotípicos dos híbridos TC. As estimativas dos coeficientes de correlação foram realizadas no software R, na interface do R Commander (FOX, 2005).

Devido ao desbalanceamento do número de cruzamentos com cada testador, para a análise via GGE biplot, foi utilizado apenas os cruzamentos cujas progênies parentais estavam presentes em cruzamento com ambos os testadores, VML083 e VML165. Para uma aplicação generalizada do GGE biplot, em análise de dados bidirecionais, as progênies parcialmente endogâmicas foram tratadas como linhas e os testadores como colunas (YAN, 2001; YAN e HUNT, 2002). Quando o GGE biplot é usado para analisar dados de progênies por testador, o rendimento médio e a estabilidade dos genótipos corresponderam à capacidade geral de combinação (CGC) e à capacidade específica de combinação (CEC) das progênies/linhagens testadora parentais, respectivamente (KANNABABU et al., 2017). Em relação à análise biplot do GGE, os dados não foram transformados (Transformação = 0), não padronizados (Padronização= 0) e centrados no testador (Centralização = 2). Os GGE biplots foram construídos a partir dos dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2) derivados da submissão de dados de produtividade de grãos centrados no testador por meio de decomposição de valor singular. A capacidade de combinação das progênies parcialmente endogâmicas foi

visualizada graficamente através de uma visualização da coordenada média do testador do biplot GGE (YAN e HUNT, 2002). O comprimento do vetor médio do testador é uma medida da importância relativa da CGC versus a interação progênie por testador. O modelo GGE biplot utilizado foi o seguinte:

$$Y_{ij} - \beta_j = \lambda_1 \xi_{i1} \eta_{j1} + \lambda_2 \xi_{i2} \eta_{j2} + \varepsilon_{ij} \quad [4]$$

em que: Y_{ij} é a produtividade média ajustada para a progênie i com o testador j , β_j é a média de produtividade de todos híbridos TC com o testador j , λ_1 e λ_2 são os valores singulares do primeiro e segundo componente principal, CP1 e CP2, respectivamente, ξ_{i1} e ξ_{i2} são os autovetores CP1 e CP2 para progênie i , respectivamente, η_{j1} e η_{j2} são os autovetores CP1 e CP2 para o testador j , respectivamente, e ε_{ij} é o resíduo do modelo da progênie i e testador j . As análises GGE biplot foram realizadas no software R com o auxílio do pacote "GGEBiplots" (DUMBLE, 2017) e "gge" (WRIGHT and LAFFONT, 2017).

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Amplitude, média e coeficiente de variação

A amplitude observada nos valores genotípicos dos híbridos TC evidenciam a existência de ampla variação dentre os híbridos avaliados (Tabela 2). Para os híbridos TC com o testador VML083, os valores genotípicos observados apresentaram uma variação de 65,69 a 75,92 dias para FF, 64,83 a 75,82 dias para FM, 204,69 a 293,11 para AP e 110,23 a 175,63 cm para AE. Nos cruzamentos com o testador VML165, os valores genotípicos mínimos e máximos foram, respectivamente, 65,46 e 75,66 dias para FF, 65,58 e 77,74 dias para FM, 227,39 a 293,13 para AP e 116,50 a 174,11 cm para AE. Para o carácter PG, a variação dos valores genotípicos observada foi a maior entre os caracteres, onde, entre os híbridos TC com o testador VML083 oscilou entre 6.099 e 16.414 kg ha⁻¹, e para os híbridos TC com o testador VML165 essa variação foi de 4.360 e 15.805 kg ha⁻¹. Essa grande amplitude observada na produtividade de grãos evidencia a existência de variabilidade entre os híbridos TC, o que conseqüentemente, viabiliza ao melhorista a seleção de híbridos TC ou mesmo a eliminação precoce de progênies que apresentam baixo potencial produtivo, poupando assim, recursos que conseqüentemente serão redirecionados para outras progênies.

Tabela 2. Valores genotípicos mínimos, médios, máximos, e coeficiente de variação experimental percentual (CV%) para os caracteres dias para o florescimento masculino (FM, dias) e feminino (FF, dias), altura de planta (AP, cm) e de inserção de espiga (AE, cm) e produtividade de grãos (kg ha^{-1}) dos híbridos testcrosses, obtidos do cruzamento de progênes parcialmente endogâmicas com dois testadores de base genética estreita (VML083 e VML165), avaliados em dois ambientes (Coimbra e Horta Nova) na safra 2022/2023

Caracteres	Testador						CV%
	VML083			VML165			
	Mínimo	Média	Máximo	Mínimo	Média	Máximo	
FF	65,69	71,18	75,92	65,46	70,98	75,66	2,03
FM	64,83	69,80	75,82	65,58	71,19	77,74	1,99
AP	204,69	264,13	293,11	227,39	270,16	293,13	3,31
AE	110,23	110,23	175,63	116,50	147,49	174,11	6,11
PG	6.099	11.483	16.414	4.360	11.787	15.805	13,24

O ciclo médio dos híbridos TC com ambos testadores foi semelhante, com valores próximos aos 70 dias para FF e FM. No entanto, quando observamos os caracteres de porte de planta (AP e AE), notamos que os híbridos TC com o testador VML165 apresentou uma estatura média mais elevada se comparado aos híbridos TC com o testador VML083. As produtividade média observadas entre os híbridos TC com ambos testadores foram bem próximas (Tabela 2), sendo de $11.483 \text{ kg ha}^{-1}$ e $11.787 \text{ kg ha}^{-1}$ para os híbridos TC com a VML083 e VML165, respectivamente, uma diferença aproximada de cinco sacos. A produtividade média dos híbridos utilizados como testemunha superou a média geral dos híbridos TC, no entanto, foi observado cinco híbridos TC com a VML083 e seis híbridos TC com a VML165 que superaram a média dos híbridos comerciais. O comportamento desses híbridos experimentais sugere a presença de potenciais progênes, que, ao se prosseguir no processo de obtenção de linhagens endogâmicas, obtermos híbridos competitivos com os híbridos atuais no mercado. Esse desempenho observado nesses híbridos TC podem ser resultados dos efeitos de genes não aditivos (dominância e epistasia), e está relacionada com a divergência gênica entre as progênes utilizadas nos cruzamentos e os testadores (SPRAGUE e TATUM, 1942; RIBEIRO, 2021).

O coeficiente de variação experimental percentual (CV%) obtido variou entre 1,99 e 13,24 % para FM e PG, respectivamente. Esses valores de CV% são considerados baixos a intermediários, quando consideramos os critérios de classificação para de CV% para experimentos com milho (FRITSCHÉ NETO et al., 2012). Esses resultados estão de acordo com o que tem sido relatado na literatura para experimentos com milho (GUIMARÃES et al.

2011; MENDES et al., 2013). O maior valor de CV% obtido para PG já era esperado por ser um caracter quantitativo, de controle genético poligênico e que tem muita influência do ambiente. Esses valores de CV% evidenciam que o ensaio obteve uma precisão experimental boa, resultados de boa condução experimental durante todo o ciclo da cultura. A qualidade experimental fundamenta a precisão e a confiabilidade que o melhorista tem em realizar a seleção utilizando tais ensaios e se obter resultados positivos decorrentes dessas tomadas de decisões.

5.2 Estimativas de componentes de variâncias e quadráticos, e de herdabilidades

O êxito de um programa de melhoramento genético vegetal é, em grande parte, devido à utilização dos fundamentos da genética quantitativa, que busca a entendimento da herança de variações de natureza gradual entre indivíduos e o valor médio destes caracteres. A aplicação de ferramentas para a estimação de parâmetros genéticos relacionados a esses caracteres quantitativos viabiliza aos melhoristas informações importantes para a definição de estratégias de seleção e identificação de genótipos superiores nas fases de desenvolvimento de populações, linhagens, híbridos ou clones (BERNARDO, 2020). O conhecimento das estimativas dos componentes da variância e parâmetros genéticos tem importância nos trabalhos de melhoramento vegetal, pois permitem o direcionamento de estratégias apropriadas para se obter sucesso na seleção de genótipos superiores (RODRIGUES et al., 2011). O critério de informação de Akaike (AIC) do modelo com a análise espacial retornou um menor valor para todos os caracteres (Tabela 3), sendo assim, foi adotado este modelo para todas as análises posteriores. Os efeitos estimados do componente de variância de progênies ($\hat{\sigma}_p^2$) foram significativos pelo teste da razão da máxima verossimilhança ($P < 0,05$) para todos os cinco caracteres agrônômicos avaliados (Tabela 3). Tais resultados indicam a existência de variabilidade genética entre as progênies utilizadas, sendo assim, passível da realização de seleção dentro do programa de melhoramento. Não foi observado a existência de efeito ($P > 0,05$) da interação progênies x ambientes, demonstrando, que para esse par de ambientes, as progênies em cruzamentos testcrosses se comportam de forma similar, sem sofrer impacto significativo das variações ambientais.

Os componentes de variância devido a interação progênies x testadores ($\hat{\sigma}_{pt}^2$) foram significativos ($P < 0,05$) para todos os caracteres avaliados. Efeitos progênies x testadores significativos indicam que esses testadores são eficientes em discriminar as progênies em

grupos heteróticos. Os componentes quadráticos devido aos testadores ($\hat{\Phi}_t^2$) e ambientes ($\hat{\Phi}_a^2$) foram significativos ($P < 0,05$) para todos os caracteres. Já o componente quadrático devido às testemunhas foi significativo ($P < 0,05$) para quase todos os caracteres, exceto para FM.

Tabela 3. Estimativas de componentes de variância de progênes ($\hat{\sigma}_p^2$), bloco dentro de ambiente ($\hat{\sigma}_{b/a}^2$), interação progênes x ambientes ($\hat{\sigma}_{pa}^2$) e interação progênes x testadores ($\hat{\sigma}_{pt}^2$), e componentes quadrático de testador ($\hat{\Phi}_t^2$), testemunha ($\hat{\Phi}_c^2$), ambiente ($\hat{\Phi}_a^2$), interação testadores x ambientes ($\hat{\Phi}_{ta}^2$) e interação testemunhas x ambientes ($\hat{\Phi}_{ca}^2$), estimativa da variância residual ($\hat{\sigma}^2$) e da herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}_x^2), e o critério de informação de Akaike (AIC) para cinco caracteres agrônômicos avaliados nos híbridos testcrosses, na safra 2022/2023

Parâmetro	FM (dias)	FF (dias)	AP (cm)	AE (cm)	PG (kg ha ⁻¹)
$\hat{\sigma}_p^2$	2,41*	2,09*	77,25*	72,35*	759.678,43*
$\hat{\sigma}_{b/a}^2$	0,01	0,07	1,08	1,18	52.688,25
$\hat{\sigma}_{pa}^2$	0,13	0,13	4,07	~0	0,02
$\hat{\sigma}_{pt}^2$	0,48*	0,98*	34,93*	38,28*	2.910.483,45*
$\hat{\Phi}_t^2$	318,40*	843,31*	182,88*	55,15*	708,76*
$\hat{\Phi}_c^2$	396,96	750,58*	245,06*	97,01*	228,43*
$\hat{\Phi}_a^2$	99,39*	33,35*	330,84*	385,20*	166,26*
$\hat{\Phi}_{ta}^2$	3,31*	27,41*	18,72*	46,89*	67,17*
$\hat{\Phi}_{ca}^2$	12,32*	27,41*	18,72*	46,89*	67,17*
$\hat{\sigma}^2$	2,09	2,08	80,23	86,05	663,52
\hat{h}_x^2	0,68	0,65	0,65	0,63	0,38
AIC _{sp} ¹	4.121,33	4.396,60	10.965,83	11.080,10	28.907,60
AIC ²	4.357,42	4.511,51	11.192,35	11.199,97	28.992,39

¹Modelo considerando o efeito de parcelas vizinhas (Análise espacial); ²Modelo simples; * significativo a 5% de probabilidade, pelo teste da razão da máxima verossimilhança.

A herdabilidade pode ser definida como a proporção de diferenças fenotípicas que podem ser atribuídas a diferenças genotípicas entre indivíduos (HARDEN, 2021). A herdabilidade refere-se até que ponto a variação genética explica a variação fenotípica de um caractere em determinada população, em determinado ambiente e em determinado período do tempo (PLOMIN et al., 2012; HARDEN, 2021). Dessa forma, a herdabilidade permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção e mesmo a direcionar a escolha assertiva da melhor estratégia em se obter em menor tempo, este sucesso (CRUZ, 2005). As estimativas de herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}_x^2) variaram de 0,38 para PG a 0,68 para o FM, que são

consideradas de intermediária magnitude, segundo Hallauer e Miranda Filho (1995), onde classificaram as herdabilidades em milho como: baixa ($\hat{h}_x^2 < 0,30$); média ou intermediária ($0,30 < \hat{h}_x^2 < 0,70$), e alta ($\hat{h}_x^2 > 0,70$). Devido à natureza quantitativa do caractere PG, a estimativa de herdabilidade encontrada pode ser considerada satisfatória, ademais, normalmente, são encontrados valores mais baixos de herdabilidade (SINGH et al., 2021). Esse fato ocorre devido ao controle genético ser resultante da atuação de vários genes de pequeno efeito e que interagem fortemente com estímulos ambientais, tornando assim, esse controle complexo (ALLARD, 1971).

5.3 Correlações genotípicas

As correlações medem o grau de associação entre duas variáveis e sua estimativa varia de (-1) a 1 (STEEL e TORRIE, 1960; KEMPTHORNE, 1973; RAMALHO et al., 2012). Quanto mais próximo de -1 ou 1 mais forte é a associação, e quando a correlação é igual a zero as variáveis não possuem associação. A correlação positiva indica caracteres variando na mesma direção e a negativa em direção oposta. O conhecimento da associação entre caracteres é um importante estudo nos programas de melhoramento, uma vez que, mudanças em um determinado caractere podem ocasionar mudanças em outro (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992; VILARINHO, 2001). Essas associações podem auxiliar o melhorista quando um caractere apresenta dificuldade de avaliação e/ou baixa herdabilidade, mas é correlacionado com outro de fácil mensuração e alta herdabilidade. No entanto, também podem atrapalhar o melhorista quando um caractere de interesse é fortemente correlacionado com um caractere indesejável. O conhecimento da associação entre caracteres agronômicos e morfológicos permite ao melhorista antever as consequências da mudança simultânea das características, podendo resultar em maior eficiência na seleção daquelas a serem melhoradas, bem como em ganho de tempo e economia de trabalho, em relação à seleção isolada para um determinado caractere (FALCONER e MACKAY, 1996; CARVALHO et al., 2004).

As estimativas do coeficiente de correlação de Pearson entre os valores genotípicos dos caracteres, para cada um dos testadores individualmente, foram quase todas significativas ($P < 0,05$) (Tabela 4), à exceção de FF x AP para o testador VML083 (p-valor = 0,14), e PG x FM e PG x FF para o testador VML165 (p-valor = 0,44 e p-valor = 0,45, respectivamente). As estimativas de correlações variam de -0,216 a 0,859 para (PG x FF) e (FF x FM), respectivamente, ambos para o testador VML083. Podemos observar que as maiores

estimativas de correlações foram obtidas entre os caracteres FF e FM (0,859 e 0,805 para os testadores VML083 e VML165, respectivamente), e entre os caracteres AP e AE (0,730 e 0,689 para os testadores VML083 e VML165, respectivamente). Essa maior magnitude é esperada uma vez que esses caracteres compõem uma característica global que seria o ciclo e arquitetura de planta (FF e FM, e, AP e AE, respectivamente). As estimativas de correlação obtidas para PG indicam que os caracteres de arquitetura (AP e AE) estão positivamente correlacionados com PG, ou seja, uma planta mais robusta, terá um maior potencial fotossintético, que poderá resultar numa maior produtividade. Por outro lado, quando se analisa os caracteres relacionados ao ciclo (FF e FM), esses são não significativos, ou mesmo apresentam correlação negativa, ou seja, um ciclo mais curto, acarreta num aumento de produtividade. Em relação às estimativas de correlações de Pearson entre testadores, apresentadas na diagonal (Tabela 4), foram positivas e significativas ($P < 0,05$), e com magnitudes médias, exceto entre o caractere PG.

Tabela 4. Estimativas de correlações entre os valores genotípicos dos caracteres de dias para o 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) avaliados em híbridos testcrosses experimentais de milho, na safra 2022/2023

Caracteres	FM	FF	AP	AE	PG
FM	0,646*	0,859*	0,181*	0,179*	-0,177*
FF	0,805*	0,524*	0,085	0,122*	-0,216*
AP	0,297*	0,283*	0,542*	0,730*	0,550*
AE	0,299*	0,311*	0,689*	0,455*	0,540*
PG	0,044	0,043	0,498*	0,378*	0,144*

* significativo a 5% de probabilidade, pelo teste t. Acima da diagonal – correlações de Pearson para o testador VML083, abaixo da diagonal – correlações de Pearson para o testador VML165 e diagonal – correlações de Pearson entre os testadores VML083 e VML165.

A capacidade de combinação dos genitores pode ser desdobrada em capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC). A CGC se refere ao comportamento médio de um genótipo em cruzamento frente aos demais genitores, e a CEC é o efeito na expressão da combinação híbrida que é adicional aos efeitos de CGC dos pais. O estudo sobre as correlações entre valores genotípicos de vários caracteres já está muito bem qualificado na literatura. No entanto, em relação as correlações com base nos valores de CGC, esses estudos têm sido pouco explorados pelos pesquisadores da área. Dessa forma, é importante saber e entender qual é a associação da CGC de um caractere com outro. O entendimento das correlações entre esses efeitos é útil quando conseguimos identificar, por exemplo, caracteres que substituam outro, fazendo assim uma possível mitigação de custos com

fenotipagem, sem comprometer a qualidade da mesma. Para um caractere secundário ser considerado ideal, ele deve estar correlacionado geneticamente com o caractere principal, apresentar alta herdabilidade, ser de rápida e fácil mensuração e estável durante o período de avaliação (FALCONER e MACKAY, 1996; O'NEILL et al., 2006). No presente estudo, quase todos resultados foram significativos ($P < 0,05$; Tabela 5), exceto para PG x FM e PG x FF, as quais apresentaram estimativas de correlação aproximadamente nulas.

Tabela 5. Estimativas de correlações entre os efeitos de capacidade geral de combinação das progênies para os caracteres de dias para o 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) avaliados em híbridos testcrosses experimentais de milho, na safra 2022/2023

Caracteres	FM	FF	AP	AE	PG
FM	1	0,864**	0,284**	0,272**	0,011
FF		1	0,230**	0,284**	-0,015
AP			1	0,726**	0,569**
AE				1	0,505**
PG					1

** significativo a 1% de probabilidade pelo teste t.

Podemos ressaltar a correlação entre FF e FM, e AP e AE, similar aos resultados obtidos nas estimativas de correlação entre os valores genotípicos dos caracteres. Para PG, os valores encontrados são de baixa a média magnitude (PG x AP e PG x AE), e em alguns casos, não significativa (PG x FM e PG x FF). Este fato se torna um empecilho no momento de realizar a seleção de genótipos, uma vez que, objetivamos a escolha de genótipos mais produtivos, no entanto genótipos com menor porte e mais precoces. Dessa forma, a implementação de índices de seleção para a escolha de progênies produtivos, precoces e de estatura baixa, é o caminho a ser seguido.

Em relação as correlações entre CGC, CEC e o valor genotípico dos híbridos TC para ambos testadores, todas as estimativas foram significativas, positivas, de média a alta magnitude ($P < 0,05$; Tabela 6). De forma geral, as correlações entre CGC e TC foram maiores para os caracteres FF, FM, AP e AE. Para PG, a correlação que teve maior estimativa foi para CEC x TC (0,998 e 0,997 para VML083 e VML165, respectivamente). Esses resultados indicam a maior importância do efeito da CEC no desempenho do híbrido, ou seja, PG é um caractere no qual o efeito devido aos desvios de dominância são mais expressivos. As estimativas da correlação entre CGC e CEC variaram de 0,768 a 0,976 para PG (VML165) e FM (VML083 e VML165), respectivamente. Apesar de todas as estimativas terem sido

significativas, nota-se que os menores valores foram para PG. Isso demonstra que as progênies mais produtivas (maiores CGC), não necessariamente darão origem os híbridos mais produtivos. Consequentemente, a seleção de progênies superiores de milho para PG não deve ser baseada apenas no comportamento *per se* dessas, mas também no comportamento delas em cruzamentos.

Tabela 6. Estimativas de correlações entre os efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) das progênies e o valor genotípico dos híbridos testcross (CGC vs TC), efeitos de capacidade específica de combinação (CEC) das progênies em cruzamentos e o valor genotípico dos híbridos testcross (CEC vs TC) e entre os efeitos de CGC das progênies e os efeitos de CEC das progênies em cruzamentos (CGC vs CEC) para cinco caracteres agrônômicos avaliados nos híbridos testcrosses experimentais de milho, para cada testador, na safra 2022/2023

Parâmetros	FM	FF	AP	AE	PG
VML083					
CGC vs TC	0,901*	0,880*	0,887*	0,871*	0,778*
CEC vs TC	0,972*	0,987*	0,989*	0,985*	0,998*
CGC vs CEC	0,976*	0,941*	0,939*	0,936*	0,805*
VML165					
CGC vs TC	0,910*	0,862*	0,865*	0,827*	0,731*
CEC vs TC	0,977*	0,984*	0,986*	0,976*	0,997*
CGC vs CEC	0,976*	0,933*	0,928*	0,922*	0,768*

* significativo a 5% de probabilidade pelo teste t.

5.4 GGE biplot

A definição dos grupos heteróticos tem como objetivo direcionar os cruzamentos entre linhagens para que não sejam realizados de forma aleatória. A alocação de linhagens em grupos heteróticos reduz consideravelmente o número de cruzamentos e avaliações desnecessárias, o que aumenta a eficiência nos programas de melhoramento (PINTO et al., 2001; SILVA et al., 2015). A formação dos grupos heteróticos é baseada na análise da PG, onde os efeitos não-aditivos são mais importantes para este caractere, e diante disso, utiliza-se dessas análises para a formação dos grupos heteróticos (SOUZA NETO et al., 2022). Por tal importância, o caractere PG foi selecionado para que fossem gerados os gráficos de análise de progênie por testador no

método GGE biplot. As informações de análise realizadas anteriormente para os outros caracteres serviram de suporte para a escolha dos genótipos mais adequados.

Baseado no polígono da análise biplot dos dados progênie por testador, foi possível visualizar o padrão de combinação entre linhagens e testadores, e foi selecionado o melhor parceiro de cruzamento para cada testador (Figura 1). Com base no polígono, a progênie do vértice de um setor foi considerada a melhor parceira de cruzamento para o testador que estava no setor. As progênies no vértice que não tinham testador em seus respectivos setores, não apresentaram bom comportamento em cruzamento com os testadores utilizados, indicando que não combinaram de maneira notável com nenhum desses testadores.

O biplot foi dividido em nove setores, nos quais, cada testador foi alocado em um desses setores. A VML165 ficou bem próximo à divisão do setor cujo outro testador foi alocado. Pode-se observar que o testador VML083 foi alocado em um setor de grande abrangência, incluindo aproximadamente 50% das progênies. As progênies P71, P86, P178 e P245 foram as que combinaram melhor com o testador VML083, por se apresentarem no vértice do setor em que este testador se encontra, indicando a presença de heterose nos híbridos dessas progênies com este testado. Vale ressaltar que a progênie P245, apesar de ter sido alocada no mesmo setor do testador VML083, esta progênie está bem próxima ao setor onde foi alocado o testador VML165. E analisando a Figura 2, podemos notar que a progênie P245 combinou bem com o testador VML165, por apresentar com a projeção dos vetores voltados para a metade inferior, demonstrando que o híbrido P245//VML165 apresenta heterose significativa, e foi um bom parceiro de acasalamento com este testador.

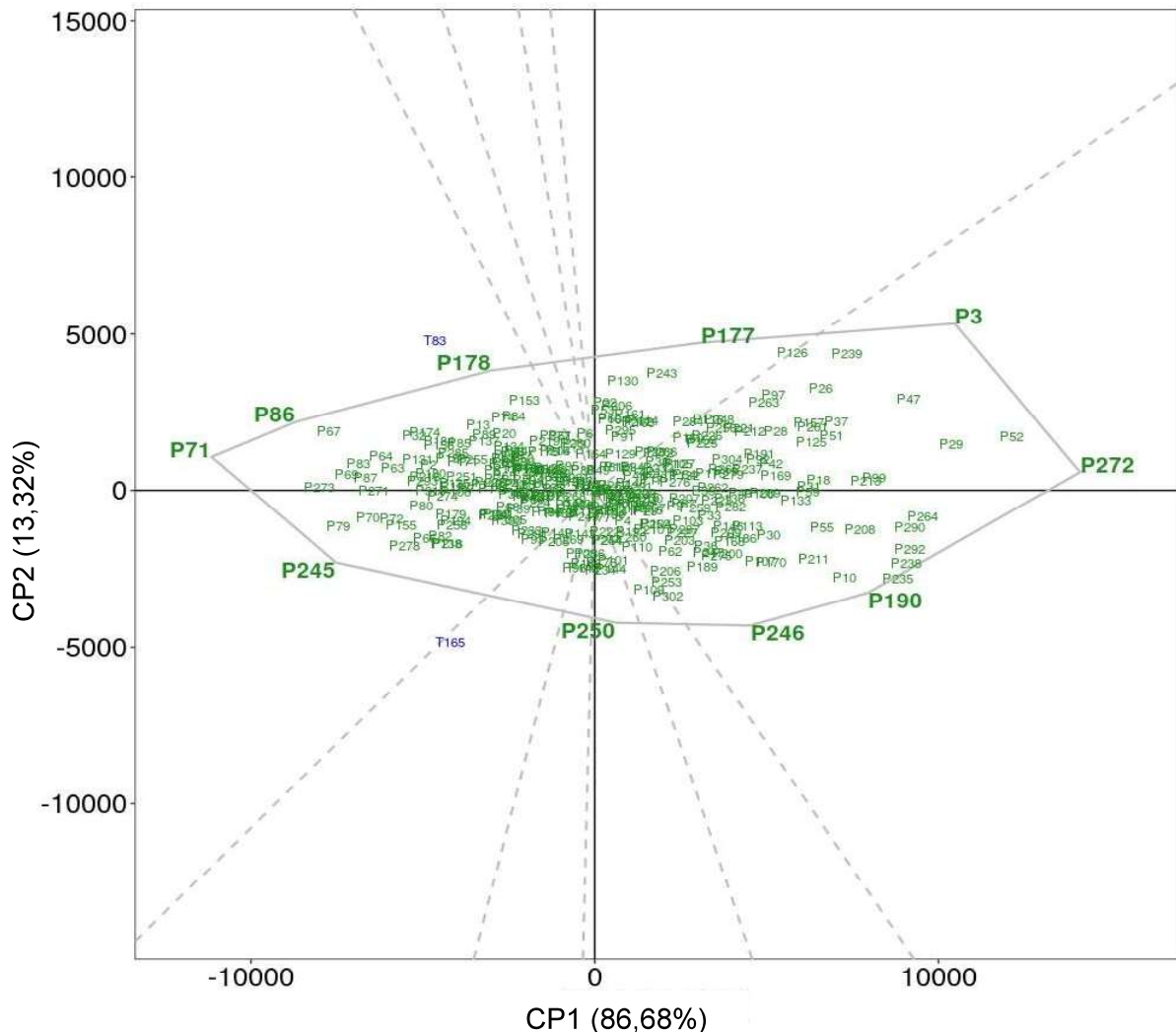


Figura 1. Visualização poligonal do GGE biplot dos dados de progênies por testador mostrando os melhores pares de cruzamentos com base nas produtividades de grãos para os dois testadores de base estreita.

Com base na visualização da ATC (Average Tester Coordinate) do GGE biplot baseado na PG, podemos avaliar os efeitos da capacidade de combinação das progênies entre os testadores (Figura 2). O efeito da CGC de uma progênie foi determinado pelas projeções de seus marcadores no eixo ATC, com uma seta apontando para o maior valor, baseado no desempenho médio das progênies em ambos os testadores. As progênies no lado esquerdo do eixo ATC mostraram um efeito positivo da CGC, e em contrapartida, as progênies localizadas no lado direito da abscissa ATC apresentaram um efeito negativo da CGC. De acordo com suas projeções no ATC, as dez progênies que se destacaram foram: P71, P86, P273, P67, P79, P245, P69, P83, P87 e P70.

efeitos de CEC foram proporcionados pelas combinações entre as progênies P178, P153, P86, P84, P74 e P67, e o testador VML083.

Ao analisar a CGC dos testadores, podemos observar esses efeitos pela projeção no eixo ATC. Dessa forma, os dois testadores estão no lado esquerdo do eixo ATC, ou seja, ambos apresentaram efeito de CGC positivo (Figura 2). Os testadores podem ser avaliados com base no comprimento do vetor (ser mais discriminativo) e pela projeção na ordenada ATC (ser o testador mais representativo; YAN e HUNT, 2002; AKINWALE et al., 2014). Os comprimentos dos vetores de ambos os testadores foram similares, portanto, ambos testadores apresentam potencial discriminativo das progênies equivalente (MOMENI et al., 2020). Ademais, entre os testadores VML083 e VML165, observamos um ângulo próximo a 90°, o que indica correlação nula ou próxima de zero e classificação de diferentes progênies em grupos heteróticos. Diante dos resultados, pode-se dizer que os dois testadores são diferentes e que pertencem a grupos heteróticos distintos, podendo assim, ser utilizados de forma conjunta a discriminar progênies em grupos heteróticos.

5.5 Seleção de progênies

Baseados nas estimativas de CGG das progênies e na CEC dos híbridos TC para a PG, foi realizado a seleção de 20 progênies superiores para cada testador (Tabela 7). A seleção foi realizada dentro de cada testador para aquelas progênies que apresentaram CEC negativa com o outro testador e positiva para o testador em análise. Sob essa condição, selecionou-se as 20 progênies com maiores estimativas de CGC para PG. Foi observado que com essa estratégia, foi selecionado, para o testador VML083, pelo menos uma progênie originada de cada população base inicial, e para a VML165, não foram selecionadas nenhuma progênie derivada do híbrido AG1051. Pode-se observar uma alta frequência de progênies oriundas do híbrido BM709 que foram selecionadas, representando 50% e 35% das progênies selecionadas, para os testadores VML083 e VML165, respectivamente. Esse fato indica uma possível ampla capacidade de combinação desse material de origem com os testadores utilizados.

As médias das 20 progênies selecionadas em ambos testadores foram levemente inferiores às médias das testemunhas utilizadas. No entanto, notamos que dentre as progênies selecionadas, existem algumas progênies que apresentaram valores genotípicos para produtividade, superiores às médias obtidas pelos híbridos testemunhas. As médias de PG das progênies selecionadas foram de 14.597 kg.ha⁻¹ e 14.361 kg.ha⁻¹ para os testadores VML083 e VML165, respectivamente. Esses resultados obtidos no presente trabalho estão de acordo com

informações encontradas na literatura que demonstram a possibilidade de selecionar híbridos TC com potencial de alcançar e/ou superar a produtividade de grãos de testemunhas comerciais, como os resultados obtidos por Pfann et al. (2009), Oliboni et al. (2013), Marcondes et al. (2015), Clovis et al. (2015), Souza Neto et al. (2015), Possatto Júnior et al. (2017) e Silva et al. (2017). A capacidade de combinação de uma linhagem é definida durante os primeiros ciclos de autofecundação, e não sofre mudanças drásticas ao longo do processo de aumento da endogamia (JENKINS, 1978; SPRAGUE e TATUM, 1942; BERNARDO, 1991). Ferreira et al. (2009) relatam em seus trabalhos que as integridades genéticas de progênes parcialmente endogâmicas foram mantidas após cinco gerações de seleção. Assim, a avaliação de progênes parcialmente endogâmicas em testcross é um procedimento amplamente difundido dentro dos programas de melhoramento.

Apesar das médias das progênes selecionadas terem sido menores que as médias das testemunhas, os valores obtidos de PG demonstram alto potencial em obter novas linhagens, que apresentaram altas produtividades em cruzamentos híbridos. Assim, as progênes S3 que deram origem aos híbridos TC de melhor desempenho em relação à produtividade de grãos podem ser selecionadas para prosseguir no processo de endogamia do programa de melhoramento. Foram identificados híbridos TC com PG semelhantes ou superiores a alguns híbridos comerciais. Esse desempenho satisfatório obtido pelos híbridos TC pode ser explicado pelos genótipos que deram origem às populações base. Isso reforça o potencial da população base, obtida a partir de híbridos comerciais para a extração de linhagens. Os híbridos comerciais são materiais que já sofreram ampla seleção para diversos caracteres de interesse, adaptação a várias condições edafoclimáticas e eliminação de boa parte dos genes desfavoráveis, o que proporciona aumento na possibilidade de obtenção de híbridos superiores (PATERNIANI et al., 2010).

Pode-se observar que, devido à estratégia de seleção utilizada, todas as progênes selecionadas foram distintas entre os dois testadores. O uso de testadores de base genética estreita, pertencentes a grupos heteróticos distintos se tornam muito importantes nesses trabalhos iniciais de avaliação de progênes (HALLAUER; MIRANDA FILHO, 1995). A avaliação de progênes com testadores de diferentes grupos heteróticos permite a identificação de combinações híbridas mais promissoras entre progênes de diferentes grupos (FAN et al., 2010). Outro ponto importante é a ampliação do campo de seleção de progênes promissoras que, certamente, não seriam selecionadas se fossem avaliadas com apenas um testador. No entanto, essa avaliação precoce possibilita que progênes que não apresentam desempenho satisfatório, sejam descartadas antecipadamente, mitigando assim custos com genótipos

desfavoráveis e, conseqüentemente, direciona o dispêndio de recursos humanos e financeiros para genótipos com melhor desempenho dentro do programa de melhoramento (DELIMA, et al., 2018; GUIMARÃES et al., 2018).

Diante desses resultados, trabalhos futuros podem ser realizados e direcionados de forma mais assertiva. Com base na seleção dessas progênies, pode-se direcionar o cruzamento de um grupo de progênies, com o outro grupo, com o objetivo de obter híbridos promissores dentro do programa de melhoramento de milho da UFV. Tais resultados são relevantes para governar a seleção e avanço de progênies superiores dentro do programa, uma vez que seleciona quais progênies deverão seguir pelo método convencional até a obtenção da linhagem propriamente dita (MARCONDES et al., 2015). Podemos direcionar, com base nesses resultados, o cruzamento de progênies de mesmo grupo para a formação de novas populações base, as quais serão utilizadas para novo processo de obtenção de novas linhagens.

Tabela 7. Classificação dos 20 híbridos testcrosses experimentais com base nas estimativas de capacidade geral de combinação (CGC) das progênes e na capacidade específica de combinação (CEC) dos híbridos testcross para a produtividade de grãos, para os testadores VML083 e VML165, na safra 2022/2023

Progênes	Cod ¹	CGC					CEC					BLUP dos testcrosses				
		FM	FF	AP	AE	PG	FM	FF	AP	AE	PG	FM	FF	AP	AE	PG
VML083																
BM709-16-2-1	P71	-0,1	0,7	18,6	21,8	3883,0	-0,2	-0,4	15,8	24,6	4787,0	70,7	70,0	282,9	173,0	16414,0
BM709-76-1-1	P86	0,3	0,5	22,9	17,1	3004,0	0,5	-0,3	17,4	16,4	4637,0	71,5	70,3	284,8	162,9	16404,0
P3898-49-1-1	P273	-0,8	-0,8	5,8	-5,7	2953,0	-1,0	-1,8	-1,1	-5,3	3005,0	69,8	68,8	266,1	143,4	14619,0
BM709-13-1-1	P67	-0,8	-0,2	7,9	17,2	2791,0	-0,9	-0,6	6,4	23,6	4098,0	70,2	70,2	274,7	172,4	15875,0
BM709-15-1-1	P69	-1,9	-0,8	9,9	6,3	2624,0	-1,7	-1,8	8,1	9,2	2927,0	69,7	68,8	276,8	157,7	14565,0
BM709-58-1-1	P83	-0,6	0,1	12,6	7,7	2494,0	-0,3	-1,1	12,9	16,9	3054,0	70,9	69,4	280,2	167,4	14599,0
BM709-79-1-1	P87	-0,2	0,8	7,9	16,8	2430,0	-0,2	-0,1	0,8	18,1	2644,0	70,8	70,6	267,2	165,3	14266,0
BM709-114-1-1	P64	-0,1	1,2	17,5	16,5	2266,0	-0,2	0,1	14,9	20,1	2957,0	70,7	70,6	281,5	167,0	14711,0
BM709-112-1-1	P63	-0,6	-1,0	13,5	10,9	2149,0	-0,4	-1,4	9,8	10,8	2581,0	70,8	69,4	276,5	158,2	14269,0
DKB370-29-1-1	P131	0,5	-1,2	7,6	5,2	1925,0	0,8	-2,0	5,2	8,6	2527,0	72,1	68,9	274,7	158,4	14175,0
BAL188-43-1-1	P32	-0,8	0,6	10,5	8,8	1912,0	-0,9	-1,6	3,5	10,9	3050,0	69,9	68,5	270,1	160,4	14794,0
DKB370-8-1-1	P174	0,3	-0,9	18,4	4,1	1840,0	0,2	-2,5	18,2	5,0	3058,0	71,1	67,9	286,5	153,0	14743,0
AG1051-23-1-1	P2	1,4	2,2	6,5	17,7	1745,0	1,5	1,1	1,4	25,0	2202,0	72,3	71,5	268,9	172,0	13753,0
DKB370-94-1-1	P184	0,5	-0,7	13,9	5,1	1705,0	0,4	-2,0	12,9	9,0	2696,0	71,3	68,4	281,6	159,0	14294,0
DKB370-58-1-1	P156	0,1	-1,0	10,3	2,5	1697,0	0,3	-1,3	12,4	11,4	2608,0	71,2	69,7	282,0	162,4	14219,0
P3898-7-2-1	P285	1,4	0,4	-1,9	1,7	1563,0	1,2	-0,8	-4,8	5,9	2294,0	72,1	69,8	263,6	156,4	13931,0
BM709-62-2-1	P85	-0,4	0,3	2,0	15,1	1462,0	0,2	-0,4	4,2	15,3	2410,0	71,7	70,3	273,4	161,9	14144,0
AG1051-53-2-1	P13	0,1	1,5	4,7	15,4	1254,0	-0,2	0,1	0,5	20,2	2601,0	70,5	70,6	268,0	168,9	14226,0
DKB370-34-1-1	P137	0,8	1,1	17,1	6,5	1237,0	0,6	-0,4	16,0	12,9	2211,0	71,4	70,0	283,8	163,0	13905,0
BM709-81-1-1	P89	1,0	1,0	5,1	9,9	1202,0	0,8	0,0	2,8	12,7	2313,0	71,6	70,7	270,6	160,9	14049,0
$\bar{X}_{selecionadas}$	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	71,0	69,7	275,7	162,2	14597,0
$\bar{X}_{testemunhas}$	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	69,1	67,8	273,3	149,7	15053,0
VML165																
BM709-42-1-1	P79	-1,0	0,4	7,1	11,9	2729,0	-0,7	2,0	15,2	12,4	3586,0	70,6	72,7	282,6	163,1	15114,0
NS70-99-1-1	P245	0,7	0,2	16,9	19,7	2648,0	0,7	0,8	19,5	17,0	4211,0	71,7	71,0	283,8	165,2	15806,0
BM709-16-1-1	P70	-1,1	-0,6	-6,1	0,8	2428,0	-1,3	0,6	-4,0	-0,9	3095,0	69,7	71,0	262,4	149,6	14622,0
P3898-39-1-1	P271	-0,5	-2,0	6,1	0,3	2390,0	-0,7	-1,5	7,8	-1,9	2467,0	70,5	68,8	272,7	148,1	13927,0
BM709-25-1-1	P72	-1,0	-0,6	12,4	10,8	2176,0	-1,3	-0,2	14,7	6,7	2901,0	69,7	70,2	280,5	155,1	14567,0
DKB370-56-1-2	P155	1,4	-0,4	7,7	14,5	2118,0	1,7	1,1	15,1	13,7	2994,0	73,1	71,8	281,7	162,9	14713,0
P3898-52-1-2	P278	-0,5	-1,1	5,4	-8,5	2094,0	-1,0	-0,1	10,9	-9,6	3425,0	69,9	70,3	278,1	140,9	15121,0
BM709-47-1-1	P80	-0,3	-0,5	5,7	4,6	1868,0	-0,2	0,7	10,8	3,7	2317,0	71,0	71,1	276,9	152,8	13874,0
BM709-125-1-1	P66	-1,5	-1,4	5,2	16,6	1847,0	-1,0	0,5	17,1	16,9	3039,0	70,7	71,4	286,7	166,8	14673,0
BM709-49-1-1	P82	-0,9	-0,3	6,8	16,3	1687,0	-1,1	0,6	18,2	22,9	2844,0	70,1	71,0	286,5	174,1	14411,0
P3898-49-1-2	P274	0,8	0,7	15,2	9,8	1686,0	0,9	1,7	17,7	6,5	1936,0	72,1	72,1	282,6	155,6	13403,0
DKB370-35-1-1	P138	0,5	0,3	16,3	2,0	1669,0	0,0	0,1	19,9	1,9	2988,0	70,8	70,0	286,5	151,8	14829,0
NS70-31-1-1	P218	1,7	1,2	8,8	2,1	1659,0	2,1	2,4	18,5	4,2	2987,0	73,5	73,0	285,9	155,4	14558,0
DKB370-87-1-1	P179	0,2	-0,2	20,3	15,2	1603,0	-0,3	-0,2	18,2	7,5	2262,0	70,3	69,9	279,9	152,7	13825,0
P3898-14-1-1	P258	-0,8	-1,8	6,9	7,0	1600,0	-0,7	-1,0	15,0	8,0	2514,0	70,5	69,5	283,0	158,4	14156,0
NS70-1-1-1	P194	3,5	3,6	6,0	1,7	1556,0	3,7	4,0	12,0	4,3	2362,0	74,6	74,0	279,1	156,2	13991,0
BM709-95-1-1	P93	-1,9	-2,0	-3,2	10,3	743,0	-2,2	-1,1	1,0	7,0	2041,0	68,7	69,5	269,5	156,1	13751,0
DKB370-102-1-1	P96	1,1	0,2	9,4	-2,4	324,0	0,3	0,2	11,5	-7,5	2279,0	70,8	70,4	278,0	141,5	14073,0
DKB370-41-1-1	P142	0,9	0,0	2,4	0,9	259,0	0,6	1,0	7,4	2,3	2212,0	71,5	71,5	272,3	151,4	14033,0
DKB370-68-1-1	P166	1,8	1,9	16,9	6,4	237,0	1,3	2,4	19,2	5,3	2101,0	71,7	72,6	283,7	153,9	13768,0
$\bar{X}_{selecionadas}$	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	71,1	71,1	279,6	155,6	14361,0
$\bar{X}_{testemunhas}$	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	69,1	67,8	273,3	149,7	15053,0

¹Codificação utilizada nas análises GGE biplot.

6 CONCLUSÕES

As progênies endogâmicas de milho tropical do Programa Milho, programa de melhoramento da UFV, apresentam variabilidade genética para os caracteres agronômicos avaliados.

A progênies P71, P86, P273, P67, P79, P245, P69, P83, P87 e P70 foram as dez progênies que apresentaram maior capacidade geral de combinação, podendo assim, serem redirecionadas para novos cruzamentos, e serem acompanhadas de perto para possível reciclagem das linhagens originadas dessas progênies parcialmente endogâmicas.

As progênies P71, P86, P178 e P245 foram as que melhor combinaram com o testador VML083. A progênie P245, foi a que apresentou melhor combinação com o testador VML165.

As 20 melhores progênies com base na capacidade de combinação geral e específica, com cada testador, foram selecionadas, obtendo-se um conjunto de progênies que podem ser indicadas a seguir pelo processo de obtenção de linhagens endogâmicas.

7 Referências

- AHMED, M. A.; ABDELSATAR, M. A.; ATTIA, M. A.; ABEER, A. A. (2019). GGE biplot analysis of line by tester for seed yield and its attributes in sunflower. **Rudn JAgronAnimInd.** 14(4): 374-89.
- AKAIKE, H. (1974). A new look at the statistical model identification. *IEEE Transaction on Automatic Control*, 19, 716–723. <https://doi.org/10.1109/TAC.1974.1100705>
- AKINWALE, R. O.; FAKOREDE, M. A. B.; BADU-APRAKU, B.; OLUWARANTI, A. (2014). Assessing the Usefulness of GGE Biplot as a Statistical Tool for Plant Breeders and Agronomists, **Cereal Res. Commun.**, 42(3), pp. 534-546.
- ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético de plantas**. São Paulo: Edgard Lucher, 1971, 381p.
- ANIDO, F. L.; CRAVERO, V.; ASPRELLI, P.; FIRPO, T.; GARCÍA, S. M.; COINTRY, E. (2004). Heterotic patterns in hybrids involving cultivar-groups of summer squash, *Cucurbita L.* **Euphytica**, 135, 355-360
- BADU-APRAKU, B.; AKINWALE, R.O.; FAKOREDE, M.A.B. (2010). Selection of early maturing maize inbred lines for hybrid production using multiple traits under Striga-infested and Striga-free environment. **Maydica**, 55: 261-274.
- BADU-APRAKU, B.; OYEKUNLE, M.; FAKOREDE, M. A. B.; VROH, I.; AKINWALE, R.O.; ADEROUNMU, M. (2013). Combining ability, heterotic patterns and genetic diversity of extra-early yellow inbreds under contrasting environments. **Euphytica**, 192: 413-433.
- BADU-APRAKU, B.; AKINWALE, R. O. (2019). Biplot analysis of line× tester data of maize (*Zea mays L.*) inbred lines under stress and nonstress environments. **Cereal Research Communications**, v. 47, p. 518-530.
- BADU-APRAKU, B.; FAKOREDE, B.; AKINWALE, R.; ANNOR, B.; ADEWALE, S., TOYINBO, J.; AKINTIBU, S. (2020). Application of the GGE Biplot as a statistical tool in the breeding and testing of early and extra-early maturing maize in sub-Saharan Africa. **Crop Breeding, Genetics and Genomics**, 2(3).
- BARROS, G. S. A. C.; ALVES, L. R. A. (2015). **Referenciais do mercado e formação do preço do milho no Brasil**. Sorocaba: ESALQ.
- BEADLE, G.W. (1978). Teosinte and the origin of maize. In: Walden, D.B (ed.) *Maize breeding and genetics*. **New York, Jhon Wiley and Sons**, 8:113-141.
- BERNARDO, R. (1991). Correlation between testcross performance of lines at early and late selfing generations. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 82, n. 1, p. 17-21.
- BERNARDO, R. (2020). Reinventing quantitative genetics for plant breeding: something old, something new, something borrowed, something BLUE. **Heredity**, v. 125, n. 6, p. 375-385.

- BERTOIA, L.; LÓPEZ, C.; BURAK, R. (2006). Biplot analysis of forage combining ability in maize landraces. **Crop Science**, 46, 1346-1353.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. (2017). **Melhoramento de plantas**. 7. ed. rev. e ampl. Viçosa: Editora UFV, 523 p.
- BUTLER, D. G.; CULLIS, B. R.; GILMOUR, A. R.; GOGEL, B. J.; THOMPSON, R. (2023). ASReml-R reference manual version 4. VSN International Ltd, Hemel Hempstead, HP2 4TP, UK.
- CARVALHO, F.I.F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. (2004). **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: Editora e Gráfica Universitária - UFPel, 141p.
- CECCARELLI, S. (2015). Efficiency of plant breeding. **Crop science**, 55(1), 87-97.
- CHAIKAM, V.; MOLENAAR, W.; MELCHINGER, A. E.; BODDUPALLI, P. M. (2019). Doubled haploid technology for line development in maize: technical advances and prospects. **Theoretical and Applied Genetics**, 132, 3227-3243.
- CLOVIS, L. R.; SCAPIM, C. A.; PINTO, R. J. B.; BOLSON, E.; SENHORINHO, H. J. C. (2015). Avaliação de linhagens S₃ de milho por meio de testadores adaptados à safrinha. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 28, n. 1, p. 109-120.
- CONAB. (2023). **Acompanhamento Da Safra Brasileira De Grãos Safra 2022/23 – Décimo Segundo Levantamento, Setembro 2023**. Disponível em: www.conab.gov.br
Acesso em: 26 nov. 2023.
- CONTINI, E.; MOTA, M. M.; MARRA, R.; BORGHI, E.; MIRANDA, R. D.; SILVA, A. D.; MENDES, S. M. (2019) Milho: caracterização e desafios tecnológicos. **Brasília: Embrapa**. (Desafios do Agronegócio Brasileiro, 2).
- CRUZ, C. D. (2005). Princípios de genética quantitativa. Viçosa, MG: Editora UFV. 394p.
- DARVISHZADEH, R.; BERNOUSI, I.; KIANI, S. P.; DECHAMP-GUILLAUME, G.; SARRAFI, A. (2009). Use of GGE biplot methodology and Griffing's diallel method for genetic analysis of partial resistance to phoma black stem disease in sunflower. **Acta Agriculturae Scandinavica, Section B – Soil & Plant Science**, 59, 485-490.
- DAVIS, R. L. (1927). **Report of the plant breeder**. Rep. Puerto Rico: Agricultural Experiments Annual Report. P. 14-14.
- DELIMA, R. O.; BORÉM, A. (Ed.). (2018). Melhoramento de milho. Viçosa: **Editora UFV**, p. 102-129.
- DEGHANI, H.; FEYZIAN, E.; JALALI, M.; REZAI, A.; DANE, F. (2012). Use of GGE biplot methodology for genetic analysis of yield and related traits in melon (*Cucumis melo* L.). **Can. J. Plant Sci.**, 92: 77-85.

- DEHGHANI, H.; MOGHADDAM, M.; BIHAMTA, M. R.; SABAGHNIA, N.; MOHAMMADI, R.; (2013). Biplot analysis of diallel data in strip rust of wheat. **Aust. Plant Pathol.**, 42: 601-608.
- DUARTE, J. B.; PINTO, R. M. C. (2002). Biplot AMMI graphic representation of specific combining ability. **Crop Breed. Applied Biotechnol.**, 2: 161-170.
- DUMBLE, S. (2017). GGE biplots: GGE biplots with ‘ggplot2’. R package version 0.1.1.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. (1996). Introduction to quantitative genetics. 4. ed. New York: **Longman Scientific and Technical**. 464 p.
- FAN, X. M.; ZHANG, Y. D.; LIU, L.; CHEN, H. M.; YAO, W. H.; KANG, M.; YANG, J. Y. (2010). Screening tropical germplasm by temperate inbred testers. **Maydica**, v. 55, n. 1, p. 55.
- FARIA, S. V.; ZUFFO, L. T.; REZENDE, W. M.; CAIXETA, D. G.; PEREIRA, H. D.; AZEVEDO, C. F.; DeLIMA, R. O. (2020). Phenotypic and molecular characterization of a set of maize inbred lines derived from tropical hybrids. **BMC genomis** (in press).
- FERREIRA, E. A.; PATERNIANIM, E. A. G.; DUARTE, A. P.; GALLO, P. B.; SAWAZAKI, E.; AZEVEDO FILHO, J. A.; GUIMARÃES, P. S. (2009). Desempenho de híbridos top crosses de linhagens S3 de milho em três locais do Estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 2, p. 319-327.
- FOTOKIAN, M. H.; AGAHI, K. (2014). Biplot analysis of genotype by environment for cooking quality in hybrid rice: A tool for line x tester data. **Rice Sci.**, 21: 282-287.
- FOX, J. (2005). The R Commander: A Basic-Statistics Graphical User Interface to R. *Journal of Statistical Software*, 14(9), 1–42.
- FRITSCHÉ-NETO, R., VIEIRA, R. A., SCAPIM, C. A., MIRANDA, G. V., REZENDE, L. M. (2012). Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. **Acta Scientiarum. Agronomy**, 34, 99-101.
- GALVÃO, J. C. C.; BORÉM, A.; PIMENTEL, M. A. (2015). **Milho do plantio à colheita**. Viçosa, MG Editora UFV, 351 p.
- GUIMARÃES, L. J. M.; PARENTONI, S. N.; MENDES, F. F.; MARTINS, A. O. (2011) Melhoramento de milho para estresses abióticos. In: Cardoso DL, Luz LN & Pereira TNS (Eds.) **Estratégias em Melhoramento de Plantas**. Viçosa, ARKA. p. 39-53.
- GUIMARÃES, A. G.; DO AMARAL JÚNIOR, A. T.; DE LIMA, V. J.; LEITE, J. T.; SCAPIM, C. A.; VIVAS, M. (2018). Ganhos Genéticos e Avanços Seletivos na População UENF-14 de Milho-Pipoca. **Revista Caatinga**, 31(2), 271-278.
- HALLAUER, A. R.; CARENA, M. J.; MIRANDA FILHO, J. D. (2010). Quantitative genetics in maize breeding. 3th ed. New York: **Springer Science & Business Media**, 663 p.

- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B. (1995). Quantitative genetics in maize breeding. 2nd. ed. Ames, Iowa.: Iowa State University Press.
- HALLAUER, A. R. (1975). Relation of gene action and type of tester in maize breeding procedures. **Proc. Annu. Corn and Sorghum Res. Conf. Washigton, DC.** 30: 150-165.
- HARDEN, K. (2021). Paige. Reports of mydeath were greatly exaggerated: Behavior genetics in the postgenomic era. **Annual Review of Psychology**, 72: 37-60.
- HOSANA, G. C.; ALAMEREW, S.; TADESSE, B.; MENAMO, T. (2015). Test cross performance and combining ability of maize (*Zea mays* L.) inbred lines at Bako, Western Ethiopia. **Global J. INC.(USA)**, 15(4), 24.
- JENKINS, M. T. (1978). Maize breeding during the development and early years of hybrid maize. In: WALDEN, D. B. (Ed.). **Maize breeding and genetics**. New York: John Wily and Sons, 794 p.
- KAHRIMAN, F; EGESSEL, C. Ö.; ORHUN, G. E.; ALACA, B.; AVCI, F. (2016). Comparison of graphical analyses for maize genetic experiments: Application of biplots and polar plot to line \times tester design. **Chil J Agric Res** 76(3): 285-293.
- KHALIL, I. A.; RAZIUDDIN, R. (2017). Combining ability for seed yield in indigenous and exotic Brassica napus genotypes. **Sarhad J Agric** 33(1): 177-182.
- HAMOUD, H. M. E. (2014). Use of biplot approach for genetic analysis of yield and related traits in cotton (*Gossypium barbadense*). **J. Plant Breed. Crop Sci.**, 6: 41-47.
- KANNABABU, N.; RAKSHIT, S.; MADHUSUDHANA, R.; TONAPI, V. A.; DAS, I. K.; RAGHUNATH, K. (2017). Identification of superior parental lines for seed quality and storability through GGE biplot analysis of line \times tester data in grain sorghum. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, 77, 278-286.
- KARJAGI, C. G.; PHAGNA, R. K.; NEELAM, S.; SEKHAR, J. C.; SINGH, S. B.; YATHISH, K. R. (2023). Identification of best testers for heterotic grouping of tropical maize inbred lines using GGE biplot. **Crop Science**, 63(4), 2033-2049.
- KEMPTHORNE, O. (1973). **An introduction to genetic statistics**. Ames, Iowa: State University Press. 454p.
- LIU, Z.; WANG, Y.; REN, J.; MEI, M.; FREI, U. K.; TRAMPE, B.; LÜBBERSTEDT, T. (2016). Maize doubled haploids. **Plant Breeding Reviews**, Volume 40, 40, 123-166.
- MAQBOOL, M. A.; BESHIR, A.; KHOKHAR, E. S. (2020). Doubled haploids in maize: Development, deployment, and challenges. **Crop Science**, 60(6), 2815-2840.
- MALLA, S.; IBRAHIM, A. M. H.; GLOVER, K. D.; BERZONSKY, W. A. (2010). Combining ability for Fusarium head blight resistance in wheat (*Triticum aestivum* L.). **Commun. Biometry Crop Sci.**, 5: 116-126.

- MALLA, S.; IBRAHIM, A. M. H.; GLOVER, K. D. (2009). Diallel analysis of fusarium head blight resistance in wheat. **J. Crop Improv.**, 23: 213-234.
- MATZINGER, D. F. (1953). Comparison of three types of testers for evaluation of inbred lines. **Agronomy Journal**, Madison, 45: 493-95.
- MARCONDES, M. M.; FARIA, M. V.; NEUMANN, M.; MARCONDES, M. M.; SILVA, C. A., VASCOSKI, V. L.; RIZZARDI, D. A. (2015). Desempenho agrônômico e forrageiro de linhagens S4 de milho em topcrosses com híbrido simples. *Semina: Ciências Agrárias*, v. 36, n. 4, p. 2395-2406.
- MENDES, U. C.; SOUZA, S. B.; SCHINDLER, R. F.; PINTO, J. F. N.; REIS, E. F. (2013). **Depressão por endogamia em uma população de milho denominada MPA**. In: XII Seminário Nacional de milho safrinha, Dourados. Anais, UFGD. p.01-06.
- MOLENAAR, W. S.; MELCHINGER, A. E. (2019). Production of doubled haploid lines for hybrid breeding in maize. In *Advances in breeding techniques for cereal crops*. **Burleigh Dodds Science Publishing**. p. 143-172.
- MOMENI, H.; SHIRI, M.; HERVAN, E. M.; KHOSROSHAHLI, M. (2020). The usefulness of GGE biplot methodology for line× tester data of maize inbred lines. **Bragantia**, 79, 537-545.
- MÔRO, G.V.; FRITSCHÉ-NETO, R. (2015). Importância e usos do milho no Brasil. In: BORÉM, A.; GALVÃO, J.C.C.; PIMENTEL, M.A. (Ed) **Milho do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV.
- MOSTAFAVI, K.; CHOUKAN, R.; TAEB, M.; HERAVAN, E. M.; BIHAMTA, M. R. (2012). Heterotic grouping of Iranian maize inbred lines based on yield-specific combining ability in diallel crosses and GGE biplot. **J. Res. Agric. Sci.**, 8: 113-125.
- MUNDIM, G. B.; RODRIGUES, M. C.; DELIMA, R. O. (2018). Melhoramento para Estresse Abióticos. In: DELIMA, R. O.; BORÉM, A. (Eds.). **Melhoramento de Milho**. Viçosa, MG: Editora UFV. p. 396.
- NDUWUMUREMYI, A.; TONGOONA, P.; HABIMANA, S. (2013). Mating designs: helpful tool for quantitative plant breeding analysis. **Journal of Plant Breeding and Genetics**, 1, 117-129.
- NJOROGE, K.; GICHURU, L. (2013). Diallel analysis of turicum leaf blight resistance in Kenyan maize lines. **Afr. J. Agric. Res.**, 8: 2877-2883.
- OLIBONI, R.; FARIA, M. V.; NEUMANN, M.; RESENDE, J. T. V.; BATTISTELLI, G. M.; TEGONI, R. G.; OLIBONI, D. F. (2013). Análise dialélica na avaliação do potencial de híbridos de milho para a geração de populações-base para obtenção de linhagens. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 1, p. 7-18.
- O'NEILL, P. M.; SHANAHAN, J. F.; SCHEPERS, J. D. (2006) Use of chlorophyll fluorescence assessments to differentiate corn hybrid response to variable water condition. **Crop Science**, v.46, p. 681-687.

- OROZCO-RAMÍREZ, Q.; PERALES, H.; HIJMANS, R. J. (2017). Geographical distribution and diversity of maize (*Zea mays* L. subsp. *mays*) races in Mexico. **Genet Resources in Crop Evolution**, v. 64, p. 855-865.
- OSUMAN, A. S.; BADU-APRAKU, B.; IFIE, B. E.; NELIMOR, C.; TONGOONA, P.; OBENG-BIO, E.; DANQUAH, E. Y. (2022). Combining ability and heterotic patterns of tropical early-maturing maize inbred lines under individual and combined heat and drought environments. **Plants**, 11(10), 1365.
- PATERNIANI, M. E. A. G. Z.; FERREIRA, E. A.; DUARTE, A. P.; GALLO, P. B. (2010). Potencial de híbridos top crosses de milho no estado de São Paulo. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v. 9, n. 2, p. 163-176.
- PFANN, A. Z.; FARIA, M. V.; ANDRADE, A. A.; NASCIMENTO, I. R.; FARIA, C. M. D. R.; BRINGHENTI, R. M. (2009). Capacidade combinatória entre híbridos simples de milho em dialelo circulante. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 3, p. 635-641.
- PIMENTEL-GOMES, F. (1985). Curso de estatística experimental. 1 ed. São Paulo: Piracicaba, Nobel, 467p.
- PINTO, R. D. M. C.; GARCIA, A. A. F.; SOUZA Jr, C. L. D. (2001). Alocação de linhagens de milho derivadas das populações BR-105 e BR-106 em grupos heteróticos. **Scientia Agricola**, 58, 541-548.
- PIPERNO, D. R.; RANERE, A. J.; HOLST, I.; IRIARTE, J.; DICKAU, R. (2009). Starch grain and phytolith evidence for early ninth millennium B.P. maize from the Central Balsas River Valley, Mexico. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 106, n. 13, p. 5019-5024.
- PLOMIN, R.; DEFRIES, J. C.; KNOPIK, V. S.; NEIDERHISER, J. M. (2012). **Behavioral genetics**. 6th.ed. New York: Worth Publishers.
- POSSATTO JÚNIOR, O.; FARIA, M. V.; BATTISTELLI, G. M.; ROSSI, E. S.; MARCK, D. F.; SILVA, C. A.; GABRIEL, A.; GRALAK, E. (2017). Avaliação de linhagens S₂ de milho em topcrosses com linhagem-elite testadora. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 16, n. 2, p. 259-271.
- PRASANNA, B. M.; CHAIKAM, V.; MAHUKU, G. (Ed.). (2012). **Doubled haploid technology in maize breeding: theory and practice**. Mexico, D. F.: CIMMYT, 50 p.
- PRIGGE, V.; MELCHINGER, A. E. (2011). Production of haploids and doubled haploids in maize. In: LOYOLA-VARGAS, V. M.; OCHOA-ALEJO, N (Ed.). **Plant cell culture protocols**. 3th ed. Totowa, New Jersey: Humana Press – Springer Verlag.
- PURUGGANAN, M. D.; FULLER, D. Q. (2009). The nature of selection during plant domestication. **Nature**, v. 457, n. 7231, p. 843-848.
- R CORE TEAM. R: (2015). A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**. Vienna, Austria.

- RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. (2012). **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Ed. UFLA. 522 p.
- RASTOGI, A.; MISHRA, B. K.; SRIVASTAVA, M.; SIDDIQUI, A.; SHUKLA, S. (2011). Biplot approach for identification of heterotic crosses in linseed (*Linum usitatissimum* L.). **J. Bot.** 10.1155/2011/353102
- RASTOGI, A.; MISHRA, B. K.; SIDDIQUI, A.; SRIVASTAVA, M.; SHUKLA, S. (2013). GGE biplot analysis based on diallel for exploitation of hybrid vigour in opium poppy (*Papaver somniferum* L.). **J. Agric. Sci. Technol.**, 15: 151-162.
- RESENDE, M. D. V.; DE SILVA, F. F.; AZEVEDO, C. F. (2014). Estatística matemática, biométrica e computacional: modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP), inferência bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTL-GWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência. **Suprema**, Viçosa.
- RIBEIRO, F. O. (2021). **Alocação de linhagens de milho tropical em grupos heteróticos**. 2021. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.
- RODRIGUES, F.; VON PINHO, R. G.; ALBUQUERQUE, C. J. B.; VON PINHO, E. V. R. (2011). Índice de seleção e estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos para características relacionadas com a produção de milho-verde. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 35, n. 2, p. 278- 286.
- RUSWANDI, D.; SUPRIATNA, J.; WALUYO, B.; MAKKULAWU, A.T.; SURYADI, E.; CHINDY, Z.U.; RUSWANDI. S. (2015). GGE Biplot Analysis for Combining Ability of Grain Yield and Early Maturity in Maize Mutant in Indonesia Asian J. **Crop Sci.**, 7(3): 160-173.
- SIBIYA, J.; TONGOONA, P.; DERERA, J. (2013). Combining ability and GGE biplot analyses for resistance to northern leaf blight in tropical and subtropical elite maize inbred lines. **Euphytica**, 191: 245-257.
- da SILVA, A. G.; TEIXEIRA, I. R.; de SENA MARTINS, P. D.; SIMON, G. A.; FRANCISCHINI, R. (2014). Desempenho agrônômico e econômico de híbridos de milho na safrinha. **Revista Agroambiente On-line**, 8(2), 261-271.
- SILVA, C. A.; FARIA, M. V.; ROSSI, E. S.; POSSATTO JÚNIOR, O.; BATTISTELLI, G. M.; GABRIEL, A.; MARCK, D. F. (2017). Performance and stability of maize topcross hybrids from partly inbred lines. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 38, n. 5, p. 2899-2908.
- SILVA, C. P. D.; TEIXEIRA A. A.; PIO V. A.; DUARTE V. H.; DE JESUS F. I. L.; VITTORAZZI C.; VIVAS M. (2015). Combining ability between tropical and temperate popcorn lines for seed quality and agronomic traits. **Australian Journal of Crop Science**, 9(4), 256-263.

- SINGH, D. P.; SINGH, A. K.; SINGH, A. (2021). Plant breeding and cultivar development. **Academic Press**.
- SOUZA NETO, I. L. D.; FIGUEIREDO, A. S. T.; UHDRE, R. S., CONTRERAS-SOTO, R. I.; SCAPIM, C. A.; ZANOTTO M. D. (2022). Combining ability and heterotic pattern in relation to F1 performance of tropical and temperate-adapted sweet corn lines. **Bragantia**, 81.
- SOUZA NETO, I. L.; PINTO, R. J. B.; SCAPIM, C. A.; JOBIM, C. C.; FIGUEIREDO, A. S. T.; BIGNOTTO, L. S. (2015). Análise dialélica e depressão endogâmica de híbridos forrageiros de milho para características agronômicas e de qualidade bromatológica. **Bragantia**, Campinas, v. 74, n. 1, p. 42-49.
- SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. (1942). General vs. specific combining ability in single crosses of corn 1. **Agronomy Journal**, v. 34, n. 10, p. 923-932.
- STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. L. (1960). **Principles and procedures of statistics**. New York: McGraw Hill. 481p.
- VANOUS, K.; VANOUS, A.; FREI, U. K.; LÜBBERSTEDT, T. (2017). Generation of maize (*Zea mays*) doubled haploids via traditional methods. **Current Protocols in Plant Biology**, 2(2), 147-157.
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. (1992). **Genética Biométrica no Melhoramento**. Ribeirão Preto: SBG. 496p.
- VILARINHO, A.A. (2001). **Seleção de progênies endogâmicas S1 e S2 em programas de melhoramento intrapopulacional e de produção de híbridos de milho pipoca (*Zea mays* L.)**. 79f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Curso de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa.
- VIVEK, B. S.; ODONGO, O.; NJUGUNA, J.; IMANYWOHA, J.; BIGIRWA, G.; PIXLEY, K. (2010). Diallel analysis of grain yield and resistance to seven diseases of 12 African maize (*Zea mays* L.) inbred lines. **Euphytica**, 172, 329-340.
- WEBER, D. F. (2014). Today's use of haploids in corn plant breeding. In: SPARKS, D. L. (Ed). *Advances in agronomy*. Dublin: **Academic Press**. p. 123-144.
- WRIGHT, K.; LAFFONT, J. (2017). **GGE: Genotype plus genotype-by-environment biplots**. R package. <https://CRAN.R-project.org/package=gge>
- YAN, W.; CORNELIUS, P. L.; CROSSA, J.; HUNT, L. A. (2001). Two types of GGE biplots for analyzing multi-environment trial data. **Crop Science**, 41, 656-663.
- YAN, W.; HUNT, L. A. (2002). Biplot analysis of diallel data. **Crop Science**. 42(1), 21-30.
- YI, S.; QIN, L. S., RONG, L. D.; HUA T. J. (2006). GGE biplot analysis of diallel cross of *Brassica napus* L., **Acta Agronomica Sinica**, 32: 243-248.